Angers, le 17 novembre 2026

AVIS DE SOUTENANCE DE THÈSE

DOCTORAT (Arrêté du 26 août 2022 modifiant l'arrêté du 25 mai 2016)

Monsieur Logan SUTEAU

candidat au diplôme de Doctorat de l'Université d'Angers, est autorisé à soutenir publiquement sa thèse

le 27/11/2026 à 13h30

Faculté des Sciences
Bâtiment L
AMPHI L004
2, boulevard Lavoisier
49045 ANGERS Cedex 01

sur le sujet suivant :

Pilotage du microbiote des plantes à de multiples stades phénologiques : Dynamique d'assemblage de la fleur à la plantule et contrôle d'agents phytopathogènes des semences

Directrice de thèse : **Madame Marie SIMONIN**

Composition du jury :
Monsieur Manuel BLOUIN, Professeur des Universités Institut Agro Dijon, Rapporteur
Madame Aurélie DEVEAU, Chargée de Recherche HDR Centre INRAE Grand-Est - Nancy, Rapporteure
Madame Isabelle FUDAL, Directrice de Recherche Centre INRAE Ile-de-France - Versailles-Saclay, Examinatrice
Madame Natalia GUSCHINSKAYA, Maîtresse de Conférences Université d'Angers, Co-encadrante
Madame Marie SIMONIN, Directrice de Recherche Centre INRAE Pays de la Loire, Directrice de thèse

Résumé de la thèse

Le microbiote des graines contribue au développement et à la santé de la plante et constitue une cible prometteuse pour favoriser des fonctions d'intérêt agronomique. Afin de mieux comprendre comment moduler le microbiote de la graine, de sa formation à son développement en plantule, une approche d'écologie synthétique a été employée. Une quarantaine de communautés synthétiques (SynComs) composées de taxons fongiques et bactériens ont été utilisées pour moduler le microbiote végétal à différents stades : 1) au niveau des graines, afin d'étudier leurs effets sur le microbiote des plantules, et 2) au niveau des fleurs et des siliques, afin d'évaluer leur impact sur le microbiote des graines. Les résultats montrent que la transition graine-plantule est plus permissive à l'ingénierie du microbiote que la transition fleur-silique-graine. L'identité des souches constitue un déterminant majeur de la colonisation, avec notamment Pseudomonas, Pantoea et Plectosphaerella comme colonisateurs dominants, tandis que la stratégie d'assemblage des SynComs a peu influencé leurs effets (aléatoire ou sur des critères spécifiques). Quatorze SynComs ont modulé le microbiote bactérien des plantules en affectant le recrutement de 82 taxons natifs. À l'inverse, après inoculation des plantes mères, aucun des huit taxons inoculés n'a été retrouvé en plus forte abondance dans les graines, bien que les SynComs aient modifié le microbiote natif et la proportion de taxons partagés entre fleurs et siliques. Ces résultats soulignent l'importance de l'identité des souches, des interactions bactéries-champignons et du rôle transitoire de certains colonisateurs pour l'ingénierie du microbiote végétal.

À AFFICHER DANS L'UFR 15 JOURS AVANT LA SOUTENANCE