



Proposition d'un sujet de stage au M2 ADAM (2021) -

(1 page max photo comprise)

Titre	MtIAA7, un régulateur original de la stimulation du développement racinaire en réponse aux signaux symbiotiques chez <i>Medicago truncatula</i> ?
Encadrant 1 (tel + mail)	Sandra BENSMIHEN (LIPME) 05 61 28 54 63 sandra.bensmihen@inrae.fr
Encadrant 2	
Equipe(s)	Ce sujet est proposé seulement pour l'itinéraire R X , l'itinéraire PRO <input type="checkbox"/> ou les 2 <input type="checkbox"/> ?
Résumé	<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. La mise en place et le maintien de la nodulation est contrôlée par la production de signaux symbiotiques par la bactérie, appelés facteurs de Nodulation (NF). En plus de leur rôle dans la mise en place de la nodulation, les NF purifiés stimulent également la formation de racines latérales (RL) chez la légumineuse modèle <i>Medicago truncatula</i>. Des travaux antérieurs de l'équipe d'accueil ont permis d'identifier <i>MtIAA7</i> comme un régulateur négatif de la voie de signalisation de l'auxine impliqué dans le contrôle du développement racinaire et de sa stimulation par les NF chez <i>M. truncatula</i>. De manière intéressante <i>MtIAA7</i> est l'orthologue d'un gène d'Arabidopsis (une plante non légumineuse) qui n'a, pour l'instant, pas été décrit comme impliqué dans le développement racinaire. <i>MtIAA7</i> pourrait donc représenter une néo-fonctionnalisation chez <i>M. truncatula</i>.</p> <p>Objectifs : L'objectif de ce projet est de poursuivre la caractérisation fonctionnelle du gène <i>MtIAA7</i> et de comparer son rôle à celui d'<i>IAA9</i> chez Arabidopsis. Il s'agira notamment de phénotyper de manière plus fine des mutants (KO) de <i>Atiaa9</i> pour leur développement racinaire. Diverses lignées de <i>M. truncatula</i> représentant des pertes (mutant KO) ou des gains de fonction (protéine mutée) de <i>MtIAA7</i> sont également disponibles. Il s'agira de phénotyper de manière plus fine leur développement racinaire et nodulaire. En parallèle, nous rechercherons comment <i>MtIAA7</i> pourrait être régulée par les NF au niveau post-transcriptionnel.</p> <p>Les données obtenues lors de ce stage ouvriront la voie à un projet de thèse original pour mieux comprendre l'existence de mécanismes communs ou spécifiques entre 1) développement des RL et des nodosités chez <i>M. truncatula</i> et 2) développement racinaire de <i>M. truncatula</i> et Arabidopsis.</p> <p>Méthodes employées : clonage par système « Goldengate », génotypage par PCR, culture <i>in vitro</i>, tests de nodulation, biologie cellulaire, microscopie optique et confocale.</p>
Photo	<p>Fusion traductionnelle de <i>MtIAA7</i> avec une protéine fluorescente (YFP) exprimée dans les racines de <i>M. truncatula</i>.</p> 