



GenPhySE

Génétique, Physiologie et Systèmes d'Elevage



- Proposition de stage Master 2 -

Caractérisation fonctionnelle des communautés de micro-organismes associés aux miels

Laboratoires d'accueil : UMR GenPhySE & UMR MIAT, INRAE Toulouse

Equipes : Equipe BeeGEES & Genotoul-Bioinfo

Supervision : Philippe Bordron (MIAT, philippe.bordron@inrae.fr), Claire Hoede (MIAT, claire.hoede@inrae.fr), Julie Birgel (GenPhySE, julie.birgel@inrae.fr) & Thibault Leroy (GenPhySE, thibault.leroy@inrae.fr)

Contexte scientifique

L'UMR GenPhySE est un leader reconnu de la génomique des abeilles à miel, ayant contribué au reséquençage de près de 3000 individus [1-2], ainsi qu'à l'obtention de génomes de référence de haute qualité [3]. Depuis plus de 2 ans, le laboratoire s'intéresse aussi à la caractérisation métagénomique d'échantillons, en particulier de miels, et aux possibilités offertes pour la description du microbiote des abeilles, le suivi sanitaire des colonies d'abeilles ou à la lutte contre les fraudes aux origines et à l'authenticité des miels [4]. Dans le cadre de la thèse de Julie Birgel, l'UMR GenPhySE collabore déjà étroitement avec Claire Hoede afin d'effectuer une caractérisation taxonomique fine des micro-organismes présents dans les échantillons. L'objectif ici sera d'étendre l'ambition de ces recherches à la caractérisation fonctionnelle de ces communautés.

Objectifs du stage

À partir de données de métagénomiques, nous souhaitons caractériser les fonctions métaboliques de plusieurs communautés de microorganismes présents dans une diversité d'échantillons de miel du monde entier en modélisant leur réseau métabolique.

Un réseau métabolique consiste en l'ensemble des réactions biochimiques qui ont lieu dans un système biologique, traditionnellement une cellule ou un organisme. Il peut être obtenu à partir des gènes présents dans le système biologique et en utilisant la relation « une réaction est catalysée par des enzymes qui sont des produits de gènes » pour identifier les réactions le

composant. C'est le principe de reconstruction de réseaux métaboliques. Il existe plusieurs manières pour les reconstruire à partir des données de métagénomique [5].

L'étudiant.e s'appuiera sur la diversité des gènes prédis dans le catalogue de métagenome-assembled genomes (MAGs*) comprenant plusieurs dizaines de milliers de gènes. Il ou elle testera les méthodes de reconstruction de réseaux métaboliques d'abord à la résolution de l'échantillon (i.e. pour chaque échantillon, un réseau métabolique global à partir de l'ensemble des gènes présents dans l'échantillon), puis à la résolution d'un niveau taxonomique choisi ou des MAGs (c-à-d pour chaque échantillon, un réseau métabolique par MAG à partir des gènes présents dans ce MAG).

Les échantillons de microbiotes du miel seront ensuite comparés entre eux en tenant compte des aspects fonctionnels encodés dans leurs réseaux métaboliques reconstruits.

**Un génome assemblé par métagénome (MAG) est un génome microbien au niveau de l'espèce construit à partir de données métagénomiques.*

Compétences recherchées et/ou Environnement & programmes principaux :

Environnement de programmation: python, R, Linux & utilisation de cluster HPC

Environnement scientifique : intérêt pour la génétique animale, la génomique, l'écologie des abeilles ou l'apiculture, curiosité scientifique

Période de stage et indemnité :

Le stage sera idéalement entre janvier et juin 2026, avec possibilité d'ajustement sur la période mars à septembre suivant la disponibilité de l'étudiant·e. Une gratification de stage contractuelle est associée (INRAE: 4,35€/heure, soit ~600€/mois).

Modalités de candidature :

Merci de faire parvenir un CV et une lettre de motivation à Thibault Leroy (thibault.leroy@inrae.fr) et Philippe Bordron (philippe.bordron@inrae.fr)

Références :

1. David Wragg, Sonia E Eynard, Benjamin Basso, Kamila Canale-Tabet, Emmanuelle Labarthe, *et al.*. Complex population structure and haplotype patterns in Western Europe honey bee from sequencing a large panel of haploid drones. *Molecular Ecology* **22** (2022). <https://hal.inrae.fr/hal-03482707>
2. Sonia Eynard, Fanny Mondet, Benjamin Basso, Olivier Bouchez, Yves Le Conte, *et al.*. Sequence-Based Multi Ancestry Association Study Reveals the Polygenic Architecture of Varroa destructor Resistance in the Honeybee *Apis mellifera*. *Molecular Ecology*, **34** (2025). <https://hal.inrae.fr/hal-04866824v1>
3. Sonia Eynard, Christophe Klopp, Kamila Canale-Tabet, William Marande, Céline Vandecasteele, *et al.*. The black honey bee genome: insights on specific structural elements and a first step towards pan-genomes. *Genetics Selection Evolution*, **56** (2023). ([10.1101/2023.12.06.570386](https://doi.org/10.1101/2023.12.06.570386)). <https://dumas.ccsd.cnrs.fr/ENSA-TOULOUSE/hal-04473386v2>
4. Julie Birgel, Thibault Leroy. Les tests ADN sur miels, entre promesses et réalités. *Réussir Apiculture*, **11**, pp.26-28 (2025). <https://hal.science/hal-05206020v1>
5. Cerk, K. *et al.* Community-scale models of microbiomes: Articulating metabolic modelling and metagenome sequencing. *Microbial Biotechnology* **17**, e14396 (2024). <https://doi.org/10.1111/1751-7915.14396>