



Proposition de stage de Master 2

ÉTUDE DU MÉCANISME DE PHYTOTOXICITÉ DE LA SOUCHE *STREPTOMYCES* BS9

Encadrant : Bertrand AIGLE, bertrand.aigle@univ-lorraine.fr, tel : 03 72 74 51 41

Contexte

De multiples interactions se produisent entre les micro-organismes dans les milieux naturels et impactent de manière bénéfique ou délétère le fonctionnement de ces communautés et/ou des plantes en interaction. Les acteurs moléculaires impliqués dans ces échanges métaboliques sont cependant mal caractérisés alors que les microbes consacrent d'énormes ressources aux interactions microbiennes.

Parmi les différentes souches bactériennes cultivables, une souche de *Streptomyces* présentant un comportement très inhabituel vis-à-vis du peuplier et d'*Arabidopsis thaliana* a été identifiée. En effet, la souche *Streptomyces* Bs9 a fortement inhibé le développement du système racinaire et a induit la production de tissus racinaires nécrotiques dans les deux plantes. De plus, les teneurs en anthocyanes des racines et des feuilles étaient significativement plus élevées en présence de la souche Bs9 suggérant l'induction d'un fort stress. Cet effet phytotoxique est limité lorsque la bactérie est co-cultivée avec d'autres souches bactériennes isolées du même environnement.

Objectifs

L'objectif principal du projet est de comprendre au niveau moléculaire comment *Streptomyces* Bs9 inhibe le développement racinaire du peuplier ou d'*Arabidopsis thaliana*. Il s'agira en particulier d'identifier un ou des clusters de gènes de biosynthèse (BGC) qui serai(en)t responsable(s) de la synthèse du composé ou des composés induisant l'effet nécrotique.

La séquence génome de la souche Bs9 est disponible. Il s'agira d'identifier et d'analyser les BGC codés par *Streptomyces* Bs9 et proposer un ou plusieurs BGC candidats. D'autres souches de *Streptomyces* présentant cette activité nécrotique ont été identifiées et pour certaines leur génome a été séquencé. Elles pourront donc être incluses dans cette étude.

Une mutagénèse dirigée sur le(s) cluster(s) candidat(s) sera alors entreprise et les mutants analysés pour la perte de l'activité nécrotique. Parallèlement, une approche de mutagénèse aléatoire sera développée et une méthode de criblage « haut » débit sera mis en place avec le Dr Aurélie Deveau (UMR 1136 IAM) pour identifier des mutants ayant perdu la capacité à inhiber la croissance racinaire.

Approche

Microbiologie, microbiologie moléculaire, mutagénèses ciblée et aléatoire, analyses génomiques

Cadre

Ce travail s'inscrit dans le cadre d'une collaboration active entre le LCP-A2MC (Metz) et l'UMR UL-INRAE 1136 IAM.

Rigueur et motivation seront attendues, ainsi que de bonnes capacités de communication nécessaires au travail en équipe. Les candidats devront transmettre dès que possible leur dossier de candidature complet (CV, lettre de motivation, relevé de notes du M1 et résumé du stage de M1) à Bertrand Aigle (bertrand.aigle@univ-lorraine.fr). Les candidats seront sélectionnés au fil de l'eau, pour un entretien au cours duquel ils devront montrer leur motivation et leur adéquation pour le sujet proposé.