

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

Titre	Identification et caractérisation de cibles végétales d'effecteurs de pathogénie de <i>Ralstonia solanacearum</i> en utilisant la diversité naturelle d' <i>Arabidopsis thaliana</i>
Encadrant (tél. et/ou mail)	Fabienne Vaillau (fabienne.vaillau@toulouse.inra.fr ; tel : 05 61 28 57 76)
Laboratoire	Laboratoire des Interactions Plantes Microorganismes (LIPM) UMR CNRS/INRA 2594/441
Equipe	Pouvoir pathogène de <i>Ralstonia</i> et adaptation à son environnement (équipe S. Genin)
Résumé du sujet (maximum de 20 lignes)	<p>La bactérie phytopathogène <i>Ralstonia solanacearum</i> conduit à la maladie du flétrissement bactérien, qui engendre des dégâts majeurs en agriculture, attaquant plus de 200 espèces de plantes. Aucune méthode de lutte efficace contre <i>R. solanacearum</i> n'est disponible à ce jour. Il n'existe pas de traitement chimique pour lutter contre <i>R. solanacearum</i>, ni de variétés de plantes complètement résistantes, seules des variétés tolérantes ont été sélectionnées. Le déterminant majeur du pouvoir pathogène de <i>R. solanacearum</i> est constitué par le système de sécrétion de type 3 (SST3), véritable seringue moléculaire, qui injecte plus de 70 effecteurs de type 3 (ET3s) directement dans la cellule végétale. Un rôle important de ces ET3s serait d'empêcher la mise en place de mécanismes de défense de la plante, pour réorienter la physiologie cellulaire dans un sens favorable au développement de la bactérie. Un pan majeur de recherche de l'équipe de Stéphane Genin est de rechercher les protéines végétales ciblées et manipulées par des ET3s, un objectif à moyen terme étant d'aller rechercher de nouveaux mécanismes de résistance, potentiellement plus durables.</p> <p>Dans ce contexte, ce projet de stage propose de rechercher des cibles d'ET3s par des approches de génétique d'association ou GWA (Genome-Wide Association) mapping, chez <i>Arabidopsis thaliana</i>. Le GWA mapping constitue une approche puissante pour cartographier des régions génomiques (jusqu'au gène causal) associées à la variation naturelle phénotypique. Ce projet de stage sera mené en collaboration avec Fabrice Roux (LIPM, expert en génétique d'association), et se décompose en plusieurs étapes : (1) Phénotypage de la réponse à tous les mutants d'ET3s de <i>R. solanacearum</i> sur des core collections réduites d'accessions d'<i>Arabidopsis</i> (25 géotypes ; outils et données préliminaires disponibles) ; (2) Recherche de pics d'association de la réponse de l'hôte pour quelques ET3s sélectionnés à l'étape (1) via l'analyse de populations mondiale et locale ; (3) Début de l'analyse fonctionnelle de gènes candidats identifiés à l'étape (2), gènes potentiellement identifiés comme codant pour des cibles végétales associées à la sensibilité ou à la résistance à <i>R. solanacearum</i>.</p>