

STAGE M2, INGÉNIEUR ou CÉSURE

Année universitaire 2025-2026

Analyses de la structure des communautés fongiques de la phyllosphère du blé

Équipes d'Accueil

- UR BIOGER*, équipes ADEP et EPLM (INRAE ; <https://bioger.versailles-saclay.hub.inrae.fr/>)
- UMR MIA PS*, équipe SOLSTIS (INRAE-AgroParisTech ; <https://mia-ps.inrae.fr/solstis>)

*unités localisées dans le même bâtiment sur le campus Agro Paris-Saclay

Encadrant·es

Frédéric Suffert, Valérie Laval, Julie Aubert

Période de stage

La durée du stage envisagée est de 5 à 6 mois (stage M2 ou de césure), avec idéalement un début entre février et avril 2026 suivant la disponibilité de l'étudiant·e.

Résumé du projet

Le projet MycoMix (INRAE SPE / Graduate School BIOSPHERA) vise à explorer la façon dont les mélanges de variétés de blé plus ou moins résistantes à *Zymoseptoria tritici*, champignon responsable de la septoriose, influencent les communautés fongiques associées à la plante. Il s'agit d'évaluer dans quelle mesure ces communautés microbiennes peuvent contribuer à la régulation de la maladie. Plus précisément, le projet vise à comparer la structure et la composition des communautés fongiques entre des couverts monovariétaux et des mélanges de variétés, à différents stades clés du développement du blé et de *Z. tritici*. L'étude repose sur un dispositif expérimental conduit au champ durant les campagnes 2023-2024 et 2024-2025, sur deux sites situés en Île-de-France. L'échantillonnage couvre à la fois les feuilles (phyllosphère) et les résidus post-récolte (résidusphère), ce qui permet d'appréhender la dynamique temporelle des communautés fongiques sur l'ensemble d'une saison culturale.

Le stage de Master 2 consistera à proposer et mettre en œuvre des analyses statistiques adaptées afin d'évaluer la diversité, la composition et les réseaux de co-occurrence au sein de ces communautés fongiques. L'étudiant·e caractérisera l'effet des traits variétaux sur la structuration du mycobiote, identifiera des taxons structurants susceptibles d'intervenir dans la régulation la septoriose, et estimera l'impact du type de couvert (monovariétal vs mélange) sur l'évolution des communautés fongiques au cours de la saison. Les analyses porteront sur les données de la première campagne (2023-2024), déjà disponibles en début de stage et obtenues par métabarcoding (région ITS). Le travail mobilisera des méthodes statistiques multivariées avancées, en particulier les modèles à variables latentes de type Poisson Log-Normal (PLN) et leurs variantes, implémentés dans le package R {PLNmodels} développé au sein de l'UMR MIA-PS.

Les principales missions associées à ce stage sont :

- i) La prise en main des données ainsi que des méthodes d'analyse de référence (état de l'art) permettant de les explorer efficacement ;

- ii) La définition d'une stratégie d'analyse, depuis l'exploration descriptive jusqu'à la réponse à des questions spécifiques, accompagnée de propositions de visualisations et de restitutions adaptées à une lecture par des experts non statisticiens ;
- iii) Le développement et la mise à disposition des scripts sous forme de package R ou de notebooks facilement réutilisables pour l'analyse des données collectées lors de la deuxième année.

Formations et compétences recherchées

Ce stage s'adresse à un·e étudiant·e en statistique, bio-informatique ou écologie, ayant une forte appétence pour l'analyse de données et les méthodes statistiques. Une bonne maîtrise du langage R est requise, ainsi qu'un intérêt marqué pour les approches pluridisciplinaires et leurs applications en biologie, en particulier en écologie microbienne. Une expérience préalable avec de grands jeux de données constituerait un atout apprécié. Le ou la stagiaire devra faire preuve d'autonomie, de rigueur, d'un bon esprit critique, d'une solide capacité d'analyse et de compétences rédactionnelles.

Environnement de travail

Le stage s'inscrit dans un contexte pluridisciplinaire, à l'interface entre l'UR BIOGER (INRAE – AgroParisTech) et l'UMR MIA-PS (Université Paris-Saclay, AgroParisTech, INRAE). L'environnement scientifique est riche et reconnu, offrant un cadre de travail stimulant. Le ou la stagiaire sera encouragé·e à s'impliquer dans la vie des deux unités, notamment à travers la préparation des données issues de la deuxième année d'échantillonnage (2024–2025) et la participation aux activités scientifiques des équipes.

La gratification mensuelle est d'environ 618 €

Contact

Les candidat·e·s intéressé·e·s doivent postuler en envoyant un CV et une lettre de motivation à : frederic.suffert@inrae.fr ; valerie.laval@inrae.fr ; julie.aubert@inrae.fr

Publications récentes en lien avec le projet

Aubert, J., Barbillon, P., Donnet, S., & Miele, V. (2022). Using latent block models to detect structure in ecological networks. *Statistical Approaches for Hidden Variables in Ecology*, 117-134.

Barroso-Bergadà, D., Massot, M., Vignolles, N., Faivre d'Arcier, J., Chancerel, E., Guichoux, E., ... & Suffert, F. (2023). Metagenomic next-generation sequencing (mNGS) data reveal the phyllosphere microbiome of wheat plants infected by the fungal pathogen *Zymoseptoria tritici*. *Phytobiomes Journal*, 7(2), 281-287.

Chiquet, J., Mariadassou, M., & Robin, S. (2021). The Poisson-lognormal model as a versatile framework for the joint analysis of species abundances. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 9, 588292.

Kerdraon, L., Laval, V., & Suffert, F. (2019). *Microbiomes and pathogen survival in crop residues, an ecotone between plant and soil*. *Phytobiomes Journal*. 3, 246–255.

Kerdraon, L., Barret, M., Laval, V., & Suffert, F. (2019). Differential dynamics of microbial community networks help identify microorganisms interacting with residue-borne pathogens: the case of *Zymoseptoria tritici* in wheat. *Microbiome*, 7, 1-17.

Orellana-Torrejon, C., Vidal, T., Boixel, A. L., Gélis, S., Saint-Jean, S., & Suffert, F. (2022). Annual dynamics of *Zymoseptoria tritici* populations in wheat cultivar mixtures: A compromise between the efficacy and durability of a recently broken-down resistance gene? *Plant Pathology*, 71(2), 289-303.

Romdhane, S., Spor, A., Aubert, J., Bru, D., Breuil, M. C., Hallin, S., ... & Philippot, L. (2022). Unraveling negative biotic interactions determining soil microbial community assembly and functioning. *The ISME Journal*, 16(1), 296-306.

Zancarini, A., Le Signor, C., Terrat, S., Aubert, J., Salon, C., Munier-Jolain, N., & Mougé, C. (2025). *Medicago truncatula* genotype drives the plant nutritional strategy and its associated rhizosphere bacterial communities. *New Phytologist*, 245(2), 767-784.