

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

INFORMATIONS GÉNÉRALES

<p>Titre de la thèse :</p> <p>Traits bactériens impliqués dans la primo-colonisation des plantes Bacterial traits involved in seedling colonization</p>
<p>Acronyme : aucun</p>
<p>Discipline de recherche 1 : Microbiologie Discipline de recherche 2 : Biologie des Systèmes</p>
<p>Trois mots-clés :</p> <p>Semences, bactéries, déterminants génétiques Seed, bacteria, genetic determinants</p>
<p>Etablissement d'inscription : Université d'Angers</p>
<p>Unité d'accueil : IRHS</p>
<p>Nom, prénom du directeur de thèse (HDR indispensable) : BARRET Matthieu Adresse courriel : matthieu.barret@inrae.fr Nom, prénom du co-encadrant de thèse 1 : PEYRAUD Rémi Adresse courriel : remi.peyraud@imean-biotech.com</p>
<p>Contact(s) (adresse postale) : IRHS, 42 rue Georges Morel, 49071 BEAUCOUZE</p>
<p>Mode de recrutement (cf. Guide du recrutement)</p> <p>Le mode de recrutement du-de la doctorante dépend de la nature du financement du projet de thèse.</p> <p><input type="checkbox"/> Concours (CDE)</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Entretien (préciser dates ouverture/ fermeture) : 14/06/2024 – 5/07/2024</p> <p><input type="checkbox"/> Autre (précisez) :</p>

DESCRIPTION SCIENTIFIQUE DU PROJET DE THÈSE

Contexte socio-économique et scientifique : (10 lignes)

Les micro-organismes associés aux graines peuvent impacter la vigueur germinative en levant la dormance des graines, modulant la cinétique de germination ou en limitant l'incidence des fontes des semis. Une manière de moduler la composition du microbiote des graines est de passer par la reconstruction de communautés de micro-organismes simplifiées ou SynCom. La faible diversité des communautés microbiennes des graines conjuguée aux processus de formulation post-récolte (e.g. enrobage ou pelliculage) font de la graine un support idéal pour déployer ces SynCom. Cette thématique est initiée dans le cadre du projet SUCSEED (<https://www.cultiver-protéger-autrement.fr/les-projets/sucseed>) pour analyser la contribution des communautés microbiennes dans la vigueur germinative notamment lors de contexte de stress biotiques. La sélection des membres de ces communautés est à ce jour réalisée de manière empirique en se basant sur des données d'observations taxonomiques. Néanmoins l'efficacité de transmission des micro-organismes de la graine aux plantes varie considérablement en fonction de l'identité des membres de ces communautés. Ces variations d'efficacité interrogent sur les traits adaptatifs impliqués dans la colonisation de cet habitat.

Hypothèses et questions scientifiques (8 lignes)

Le présent projet vise à explorer les déterminants génétiques bactériens impliqués dans la colonisation des plantes à des stades précoces de développement (germination et levée). Nous cibons spécifiquement la composante bactérienne du microbiote des plantes étant donné le degré de maturité des outils de mutagenèse développés pour ce règne.

Plus précisément nous souhaitons aborder les questions de recherche suivantes :

Q1 : Quelle est la nature des traits adaptatifs bactériens impliqués dans la primo-colonisation des plantules ? Est-ce que ces traits sont principalement associés au métabolisme primaire (compétition d'exploitation) ou au métabolisme spécialisé (compétition d'interférence) ?

Q2 : Est-ce que ces traits sont modulés par le contexte biotique dans lequel le micro-organisme ciblé évolue ? En d'autres termes est-ce que des changements du (i) génotype de l'hôte ou de (ii) composition initiale des communautés microbiennes des graines modifie la nature des déterminants génétiques bactériens ?

Q3 : Peut-on utiliser les traits bactériens identifiés en Q1 & Q2 pour hiérarchiser les différences de valeurs adaptatives entre souches et ainsi prédire la dynamique d'assemblage du microbiote par des approches de modélisation ?

Principales étapes de la thèse et démarche (10-12 lignes)

Q1: Nature des traits adaptatifs bactériens impliqués dans la colonisation des plantules.

Une approche de RB-TnSeq, sera utilisée pour mesurer la contribution des déterminants génétiques bactériens à la colonisation des plantules. Les graines germées (24h post-imbibition) et plantules (96h post-imbibition) seront collectées et les différences de valeurs adaptatives entre les différents mutants analysées. Les réseaux métaboliques reconstruits par l'entreprise iMean nous permettront de comparer les données de fitness observées (expérimentales) aux données de fitness théoriques (modélisation) pour chaque mutant significativement impacté dans sa transmission.

Q2 : Modulation des traits bactériens en fonction du contexte biotique.

L'expérience réalisée en Q1 sera répétée en utilisant deux autres génotypes de haricot (Facila et Veezer) qui présentent des profils d'exsudation contrastés par rapport au génotype Flavert . Ce dispositif expérimental devrait permettre d'évaluer les différences de valeur adaptative bactérienne en fonction du génotype de l'hôte. Par ailleurs les banques de mutants seront inoculées sur des graines d'un seul génotype de haricot (Flavert) en modulant cette fois-ci la composition initiale des membres bactériens du microbiote. Trois SynComs présentant des profils phylogénétiques contrastées.

Q3 : Prédire la dynamique d'assemblage du microbiote des plantules. Les modèles développés par notre partenaire (iMean) seront implémentés avec les données issus de Q1 & Q2. Ces approches de modélisation devraient permettre de simuler une dynamique de colonisation des communautés bactériennes lors de la transition graine à plantule. Ces données théoriques seront validées en déployant une dizaine de SynComs sur graine et estimant la dynamique de colonisation des souches par des approches de barcoding.

Approches méthodologiques et techniques envisagées (4-6 lignes)

RB-TnSeq

Métabarcoding

Modélisation (GEM et FBA)

Compétences scientifiques et techniques requises pour le candidat

Ecologie microbienne, génétique et physiologie bactérienne, modélisation du métabolisme bactérien

ENCADREMENT DE LA THÈSE

Nom de l'unité d'accueil : IRHS	Nom de l'équipe d'accueil : EmerSys
Nom de la directrice de l'unité : Marie-Agnès JACQUES	Nom du responsable de l'équipe : Matthieu BARRET
Coordonnées de la directrice de l'unité : marie-agnes.jacques@inrae.fr	Coordonnées du responsable de l'équipe : matthieu.barret@inrae.fr
<p>Directeur de thèse</p> <p>Nom, prénom : BARRET Matthieu</p> <p>Fonction : Directeur de Recherche</p> <p>Date d'obtention de l'HDR : 12/01/2024</p> <p>Employeur : INRAE</p> <p>Taux d'encadrement doctoral dans le présent sujet : 50</p> <p>Taux d'encadrement doctoral en cours (directions et co-directions) (%) : 100</p> <p>Nombre de directions/co-directions de thèse en cours : 2</p>	
<p>Partenaire privé (si financement CIFRE, privé, ...)</p> <p>Nom, prénom : PEYRAUD Rémi</p> <p>Fonction : PDG - Doctorat en biologie des systèmes</p> <p>Entreprise : iMean</p> <p>Taux d'encadrement doctoral dans le présent projet : 50%</p> <p>Taux d'encadrement doctoral en cours (directions/co-directions/co-encadrements) (%) : 50%</p> <p>Nombre de directions/co-directions/co-encadrements de thèse en cours : 1</p>	

Devenir des anciens doctorants du directeur et co-directeur(s)/co-encadrant(s) de thèse (depuis 5 ans)

Compléter les informations suivantes pour chaque ancien doctorant

Nom, prénom : Rochefort Aude

Date de début et de fin de thèse : 1^{er} octobre 2017 – 26 novembre 2020

Direction de thèse : SARNIGUET Alain

Emploi actuel, lieu : Conceptrice-rédactrice pédagogique Madskills (Lausanne, Suisse)

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

Liste des publications issues de ce travail de thèse :

Simonin et al. Seed microbiota revealed by a large-scale meta-analysis including 50 plant species. *New Phytologist*. 2022 (10.1111/nph.18037).

Rochefort et al. Transmission of seed and soil microbiota to seedling. *mSystems*. 2021 (e00446-21, 10.1128/mSystems.00446-21).

Rochefort et al. Influence of environment and host plant genotype on the structure and diversity of the *Brassica napus* seed microbiota. *Phytobiomes Journal*. 2019 (10.1094/PBIOMES-06-19-0031-R).

Nom, prénom : Chesneau Guillaume

Date de début et de fin de thèse : 1^{er} octobre 2018 – 9 décembre 2021

Direction de thèse : Marie-Agnès JACQUES

Emploi actuel, lieu : Post-Doctorant (Max Planck Institut, Cologne)

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

Liste des publications issues de ce travail de thèse :

Chesneau et al. Single seed microbiota: assembly and transmission from parent plant to seedling. *mBio* 2022 (10.1128/mbio.01648-22)

Chesneau et al. Temporal dynamics of bacterial communities during seed development and maturation. *FEMS Microbiology Ecology*. 2020 (10.1093/femsec/fiaa190).

Nom, prénom : Garin Tiffany

Date de début et de fin de thèse : 1^{er} octobre 2020 – 21 mars 2024

Direction de thèse : Alain SARNIGUET

Emploi actuel, lieu : en recherche de post-doctorat

Contrat (post-doc, CDD, CDI) : en recherche d'emploi

Liste des publications issues de ce travail de thèse :

Garin et al. The type VI secretion system of *Stenotrophomonas rhizophila* CFBP13503 limits the transmission of *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* 8004 from radish seeds to seedlings. *Mol. Plant Pathol*. 2024 (10.1111/mpp.13412)

Simonin et al. Transmission of synthetic seed bacterial communities to radish seedlings: impact on microbiota assembly and plant phenotype. *PCI Microbiol* 2023 (10.1101/2023.02.14.527860).

Publications majeures des 5 dernières années du-de la directeur-riche de thèse et co-directeur(s)/co-encadrant(s) sur le sujet de thèse :

Arnault et al. Seedling microbiota engineering using bacterial synthetic community inoculation on seeds. 2024 (10.1093/femsec/fiae027).

Garin et al. The type VI secretion system of *Stenotrophomonas rhizophila* CFBP13503 limits the transmission of *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* 8004 from radish seeds to seedlings. *Mol. Plant Pathol.* 2024 (10.1111/mpp.13412)

Simonin et al. Transmission of synthetic seed bacterial communities to radish seedlings: impact on microbiota assembly and plant phenotype. *PCI Microbiol* 2023 (10.1101/2023.02.14.527860).

Chesneau et al. Single seed microbiota: assembly and transmission from parent plant to seedling. *mBio* 2022 (10.1128/mbio.01648-22)

Simonin et al. Seed microbiota revealed by a large-scale meta-analysis including 50 plant species. *New Phytologist.* 2022 (10.1111/nph.18037).

Rochefort et al. Transmission of seed and soil microbiota to seedling. *mSystems.* 2021 (e00446-21, 10.1128/mSystems.00446-21).

Chesneau et al. Temporal dynamics of bacterial communities during seed development and maturation. *FEMS Microbiology Ecology.* 2020 (10.1093/femsec/fiaa190).

FINANCEMENT DE LA THÈSE

Origine(s) du financement de la thèse : Métaprogramme HoloFlux INRAE (50%) Région des Pays de la Loire (50%)
Salaire brut mensuel : 3108 €
État du financement de la thèse : Acquis
Date du début/durée du financement de la thèse (Au format JJ/MM/AA, pour renseigner le contrat) : 01/10/24

Date : le 12/06/2024

Nom, signature de la directrice d'unité :

Marie-Agnès JACQUES



Nom, signature du responsable de l'équipe :



Matthieu BARRET

Nom, signature du directeur de thèse :



Matthieu BARRET