



bfp
EQUIPE
VIRO

INRAE

université
de BORDEAUX

CDD 4 mois minimum

A pourvoir dès que possible (Octobre, Novembre 2024)

**UMR Biologie du Fruit et Pathologie,
avenue E. Bourleaux 33140 Villenave d'Ornon cedex**

**Validation fonctionnelle de gènes impliqués dans la réponse aux virus chez les
espèces végétales *Arabidopsis thaliana* et *Solanum pimpinellifolium***

CONTEXTE :

La résistance des plantes aux virus n'est souvent efficace qu'à court terme, car le taux d'évolution élevé des virus leur permet de contourner les mécanismes de résistance.

À l'inverse, la tolérance, c'est-à-dire la capacité des plantes à accumuler des agents pathogènes dans leurs tissus sans provoquer de symptômes de maladie ni de perte de performances pourrait être plus durable, car les virus sont soumis à une pression sélective moindre.

Le virus de la mosaïque du tabac (TMV) du genre Tobamovirus, le virus de la mosaïque du concombre (CMV) du genre Cucumovirus et le virus de la mosaïque du navet (TuMV) appartenant aux Potyvirus, sont 3 virus à ARN, de genre différents mais capables d'infecter un large éventail d'hôtes, dont *Arabidopsis thaliana* et un ancêtre de la tomate *Solanum pimpinellifolium*. Pour ces 3 virus, nous nous sommes intéressés, dans différents projets, aux bases génétiques de la réponse des 2 hôtes cités précédemment afin de rechercher les déterminants de la réponse et plus particulièrement de la tolérance.

Dans ce cadre nous avons phénotypé de larges gammes de plantes pour la biomasse sèche, la hauteur des hampes, la taille de la rosette chez *Arabidopsis*, la charge virale par ELISA ou QPCR, la composition métabolique par analyse non ciblée puis recherché les bases génétiques de la réponse de tolérance.

Nous disposons maintenant d'une liste de gènes dont il convient que nous vérifiions si leur produit peuvent effectivement participer à cette réponse de tolérance qui pourra alors être valorisée via la sélection de nouvelles variétés.

OBJECTIFS :

La personne recrutée participera aux expériences de validation fonctionnelle des gènes retenus par l'équipe.

METHODES :

Validation de plantes mutantes par PCR

Phénotypage : biomasse sèche, hauteur des hampes, taille des rosettes, scores de symptômes, charge virale par ELISA et QPCR

Gene editing : mise en place de CRISPR CAS 9, définition de guides, transformation de plantes

Travail en chambre de culture et en serre, suivi des plantes, inoculation, prélèvements, acquisition des données, premières analyses

PREREQUIS :

BTS/Lpro Analyses biologiques et équivalent

NOM DU RESPONSABLE

V. Schurdi-Levraud

E-MAIL : valerie.schurdi-levraud@inrae.fr TEL : 00 33 5 57 12 23 80

Candidature par mail avec CV et lettre de motivation