



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

(1 page max photo comprise)

Titre	Identification des acteurs moléculaires impliqués dans le mécanisme de résistance associé au gène <i>Stb16q</i> chez le blé
Encadrant 1 (tel + mail)	Cyrille Saintenac (04 43 76 15 26, cyrille.saintenac@inrae.fr)
Encadrant 2	
Equipe(s)	Maladies des Céréales (INRAE GDEC, Clermont-Ferrand) Ce sujet est proposé seulement pour l'itinéraire R <input type="checkbox"/> , l'itinéraire PRO <input type="checkbox"/> ou les 2 <input checked="" type="checkbox"/> ?
Résumé	<p>Avec plus de cinq millions d'hectares cultivés en France chaque année, le blé représente l'une des cultures les plus importantes de l'agriculture Française. Or, chaque année, la production est impactée par des maladies d'origine fongique comme la septoriose (1,5 t/h de perte) dont le contrôle nécessite une utilisation massive de fongicides. Dans le contexte actuel de réduction voire de suppression de l'utilisation des produits phytosanitaires, la création de variétés de blé résistantes à <i>Zymoseptoria tritici</i>, l'agent causal de la septoriose, devient une des priorités de la filière.</p> <p>Dans ce cadre, nous avons récemment cloné et caractérisé, chez le blé, les deux premiers gènes majeurs de résistance à la septoriose, <i>Stb6</i> et <i>Stb16q</i>. Ces deux gènes codent pour des récepteurs à activité kinase localisés au niveau de la membrane plasmique. Cependant, les mécanismes moléculaires et physiologiques mis en place par ces gènes pour limiter le développement du champignon sont encore inconnus.</p> <p>Lors de ce stage, nous proposons d'identifier les acteurs moléculaires associés à la protéine STB16 lors la mise en place du mécanisme de résistance par des expérimentations de co-immunoprécipitation. Les interactions positives seront ensuite validées par l'utilisation de techniques complémentaires. Les domaines extracellulaires de la protéine STB16 en cours de production dans un système hétérologue pourront également être utilisés pour identifier, <i>in vivo</i>, les molécules associées à ces domaines spécifiquement lors de la résistance. Ces expérimentations s'appuieront sur des ressources génétiques originales comme des lignées quasi isogéniques de blé et des lignées transgéniques d'<i>Arabidopsis</i> et de blé surexprimant le gène <i>Stb16q</i>.</p> <p>Ces résultats vont permettre d'identifier les acteurs clefs et les voies de signalisation associés à la résistance médiée par le gène <i>Stb16q</i>.</p>
Photo	