

Dans le cadre de l'ACI : Programme de Microbiologie. Microbiologie fondamentale et appliquée, Maladies infectieuses, environnement et bioterrorisme (<http://www.recherche.gouv.fr/appel/2003/microbio.htm>), notre projet : "Development and validation of a prototype microarray based on ribosomal DNA-targeting oligonucleotide probes for the analysis of ectomycorrhizal fungi community" a été financé.

Avec pour objectif la demande de financement d'une bourse de thèse, nous recherchons les candidat(e)s éventuellement intéressé(e)s ayant les compétences suivantes :

- a.. DEA d'informatique.
- b.. DEA de microbiologie, avec des connaissances en programmation (Perl | PHP | . | VBA, bases de données).

Ce projet repose sur une collaboration entre :

Monique Gardes is Professor of Mycology at the University of Toulouse III / Paul Sabatier. She is an expert in molecular ecology of ectomycorrhizal fungi. In collaboration with Pr. Bruns at U.C. Berkeley, she has contributed to pioneering studies on PCR-based molecular methods for the analysis of ECM communities. She is currently involved in national projects and european collaborations on the coevolutionary dynamics of ECM fungi and plants in disturbed and stressed environments.

Richard Christen is Professor of Bioinformatics at the University of Nice Sophia Antipolis. He has a strong background in molecular phylogeny and identification of bacteria with DNA chips. He is currently involved in two european projects (5eme PCRD: Aquachip, QLK4-CT-2000-00764; Eureka: MICROTARGETS -EU 2476) for the use of DNA chip to identify bacteria in The environment.

Jean-Marie François is the head manager of Transcriptom-biochips platform of Toulouse Genopole. This platform is fully equipped with all the material and the expertise (5 people) devoted for DNA arrays analysis (from manufacture to data analysis using home made or commercial software). For additional information, see <http://bio71.gab.insa-tlse.fr/>. Jean M François is also Professor of Molecular Microbiology at INSA Toulouse. He is an expert in functional genomics in yeast and filamentous fungi, and in collaboration with researchers from Nano-Microtechnology and chemistry in Toulouse, he has developed new tools for spotting and grafting DNA probes on glass slides and silicon supports.

Working hypothesis for the project.

The major objective of this project is to develop a prototype microarray for the identification of selected taxa of ectomycorrhizal fungi in riparian poplar-willow forests. The central ecological questions we hope to answer are listed below:

- 1.. Are the most common species of ectomycorrhizal fungi found in one site also the most common at other riparian sites ?

2.. Are ectomycorrhizal fungi partitioned by plant host in mixed forest settings? Does *T. populinum* (a putatively poplar-specific species) also form ectomycorrhizae with roots of willows in habitats where black poplar and willow coexist simultaneously ?

3- What is the spatial and temporal dynamics on poplar roots of both *Tricholoma scalpturatum* (a host generalist species) and *T. populinu*? How do patterns from below ground (mycorrhizae and soil mycelia) correlate with the fruiting pattern (and turn-over of genets) of these two species ?

Sujet de la thèse.

A partir des séquences ITS ribosomiques disponibles (qq milliers), bâtir une taxonomie moléculaire à l'aide de méthodes de classification hiérarchique.

A l'aide de ces résultats et d'une phylogénie (18S) mettre en relation la taxonomie moléculaire et la taxonomie classique.

Valider ensuite les niveaux de partition (cut off values) qui correspondent à des taxons reconnus par les mycologues.

Chercher des sondes spécifiques éventuelles pour chaque partition.

Valider leur spécificité par la thermodynamique (nearest neighbor method), en prenant en compte les hybridations non Watson-Crick. Les "meilleures" sondes seront alors testées sur la puce à Toulouse.

L'ensemble de ces étapes mettra en oeuvre une base de données dédiée (MySQL), une interface de publication/utilisation (PHP), des scripts d'extraction des données (Perl | PHP), des calculs de distances (stand-alone blast | alignements + distances), des méthodes de partitionnements, de la phylogénie (nj) et probablement un peu de Java.

Finalement, réaliser une interface d'utilisation de la puce.

La thèse sera co-encadrée par Monique Gardes et Richard Christen, avec une inscription à l'Ecole Doctorale de Toulouse i.e. SEVAB. Les deux premières années seront à Nice, la 3eme à Toulouse.

Etat actuel du projet.

a.. Un "e-Dashboard" a été développé (MySQL PHP) dédié à la conception de puces et permettant une collaboration efficace entre laboratoires distants.

b. Un logiciel (SeqAm) dédié au calcul de la thermodynamique des sondes a été mis au point.

c.. Les séquences ITS ont été récupérées. En partie analysées. Une base de données dédiée est en cours de construction.

d.. Une trentaine de sondes déjà calculées sont en cours de test.

Conclusion

Ne vous laissez pas impressionner par la bio (si vous êtes info) ou l'info (si vous êtes bio) :  
c'est une thèse de bioinfo, l'expérience montre que (généralement) chacun(e) arrive à acquérir  
les connaissances complémentaires, et même à aimer cela !

Monique Gardes & Richard Christen.

Richard CHRISTEN  
Chercheur de Gouttière  
UMR6543 CNRS - Université de Nice Sophia Antipolis

Biologie Virtuelle. Centre de Biochimie. Parc Valrose. 06108 Nice  
cedex2  
tel 33 - 4 93 76 52 10  
fax 33 - 4 93 76 52 19