

**APPEL A PROJETS DE THÈSE 2026
CONCOURS DE L'ED 658 – Sciences du vivant**

Formulaire à compléter et déposer par les porteurs du projet de thèse HDR via l'adresse mail suivante :
ed658@univ-amu.fr OU/ET romane.haddadi@univ-amu.fr

MERCI DE METTRE EN SUJET DU MAIL : Concours ED 658 2026 porteur de projet
Ces dossiers seront publiés pour que les candidats postulent.

au plus tard le 3 mars 2026.

INTITULÉ DU PROJET

Identification et caractérisation fonctionnelle de nouveaux marqueurs géniques de la multicellularité et de la différenciation cellulaire chez les cyanobactéries

Identification and functional characterization of new gene markers for multicellularity and cell differentiation in cyanobacteria

1- Directrice ou directeur de thèse HDR

NOM	TALLA	Prénom	Emmanuel
Téléphone portable	06 23 25 12 87	Courriel	emmanuel.talla@univ-amu.fr

Unité de recherche (UR) de rattachement

Code (acronyme et n°) de l'UR à AMU :	UMR 7283 CNRS AMU
---------------------------------------	-------------------

Nom de l'UR :	Laboratoire de Chimie Bactérienne
---------------	-----------------------------------

Directrice ou directeur de l'UR

Nom	Magalon	Prénom	Axel
-----	---------	--------	------

2- Codirectrice ou codirecteur de thèse, le cas échéant

NOM		Prénom	
Téléphone portable		Courriel	

Unité de recherche (UR) de rattachement

Code (acronyme et n°) de l'UR à AMU :	
---------------------------------------	--

Nom de l'UR :	
---------------	--

Directrice ou directeur de l'UR

Nom		Prénom	
-----	--	--------	--

SPECIALITE : (Rayer les mentions inutiles)

Bio-informatique et Génomique / Bio-informatics and Genomics

SOUS JURY POUR LE CONCOURS : (Rayer les mentions inutiles)

JURY 1 : BIOLOGIE CELLULAIRE

JURY 2 : MICROBIOLOGIE – GENOMIQUE

JURY 3 : NEURSCIENCE

APPEL A PROJETS DE THÈSE 2026 CONCOURS DE L'ED 658 – Sciences du vivant

MERCI DE REMPLIR TOUTES LES INFORMATIONS EN FRANÇAIS ET EN ANGLAIS

Description de la problématique de recherche

Les cyanobactéries sont répandues et existent sous différentes formes, allant des unicellulaires aux filamenteux hautement sophistiqués (Latifi et al., 2009). De point de vue cellulaire, la plus complexe des espèces filamenteuses peut avoir une différenciation donnant jusqu'à cinq différents types de cellules: cellules végétatives, akinètes, hormogonie, nécridies et des hétérocystes (Herrero et al., 2016) (**Figure**). Les cellules végétatives, au contenu cellulaire assez homogène pouvant contenir des granules ou encore, chez certaines espèces planctoniques, des vésicules à gaz, organites qui leur confère une flottabilité dans la colonne d'eau et leur permettant pour certaines espèces de s'accumuler à la surface des plans d'eau. Les akinètes sont des cellules différenciées de grande taille, à paroi épaisse, riches en polypeptides qui constituent des formes de résistance permettant la survie des cyanobactéries lorsque les conditions environnementales sont défavorables. Les hormogonies sont des formes motiles. Ce sont des groupes de cellules qui s'échappent à l'extrémité de la gaine de certaines formes de cyanobactéries filamenteuses ou qui résultent de la germination d'akinètes. Les nécridies sont des cellules particulières d'un trichome de cyanobactéries qui finissent par s'altérer, provoquant ainsi la scission en deux du trichome. Les hétérocystes sont des cellules différenciées, à paroi épaisse (maintient un environnement anaérobie), spécialisées dans la fixation de l'azote atmosphérique par réduction du N_2 en NH_4^+ catalysée par la nitrogénase (Frías et al., 1994; Xu et al., 2022). Les espèces qui possèdent ces structures sont capables d'une autotrophie vis-à-vis de l'azote. Comme la nitrogénase est sensible à l'oxygène (O_2), ces cellules se caractérisent par l'absence de photosynthèse.

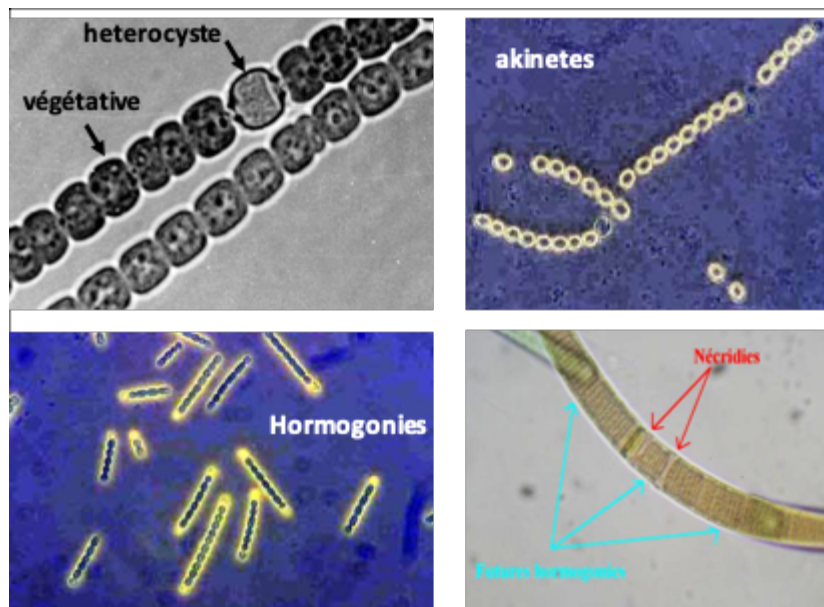


Figure: Différents types cellulaires chez les cyanobactéries

A ce jour, plus de 600 génomes complets et/ou de références de cyanobactéries ont été séquencés, dont 21% forment des filaments hétérocystés. Parmi eux, le génome de la cyanobactérie modèle hétérocyste *Anabaena* sp. PCC 7120 possède 6083 gènes dont 27.4% (soit 1267 gènes) restent de fonction inconnue. La multicellularité et la différenciation cellulaire étant deux fonctions majeures aux organismes filamenteux et hétérocystés, de nombreux marqueurs génétiques impliqués dans ces deux processus restent encore à découvrir.

Ainsi, l'analyse comparative/croisée des gènes appartenant aux groupes d'organismes ayant les mêmes traits physiologiques sera effectuée et permettra de mettre en évidence les marqueurs géniques spécifiques à un

APPEL A PROJETS DE THÈSE 2026 CONCOURS DE L'ED 658 – Sciences du vivant

type cellulaire, un trait physiologique ou morphologique (unicellulaire, filamenteux non hétérocysté, filamenteux hétérocysté, formation des akinètes, des hormogonies, multicellulaire, fixation d'azote, ...). Puis, des analyses omiques (RNA-seq et Chip-seq) seront effectuées sur des mutants (de délétion) d'intérêts par comparaison avec la souche sauvage et ce dans des conditions de croissance et physiologiques adaptées. Ce travail permettra d'avoir une meilleure compréhension de la multicellularité et de la différenciation chez les cyanobactéries et plus généralement chez organismes.

Project description

Cyanobacteria are widespread and exist in various forms, ranging from unicellular to highly sophisticated filamentous organisms (Latifi et al., 2009). From a cellular point of view, the most complex filamentous species can differentiate into up to five different cell types: vegetative cells, akinetes, hormogonia, necridia, and heterocysts (Herrero et al., 2016) (**Figure**). Vegetative cells have fairly homogeneous cellular content and may contain granules or, in some planktonic species, gas vesicles, organelles that give them buoyancy in the water column and allow certain species to accumulate on the surface of water bodies. Akinetes are large, differentiated cells with thick walls, rich in polypeptides, which constitute forms of resistance that enable cyanobacteria to survive when environmental conditions are unfavorable. Hormogonia are motile forms. They are groups of cells that escape from the end of the sheath of certain forms of filamentous cyanobacteria or result from the germination of akinetes. Necridia are special cells in a cyanobacterial trichome that eventually deteriorate, causing the trichome to split in two.

Heterocysts are differentiated cells with thick walls (maintaining an anaerobic environment) that specialize in fixing atmospheric nitrogen by reducing N_2 to NH_4^+ catalyzed by nitrogenase (Frías et al., 1994; Xu et al., 2022). Species that possess these structures are capable of nitrogen autotrophy. As nitrogenase is sensitive to oxygen (O_2), these cells are characterized by the absence of photosynthesis.

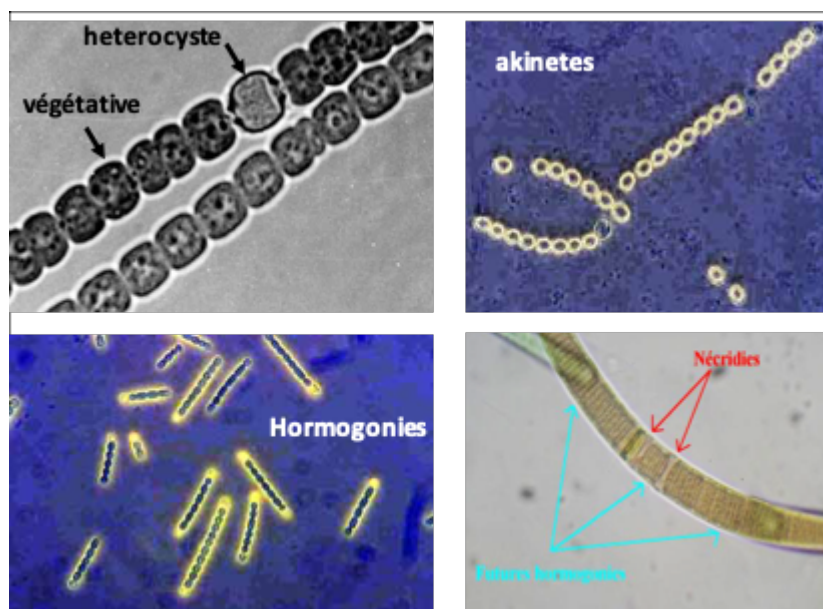


Figure: Different cell types in cyanobacteria

To date, more than 600 complete and/or reference genomes of cyanobacteria have been sequenced, 21% of which form heterocyst filaments. Among them, the genome of the model heterocyst cyanobacterium *Anabaena* sp. PCC 7120 has 6,083 genes, of which 27.4% (or 1,267 genes) remain of unknown function.

APPEL A PROJETS DE THÈSE 2026 CONCOURS DE L'ED 658 – Sciences du vivant

Multicellularity and cell differentiation are two major functions in filamentous and heterocystous organisms, and many genetic markers involved in these two processes remain to be discovered.

Thus, comparative/cross-analysis of genes belonging to groups of organisms with the same physiological traits will be carried out, highlighting gene markers specific to a cell type, physiological or morphological trait (unicellular, non-heterocystous filamentous, heterocystous filamentous, formation of akinetes, hormogonia, multicellular, nitrogen fixation, , etc.) Next, omic analyses (RNA-seq and Chip-seq) will be performed on mutants (deletion mutants) of interest by comparison with the wild strain under appropriate growth and physiological conditions. This work will provide a better understanding of multicellularity and differentiation in cyanobacteria and, more generally, in organisms.

Mots clés

Cyanobactérie / Multicellularité / Differentiation cellulaire / Analyses de données omiques / Phylogenomique

Keywords

Cyanobacteria / Multicellularity / Cell differentiation / Analysis of omics data / Phylogenomics

Thématique / Domaine / Contexte

Ce travail s'inscrit parfaitement dans les thématiques de notre équipe de recherche. Notre groupe étudie la différenciation cellulaire, en utilisant comme modèle la cyanobactérie filamenteuse multicellulaire *Anabaena* PCC 7120. Lorsque l'azote combiné devient limitant, des cellules spécialisées dans la fixation de l'azote, appelées hétérocystes, se différencient à intervalles semi-réguliers le long des filaments (tous les 10 à 15 cellules végétatives)(Xu et al., 2020; Xu et al., 2025). Ce motif unidimensionnel émerge selon les principes des modèles de Turing. Grâce à une approche combinant génétique, biologie cellulaire, génomique et bioinformatique, nous cherchons à répondre à plusieurs questions majeures sur le développement chez *Anabaena*: comment les morphogènes inhibiteurs sont-ils produits et transférés le long des filaments? Quels sont les réseaux de signalisation qui maintiennent le pattern de différenciation ? Comment l'horloge circadienne influence-t-elle le développement? Quelle est l'histoire évolutive des gènes du développement cellulaire au sein du clade des cyanobactéries? Ce projet prévoit que la génération des mutants et les expériences (RNA-seq/Chip-seq) soient réalisées par un membre de l'équipe, alors que le doctorant prendra en charge l'analyse bioinformatique des données génomiques.

Theme / Field / Context

This work fits perfectly with the themes of our research team. Indeed, our group studies cellular differentiation and pattern formation in cyanobacteria, using the filamentous multicellular cyanobacterium *Anabaena* PCC 7120 as a model system. When combined nitrogen becomes limiting, nitrogen-fixing cells called heterocysts differentiate from vegetative cells at semi-regular intervals along the filaments—approximately every 10 to 15 cells (Xu et al., 2020; Xu et al., 2025). This one-dimensional pattern emerges according to Turing-like rules. Using a combination of genetics, cell biology, genomics and bioinformatics, we aim to address fundamental developmental questions in *Anabaena*: How are inhibitory signals processed and transferred along the filaments? What signaling networks maintain the pattern? How does the circadian clock influence development? And what is the evolutionary history of developmental genes across the cyanobacterial phylum? Therefore, this project envisages that the generation of mutants and experiments (RNA-seq/Chip-seq) will be carried out by a member of the team, while the doctoral student will be responsible for the bioinformatic analysis of the genomic data.

APPEL A PROJETS DE THÈSE 2026 CONCOURS DE L'ED 658 – Sciences du vivant

Objectifs

L'objectif de ce projet de thèse consiste à identifier de nouveaux marqueurs impliqués dans la multicellularité et la différenciation cellulaire à la fois par des approches *in silico* de génomique comparative et de phylogénomique. Puis, les gènes identifiés seront caractérisés par des approches de génomiques fonctionnelles (RNA-seq / Chip-seq) afin de mettre en évidence la fonctionnalité de ces gènes au sein des réseaux de gènes impliqués dans les 2 processus cellulaires. In fine, ce projet permettra d'avoir une approche scientifique globale et ainsi sans aucun doute de consolider notre compréhension de la multicellularité chez les cyanobactéries.

Objectives

The objective of this thesis project is to identify new markers involved in multicellularity and cell differentiation using both *in silico* comparative genomics and phylogenomics approaches. The identified genes will then be characterized using functional genomics approaches (RNA-seq/Chip-seq) to highlight the functionality of these genes within the gene networks involved in the two cellular processes. Ultimately, this project will provide a comprehensive scientific approach and undoubtedly consolidate our understanding of multicellularity in cyanobacteria.

Méthodes

Analyses bioinformatiques
Programmation (Python, PERL, Unix, R, ...)
Analyses biostatistiques
Génomique comparative et évolutive

Methods

Bioinformatic analyses
Programming (Python, PERL, Unix, R, etc.)
Biostatistical analyses
Comparative and evolutionary genomics

Références bibliographiques / Literature references

- Frías JE, Flores E, Herrero A. (1994) Requirement of the regulatory protein NtcA for the expression of nitrogen assimilation and heterocyst development genes in the cyanobacterium *Anabaena* sp. PCC 7120. *Mol Microbiol.* 14(4):823-32. doi: 10.1111/j.1365-2958.1994.tb01318.x.
- Herrero A, Stavans J, Flores E. (2016) The multicellular nature of filamentous heterocyst-forming cyanobacteria. *FEMS Microbiol Rev.* 40(6):831-854. doi: 10.1093/femsre/fuw029.
- Latifi A, Ruiz M, Zhang CC. (2009) Oxidative stress in cyanobacteria. *FEMS Microbiol Rev.* 33(2):258-78. doi: 10.1111/j.1574-6976.2008.00134.x.
- Xu X., Risoul V., Byrne D., Champ S., Douzi B. and A. Latifi (2020) HetL, HetR and PatS form a reaction-diffusion system to control pattern formation in the cyanobacterium *nostoc* PCC 7120. *Elife.* 7;9:e59190. doi: 10.7554/eLife.59190.
- Xu X, Rachedi R, Foglino M, Talla E, Latifi A. (2022) Interaction network among factors involved in heterocyst-patterning in cyanobacteria. *Mol Genet Genomics.* 297(4):999-1015. doi: 10.1007/s00438-022-01902-5.
- Xu X, Scholivet A, Champ S, Bergé M, Yeerkenjiang Z, Desjardins J, Denis Y, Douzi B, Byrne D, Talla E, Latifi A. (2025) Co-option of an ancestral peptidase controls developmental patterning in multicellular cyanobacteria. *iScience.* 29(1):114265. doi: 10.1016/j.isci.2025.114265.

**APPEL A PROJETS DE THÈSE 2026
CONCOURS DE L'ED 658 – Sciences du vivant**

Conditions scientifiques matérielles et financières du projet de recherche

-Serveur de calcul à disposition

Scientific, material, and financial conditions of the research project

-Computing server available

Profil et compétences recherchés

Nous recherchons un candidat très motivé, ayant une expérience en bioinformatique/génomique et un grand intérêt pour la génomique comparative, phylogénomique et l'analyse des données omiques (RNA-seq, Chip-seq). Le/la candidat(e) retenu(e) doit avoir un Master en bio-informatique ou en génomique.

Profile and skills required

We are looking for a talented and highly motivated PhD candidate, with a background in bioinformatics/genomics and with a strong interest in comparative genomics, phylogenomics and omic data analysis (RNA-seq, Chip-seq). You should be interested to work in a multidisciplinary research environment, with enthusiasm and good communication skills. The successful candidate should have a Master in bioinformatics, genomics or in computational biology.