|  |
| --- |
| **Titre et mots-clés du projet proposé :**Analyse métagénomique de l'impact de sept écotypes de *Medicago truncatula* sur le microbiote rhizosphérique |
| **Intitulé du laboratoire et de l'équipe de recherche / Nom du responsable:**Etablissement d’accueil : UMR Agroécologie – INRA DijonResponsable : Philippe LemanceauCoordonnées : Tél: +33 (0)3 80 69 30 56Fax: +33 (0)3 80 69 32 24Email: philippe.lemanceau@inra.fr |
| **Nom de la personne responsable de l'encadrement de l'étudiant, à contacter :**Maître de stage : Samuel Mondy et Barbara PivatoTel: +33 (0)3 80 69 35 76 et +33 (0)3 80 69 33 36Fax : +33 (0)3 80 69 32 24E-mail: samuel.mondy@inra.fr et barbara.pivato@inra.fr |
| **Projet de recherche proposé :***Contexte de la recherche* : Le volume de sol autour des racines, appelé rhizosphère, est une zone d’interface entre les racines et le sol (Nguyen, 2003). Les racines libèrent dans la rhizosphère une proportion significative de photosynthétats sous forme de rhizodépots. Ce phénomène de rhizodéposition promeut l’abondance et l'activité de microorganismes d’origine tellurique (microbiote). D’un point de vue évolutif, il a été formulé l’hypothèse que cet investissement de la plante sous forme de rhizodépots est compensé par les bénéfices apportés par le microbiote rhizosphérique à la plante-hôte (Lambert et al., 2009) en termes de nutrition, croissance et santé.Le microbiote rhizosphérique a principalement été décrit d'un point de vue taxonomique. Toutefois, comme mis en évidence par Violle et al. (2007), d'un point de vue écologique, les traits fonctionnels devraient être pris en compte dans l'étude et la compréhension de l'écologie du microbiote rhizosphérique et son interaction avec le génotype et le phénotype de la plante hôte.Au sein du projet GenoRhizo, financé par la Région Bourgogne, nous nous sommes posé les questions suivantes:1. Y-a-t-il une correspondance entre diversité fonctionnelle et diversité taxonomique du microbiote rhizosphérique?
2. Peut-on définir de nouveaux marqueurs fonctionnels aptes à décrire la diversité microbienne?
3. Y-a-t-il une corrélation entre diversité fonctionnelle du microbiote rhizosphérique et la diversité génétique et/ou phénotypique de sept écotypes de la plante modèle *Medicago truncatula*?
4. Y-a-t-il une sélection par l'écotype végétale sur la population fonctionnelle des *Rhizobiaceae*?

Lambert J.B., Heckenbach E.R., Hurtley E., Wu Y., Santiago-Blay J.A. 2009. Nuclear magnetic resonance spectroscopic characterization of legume exudates. Journal of Natural Products 72: 1028-1035.Nguyen C. 2003. Rhizodeposition of organic C by plants: mechanisms and controls. Agronomie 23: 375-396.Violle C., Navas M.-L., Vile D., Kazakou E., Fortunel C., Hummel I., Garnier E. 2007. Let the oncept of trait be functional! Oikos 116: 882-892.***Phases de réalisation*:** Au sein du projet GenoRhizo, un jeu de données de métagénomique shot-gun a été obtenu par séquençage à haut débit (Illumina HiSeq 2 x 125bp) à partir du sol rhizosphérique de sept écotypes de M. truncatula. Les analyses bioinformatiques initiales ont été effectuées par la plateforme MIGALE (INRA - Jouy-en-Josas). Un métagénome assemblé a été obtenu pour tous les échantillons avec une prédiction des gènes sur les scaffolds obtenus. Les données de diversité par approche amplicon 16S ont été obtenues dans une autre expérience et sont disponible et pourront être comparées à celles obtenues à partir du métagénome total (Kraken, assemblage ciblé sur les gènes rrs. Les matrices de comptage après mapping sur les ORF prédites par échantillon sont disponibles. L'étudiant recruté devra développer les approches suivantes:* Comparaison des diversités α et β obtenues à partir des séquences 16S rRNA (approche amplicon) avec celles obtenues par approche métagénomique shotgun (question 1).
* Définition de sets de gènes spécifiques (variable genome) à chaque écotype (question 2).
* Recherche des gènes de fonction présentant le même profil d'abondance du gène 16S rRNA à partir des matrices de comptage par échantillon (question 2).
* Analyse de la corrélation entre la diversité fonctionnelle microbiennes et la diversité génétique et fonctionnelle des écotypes de *M. truncatula* (question 3).
* Cartographie gènes *psym* et comparaison entre génotypes (question 4).
* Recherche de variance entre gènes *nod* et *nif* au sein du *psym* (question 4).

***Techniques utilisées dans l’étude expérimentale :***.Les objectifs du stage consistent à :1. Compléter les analyses bioinformatiques: comparaison des métagénomes via Mauve, effectuer les BLAST sur les gènes identifiés comme marqueurs potentiels, recherche dans la base données *psym* (recherche du génome de référence) dans NCBI ou dans MicroScope …;
2. Effectuer les analyses statistiques correspondantes: analyses de corrélation (Pearson,…) et multivariées (NMDS, Between Group Analysis…).

Profil universitaire/ingénieur avec des compétences en bioinformatique (recherche dans les bases de données, utilisation des NGS, mapping avec BWA ou Bowtie) avec une connaissance de l'environnement unix (bash) sont recherchées. Un intérêt pour l'écologie microbienne et/ou les interactions plants/microorganismes serait un plus dans l'optique du stage. La connaissance d'un langage de programmation (perl, python, R) serait appréciée. L'étudiant sera encadré par Barbara Pivato pour la partie scientifique et par Samuel Mondy pour les approches bioinformatiques et biostatistiques. |