



Offre de stage de 6 mois

Analyse de données RNAseq, réseaux de gènes et séquences cis-régulatrices
Comprendre les déterminants moléculaires de la résistance de la Vigne
contre *Botrytis cinerea*, agent de la pourriture grise.

Etablissement d'accueil : UMR CNRS 7267 EBI Ecologie et Biologie des Interactions

Equipe "SEVE Sucres & Echanges Végétaux-Environnement"

Bâtiment Botanique B31

3 rue Jacques Fort

86073 POITIERS CEDEX 9, France

Contacts : La Camera Sylvain (MCF), sylvain.la.camera@univ-poitiers.fr

Monnereau Benoit (doctorant), benoit.monnereau01@univ-poitiers.fr

Tel : +33 (0)5 49 45 49 33

Période : A partir de janvier 2023 (selon la formation, 6 mois, avec gratification)

Contexte : Face aux nombreuses maladies fongiques, et en lien avec la diminution de l'utilisation de produits phytosanitaires, la filière viticole subit des pertes de production importantes. Différentes stratégies sont alors mises en œuvre pour limiter cette perte : nouveaux produits écoresponsables, adaptation des modes de conduite de la Vigne et création de nouveaux cépages plus résistants aux maladies.

Dans notre laboratoire, le modèle d'étude *Arabidopsis thaliana* nous a permis de mieux comprendre l'importance du transport des sucres au cours des interactions plantes/pathogènes (Lemonnier *et al.*, 2014; Veillet *et al.*, 2016, Veillet *et al.*, 2017). Par des approches de génétique inverse, nous avons identifié et caractérisé le rôle du transporteur de sucres AtSTP13 en tant qu'élément de la résistance basale contre *Botrytis cinerea*, champignon nécrotrophe responsable de la pourriture grise (Lemonnier *et al.*, 2014). Dans une étude ciblée, nous avons alors entamé l'étude de l'homologue d'AtSTP13 chez la Vigne, elle-même sensible à la pourriture grise.

Aujourd'hui, les technologies de séquençage nouvelle génération (NGS) permettent d'étudier finement les réponses moléculaires en identifiant de nouveaux mécanismes de défense chez la plante (Naidoo *et al.*, 2018; Zhang *et al.*, 2019). Une étude non-ciblée a été entamée au laboratoire, par l'utilisation d'une approche RNAseq, dans le but de comprendre les liens éventuels entre les mécanismes du transport de sucres et ceux impliqués dans la défense de la Vigne contre les champignons pathogènes.

Objectifs du stage : Afin de mettre en évidence les déterminants de résistance de la Vigne en réponse aux maladies fongiques, une cinétique d'infection par *B. cinerea* a été réalisée. Une analyse RNAseq est en cours pour identifier des gènes différentiellement exprimés (DEGs) entre différents cépages à niveaux de tolérance contrastés.

L'objectif de ce stage de 6 mois est d'analyser et compléter l'exploitation de données générées dans cette étude.

- Dans un premier temps, une analyse des régions promotrices des DEGs appartenant à différents clusters sera réalisée afin d'identifier des motifs/séquences cis-régulatrices et les facteurs de transcription associés à ces DEGs. Ainsi, un réseau de régulation de gènes de Vigne sera établi et corrélé à l'état de susceptibilité ou de tolérance des cépages étudiés.
- Dans un second temps, les données d'expression des gènes du champignon *B. cinerea* seront extraites à partir des données RNAseq globales (Vigne + champignon). Pour cela, une nouvelle analyse visant à identifier des DEGs d'origine fongique sera alors réalisée à partir des données fournies afin d'identifier des clusters de gènes impliqués dans la pathogénèse et la virulence de ce champignon nécrotrophe.

A l'issue de ces travaux, nous aurons une vision plus globale et précise des réponses moléculaires qui sont mises en place lors de l'interaction Vigne/*B. cinerea* et des informations importantes sur leur régulation. Des connexions pourront être identifiées entre les mécanismes de transport des sucres, ceux de défense de la plante, et ceux du champignon pour la colonisation de son hôte. De nouveaux gènes candidats possiblement impliqués dans les défenses de la plante seront mis en évidence et ciblés pour nos travaux futurs. L'étudiant(e) pourra, s'il(elle) le désire, participer aux validations fonctionnelles de ces candidats.

A plus long terme, les résultats obtenus apporteront de nouveaux déterminants de la résistance de la Vigne à prendre en compte lors de la création de nouvelles variétés plus résistantes aux maladies cryptogamiques.

Profil recherché : Etudiant(e) de 3^{ème} cycle en école d'ingénieur ou en Master 2 de préférence bio-informatique. Une expérience avec le langage R est souhaitable.

Etudiant(e) avec un intérêt pour les sciences omiques appliquées à l'étude du vivant et une curiosité permettant de comprendre les relations plantes/pathogènes.

Candidature : Pour candidater, merci d'envoyer un document PDF unique contenant CV et lettre de motivation aux contacts renseignés dans l'offre de stage.

Bibliographie :

- Lemonnier, P., Gaillard, C., Veillet, F., Verbeke, J., Lemoine, R., Coutos-Thévenot, P., & La Camera, S. (2014). Expression of Arabidopsis sugar transport protein STP13 differentially affects glucose transport activity and basal resistance to *Botrytis cinerea*. *Plant Molecular Biology*, 85(4-5), 473-484. <https://doi.org/10.1007/s11103-014-0198-5>
- Naidoo, S., Visser, E. A., Zwart, L., Toit, Y. du, Bhaduria, V., & Shuey, L. S. (2018). Dual RNA-Sequencing to Elucidate the Plant-Pathogen Duel. *Current Issues in Molecular Biology*, 127-142. <https://doi.org/10.21775/cimb.027.127>
- Veillet, F., Gaillard, C., Coutos-Thévenot, P., & La Camera, S. (2016). Targeting the AtCWIN1 Gene to Explore the Role of Invertases in Sucrose Transport in Roots and during *Botrytis cinerea* Infection. *Frontiers in Plant Science*, 7. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01899>
- Veillet, F., Gaillard, C., Lemonnier, P., Coutos-Thévenot, P., & La Camera, S. (2017). The molecular dialogue between *Arabidopsis thaliana* and the necrotrophic fungus *Botrytis cinerea* leads to major changes in host carbon metabolism. *Scientific Reports*, 7(1), 17121. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-17413-y>
- Zhang, W., Corwin, J. A., Copeland, D. H., Feusier, J., Eshbaugh, R., Cook, D. E., Atwell, S., & Kliebenstein, D. J. (2019). Plant-necrotroph co-transcriptome networks illuminate a metabolic battlefield. *ELife*, 8, e44279. <https://doi.org/10.7554/eLife.44279>