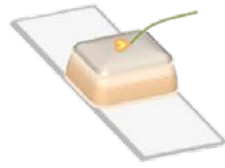


Proposition d'un sujet de stage Master M2 ADAM 2016-2017

Remplissez l'ensemble des champs du formulaire, renvoyez le formulaire à [C.Jacquet](#) ou [C.Dunand](#) en ajoutant le nom de l'encadrant dans l'intitulé du fichier. Nous nous chargerons de le déposer en ligne sur le [site du M2 de la mention de biologie végétale](#).

Titre	Caractérisation de partenaires protéiques de la protéine MIEL1, une E3 ligase de type RING à l'interface entre défense et développement chez <i>Arabidopsis thaliana</i>
Encadrants 1 (tél. et/ou mail)	Susana Rivas; 05 61 28 54 90 (susana.rivas@toulouse.inra.fr)
Laboratoire	Laboratoire des Interactions Plantes-Microorganismes (LIPM)
Equipe 1	SPID (http://www6.toulouse.inra.fr/lipm/Recherche/Signalisation-immunite-et-developpement-des-plantes)
Encadrants 2 (tél. et/ou mail)	<input type="text"/>
Laboratoire	<input type="text"/>
Equipe 2	<input type="text"/>
Résumé du sujet (maximum de 20 lignes)	<p>La protéine ubiquitine E3 ligase d'<i>Arabidopsis</i> MIEL1 contribue à la réponse de défense végétale en régulant négativement la production d'acides gras à très longue chaîne (VLCFAs). Au-delà de leurs fonctions dans la défense, les VLCFAs sont des composants clés de la couche externe du pollen où ils jouent des rôles de protection et de signalisation, au cours de la germination du pollen et de la croissance du tube pollinique. De façon intéressante, <i>MIEL1</i> est fortement exprimé dans le pollen et son expression est modulée pendant la germination et la croissance du tube pollinique. De plus, nous avons observé des défauts de croissance du tube pollinique chez des plantes altérées pour l'expression de <i>MIEL1</i>. Par criblage de type double hybride nous avons identifié des interacteurs protéiques de MIEL1 présentant un intérêt particulier puis que ces candidats (i) ont des fonctions liées soit à l'ubiquitination, soit aux réponses de défense ou encore à la croissance du tube pollinique; (ii) sont co-régulés avec <i>MIEL1</i>; et (iii) co-localisent avec MIEL1 au sein des cellules végétales.</p> <p>Dans le but de caractériser ces protéines partenaires de MIEL1, une approche multidisciplinaire est envisagée durant ce stage comprenant une grande diversité de techniques. L'interaction protéique entre les protéines candidates et MIEL1 sera confirmée <i>in planta</i> (chez <i>N. benthamiana</i> et des protoplastes d'<i>Arabidopsis</i>) par la technique de <u>FRET-FLIM</u>, en collaboration avec la Plateforme Imagerie (FR3450) ainsi que par <u>co-immunoprécipitation</u>. L'analyse fonctionnelle des candidats sélectionnés sera effectuée grâce à la caractérisation de lignées mutantes d'<i>Arabidopsis</i> déjà disponibles au laboratoire. Le phénotypage de ces lignées sera réalisé sur la base de l'analyse (i) de la <u>formation du pollen</u>; (ii) la <u>germination du tube pollinique</u>, et (iii) le <u>niveau de résistance</u> (mesure de la croissance bactérienne <i>in planta</i>). En fin, le niveau d'activation transcriptionnelle des <u>gènes de la voie VLCFA et de défense</u> sera aussi analysé à la fois dans le pollen et dans les plantes adultes avant et après inoculation bactérienne.</p> <p><i>Etant donnée l'importance de la voie florale pour la transmission des agents pathogènes (capables de rentrer via le stigmate et traverser le style afin d'attendre l'ovule), ce projet devrait permettre de mieux comprendre le rôle des régulateurs de l'immunité végétale dans la régulation des processus développementaux et, potentiellement, dans la sensibilité/résistance du pollen aux agents pathogènes.</i></p>



miel1

Contrôle

