

TITRE DU PROJET Rôle des structures biogéniques dans la sélection artificielle de communautés microbiennes

1) Renseignements administratifs sur la direction de thèse¹ (1 page maximum) :

Directeur de thèse HDR :

Nom : Garmyn

Prénom : Dominique

Section CNU : 65

Grade : MCF hors classe

HDR : Date de soutenance...2014..... Discipline : ...Microbiologie.....

Coordonnées (adresse, courriel, téléphone) : UMR Agroécologie, 17 rue Sully, 21000 DIJON ; garmyn@u-bourgogne.fr ; 06 18 40 11 54

Unité d'appartenance (intitulé, label, n°, directeur) : UMR 1347 Agroécologie (dir. Fabrice Martin)

Co-directeur de thèse éventuel :

Nom : BLOUIN

Prénom : Manuel

Section CNU : 67 (MA CNECA 2)

Grade : Professeur

HDR : non ☐ ; oui ☒ Date de soutenance...25/10/2013 Discipline : Sciences de l'Univers et Environnement

Coordonnées (adresse, courriel, téléphone) : Institut Agro Dijon, 26 bd du Docteur Petitjean, 21000 Dijon, manuel.blouin@agrosupdijon.fr ; 06 18 46 90 05

Unité d'appartenance (intitulé, label, n°, directeur) : UMR 1347 Agroécologie (dir. Fabrice Martin)

2) Descriptif du projet de thèse (devra inclure les rubriques suivantes) :

- nom et label de l'unité de recherche (ainsi que l'équipe interne s'il y a lieu)
UMR 1347 Agroécologie, pôle MICSOL, équipe Holobionte

- localisation
INRAE, 17 rue Sully, 21000 DIJON

- nom du directeur de thèse et du co-directeur s'il y a lieu
Directeur : Garmyn Dominique ; co-directeur : Manuel Blouin

¹ ATTENTION : selon l'article 16 de l'arrêté du 25 mai 2016, le total d'encadrants ne peut pas dépasser 2, sauf si l'un des encadrants appartient au monde socio-économique, qui peut venir en sus, ou en cas de co-tutelle; Le décompte des co-encadrements se fera au prorata du nombre d'encadrants : 1 pour 1 encadrant, ½ pour deux encadrants.

- adresse courriel du contact scientifique : garmyn@u-bourgogne.fr

- titre du projet

Rôle des structures biogéniques dans la sélection artificielle de communautés microbiennes

- description du projet (2 pages maximum)

Contexte et objectifs

Les microbiotes jouent un rôle central dans le fonctionnement des écosystèmes, notamment en agriculture où ils influencent la nutrition et la santé des plantes. La sélection artificielle de communautés microbiennes émerge aujourd'hui comme une stratégie prometteuse pour orienter ces fonctions, en alternative ou en complément à l'utilisation de souches isolées.

Cependant, les approches actuelles considèrent principalement la communauté microbienne comme une entité génétique, en négligeant un aspect fondamental : les microorganismes modifient leur environnement au cours du temps, produisant des composés et des structures (métabolites, biofilms, signaux chimiques) susceptibles d'influencer leur propre évolution. Ce processus, connu sous le nom de construction de niche, pourrait jouer un rôle déterminant dans la dynamique évolutive des microbiotes. Ce projet de thèse propose d'explorer une hypothèse originale : **l'évolution et la sélection des microbiotes dépendent non seulement de leur composition, mais aussi des structures biogéniques qu'ils produisent et transmettent entre générations.**

Deux hypothèses principales seront testées :

(H1) les structures biogéniques modifient la trajectoire évolutive des microbiotes ;

(H2) leur transfert améliore l'efficacité de la sélection artificielle.

Approche scientifique

Le projet repose sur une stratégie expérimentale combinant écologie microbienne, évolution expérimentale et approches omiques. Ces expérimentations seront réalisées dans des conditions où un stress d'intensité croissante est appliqué (réduction de la concentration de nutriments apporté en début de cycle de croissance), afin de favoriser l'apparition de mutations ou de modifications aux différents niveaux de régulation (e.g. épigénétique).

1. Évolution expérimentale de microbiotes

Des microbiotes issus de sols (rhizosphère de blé) seront cultivés en conditions contrôlées sur plusieurs générations. L'originalité du dispositif repose sur la manipulation indépendante de deux composantes (i) les microorganismes eux-mêmes ; (ii) les structures biogéniques (fraction filtrée du milieu de culture). Cela permettra de comparer différentes trajectoires évolutives selon que ces structures sont (i) absentes, (ii) conservées, (iii) ou co-évoluées avec les microbiotes.

2. Sélection artificielle de communautés

Une seconde expérimentation visera à sélectionner des microbiotes sur un critère fonctionnel (production de biomasse). L'efficacité de la sélection sera comparée entre traitements avec ou sans transfert des structures biogéniques.

L'ensemble du dispositif inclura des répliques expérimentales en lignées indépendantes, un suivi sur plusieurs générations, et une comparaison à des témoins non sélectionnés.

3. Une double approche : système modèle et microbiotes complexes

Un point fort du projet est l'intégration de deux niveaux de complexité :

- un système simplifié basé sur une souche d'*Escherichia coli*, inspiré des expériences d'évolution à long terme de Richard Lenski.
- des microbiotes de sol complexes (forte diversité, interactions écologiques réalistes) ;

Cette double approche permettra de tester la généralité des mécanismes observés, de relier dynamiques communautaires et mécanismes évolutifs fondamentaux, d'interpréter les résultats complexes à l'aide d'un modèle simplifié.

4. Analyses

La souche d'*E. coli* sera caractérisée par séquençage à différentes générations pour détecter l'apparition de mutations. Les communautés seront caractérisées par séquençage (16S/18S) pour décrire la structure des microbiotes. Une analyse métabolomique permettra de décrire les structures biogéniques (ou molécules présentes dans l'environnement).

Des mesures fonctionnelles (densité optique, dynamique de croissance, micro-respirométrie) permettront d'évaluer les niveaux d'activités globaux. Dans l'expérience 2 (sélection artificielle), le trait sélectionné sera la production de biomasse, évaluée au travers de la densité optique.

Originalité et portée

Ce projet propose une rupture conceptuelle en réintégrant la boucle de rétroaction éco-évolutive dans la sélection artificielle de microbiotes. Il dépasse les approches classiques en :

- considérant l'environnement comme une composante partiellement héritée,
- testant explicitement le rôle des structures biogéniques,
- combinant écologie des communautés et évolution expérimentale.

À terme, ces travaux pourraient améliorer les stratégies de biocontrôle et de biostimulation en agriculture, en permettant de sélectionner des microbiotes plus efficaces et plus stables.

Profil recherché

Nous recherchons un·e candidat·e motivé·e avec un profil de niveau M2 en :

écologie / écologie évolutive

microbiologie / écologie microbienne

ou disciplines connexes

Environnement scientifique

La thèse sera réalisée au sein de l'équipe Fonction et Évolution de l'Holobionte Végétal (UMR Agroécologie), reconnue internationalement pour ses travaux sur la sélection artificielle de microbiotes, avec un encadrement à l'interface entre génétique et microbiologie (Dominique Garmyn) et écologie et évolution (Manuel Blouin). L'environnement de travail inclut notamment une plateforme de séquençage, bioinformatique et culturomique (Genosol) et accès à des outils de métabolomique à l'UMR PAM (collaboration avec Régis Gougeon).

- Financement du projet – partie Recherche (montants acquis, type de contrat)

L'équipe dispose d'ores et déjà du financement de deux projets sur la sélection artificielle de microbiotes : Selsec (Graduate School Transbio, 80 k€ ; Don't cry (Plant2Pro, 250 k€). Des demandes supplémentaires seront soumises prochainement afin de disposer d'un financement abondant permettant de développer plusieurs approches (e.g. métabolomiques sur molécules polaires ou apolaires ; métagénomique shotgun) et de les appliquer sur un grand nombre d'échantillons.

- connaissances et compétences requises

Formation en écologie, évolution, microbiologie

Goût pour les théories évolutives et les interactions écologiques

Intérêt pour l'expérimentation en laboratoire

Bases en analyse de données (R ou équivalent)

Résumé en français et anglais (limité chacun à 1800 caractères)

Résumé en français

Les microbiotes jouent un rôle clé dans le fonctionnement des écosystèmes, notamment en agriculture où ils influencent la nutrition et la santé des plantes. La sélection artificielle de communautés microbiennes constitue une approche prometteuse, mais elle néglige généralement un aspect fondamental : les microorganismes modifient leur environnement via des structures biogéniques (métabolites, biofilms, signaux), susceptibles d'influencer leur propre évolution. Cette thèse propose de tester l'hypothèse selon laquelle l'évolution et la sélection des microbiotes dépendent à la fois de leur composition et des structures biogéniques transmises entre générations. Deux hypothèses seront évaluées : (H1) ces structures modifient les trajectoires évolutives ; (H2) leur transfert améliore l'efficacité de la sélection artificielle. Le projet combine écologie microbienne, évolution expérimentale et approches omiques, dans des conditions de stress favorisant l'évolution. Deux expérimentations seront menées : (i) une évolution expérimentale de microbiotes de sols avec manipulation indépendante des microorganismes et de leurs structures biogéniques ; (ii) une sélection artificielle basée sur la production de biomasse. Une double approche originale sera mise en œuvre, associant des microbiotes complexes et un système modèle simplifié basé sur *Escherichia coli*, inspiré des travaux de Richard Lenski. Les analyses incluront séquençage (16S/18S et génomes), métabolomique et mesures fonctionnelles. Ce projet vise à réintégrer la boucle de rétroaction éco-évolutive dans la sélection de microbiotes et pourrait, à terme, améliorer les stratégies de biocontrôle et de biostimulation en agriculture.

Summary (English)

Microbiota play a central role in ecosystem functioning, particularly in agriculture where they influence plant nutrition and health. Artificial selection of microbial communities is a promising strategy, yet current approaches largely overlook a key aspect: microorganisms actively modify their environment through biogenic structures (metabolites, biofilms, signaling molecules), which may in turn affect their own evolution. This PhD project aims to test the hypothesis that microbiome evolution and selection depend not only on community composition but also on biogenic structures transmitted across generations. Two hypotheses will be addressed: (H1) these structures shape evolutionary trajectories; (H2) their transfer enhances the efficiency of artificial selection. The project combines microbial ecology, experimental evolution, and omics approaches under controlled conditions with increasing stress to promote evolutionary responses. Two main experiments will be conducted: (i) experimental evolution of soil microbiomes with independent manipulation of microorganisms and their biogenic structures; (ii) artificial selection based on biomass production. A key strength is the integration of two levels of complexity: complex soil microbiomes and a simplified model system based on *Escherichia coli*, inspired by long-term evolution experiments by Richard Lenski. Analyses will include sequencing (16S/18S and genomes), metabolomics, and functional measurements. This project introduces a conceptual shift by incorporating eco-evolutionary feedbacks into microbiome selection, with potential applications for improving biocontrol and biostimulation strategies in agriculture.

Préciser le domaine de compétence dans la liste ci-dessous :

2 choix possibles maximum –les intitulés sont ceux d’ABG),

Ex : vous ne pouvez pas sélectionner uniquement informatique lorsqu’il est indiqué informatique, électronique :

- Biochimie
- Ecologie, Environnement

Indiquez quelques mots clés concernant votre sujet) :

Construction de niche ; Écologie microbienne ; Évolution expérimentale ; Interactions éco-évolutives ; Microbiotes ; Sélection artificielle