

PROPOSITION D'UN PROJET DE THÈSE A L'ÉCOLE DOCTORALE « Végétal, Animal, Aliment, Mer, Environnement »

INFORMATIONS GÉNÉRALES

<p>Titre de la thèse : (F) Décryptage et prédiction de la signification fonctionnelle, de la répartition géographique et de l'évolution des diazotrophes non-cyanobactériens dans les océans actuels et futurs</p> <p>(GB) Decoding and predicting the functional significance, global distribution, and evolutionary patterns of non-cyanobacterial diazotrophs in contemporary oceans</p>
<p>Acronyme : DIAZODISCO</p>
<p>Discipline de recherche 1 : microbiologie environnementale et modélisation</p> <p>Discipline de recherche 2 : metaomiques et intégration des données</p>
<p>Trois mots-clés : Omics, Modelling, microalgae bacteria interactions</p> <p>Omiques, modélisation, interactions microalgues bactéries</p> <p>(F) et (GB)</p>
<p>Unité(s) d'accueil(s) : Unité en Sciences Biologiques et Biotechnologies (US2B) – UMR 6286 CNRS-NU – Laboratoire des Sciences Numériques de Nantes (LS2N) – UMR 6004.</p>
<p>Nom, prénom de la directrice de thèse : TIRICHINE LEILA</p> <p>Adresse courriel : tirichine-l@univ-nantes.fr</p> <p>Nom, prénom du co-encadrant de thèse : CHAFFRON Samuel</p> <p>Adresse courriel : samuel.chaffron@univ-nantes.fr</p>
<p>Financement (origine et montant) : Allocation Doctorale Etat , 1500 euros net / mois</p>
<p>Contact(s) (adresse postale) : US2B, UFR Sciences et Techniques, 2 rue de la Houssinière 44322 Nantes</p>
<p>Mode de recrutement</p> <p>Le mode de recrutement du·de la doctorante dépend de la nature du financement du projet de thèse.</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Concours <input type="checkbox"/> Entretien <input type="checkbox"/> Autre (précisez) :</p>

Toutes les rubriques de ce document doivent être remplies.

**Une fois complété, merci d'enregistrer ce document au format pdf avec le nom suivant :
Nom du Directeur thèse_Unité_Acronyme du sujet_FR.pdf**

DESCRIPTION SCIENTIFIQUE DU PROJET DE THÈSE

Contexte socio-économique et scientifique : La fixation biologique de l'azote (FBA) est un processus fondamental qui convertit l'azote atmosphérique (N₂) en formes biologiquement disponibles telles que l'ammoniac, qui représente une source critique d'azote externe, essentielle au plancton à la base des niveaux trophiques supérieurs de la chaîne alimentaire, avec des effets en cascade sur le fonctionnement de l'écosystème marin et du climat [1]. Par conséquent, la FBA joue un rôle majeur dans la régulation de la productivité primaire et de l'exportation verticale du carbone vers les fonds marins, ainsi que dans le cycle biogéochimique des nutriments. L'interrelation entre la biogéochimie océanique et la production primaire est intimement liée à leur impact sur les processus atmosphériques et au climat de la Terre. La fixation de l'azote est un processus exclusif effectué par un groupe de micro-organismes connus sous le nom de diazotrophes (certaines bactéries et archées) qui possèdent l'enzyme nitrogénase (*nifH*) responsable de la conversion du N₂. L'azote converti est ensuite utilisé par des non-diazotrophes et leurs écosystèmes respectifs.

L'état d'équilibre du budget océanique global en azote fait l'objet d'un débat de longue date. La question non résolue est de savoir si les apports d'azote équilibrent les pertes via la dénitrification et l'anammox. Bien que la résolution de cette question soit difficile, un des éléments de réponse vient des études de plus en plus nombreuses qui montrent que la fixation de l'azote est significativement sous-estimée. Cela est principalement dû à une importante lacune dans la connaissance de l'identité et de l'écologie des diazotrophes. Ce manque de connaissances entrave la paramétrisation précise des diazotrophes dans les modèles biogéochimiques prédictifs, limitant ainsi notre capacité à obtenir une compréhension globale du cycle de l'azote.

Il est largement admis que les cyanobactéries sont responsables de la plupart de la fixation de N₂ dans les eaux marines. Cependant, cela a été récemment controversé car les cyanobactéries ne sont pas les seuls diazotrophes présents dans l'océan. Des analyses moléculaires indiquent que des diazotrophes non cyanobactériens (DNC) sont également présents et actifs. En effet, une domination écrasante de divers amplicons *nifH* a été détectée, liée aux DNC, en particulier aux Proteobacteria de types gamma et alpha [2]. La fixation de l'azote par les DNC pourrait ainsi avoir un impact profond sur le budget mondial de l'azote et la productivité primaire. Cependant, peu voire aucune information n'est actuellement disponible sur cette catégorie de diazotrophes, leurs génomes et écophysiologie. Bien que limitées, les connaissances actuelles sur la distribution des DNC trouvés dans les zones côtières riches en azote, les eaux de surface oxygénées et les zones froides à des latitudes plus élevées soulèvent des questions importantes sur la physiologie et les capacités métaboliques des DNC qui remettent en question le paradigme actuel limitant leur biogéographie aux régions où les cyanobactéries prospèrent, principalement les régions oligotrophes dans les tropiques.

Notre récente découverte de NCD associés à une souche naturelle de la diatomée modèle *Phaeodactylum tricornutum* prospectée en mer de Chine orientale représente une nouvelle découverte et une opportunité unique pour étudier comment la fixation de l'azote est régulée dans une population naturelle de DNC associée à des microalgues, ce qui conduira finalement à une meilleure compréhension du cycle biogéochimique de l'azote. Une analyse métagénomique

a révélé la présence d'environ 100 espèces bactériennes à *P. tricornutum*, parmi lesquelles plusieurs DNC en condition de carence en nitrate, alors qu'elles étaient indétectables en condition enrichie en nitrate [3]. La présence de DNC n'était pas limitée à *P. tricornutum*, car un crible similaire au laboratoire a révélé leur présence dans d'autres microalgues ubiquistes diverses [3]. Après analyse approfondie des données issues de deux concentrations de salinité différentes, des différences significatives ont été observées dans la diversité et l'abondance des DNC. Ces résultats sans précédent soutiennent l'idée que chaque DNC a un rôle distinct dans la réponse à différents facteurs environnementaux, en l'occurrence la salinité, en plus de la gestion de la carence en azote. Par conséquent, la présence de plusieurs DNC dans la phycosphère a soulevé des questions sur la fonction spécifique de chaque espèce diazotrophe, ce qui a conduit à plusieurs questions et hypothèses de travail (détaillées ci-dessous).

Hypothèses et questions scientifiques

Quelle est la diversité des NCDs en réponse aux variations de salinité et de température dans leur interaction symbiotique avec *P. tricornutum* ? Quels sont les gènes et les métabolites des communautés bactériennes et de la microalgue impliqués dans la réponse à la température ou à la salinité ? Comment les gènes, les transcrits et les métabolites sont-ils structurés et connectés dans les deux situations ? Comment ces données peuvent-elles être modélisées pour prédire l'évolution de la diversité et de la distribution des espèces en réponse à ces facteurs et par conséquent au changement climatique ?

Principales étapes de la thèse et démarche

Des données seront générées sur *P. tricornutum* avec sa communauté bactérienne en utilisant des séquençages de type métagénomique, métrascriptomique et métabolomique à deux températures différentes, basse et élevée. Le même design expérimental sera utilisé pour étudier l'effet de deux concentrations de salinité différentes. La diversité bactérienne et les gènes fonctionnels seront extraits et évalués à partir des données de métagénomique, métrascriptomique et métabolomique, y compris la reconstruction de génomes assemblés à partir du métagénome (MAGs). La combinaison de transcrits et de métabolites est un meilleur proxy que le transcrit seul pour identifier les gènes et métabolites clés importants pour la fixation symbiotique de l'azote dans ces deux conditions. De plus, les réseaux d'association communautaire seront extraits à partir de ces données pour déduire les interactions putatives entre différentes espèces bactériennes, et entre *P. tricornutum* et les bactéries.

Les variations de T et de salinité ont été associées à des transformations significatives des communautés planctoniques, qui devraient avoir un impact sur la fixation symbiotique de l'azote. Ainsi, de nouvelles approches de modélisation doivent être développées pour prédire et caractériser la nature et l'ampleur des réponses écologiques et fonctionnelles des planctons. Pour répondre à cette question, des approches statistiques de modélisation de la distribution des espèces ou « Species Distribution Modeling » (SDM), qui visent à modéliser et à prédire la biogéographie des espèces planctoniques en relation avec le contexte physicochimique, ont été utiles [4]. Cependant, la SDM ne prend pas en compte les interactions écologiques potentielles entre les espèces, malgré leur importance dans la biogéographie des communautés planctoniques. Nous allons donc appliquer un cadre computationnel que nous avons récemment développé, appelé "Associations Distribution Modeling" (ADM), pour modéliser et prédire la

biogéographie et l'évolution des associations écologiques planctoniques associées à la FBA à partir de données de méta-omiques. Les projections des ADM permettront de prédire des mesures statistiques régionales et mondiales des associations écologiques de la FBA et mettront en lumière leurs schémas de distribution biogéographique actuels.

Approches méthodologiques et techniques envisagées (4-6 lignes)

Pour prédire les impacts potentiels du changement climatique en cours, nous projeterons nos modèles en utilisant des scénarios de projection climatique jusqu'à la fin du siècle selon différentes trajectoires. Ainsi, les projections des ADMs nous permettront d'étudier les réponses prévues des assemblages planctoniques de la FBA dans l'espace et dans le temps. De plus, nous utiliserons des métriques topologiques de la théorie des graphes, telles que la robustesse et la résilience, comme des proxies pour les indicateurs biotiques de la communauté. Enfin, nous exploiterons les annotations fonctionnelles des génomes assemblés à partir des MAGs pour étudier les impacts du changement climatique sur les fonctions et les services de l'écosystème de la FBA.

Compétences scientifiques et techniques requises pour le candidat

Le candidat doit être un biologiste en biologie moléculaire ou écologie microbienne avec de solides compétences en bioinformatique, notamment de programmation, bash, python, R. Expérience en analyse de type métaomique est un plus.

ENCADREMENT DE LA THÈSE

Nom de l'unité d'accueil : Unité en Sciences Biologiques et Biotechnologies (US2B) – UMR 6286 CNRS – NU	Nom de l'équipe d'accueil : Epigénomique des microalgues et interactions avec l'environnement / COMBI
Nom du directeur de l'unité : B. OFFMANN	Nom de la responsable de l'équipe : L. TIRICHINE
Coordonnées du directeur de l'unité : bernard.offmann@univ-nantes.fr	Coordonnées de la responsable de l'équipe : Tirichine-l@univ-nantes.fr
Directrice de thèse Nom, prénom : TIRICHINE Leïla Fonction : Directrice de recherche Date d'obtention de l'HDR : 2014 Employeur : CNRS Taux d'encadrement doctoral dans le présent sujet : 60% Taux d'encadrement doctoral en cours (directions et co-directions) (%) : 150% Nombre de directions/co-directions de thèse en cours : 2	

Co-encadrant de thèse :

Nom, prénom : CHAFFRON Samuel

Fonction : Chargé de recherche

Titulaire de l'HDR : oui non Si oui, date d'obtention de l'HDR :

Employeur : CNRS

École doctorale de rattachement : Mastic

Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet : 40%

Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) : 140

Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours : 3

Partenaire privé (si financement CIFRE, privé, ...)

Nom, prénom :

Fonction :

Entreprise :

Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :

Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :

Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :

Partenaire international (si thèse en co-tutelle)

Nom, prénom :

Fonction :

Employeur :

Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet :

Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) :

Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours :

Devenir des anciens doctorants de la directrice et du co-encadrant de thèse (depuis 5 ans)

Compléter les informations suivantes pour chaque ancien doctorant

Nom, prénom : Zhao XUE

Date de début et de fin de thèse : 2017-2020

Direction de thèse : L. TIRICHINE

Emploi actuel, lieu : Post doc, Chine

Contrat (post-doc, CDD, CDI) : post doc

Liste des publications issues de ce travail de thèse : Zhao X et al., New Phytol. 2021, doi: 10.1111/nph.17129 ; Zhao X et al., Front. Mar. Sci 2020, <https://doi.org/10.3389/fmars.2020.00189>

Nom, prénom : Antoine HOGUIN

Date de début et de fin de thèse : 2017-2019

Direction de thèse : L. TIRICHINE

Emploi actuel, lieu : Post doc, Edinburg

Contrat (post-doc, CDD, CDI) : post doc

Liste des publications issues de ce travail de thèse : Hoguin A. et al., *Sci Rep.* 2021, doi: 10.1038/s41598-021-82529-1 2

Nom, prénom : Johanna ZOPPI

Date de début et de fin de thèse : 2019-2021

Direction de thèse : S. CHAFFRON, P. PARNET et M. NEUNLIST.

Emploi actuel, lieu : Data scientist chez Capgemini Engineering

Contrat (post-doc, CDD, CDI) : CDI

Liste des publications issues de ce travail de thèse :

<https://doi.org/10.3390/microorganisms9081723> ; <https://doi.org/10.1038/s41366-021-00796-4> ; <https://doi.org/10.1101/2020.04.24.031773>

Nom, prénom : Benjamin CHURCHEWARD

Date de début et de fin de thèse : 2019-2022

Direction de thèse : S. CHAFFRON et G. FERTIN

Emploi actuel, lieu : En recherche de Postdoc

Contrat (post-doc, CDD, CDI) :

Liste des publications issues de ce travail de thèse :

<https://doi.org/10.1128/msystems.00432-22> ; <https://doi.org/10.1038/s41564-021-00979-9>

Publications majeures des 5 dernières années de la directrice de thèse et du co-encadrant sur le sujet de thèse :

Chandola et al., doi.org/10.1101/2022.08.25.505241, **en cours de révision**
 Wu Y. et al., **Scientific Report**, doi.org/10.1101/2022.07.29.502047
 Hoguin A. et al., **Comm. Biology**, doi: https://doi.org/10.1101/2021.06.11.447926
 Shao et al., **mSystems**. 2023, doi: 10.1128/msystems.01131-22
 Bourdareau S. et al., **Methods Protoc.** 2022, doi: 10.3390/mps5030036.
 Gueno J et al., **Nucleic Acids Res.** 2022, doi: 10.1093/nar/gkac145
 Ambrecht et al., **ISME Commun.** 2021 doi: 10.1038/s43705-021-00070-8.
 Hoguin A. et al., **Sci Rep.** 2021, doi: 10.1038/s41598-021-82529-1 2
 Bourdareau S, et al., **Genome Biol.** 2021, doi: 10.1186/s13059-020-02216-8
 Zhao X et al., **New Phytol.** 2021, doi: 10.1111/nph.17129
 Zhao X et al., **Front. Mar. Sci** 2020, https://doi.org/10.3389/fmars.2020.00189
 Fan X et al., **New Phytol** 2020
 Sato S et al., **Sci Rep.** 2020 Jun 10;10(1):9449
 Ait-Mohamed et al., **Front Plant Sci.** 2020, doi: 10.3389/fpls.2020.590949
 Rastogi A et al., **ISME** 2020, doi: 10.1038/s41396-019-0528-3

Chaffron S., Erwan Delage*, Marko Budinich, Damien Vintache, Nicolas Henry, ..., Eric Karsenti, Patrick Wincker, Lee Karp-Boss, Matthew B Sullivan, Chris Bowler, Colomban de Vargas, and Damien Eveillard. Environmental vulnerability of the global ocean epipelagic plankton community interactome. *Science Advances*, 7(35):eabg1921, 2021b. doi:10.1126/sciadv.abg1921.

Yajuan Lin, Carly Moreno, Adrian Marchetti, Hugh Ducklow, Oscar Schofield, Erwan Delage, Michael Meredith, Zuchuan Li, Damien Eveillard, Samuel Chaffron, and Nicolas Cassar. Decline in plankton diversity and carbon flux with reduced sea ice extent along the Western Antarctic Peninsula. *Nature Communications*, 12:4948, 2021. doi:10.1038/s41467-021-25235-w.

Lionel Guidi, Samuel Chaffron, Lucie Bittner*, Damien Eveillard, ..., Eric Karsenti, Chris Bowler, and Gabriel Gorsky. Plankton networks driving carbon export in the oligotrophic ocean. *Nature*, 532:465–470, February 2016. doi:10.1038/nature16942.

Shinichi Sunagawa, Luis Pedro Coelho, Samuel Chaffron, ..., Patrick Wincker, Eric Karsenti, Jeroen Raes, Silvia G. Acinas, and Peer Bork. Structure and function of the global ocean microbiome. *Science*, 348(6237):1261359, May 2015. doi:10.1126/science.1261359.

Samuel Chaffron, H. Rehrauer, J. Pernthaler, and C. von Mering. A global network of coexisting microbes from environmental and whole-genome sequence data. *Genome Res*, 20(7):947–59, 2010. doi:10.1101/gr.104521.109.

FINANCEMENT DE LA THÈSE

Origine(s) du financement de la thèse : Allocation Doctorale état

Salaire brut mensuel : 1950 euros

État du financement de la thèse : Acquis

Date du début/durée du financement de la thèse : Octobre 2023 / 3 ans

Date : 21/04/2023

Nom, signature du directeur d'unité : P. SIMIER, Dir. Adjoint de l'Unité



Nom, signature de la responsable de l'équipe : L. TIRICHINE

Nom, signature de la directeur·rice de thèse : L. TIRICHINE