

**ECOLE DOCTORALE "Médicament, Toxicologie, Chimie, Imageries"
- UNIVERSITE PARIS DESCARTES**

**Proposition de sujet de thèse à l'appui d'une demande de contrat doctoral
2019-2020**

Nom, prénom du directeur de l'unité de recherche : Mathieu Arnoux

Numéro de l'unité de recherche (et établissement de rattachement) : LIED UMR CNRS 8236

Nom, prénom du responsable de l'équipe d'accueil (EAD) : Florence Chapeland-Leclerc

Nom, prénom du directeur de thèse : co-encadrement Florence Chapeland-Leclerc (HDR, biologiste) et Eric Herbert (physicien)

Courriel : florence.leclerc@parisdescartes.fr et eric.herbert@univ-paris-diderot.fr

Titre du sujet de thèse proposé :

Adaptation des champignons à un environnement sous contrainte : caractérisation du réseau d'hyphes en croissance du champignon filamenteux *Podospora anserina*

Contenu scientifique du programme de la thèse

Le sujet proposé s'inscrit dans une thématique générale de l'équipe d'accueil qui est de mieux comprendre comment les champignons sont capables de se développer dans un environnement compétitif. Dans ce cadre, un des axes de recherche est d'analyser les hyphes en croissance et la mise en place du réseau mycélien sous différentes contraintes. A partir d'une spore, le réseau mycélien croît en longueur et en complexité puisque des embranchements apparaissent au niveau de la tête (apex) et au niveau des hyphes elles-mêmes (nœuds). Ceci permet au champignon de former un maillage très efficace, d'exploiter les ressources énergétiques situées à proximité et qui sont vitales à la croissance du champignon.

Podospora anserina est un champignon ascomycète saprophyte, se développant sur les excréments d'herbivores, un habitat hautement compétitif. C'est un excellent modèle de laboratoire, notamment pour comprendre la dynamique de croissance des hyphes, car (i) il se cultive très facilement *in vitro*, (ii) son cycle sexué est maîtrisé et permet d'obtenir en 7 jours la production d'ascospores et (iii) son génome est entièrement séquencé et annoté, ce qui a permis le développement de nombreux outils performants en biologie moléculaire et en cytologie. Ainsi, au laboratoire, il a été étudié pour sa capacité à dégrader la biomasse végétale notamment au travers de l'étude des laccases (Xie et al., 2014 ; 2015 ; 2018) ou pour caractériser des mutants affectés dans la reproduction sexuée (Xie et al., 2017).

Nous avons récemment mis au point au laboratoire un dispositif expérimental permettant de résoudre temporellement la dynamique de la croissance locale et globale du réseau mycélien complet, directement sur une boîte de Petri à partir d'une ascospore. Plusieurs centaines de vues juxtaposées du thalle sont obtenues à l'aide de platines micro-contrôles puis associées pour former un unique panorama. En reproduisant cette opération pour différents pas de temps on obtient le film complet de la croissance du thalle. Après binarisation, le thalle est transformé en une structure de graphe, dont les nœuds sont les marqueurs de la croissance de la longueur L du réseau et de sa complexité (nombre de connexions inter-thalle N et d'apex A), voir poster Dikec et al., 2019 et article à soumettre.

Le sujet de thèse est interdisciplinaire (biologie-physique) et portera sur :

1/ L'étude de la structure et de la dynamique de croissance d'un thalle sous différentes contraintes.

La première contrainte sera d'appliquer un stress nutritif en faisant varier la concentration et la nature du carbone mobilisable par le champignon. D'autres contraintes seront envisagées (stress thermique, chimique, mécanique...). Au-delà des grandeurs globales N, L et A, le réseau et sa dynamique seront caractérisés à différents niveaux : homogénéité, isotropie, dynamique locale et répartition des embranchements, dépendance au chemin ...Le traitement statistique des données et le développement d'une modélisation prédictive sera réalisée avec les mathématiciens impliqués dans le projet (Univ. Nice et Paris-Sud, Ecole Polytechnique) ;

2/ Le développement du dispositif expérimental. En particulier, il est prévu d'adapter le système pour une observation en fluorescence. Cela permettra d'améliorer la qualité intrinsèque des images et d'avoir accès à de l'imagerie cellulaire précise et dynamique à l'échelle des hyphes. Ceci reposera sur les compétences de l'équipe en génétique moléculaire et cytologie et à l'utilisation de rapporteurs fluorescents de type EGFP ou m-Cherry.

Xie N., Chapeland-Leclerc F., Silar, P., Ruprich-Robert G., 2014. Environ. Microbiol. 16, 141–161.

Xie N., Ruprich-Robert G., Silar P., Chapeland-Leclerc F., 2015. Environ. Microbiol. 17, 866–875.

Xie N., Ruprich-Robert G., Chapeland-Leclerc F., Coppin E., Lalucque H., Brun S., Debuchy R., Silar P. 2017. Dev. Biol. 429, 285-305.

Xie N., Ruprich-Robert, G., Silar, P., Herbert E., Ferrari R., Chapeland-Leclerc, F., 2018. Fungal Genet. Biol. 116, 1–13.

Dikec J. et al., 30th Fungal Genetics Congress. Pacific Grove, CA, 12-16 mars 2019.
<https://www.dropbox.com/sh/kza30qhofxslx2j/AAAiAXDB5SGN6LAYIBAohTIZa?dl=0>