

PROPOSITION D'UN PROJET DE THÈSE A L'ÉCOLE DOCTORALE « Écologie, Géosciences, Agronomie, ALimentation »

INFORMATIONS GÉNÉRALES

Titre de la thèse : Implication des microRNAs dans la communication plante – microbiote rhizosphérique : Enjeux pour l'ingénierie écologique et la remédiation des sols
Acronyme : Rizosfer
Champ disciplinaire 1 : Ecologie Champ disciplinaire 2 : Agronomie
Trois mots-clés : microRNAs, rhizosphère, communautés microbiennes
Unité d'accueil : UMR 6553-EcoBio/CNRS
Nom, prénom du directeur de thèse : Abdelhak El Amrani Adresse mail : abdelhak.elamrani@univ-rennes1.fr Nom, prénom du co-directeur/co-encadrant de thèse 1 (le cas échéant) : Cécile Monard Adresse mail : cecile.monard@univ-rennes1.fr Nom, prénom du co-encadrant de thèse 2 (le cas échéant) : Etienne Yergeau Adresse mail : Etienne.Yergeau@iaf.inrs.ca

DESCRIPTION SCIENTIFIQUE DU PROJET DE THÈSE

Contexte socio-économique et scientifique : (10 lignes)

Le concept d'holobionte adresse la question de savoir comment plusieurs génomes peuvent coordonner leur expression et fonctionner comme une unité biologique unique. Des données publiées récemment montrent que les microARNs sont largement échangés entre organismes appartenant à différents domaines du vivant. Il est donc concevable que ces derniers joueraient le rôle de messagers pour coordonner l'expression de génomes interagissant ensemble et appartenant à des espèces phylogénétiquement éloignées. Nous avons généré des résultats préliminaires robustes basés sur des approches de séquençage de type haut débit des microRNAs de la rhizosphère, d'observation in situ de la zone de la racine en interaction directe avec le microbiote du sol et d'utilisation de mutants affectés dans la synthèse des microRNA, qui suggèrent fortement un échange massif de microRNAs entre la racine et le microbiote du sol. Ce projet de **thèse en cotutelle** permettra de compléter ces résultats pour une valorisation en ingénierie écologique (brevets et publications).

Hypothèses et questions scientifiques (8 lignes)

Le projet de thèse aura pour objectif de mettre en évidence une nouvelle voie du contrôle des communautés microbiennes (microbiote) de la rhizosphère par les plantes. Lors d'une étude préliminaire, nous avons généré des données robustes basées sur le séquençage de type NGS, qui montrent que ce contrôle met en jeu des échanges de petites séquences d'ARNs connus sous le terme de microARNs. Un tel contrôle a déjà été mis en évidence chez l'homme dans le cas du contrôle du microbiote intestinal ou encore dans le cas d'interaction plantes/champignons pathogènes. Ce contrôle n'a jamais été abordé dans le cas des plantes et leur microbiote racinaire. Par ailleurs, la littérature récente montre que les microARNs sont largement échangés entre organismes appartenant à différents

domaines du vivant et il est très concevable que le microbiote de la rhizosphère soit contrôlé de la même manière par les plantes. En conditions de stress tels que des contaminations du sol par des hydrocarbures (HAPs), une telle interaction présenterait un avantage majeur pour les plantes qui pourraient alors recruter une communauté microbienne spécifique au sein de leur rhizosphère leur conférant une meilleure résistance.

Principales étapes de la thèse et démarche (10-12 lignes)

L'étudiant (e) recruté (e) aura en charge dans un premier temps de compléter les résultats déjà obtenus pour confirmer ces interactions. Ainsi, en utilisant des plantes modèles affectées dans la synthèse et/ou la sécrétion de microRNAs, il/elle analysera la réponse des communautés microbiennes présentes au sein de leur rhizosphère et identifiera les microARNs importants dans le recrutement du microbiote. Dans un second temps, les efforts seront concentrés sur certaines espèces de *Spartina*, plantes qui ont montré une forte résilience lors de la marée noire du Golfe du Mexique (2010) et qui est un modèle d'étude dans notre équipe.

Approches méthodologiques et techniques envisagées (4-6 lignes)

Il s'agira d'analyser les microARNs produits dans la rhizosphère par les plantes en conditions de pollution par des HAPs et de déterminer s'il en résulte un recrutement de microorganismes spécifiques et potentiellement impliqués dans la dégradation de ces HAPs

Compétences scientifiques et techniques requises pour le candidat

Des connaissances de base dans les domaines de la Génomique et de la biologie de la rhizosphère sont souhaitées. Une expérience d'extraction et analyse d'ARN et d'ADN, des notions de Bioinformatique et/ ou de Biologie Végétale seraient un plus

ENCADREMENT DE LA THÈSE¹

Nom de l'unité d'accueil : UMR6553-Ecobio	Nom de l'équipe d'accueil : Evolution, Génome et Adaptation
Directeur de thèse Nom, prénom : Abdelhak El Amrani Fonction : Maître de conférences (HDR) Employeur : Université de Rennes 1	
Co-directeur/co-encadrant de thèse 1 (le cas échéant) Nom, prénom : Cécile Monard Fonction : CR/CRNS Employeur : CNRS	
Partenaire international (si thèse en co-tutelle) Nom, prénom : Etienne Yergeau Fonction : Professeur Employeur : INRS (Canada)	

Publications majeures des 5 dernières années du directeur de thèse et co-directeur(s)/co-encadrant(s) sur le sujet de thèse :

Cavé-Radet A, Salmon A, Lima O, Ainouche M, **El Amrani A** (2019) Increased tolerance to organic xenobiotics following recent allopolyploidy in *Spartina* (Poaceae). **Plant Science**, 280 :143-154

Abdelhak ElAmrani, Ivan Couée, Richard Berthomé, Fanny Ramel, Gwenola Gouesbet, Cécile Sulmon (2019) Involvement of polyamines in sucrose-induced tolerance to atrazine-mediated chemical stress in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Plant Physiology*, 238 : 1-11

Saggaï MM, Ainouche A, Nelson M, Cattin F, **El Amrani A** (2017) Long-term investigation of constructed wetland wastewater treatment and reuse: Selection of adapted plant species for metaremediation. *J Environ Manage.* 201:120-128.

El Amrani A, Dumas AS, Wick L, Yergeau E and Berthomé B (2015) “Omics” Insights into PAH Degradation toward Improved Green Remediation Biotechnologies. **Environ Sci Technol.** 49(19):11281-91

Dumas AS, Taconnat L, Barbas E, Rigai G, Catrice O, Bernard D, Benamar A, Machereel D, **El Amrani A**, Berthomé R. (2016) Unraveling the early molecular and physiological mechanisms involved in response to phenanthrene exposure. **BMC Genomics.** 21;17(1):818. DOI 10.1186/s12864-016-3133-0

Shiri M, Rabhi M, Abdelly C, Bouchereau and **El Amrani A**. (2016) Moderate salinity reduced phenanthrene-induced stress in the halophyte plant model *Thellungiella salsuginea* compared to its glycophyte relative *Arabidopsis thaliana*: Cross talk and metabolite profiling. **Chemosphere.** 155:453-62. doi: 10.1016/j.chemosphere.2016.04.080.

Sulmon C, Gouesbet G, Ramel F, Cabello-Hurtado F, Penno C, Bechtold N, **El Amrani A** and Couée I (2015) The APL4 Subunit of ADP-Glucose Pyrophosphorylase (Starch Synthesis) as Potential Target for Improvement of Photosynthesis and Source-Sink Relationships. **Procedia Environmental Sciences** 29: 47-48

Shiri M, Rabhi M, **El Amrani A**, and Abdelly C (2015) Cross-tolerance to abiotic stresses in halophytes: application for phytoremediation of organic pollutants. **Acta Physiologiae Plantarum.** 37 (10), pp.209

Sulmon C, van Baaren J, Cabello-Hurtado F, Gouesbet G, Hennion F, Mony C, Renault D, Bormans M, **El Amrani A**, Wiegand C, Gérard C. (2015) Abiotic stressors and stress responses: What commonalities appear between species across biological organization levels? **Environ Pollut.** 202:66-77. doi: 10.1016/j.envpol.2015.03.013

Shiri M, Rabhi M, **El Amrani A**, and Abdelly C (2015) The halophyte *Cakile maritima* reduces phenanthrene phytotoxicity. **International Journal of Phytoremediation**; 17: 925–928

Shiri M, Rabhi R, Abdelly C, and **El Amrani A** (2015) The halophytic model plant *Thellungiella salsuginea* exhibited increased tolerance to phenanthrene-induced stress in comparison with the glycophytic one *Arabidopsis thaliana*: Application for phytoremediation. **Ecological Engineering.** 74:125-134

Gonzalez E, Pitre FE, Pagé AP, Marleau J, Guidi Nissim W, St-Arnaud M, Labrecque M, Joly S, **Yergeau E**, Brereton NJB. 2018. Trees, fungi and bacteria: Tripartite metatranscriptomics of a root microbiome responding to soil contamination. **Microbiome** 6: 53.

Yergeau E, Tremblay J, Joly S, Labrecque M, Maynard C, Pitre FE, St-Arnaud M, Greer CW. 2018. Soil contamination alters the willow root and rhizosphere metatranscriptomes and the root-rhizosphere interactome. **The ISME Journal** 12: 869-884.

Tardif S, **Yergeau E**, Tremblay J, Legendre P, Whyte LG, Greer CW. 2016. The willow microbiome is influenced by soil petroleum-hydrocarbon concentration with plant compartment-specific effects. **Frontiers in Microbiology** 7: 1363.

Bell TH, Cloutier-Hurteau B, Al-Otaibi F, Turmel M-C, **Yergeau E**, Courchesne F, St-Arnaud M. 2015.

Early rhizosphere microbiome composition is related to the growth and Zn uptake of willows introduced to a former landfill. *Environmental Microbiology* 17: 3025-3038.

Pagé AP, Yergeau E, Greer CW. 2015. *Salix purpurea* stimulates the expression of specific bacterial xenobiotic degradation genes in a soil contaminated with hydrocarbons. *PLoS One* 10: e0132062.

Quiza L, St-Arnaud M, Yergeau E. 2015. Harnessing phytomicrobiome signalling for rhizosphere microbiome engineering. *Frontiers in Plant Science* 6: 507.

Yergeau E, Bell TH, Champagne J, Maynard C, Tardif S, Tremblay J, Greer CW. 2015. Transplanting soil microbiomes leads to lasting effects on willow growth, but not on the rhizosphere microbiome. *Frontiers in Microbiology* 6: 1436.

Bell TH, El-Din Hassan S, Lauron-Moreau A, Al-Otaibi F, Hijri M, Yergeau E, St-Arnaud M. 2014. Linkage between bacterial and fungal rhizosphere communities in hydrocarbon-contaminated soils is related to plant phylogeny. *The ISME Journal* 8: 331-343.

Bell TH, Joly S, Pitre F, Yergeau E. 2014. Increasing phytoremediation efficiency and reliability using novel omics approaches. *Trends in Biotechnology* 32: 271-280.

Yergeau E, Sanschagrín S, Maynard C, St-Arnaud M, Greer CW. 2014. Microbial expression profiles in the rhizosphere of willows depend on soil contamination. *The ISME Journal* 8: 344-358.

K. Potard, C. Monard, J.-L. Le Garrec, J.-P. Caudal, N. Le Bris, F. Binet. 2017. Organic amendment practices as possible drivers of biogenic Volatile Organic Compounds emitted by soils in agrosystems. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 250: 25-36.

C. Monard, S. Gantner, S. Bertilsson, S. Hallin, J. Stenlid. 2016. Habitat generalists and specialists in microbial communities across a terrestrial–freshwater gradient. *Scientific Reports*, 6: 37719. <https://www.nature.com/articles/srep37719>

Alvarez M, Ferreira de Carvalho J, Salmon A, Ainouche M, Cave-Radet A, El Amrani A, Foster T, Moyer S, Richards R (2018) Transcriptome response of the foundation plant *Spartina alterniflora* to the Deepwater Horizon oil spill. *Molecular Ecology*, 27:2986–3000

Giard-Laliberté C, Azarbad H, Tremblay J, Bainard L, Yergeau E (2019) Soil extract with a water stress history modifies the rhizosphere fungal communities of wheat plants under a subsequent water stress. *FEMS Microbiology Ecology*

Larivière-Gauthier G, Thibodeau A, Letellier A, Yergeau E, Fravallo P. 2019. *Salmonella* shedding status of the sow affects the microbiota of their piglets at weaning. *Journal of Applied Microbiology* 126 (2): 411-423

Hoeffner, M. Santonja, D. Cluzeau, C. Monard. 2019. Epi-anecic rather than strict-anecic earthworms enhance soil enzymatic activities. *Soil Biology and Biochemistry*.132, 93-100