



Agroécologie
Dijon
Unité de Recherche



Proposition de stage M2

Analyse bioinformatique de métatranscriptome de sol rhizosphérique pour l'identification de fonctions microbiennes associées à la résistance des sols aux fusarioses

Encadrants : Véronique Edel-Hermann et Samuel Mondy

Lieu du stage : INRA Dijon, UMR Agroécologie, équipe d'écologie des champignons et biocontrôle – plateforme GenoSol

Durée du stage : 6 mois

Dates de stage envisagées : février-juillet 2019

Contexte

Les recherches conduites dans l'équipe d'écologie des champignons et biocontrôle visent à comprendre comment les communautés microbiennes et leurs interactions dans le sol et la rhizosphère peuvent limiter l'activité infectieuse des champignons phytopathogènes. Les sols résistants aux maladies d'origine tellurique sont des sols dans lesquels les agents pathogènes, bien que présents, ne peuvent exercer leur activité infectieuse. Le stage s'inscrit dans un projet qui vise à identifier les microorganismes et leurs fonctions impliqués dans la résistance des sols aux maladies dues à *Fusarium oxysporum* (fusarioses). La stratégie est basée sur la comparaison de la diversité taxonomique et fonctionnelle des microorganismes de la rhizosphère de plantes cultivées dans des sols résistants ou sensibles à la fusariose. La diversité taxonomique est caractérisée par une approche de metabarcoding et la diversité fonctionnelle est caractérisée par une approche de métatranscriptomique.

Objectifs du stage

Le stage a pour objectif d'identifier des gènes candidats associés à la résistance des sols aux fusarioses. Il porte sur l'analyse des données de métatranscriptomique de i) deux sols résistants, deux sols sensibles, et un mélange (90% de sol sensible et 10% de sol résistant) devenu résistant, ainsi que de ii) ces mêmes sols inoculés avec l'agent pathogène afin de caractériser la réponse du microbiote (l'agent pathogène pouvant potentiellement stimuler la microflore antagoniste). Cette analyse comportera des étapes de curation, d'analyse différentielle pour identifier les gènes surexprimés dans les sols résistants par rapport aux sols sensibles, de validation des gènes candidats avec le mélange de sols, et d'identification des fonctions stimulées par l'agent pathogène. La diversité fonctionnelle (microorganismes actifs) des sols résistants pourra être mise en relation avec la diversité taxonomique (microorganismes présents) caractérisée par metabarcoding.

Profil recherché

Profil universitaire/ingénieur avec des compétences en bioinformatique (recherche dans les bases de données, utilisation des NGS, mapping avec BWA ou Bowtie) et une connaissance de l'environnement Unix (bash). La connaissance d'un langage de programmation (perl, python, R) serait appréciée. Un intérêt pour l'écologie microbienne et/ou les interactions plantes/microorganismes serait un plus.

Merci d'envoyer un CV et une lettre de motivation à :

veronique.edel-hermann@inra.fr et samuel.mondy@inra.fr