

Titre	Caractérisation fonctionnelle de gènes candidats contrôlant l'infection rhizobienne chez <i>Medicago truncatula</i>
Encadrant 1 (tel + mail)	Fernanda de Carvalho-Niebel (fernanda.de-carvalho-niebel@inra.fr), Tel: 0561285324
Encadrant 2 (tel + mail)	Joëlle Fournier (joelle.fournier@inra.fr), Tel : 0561285508
Equipe(s)	Equipe "Infection Endosymbiotique et Development Nodulaire" (ENOD) - LIPM
Résumé	<p>Les légumineuses ont la capacité d'établir des associations symbiotiques avec des bactéries du sol du genre <i>Rhizobium</i>, qui à l'intérieur de nouveaux organes racinaires, les nodules, fixe l'azote atmosphérique en ammonium au profit de la plante hôte. La formation de nodules implique la mise en place de deux programmes symbiotiques coordonnés permettant (i) l'entrée racinaire de la bactérie et (ii) l'initiation de l'organogenèse nodulaire¹. Ce processus est accompagné par une reprogrammation génique majeure chez l'hôte orchestrée par des régulateurs transcriptionnels clés². Nous avons caractérisé auparavant deux facteurs de transcription de type ERF, nommés ERN (ERF Required for Nodulation) jouant un rôle crucial pour la formation des cordons d'infection chez les légumineuses³⁻⁶. <i>ERN1</i> a un profil d'expression étroitement associé à l'infection endosymbiotique et agit chez <i>M. truncatula</i> de manière redondante avec son homologue proche ERN2. En effet, la progression des cordons d'infection est totalement abolie dans le double mutant <i>ern1ern2</i>, mettant en évidence l'importance des deux facteurs lors de ce processus. Suite à une analyse transcriptomique, nous avons mis en évidence des gènes candidats représentant des cibles potentielles de ces facteurs de transcription. Ce projet de stage vise à poursuivre la caractérisation fonctionnelle de ces gènes candidats. Le stage, agencé dans trois parties principales, vise (i) à valider le profil d'expression de gènes sélectionnés à l'aide de fusions promoteur-GUS, (ii) démontrer si ces gènes sont des cibles potentielles de ERN1/2 (par des expériences de transactivation) et enfin (iii) initier la caractérisation fonctionnelle d'un gène candidat codant pour une cellulase par l'analyse de lignées mutantes.</p> <p>Approches et techniques qui seront utilisées pendant le stage : clonage Goldengate, transformation génétique de <i>M. truncatula</i>, agroinfiltration chez <i>Nicotiana benthamiana</i>, culture et inoculation de <i>Rhizobium</i>, essais histochimiques et fluorimétriques, microscopie optique et confocale, traitement d'images.</p> <p>Références bibliographiques</p> <ol style="list-style-type: none"> 1 Kang, Y., Li, M., Sinharoy, S. & Verdier, J. <i>Front Plant Sci</i> 7, 1175, 2 Larrainzar, E. <i>et al. Plant Physiol</i> 169, 233-265, doi:10.1104/pp.15.00350 (2015). 3 Andriankaja, A. <i>et al. The Plant Cell</i> 19, 2866--2885 (2007). 4 Cerri, M. R. <i>et al. Plant Physiol</i> 160, 2155-2172, doi:10.1104/pp.112.203190 (2012). 5 Cerri, M. R. <i>et al. Plant Physiol</i> 171, 1037-1054, doi:10.1104/pp.16.00230 (2016). 6 Cerri, M. R. <i>et al. New Phytol</i> 215, 323-337, doi:10.1111/nph.14547 (2017).
Photo	