



- Proposition de stage Master 2 orienté recherche -

Diversité des communautés de micro-organismes fongiques associés aux abeilles et aux miels et de leurs génomes

Structure/laboratoire d'accueil : UMR GenPhySE & UMR LIPME, INRAE Toulouse

Equipe : Equipe BeeGEES & PHYLLOSOM

Supervision : Thibault Leroy (GenPhySE, thibault.leroy@inrae.fr) & Aurélien Carlier (LIPME, aurelien.carlier@inrae.fr)

Contexte scientifique

Dans le cadre du projet PEPR IPIDEO « *Etude des Interactions Plantes-insectes et des facteurs influençant les comportements à l'aide d'outils numériques et de vidéo-tracking* », les UMR GenPhySE et LIPME s'intéressent notamment aux échanges de microbiote entre le nectar des plantes et les abeilles. Ce partenariat est basé sur les fortes connaissances des deux unités sur les interactions plantes-microbiote (LIPME) et microbiote-abeilles (GenPhySE). En effet, l'UMR GenPhySE est un leader reconnu de la génomique des abeilles à miel, ayant contribué au reséquençage de près de 3000 individus, ainsi qu'à l'obtention de génomes de référence de haute qualité. Depuis plus de 3 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 [1]. De son côté, l'UMR LIPME est spécialisée dans l'étude des interactions plantes-microbes-environnement. Depuis quelques années, les équipes du LIPME s'intéressent en particulier au rôle du microbiote du nectar dans l'attractivité aux pollinisateurs [2]. Le laboratoire a ainsi développé des méthodes dépendantes et indépendantes de la culture microbienne permettant d'interroger la diversité dans des échantillons difficiles. En combinant des approches de microbiologie et de génomique, ce projet vise à approfondir les connaissances sur la diversité des espèces constituant la composante fongique du microbiote des abeilles, tout en produisant des ressources génomiques pour les espèces dont le génome n'est pas encore disponible dans les bases de données.

Objectifs du stage

Le stage vise à mieux décrire la diversité des champignons associées aux miels et aux tractus buccaux et digestifs des abeilles, ainsi qu'à générer des ressources de haute-qualité pour les espèces qui s'avèreraient orphelines en ressources génomiques dans les bases de données. Afin de maximiser la diversité, différentes sous-espèces d'abeilles à miel et de miels du monde entier pourront être utilisés.

Pour cela, un travail de microbiologie sera réalisé en début de stage afin d'isoler la plus large diversité de souches sur une série de milieux de culture. Ces souches seront ensuite caractérisées par amplification d'un ou plusieurs codes barre-moléculaires (a minima ITS) pour essayer d'identifier les espèces en présence et de sélectionner un panel de souches représentatives de la diversité. Des recherches bibliographiques seront effectuées pour mieux comprendre leur compartiments environnementaux, p.ex. décrit comme associé au nectar des plantes, aux tractus digestif des abeilles et/ou à d'autres composantes de l'environnement.

Les espèces qui s'avèreraient ne pas disposer de ressources de qualité (complètement orphelines, ou seulement représentées par des ressources très fragmentées, type MAG*) seront ensuite séquencées et assemblées *de novo* afin d'obtenir des ressources génomiques de haute qualité. Suivant le temps disponible, une première caractérisation de ces génomes pourra être effectuée, notamment pour mieux caractériser leur contenu en éléments transposables et en gènes.

1. 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>
2. Guillaume Tueux, Nicolas Pouilly, Jordan Bernigaud-Samatan, Nicolas Blanchet, Marie-Claude Boniface, Olivier Catrice, Sébastien Carrère, Jérôme Gouzy, Marie-Pierre Jacquemot, Emmanuelle Lauber, Alexandra Legendre, Sandra Moreau, Marco Moroldo, Amandine Roldan, Aurélien Carlier, Nicolas B. Langlade. A plant single nucleotide polymorphism impacts nectar sugar composition, microbial diversity and pollinator visits. *bioRxiv* 2026.04.09.717461; doi: <https://doi.org/10.64898/2026.04.09.717461>

*Un génome assemblé par métagénome (MAG) est un génome directement reconstruit à partir de données métagénomiques. Ces génomes sont souvent très fragmentés.

Compétences recherchées et/ou Environnement & programmes principaux :

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

Période de stage et indemnité :

Le stage sera idéalement entre janvier et juin 2027 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 des candidatures :

Merci de faire parvenir un CV et une lettre de motivation à Thibault Leroy (thibault.leroy@inrae.fr) et Aurélien Carlier (aurelien.carlier@inrae.fr)