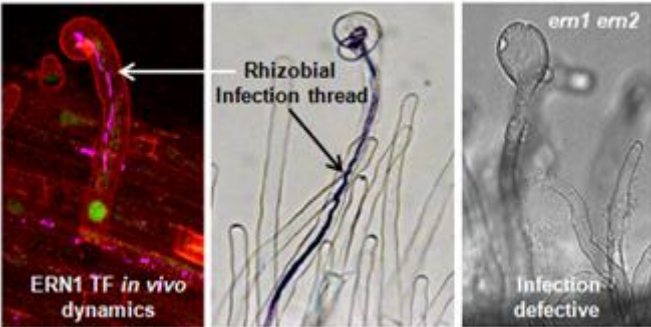


Proposition d'un sujet de stage au M2 ADAM (2017-2018)

Titre	Identification et caractérisation de cibles potentielles des facteurs de transcription ERF 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 des nouveaux organes racinaires, les nodules, fixent l'azote atmosphérique au profit de la plante hôte. La formation de nodules implique la mise en place de deux programmes symbiotiques permettant l'entrée racinaire de la bactérie et l'initiation de l'organogenèse nodulaire pour former le nodule. Chez la légumineuse modèle <i>Medicago truncatula</i>, l'infection bactérienne se fait à partir des poils racinaires par le biais de compartiments intracellulaires spécialisés et appelés cordons d'infection. Nous avons identifié chez <i>M. truncatula</i> deux facteurs de transcription AP2/ERF, appelés ERN1 et ERN2^{1,2}, jouant des rôles clés pour la mise en place de l'infection bactérienne^{3,4}. En effet, la formation des cordons d'infection est totalement abolie dans le double mutant <i>ern1 ern2</i>³. Récemment une analyse transcriptomique du double mutant a été réalisée par RNA seq afin d'identifier des gènes en aval, et potentiellement des cibles directes de ces régulateurs clés.</p> <p>Ce projet vise à caractériser des gènes candidats issus de cette analyse transcriptomique qui pourraient être des cibles directes d'ERN1/2. Pendant le stage, les genes candidats seront sélectionnés en fonction de leur homologie de séquences et profils d'expression par QRT-PCR au cours d'une cinétique infection, afin de choisir ceux induits et présentant des boites putatives reconnues par ERN1/2 au sein de leurs promoteurs. Une analyse ciblée sur deux candidats sera réalisée par la suite afin de déterminer (i) s'ils sont des cibles directes d'ERN1/2 (par des expériences de transactivation et ChIP-PCR) et (ii) si leur profil d'expression tissu-spécifique chez <i>M. truncatula</i> est associé à l'infection (par analyse des fusions promoteur-gène rapporteurs). Selon les résultats, la mise en place d'approches fonctionnelles est envisageable.</p> <p>Approches et techniques qui seront utilisées pendant le stage :</p> <p>QRT-PCR, PCR, 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 Andriankaja, A. <i>et al. Plant Cell</i> 19, 2866-2885 doi:10.1105/tpc.107.052944 (2007). 2 Cerri, M. R. <i>et al. Plant Physiology</i> 160, 2155-2172, doi:10.1104/pp.112.203190 (2012). 3 Cerri, M. R. <i>et al. Plant Physiology</i> 171, 1037-1054, doi:10.1104/pp.16.00230 (2016). 4 Cerri, M. R. <i>et al. New Phytol</i> 215, 323-337, doi:10.1111/nph.14547 (2017).
Photo	 <p>The image consists of three panels illustrating rhizobial infection in <i>Medicago truncatula</i>. The left panel, labeled 'ERN1 TF in vivo dynamics', shows a root tip with red and green fluorescent signals. The middle panel, labeled 'Rhizobial Infection thread', shows a root tip with a blue-stained thread extending from the root into the soil. The right panel, labeled 'Infection defective', shows a root tip from an <i>ern1 ern2</i> mutant, where the infection thread is absent, indicating a defective infection process.</p>