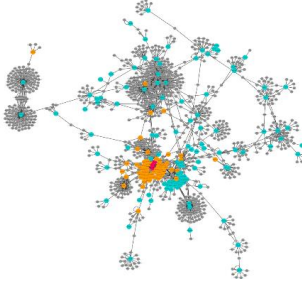
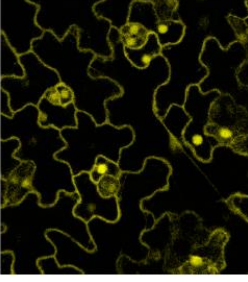




Proposition d'un sujet de stage au M2 ADAM (2021) -

(1 page max photo comprise)

Titre	Immunité quantitative chez <i>Arabidopsis thaliana</i> : dissection des voies de signalisation par l'analyse fonctionnelle d'un gène majeur, <i>RKS1</i>.
Encadrant 1 (tel + mail)	Carine Chauveau (Carine.Chaudeau@inrae.fr ; 06-88-90-83-85)
Encadrant 2	Dominique Roby (Dominique.robey@inrae.fr)
Equipe(s)	Ce sujet est proposé seulement pour l'itinéraire R <input type="checkbox"/> , l'itinéraire PRO <input checked="" type="checkbox"/> ou les 2 <input type="checkbox"/> ?
Résumé	<p>En réponse à l'attaque par des agents pathogènes, les plantes développent une reprogrammation cellulaire complexe, qui conduit à l'induction de défenses à large spectre. La résistance quantitative (QDR) qui constitue la forme prédominante de la résistance naturelle aux maladies au champ, le plus souvent durable et à large spectre vis-à-vis de nombreux agents pathogènes, demeure largement incomprise.</p> <p>Dans ce contexte, nous avons identifié la protéine kinase RKS1, comme l'un des déterminants génétiques (QTL majeur) de la QDR vis-à-vis de la bactérie pathogène <i>Xanthomonas campestris</i> (Xcc), agent de la pourriture noire chez la plante modèle <i>Arabidopsis thaliana</i> (<i>A. thaliana</i>) mais aussi plus largement chez les Brassicaceae (Huard-Chauveau <i>et al.</i>, 2013). Plus récemment, par des analyses combinées de transcriptomique (RNAseq) et de biologie des systèmes, ciblées sur les étapes précoces de l'interaction (0 à 6 heures après infection), nous avons montré que l'immunité quantitative <i>RKS1</i>-dépendante repose sur un réseau hautement connecté et décentralisé impliquant 5 modules de gènes constitutifs de la réponse immunitaire, dont la plupart n'avaient jusqu'à présent pas été identifiés, (Delplace <i>et al.</i>, 2020).</p> <p>L'objectif de ce projet est de s'appuyer sur l'ensemble des données déjà acquises pour (i) mieux comprendre le mode d'action de RKS1, kinase atypique dont la fonction reste encore peu comprise, et (ii) poursuivre la dissection des voies menant à la résistance quantitative chez <i>A. thaliana</i> en réponse à la bactérie pathogène <i>Xcc568</i>. Ainsi, à partir du réseau immunitaire récemment mis en lumière dans Delplace <i>et al.</i> (2020) dont l'élaboration et basée sur des interactions protéines-protéines, nous proposons, en relation avec la localisation subcellulaire de RKS1, dans un premier temps de valider des interactions et de caractériser un sous-réseau RKS1-dépendant. Les approches retenues concerneront des approches génétiques, moléculaires et biochimiques, et toutes les méthodologies relatives à la pathologie végétale.</p> <p>Huard-Chauveau, C., Perchepied, L., Debieu, M., Rivas, S., Kroj, T., Kars, I., Bergelson, J., Roux, F. and Roby, D. (2013) An Atypical Kinase under Balancing Selection Confers Broad-Spectrum Disease Resistance in <i>Arabidopsis</i>. <i>PLoS Genet.</i>, 9.</p> <p>Delplace, F., Huard-Chauveau, C. <i>et al.</i> (2020) Robustness of plant quantitative disease resistance is provided by a decentralized immune network. <i>PNAS</i> 117 (30) doi: 10.1073/pnas.2000078117</p>
Photo	<div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"> <div style="text-align: center;">  <p>Le réseau d'interactions protéines-protéines</p> </div> <div style="text-align: center;">  <p>RKS1:YFP</p> <p>Localisation subcellulaire de RKS1</p> </div> </div>