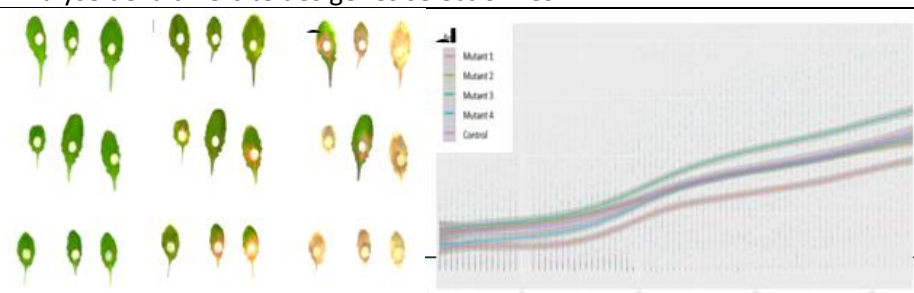


Titre	Identification de nouvelles sources de résistance quantitative chez <i>Arabidopsis thaliana</i> par validation de mutants insertionnels
Encadrant 1 (tel + mail)	Justine Sucher - justine.sucher@inra.fr
Encadrant 2 (tel + mail)	Sylvain Raffaele - sylvain.rafaelle@inra.fr
Equipe(s)	Quantitative Immunity in Plants (QIP), Sylvain Raffaele / Dominique Roby https://www6.toulouse.inra.fr/lipm/Recherche/Immunité-quantitative-chez-les-plantes
Résumé	<p>On distingue deux principales formes de résistance : (i) la résistance qualitative, où la résistance est complète mais généralement non durable et (ii) la résistance quantitative (QDR), souvent associée à la durabilité. Les mécanismes moléculaires de résistance quantitative sont encore peu connus. L'identification de nouveaux gènes de QDR permettra à la fois une meilleure compréhension du mécanisme mais apportera aussi de nouvelles sources de résistance pour l'amélioration de variétés cultivées.</p> <p><i>Sclerotinia sclerotiorum</i> est un champignon pathogène nécrotrophe à large spectre, infectant plus de 400 espèces différentes, incluant des espèces à intérêt agronomique telles que le tournesol ou la tomate mais aussi la plante modèle <i>Arabidopsis thaliana</i>. Chez <i>A. thaliana</i>, la résistance à <i>S. sclerotiorum</i> est de nature quantitative, ce qui fait de cette interaction un système modèle pour l'étude de la QDR.</p> <p>Nous avons identifié plusieurs gènes candidats chez <i>A. thaliana</i> qui pourraient être impliqués dans la QDR à <i>Sclerotinia</i> grâce à des analyses globales d'expression de gènes. Avec un système automatisé d'acquisition et d'analyse d'images mis au point dans l'équipe, il est possible d'enregistrer la vitesse de progression des symptômes de maladie (Figure 1.). Ce système permet de comparer finement la sensibilité de plantes mutées pour les gènes candidats sélectionnés. Ainsi, nos résultats actuels suggèrent que le mutant 1 serait plus résistant et le mutant 3 plus sensible que le contrôle, révélant ainsi une possible implication des gènes candidats correspondants dans la QDR à <i>Sclerotinia</i> (Figure 1.).</p> <p>Le but de ce projet de master est de valider les résultats préliminaires obtenus, par des infections de <i>Sclerotinia</i> sur ces mêmes mutants mais aussi de tester d'autres gènes candidats d'intérêt par l'utilisation de mutants insertionnels afin de mettre en lumière de nouvelles sources de résistance.</p> <p>Ce projet impliquera différentes techniques telles que :</p> <ul style="list-style-type: none"> - L'extraction d'ADN et d'ARN, PCR et RT-qPCR (analyse moléculaire des mutants) - La culture du pathogène et l'infection des feuilles détachées d'<i>Arabidopsis</i> - L'analyse d'images (visible et fluorescence) et l'interprétation des données. - Clonage et création de lignées sur-expresser/complémentation - Analyse de la diversité des gènes sélectionnés
	 <p>The figure consists of two parts. On the left, there is a 3x4 grid of detached Arabidopsis thaliana leaves showing varying degrees of necrotic damage caused by Sclerotinia sclerotiorum. The leaves are arranged in three rows and four columns, representing different mutant lines and a control. The damage is most severe in the mutant 3 row and least severe in the mutant 1 row. On the right, there is a line graph showing the progression of symptoms over time. The x-axis represents time and the y-axis represents the extent of symptoms. Four lines represent Mutant 1 (green), Mutant 2 (blue), Mutant 3 (red), and Control (purple). Mutant 1 shows the slowest progression, while Mutant 3 shows the fastest progression, similar to the control.</p>
	<p>Figure 1. Analyse de la progression des symptômes de <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> sur les feuilles détachées d'<i>Arabidopsis thaliana</i> et représentation graphique après analyse d'images sur plusieurs mutants.</p>