



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

Titre	Explorer les interactions entre signaux symbiotiques et auxine pour mieux comprendre le développement racinaire et les symbioses chez <i>Medicago truncatula</i>
Encadrant 1 (tel + mail)	Sandra BENSMIHEN, tel : 05 61 28 54 63 sandra.bensmihen@inra.fr
Equipe(s)	Signalisation symbiotique, LIPM, Castanet-Tolosan
	<p>Contexte : Améliorer la nutrition des plantes dans le contexte d'une agriculture durable est un enjeu majeur. Parmi les critères d'amélioration possibles, un meilleur développement racinaire mais également une plus grande efficacité des interactions symbiotiques racinaires, telles que la nodulation et la mycorhization sont des pistes importantes. Les « Lipo-ChitoOligosaccharides » (LCOs) sont des molécules symbiotiques produites par des rhizobia et des champignons endomycorhiziens tel <i>Rhizophagus irregularis</i>. En plus de leur rôle dans la mise en place des symbioses (nodulation et mycorhization), les LCOs purifiés sont capables de stimuler la formation de racines latérales (RL) chez de nombreuses plantes dont la légumineuse modèle <i>Medicago truncatula</i>. L'auxine est, quant à elle, une hormone majeure du développement des plantes dont le rôle commence à émerger dans le contrôle des interactions entre plantes et micro-organismes. Récemment, l'équipe a montré que la combinaison de LCOs et d'auxine est capable de stimuler de manière synergique la formation des RL et la régulation d'un grand nombre de gènes chez <i>M. truncatula</i> (Herrbach et al., 2017). Parmi les gènes ainsi régulés, on retrouve des candidats pour le développement des RL mais également des gènes exprimés aux cours des interactions symbiotiques, comme la nodulation.</p> <p>Objectifs : Ce projet propose de mieux comprendre les liens entre signaux symbiotiques et auxine, et notamment : i) d'identifier plus clairement les gènes cibles de cette interaction. Pour cela nous validerons l'expression de gènes candidats obtenus grâce à une nouvelle approche transcriptomique comportant plusieurs points de cinétique précoces de traitements auxine et LCOs ; ii) tester la variabilité génétique de cette réponse synergique entre LCOs et auxine afin d'explorer les possibilités d'approches telles que la génétique d'association. Pour cela, nous testerons à la fois des réponses développementales (sensibilité à l'auxine) et des réponses symbiotiques (nodulation en présence de LCOs ou d'auxine, expression de gènes marqueurs symbiotiques, ...) sur différentes accessions de <i>M. truncatula</i> contrastées pour leur développement racinaire et leur réponse aux LCOs.</p> <p>Méthodes employées : extraction d'ARN, Q-RT-PCR, phénotypage racinaire en réponse à l'auxine et aux LCOs, analyses statistiques, tests de nodulation, éventuellement clonage.</p> <p>Référence : Herrbach et al. Nod factors potentiate auxin signaling for transcriptional regulation and lateral root formation in <i>Medicago truncatula</i>. J Exp Bot. 2017;68(3):569-83. PubMed PMID: 28073951.</p>
Photo	