

Proposition d'un sujet de stage Master M2 ADAM 2016-2017

Titre	Importance des méthyltransférases dans la virulence de la bactérie phytopathogène <i>Ralstonia solanacearum</i>
Encadrants 1 (tél. et/ou mail)	Alice GUIDOT (alice.guidot@toulouse.inra.fr)
Laboratoire	Laboratoire des Interactions Plantes Microorganismes (LIPM)
Equipe 1	Equipe « Pouvoir pathogène de <i>Ralstonia</i> et adaptation à son environnement » (Stéphane GENIN)

Résumé du sujet (maximum de 20 lignes)	<p>Les méthyltransférases (MTases) sont des enzymes qui catalysent la méthylation des bases nucléiques de l'ADN ou des acides aminés d'une protéine. La méthylation de l'ADN impacte la régulation de certains gènes sans modifier la séquence ADN originale. Elle est souvent induite par des facteurs externes tels que les changements environnementaux, et est responsable de variations phénotypiques majeures chez tous les organismes vivants Eucaryotes et Procaryotes. L'impact de la méthylation de l'ADN sur la virulence est reconnu chez les pathogènes des animaux mais très mal étudiée chez les pathogènes de plantes. Les objectifs de ce stage sont de caractériser les différentes MTases chez la bactérie phytopathogène <i>Ralstonia solanacearum</i> et d'étudier leur importance dans la virulence.</p> <p><i>R. solanacearum</i> est la bactérie responsable du flétrissement bactérien de plus de 250 espèces végétales d'intérêts agronomiques et vivriers telles que la pomme de terre, la tomate et le bananier. Une analyse préliminaire a permis d'identifier 7 MTases dans le génome de la souche modèle GMI1000 de <i>R. solanacearum</i>.</p> <p>Pour répondre aux objectifs de ce stage, (1) les répertoires de MTases vont être comparés entre 20 souches sauvages de <i>R. solanacearum</i> appartenant à différents groupes phylogénétiques et variant dans leur spécificité d'hôte en utilisant le logiciel REBASE, (2) le niveau d'expression des MTases sera comparé <i>in vitro</i> et <i>in planta</i> par RT-qPCR et (3) Le rôle des différentes MTases de la souche GMI1000 dans la virulence sera analysé en générant des mutants simples de délétion de chacune des 7 MTases puis en mesurant l'impact de ces délétions sur la virulence par des tests de pouvoir pathogène sur tomate.</p>
---	---

