

http://bioinfo-rennes.fr

**Proposition de stage de Master 2 : 27 Janvier à juillet/août 2025**

**(dates indicatives)**

Nom de l'entreprise ou du laboratoire : UMR 6553 ECOBIO, Univ. Rennes

Adresse où se déroulera le stage :

263 Avenue Général Leclerc

Campus Beaulieu

Batiment 14a

Responsable principal du stage (personne qui sera contactée par les candidats):

- Nom, Prénom : Mauger Franklin, Solène

- Statut (Ing, chercheur, DR, MCF, Pr, autre) : Post Doc

- Coordonnées (mél, tél) : solene.mauger@univ-rennes.fr

Co-encadrants: Nathan Vannier ([nathan.vannier@inrae.fr](mailto:nathan.vannier@inrae.fr)) & Philippe Vandenkoornhuyse (philippe.vandenkoornhuyse@univ-rennes.fr)

Titre du stage : Etude de la variation de l’expression de gènes chez *Pseudomonas brassicacearum* en environnement contraint, vers une validation de la théorie du division du travail.

Mots clés résumant les méthodes et techniques à utiliser au cours du stage : Population bactérienne, métabolisme, spécialisation, colonisation des racines

Résumé du projet de stage (½ page à 1 page) :

La survie des organismes dans des environnements changeants est conditionnée par leur fitness. Le rapport coût-bénéfice de leur traits écologiques est constamment stabilisé et donne lieu à différentes stratégies d'évolution des populations. Pour réussir, les organismes devront entrer en compétition, coopérer et/ou se spécialiser en fonction de l'adéquation de leur phénotype avec leur environnement biotique et abiotique. Les bactéries sont des organismes unicellulaires qui possèdent peu d’options de spécialisation et d'abandon de certaines fonctions pour limiter leurs coûts métaboliques, contrairement aux organismes multicellulaires qui présentent de nombreuses formes différentes de cellules spécialisées au sein d’un seul organisme. Cependant, les bactéries auxotrophes (c'est-à-dire les bactéries dépourvues de gènes codant pour une molécule essentielle à leur survie) ont été étudiées (Morris et al., 2012). Les bactéries auxotrophes peuvent tirer profit des molécules libérées par des organismes auxiliaires pour satisfaire leurs besoins en composés spécifiques (Morris et al., 2014, Estrela et al., 2016). Avec un matériel génétique réduit, la fitness de l'organisme bénéficiaire est améliorée, au coût d'être dépendant de la présence des auxiliaires dans son environnement. Les conditions dans lesquelles de tels modèles de division du travail (DOL) apparaissent sont encore obscures, mais leurs avantages pour les populations bactériennes sont clairs : la DOL permet de diminuer le coût associé à certaines fonctions et la possibilité de faire cohabiter différents mutants/cellules spécialisées au sein de la population pour répondre comme un tout aux contraintes environnementales, et prospérer.

Les nouvelles technologies nous permettent d'accéder à la diversité au sein des espèces et d'étudier la spécialisation métabolique possible entre les cellules. L'analyse unicellulaire (single-cell omics) a été développée à cette fin dans le domaine de la santé humaine et est maintenant appliquée aux systèmes microbiens. Cependant, l'analyse de tels ensembles de données nécessite encore des pipelines personnalisés pour répondre à la spécificité de la biologie bactérienne et aux défis techniques associés.

L'objectif de ce stage est d'explorer les ensembles de données scRNA-seq (single-cell RNA-seq) de *Pseudomonas brassicacearum*, un colonisateur de racines. L'étudiant analysera des échantillons de données provenant de diverses conditions nutritionnelles afin de déterminer si la DOL peut être détecté au sein de cette espèce en tant que stratégie pour une colonisation efficace des racines. Le stagiaire devra mettre en œuvre des analyses de données transcriptomiques à partir de séquences à très haut débit. Ainsi, l'objectif principal du stagiaire sera de mettre en place un workflow bioinformatique à partir d'outils existants afin de produire des résultats interprétables.

Montant des indemnités de stage :

4.35 € net / heure