

PROPOSITION DE SUJET DE THESE

Formulaire demande de financement : ARED - ISblue - ETABLISSEMENTS

ALL REQUEST REGARDING THIS SUBJECT SHOULD BE SENT TO lois.maignien@univ-brest.fr

Identification du projet

Acronyme du projet (8 caractères *maximum*) : **SOME**

Intitulé du projet *en langue française* : **Genomique microbienne de l'Océan Austral**

Intitulé du projet *en langue anglaise* : **Southern Ocean Microbial plankton Ecogenomics**

Domaine d'innovation stratégique (DIS) du projet

Cocher le DIS prioritaire au sein duquel le projet de thèse s'intègre.

- DIS 1 : Innovations sociales et citoyennes pour une société ouverte et créative
- DIS 2 : Chaîne alimentaire durable pour des aliments de qualité
- DIS 3 : Activités maritimes pour une croissance bleue
- DIS 4 : Technologies pour la société numérique
- DIS 5 : Santé et bien-être pour une meilleure qualité de vie
- DIS 6 : Technologies de pointe pour les applications industrielles
- DIS 7 : Observation et ingénieries écologique et énergétique au service de l'environnement

Si aucun DIS ne correspond, cocher « Projet Blanc ».

« Projet Blanc »

Préciser le sous-domaine correspondant D7 « observation, surveillance et gestion de l'environnement, des écosystèmes et de leurs interactions »

Présentation de l'établissement porteur (bénéficiaire de l'aide régionale)

Établissement porteur du projet : **UBO**

Ecole Doctorale : **EDSML**

Identification du-de la responsable du projet (futur-e directeur-trice de thèse)

Nom du laboratoire d'accueil : **LM2E**

Code du laboratoire (U/UMR/USR/EA/JE/...) : UMR6197

Directeur du Laboratoire : Prof. Mohamed Jebbar

Nombre HDR dans le laboratoire : 8

Nombre de thèses en cours : 12

Nombre de post-docs en cours : 2

Nom et prénom du directeur de thèse (HDR), porteur du projet :

- e-mail : mohamed.jebbar@univ-brest.fr

- Téléphone : 0298498817

- **Publications récentes du directeur-trice de thèse** (nb total et 5 références max au cours des 5 dernières années) :

Development of an effective 6-methylpurine counterselection marker for genetic manipulation in *Thermococcus barophilus*

T Birien, A Thiel, G Henneke, D Flament, Y Moalic, **M Jebbar**
Genes 9 (2), 77

Combined whole-cell high-throughput functional screening for identification of new nicotinamidases/pyrazinamidases in metagenomic/polygenomic libraries

Rubén Zapata-Pérez, Antonio G García-Saura, **Mohamed Jebbar**, Peter N Golyschin, Álvaro Sánchez-Ferrer
Frontiers in microbiology 7, 1915

High hydrostatic pressure adaptive strategies in an obligate piezophile *Pyrococcus yayanosii*

G Michoud, **M Jebbar**
Scientific reports 6, 27289

Characterization and antimicrobial potential of extremely halophilic archaea isolated from hypersaline environments of the Algerian Sahara

I Quadri, II Hassani, S l'Haridon, M Chalopin, H Hacène, **M Jebbar**
Microbiological research 186, 119-131

Genome expression of *Thermococcus barophilus* and *Thermococcus kodakarensis* in response to different hydrostatic pressure conditions

P Vannier, G Michoud, P Oger, V Þór Marteinsson, **M Jebbar**
Research in microbiology 166 (9), 717-725

- **Expériences d'encadrement et co-encadrement de doctorants (passées et en cours)**

(nom des doctorants dirigés et en cours et antérieurement, sur les 6 années passées : sujet, financement, date de soutenance, et situation professionnelle actuelle si connue)

Florian Trigodet, Contrôle du potentiel des métaux immergés pas les bactéries électrotrophes. bourse CIFRE, en cours, défense 2019.

Jordan Hartunian, Optimisation de la bioproduction du dihydrogène sous haute pression et haute température par des Thermococcales issues des sources hydrothermales océaniques profondes (HPBioHyd), bourse CIFRE, défense 2020

Tiphaine Birien, Génétique et génomique des microorganismes piézophiles des sources hydrothermales océaniques profondes (Adaptation aux hautes pressions hydrostatiques chez l'archée piézo-hyperthermophile *Thermococcus barophilus*, apport de la génétique et impact des hydrogénases). Bourse LabEX, Défendue en 2018.

Gwendoline Selva, Metanis : évaluation de l'effet de la pression et de la température sur les METabolismes ANaérobiques, approches Isotopique et biogéochimique. Bourse UBO, en cours.

Gregoire Michoud, Etude des effets des hautes pressions hydrostatiques sur *Pyrococcus yayanosii* un piézophile extrême par une approche multi "omics". Bourse Labex-UBO, soutenu en 2015. Chercheur postdoctorant au Red Sea Research Center, KAUST, Thuwal, Saudi Arabia.

Pauline Vannier, Bases génomiques, protéomiques et transcriptomiques de l'adaptation aux hautes pressions hydrostatiques d'une archée hyperthermophile : *Thermococcus barophilus*. Bourse UBO. Defendue en 2013. Chercheur MATIS, Iceland.

Co-directeur-trice de thèse et co-encadrant scientifique : Loïs Maignien

- **Laboratoire de recherche co-encadrant** UMR6197

- **e-mail** : lois.maignien@univ-brest.fr

- **Téléphone** : 0651401063

- **Expériences d'encadrement et co-encadrement de doctorants (passées et en cours)**

Blandine Trouche, Ecogenomique des environnements profonds, Bourse IFREMER et UBO, défense en 2021

Clarisse Lemonnier, Mise en place d'un observatoire microbiologique de la rade de Brest, Financement Labex Mer, en cours (défense en 2019).

Florian Trigodet, Contrôle du potentiel des métaux immergés pas les bactéries électrotrophes. bourse CIFRE, en cours (défense en 2019)

Damien Courtine, Génomique comparative d'isolats phylogénétiquement proches appartenant au genre *Thermococcus*, une archée hyperthermophile, Financement ARED LABex, défendu en 2018. Postdoctorant Turing Center for Living Systems (CENTURI), Marseille.

Le cas échéant, autres collaborations (co-encadrant et laboratoire concerné)

- **Laboratoire de recherche co-encadrant** Meren Lab, faculté de Médecine de l'Université de Chicago.

- **e-mail** : meren@uchicago.edu

- **Téléphone** : +1-773-702-5935

- **Expériences d'encadrement et co-encadrement de doctorants (passées et en cours)**

Actuellement encadrant de 4 doctorants (écoles doctorales de biophysique, de microbiologie et de médecine)

Présentation du projet (en langue française ou anglaise, 2 à 3 pages)

Résumé du projet (4000 caractères maxi espaces compris) :

Planktonic microorganisms are central in the carbon cycling, though the combined process of photosynthesis (CO₂ fixation), microbial loop (carbon recycling) and pump (carbon export). The comprehension of marine microorganism diversity, activity biogeography is thus of paramount importance to better understand and predict the fate of marine and atmospheric carbon globally. Although the Southern Ocean exerts a disproportionate control on global carbon cycling, with 40% uptake of global anthropogenic CO₂ inputs, relatively little is known on the biodiversity of microorganisms living around the Antarctic continent, including their relationships with one another and with their environment. Our project will use cutting edge environmental genomics and bioinformatics tools to establish a high-resolution microbial taxonomic and genomic atlas and generate unprecedented data for this critical environment. To reach this objective, we have sampled the southern ocean during a unique Antarctic circumnavigation international expedition. This doctoral project proposes to study the functional diversity and biogeography of microorganisms in relation to Southern Ocean biomes (polar front, polynya, open ocean, SO water masses...), net community production, and ancillary biogeochemical parameters. To reach this goal, we will use high throughput DNA sequencing of environmental DNA (metagenomics) and cutting edge bioinformatics and biostatistics to constrain microbial taxonomic and functional genes distribution around the Antarctic. This will result in a better understanding of the functioning of the Southern Ocean and its role in the global carbon budget.

Présentation détaillée du projet :

1 - Hypothèse et questions posées, identification des points de blocages scientifiques

The Southern Ocean (SO) has a **central role in global carbon cycling** and owing to an intense photosynthetic activity during austral summer, marine microorganisms significantly contribute to the atmospheric carbon sequestration and consequently, to climate control. However, the diversity of organisms involved in the carbon cycle and their respective contribution in the different biomes of this ocean is still unclear.

In addition, previous exploration of microbial diversity in this area has revealed unique assemblages of genes, organisms and communities due to singular conditions of temperature, light cycle and ocean circulation, thus forming a very distinct **marine ecosystem compared to other oceans**. While many studies have focused on understanding local ecosystem properties, a large-scale exploration of planktonic diversity and activity across distinct and contrasted Southern Ocean biomes is still lacking in order to identify key microorganisms and metabolic pathways engaged in this original ocean's functioning.

This project aims at exploiting samples and data acquired during the ACE cruise, an international expedition that explored the Southern Ocean (SO) during the austral summer 2016/2017 in a circumpolar path from and to Cape Town, South Africa. This expedition has allowed the coordinated sampling of different Southern Ocean systems (including areas never visited by scientific expeditions before) and gathered 22 research projects providing a rich set of ancillary geochemical parameters to explore the environmental drivers of biodiversity. During ACE, PI Maignien and collaborators have collected over 1000 samples from 5-1500 m water depth of different size fractions, suitable for environmental DNA sequencing and analysis for planktonic viral, archaeal, bacterial and picoeukaryote diversity.

Thanks to the support of the Genoscope national sequencing center, samples from the ACE expedition will have their DNA sequenced using various omics approaches: 16S and 18S rRNA gene amplicon sequencing (metabarcoding) for high-resolution community structure, environmental DNA (metagenomics), the focus of

this project) and RNA (metatranscriptomics) of viruses, Bacteria, Archaea and microbial Eukaryotes.

The overarching doctoral proposal is thus to (i) **better understand the ecology of SO plankton** and (ii) **its implication in the biogeochemical cycles in this ocean** based on a spatial and depth resolved analysis of bacterial, archaeal and eukaryotic genomic diversity in austral summer waters.

The proposed research activity will aim at achieving the following specific objectives:

Objective 1. Contribute to the census of SO microbial life, describing their diversity from taxonomy to population genome levels using metagenomics approaches.

Objective 2. Understand the ecological structure and biogeography of polar marine microbes; define core communities across major SO ecosystems (open ocean, polynia, sub-antarctic islands, coastal areas, glacier fronts, polar front) and typical SO water masses. Define depth and geographical limits of microbial populations.

Objective 3. Define the specificity of Southern Ocean microorganisms at the taxonomic, genomic, and community structure level compared to other large oceanic provinces. The ACE data will be replaced in the context of Tara Oceans, Ocean Sampling Day (OSD), and Malaspina projects.

Objective 4. Determine the abiotic controls on polar microbial community structure and function with regard to major environmental parameters compiled in the ACE metadata database.

Objective 5. Identify the key microorganisms, and their population genomes that are most correlated with net community production and carbon export in the Southern Ocean.

2 - Approche méthodologique et techniques envisagées :

All DNA extraction, library preparation and sequencing, as well as initial data quality check will be carried by the Genoscope, strictly following procedures developed by this sequencing facility for the TARA project. Their experience with a similar project will thus ensure both the robustness of generated data and enable comparison with other oceanic provinces covered in the TARA project.

The candidate will undertake the study of microbial plankton functional diversity through metagenomics. In a first approach, short environmental DNA sequences will be compared to protein databases, allowing to establish a profile of prokaryotic functions per sample. This gene-centric approach is providing important information regarding functional diversity and contribution to ecosystem by revealing gene profiles across various environments. In addition, based on metagenomic data, several pioneering studies have paved the way for genome reconstruction of uncultivated microorganisms. Narasingarao and colleagues¹ could reconstruct the genome of two novel non-isolated Archaea from an hypersaline lake defining an entirely new clade among Halobacteria. Using innovative in silico binning methods leveraging community dynamics in a time series (differential coverage), Sharon and colleagues could reconstruct several genomes from infant gut microbiome and demonstrated the convergent dynamics of these communities. With similar methods, Wrighton et al. identified 49 partial to near complete genomes from three subsurface aquifer metagenomes², reconstructed energy conservation metabolic pathways of several widely distributed uncultivated subseafloor microorganisms and shed light on important adaptive processes with evidence for horizontal gene transfer from the Archaea domain towards Bacteria. Furthermore, this genome reconstruction approach led to new insights into the different genome variants within a single population^{3,4}, or to novel candidate phylum radiation redefining the three of life topology⁵.

These different observations are forming the rationale for a genome-centric metagenomic approach in order to understand the individual role of dominant microorganisms, and this cutting edge approach will allow to investigate uncultivated marine microorganisms diversity at the population genome level to better understand how microorganisms evolve and adapt, exchange genetic material, and engage in mutualistic relationship within complex communities. We will thus carry deep sequencing of metagenomes, genome centric studies to reconstruct the genome of dominant prokaryotic taxa in the Southern Ocean and attempt to map genomic variants across the Southern Ocean.

1. Narasingarao, P. *et al.* De novo metagenomic assembly reveals abundant novel major lineage of Archaea in hypersaline microbial communities. *ISME J* **6**, 81–93 (2012).
2. Wrighton, K. C. *et al.* Fermentation, hydrogen, and sulfur metabolism in multiple uncultivated bacterial phyla. *Science* **337**, 1661–1665 (2012).
3. Albertsen, M. *et al.* Genome sequences of rare, uncultured bacteria obtained by differential coverage binning of multiple metagenomes. *Nat. Biotechnol.* **31**, 533–538 (2013).
4. Dick, G. J. *et al.* The microbiology of deep-sea hydrothermal vent plumes: ecological and biogeographic linkages to seafloor and water column habitats. *Front. Microbiol.* **4**, (2013).
5. Simmons, S. L. *et al.* Population genomic analysis of strain variation in *Leptospirillum* group II bacteria involved in acid mine drainage formation. *PLoS Biol.* **6**, e177 (2008).
6. Brown, C. T. *et al.* Unusual biology across a group comprising more than 15% of domain Bacteria. *Nature* **523**, 208–211 (2015).

3 - Positionnement et environnement scientifique dans le contexte régional, national et international :

PI Maignien is the lead proponent of a large-scale sequencing project with the Genoscope and coordinator of the international consortium involved in ACE ecogenomic data analysis. This project will thus be carried in close collaboration with the Genoscope team, which will fund and carry DNA extraction and sequencing following TARA ocean project procedures (Dr. Poulain), as well as initial bioinformatics quality control and filtering (Dr. Besler). The Genoscope will also grant access to their computing and bioinformatics resources to the ACE-Ecogenomics consortium. The Eukaryote taxonomic and functional diversity will be carried in close collaboration with Genoscope's Eukaryote Genomics Analysis lab (Winker). A task of the project, e.g. microbial diversity in relation to carbon export will be conducted jointly with the Cassar lab. (Duke University, PI Cassar, Postdoc Lin), who will lead the metabarcoding studies and has deployed an Equilibration Inlet Mass Spectrometer for Net Community Production measurements coordinated with the molecular ecology sampling of this proposal. Furthermore, PI Maignien will conduct the project with PI A. M. Eren (Chicago University) in the context of a long-lasting collaboration between both labs. Dr. Eren is a bioinformatician and microbial ecologist developing visualization/analysis tools for environmental omic's data that will be used in this project. Finally, PI Maignien group will work in close collaboration with PI C. Hassler (Geneva University) and PI M. Duhaime (Michigan University), who will be leading viral diversity efforts in parallel.

4 - Pour la région Bretagne: adéquation du projet au regard du DIS de rattachement (et/ou du DIS secondaire).

L'enjeu de ce projet de thèse est la description de la diversité et la compréhension du rôle du plancton microbien dans l'un des écosystèmes marins les moins connus. Au-delà de leur portée exploratoire, et de par le rôle unique de l'océan austral, ces travaux auront un impact sur notre compréhension du cycle du carbone, et notamment du devenir de l'excédent anthropique du carbone atmosphérique. Ce projet correspond donc parfaitement au DIS 7 de la région : observations écologique au service de l'environnement. De plus, l'identification des microorganismes – et de leurs génomes- ayant une capacité remarquable de stockage et d'export de carbone dans l'océan austral pourrait mener à des applications biotechnologiques de stockage de carbone in vitro. Ces applications potentielles du projet répondraient alors au DIS 3 activité maritime pour une croissance bleue, notamment au DIS D3B valorisation de la biomasse maritime et biotechnologie

5 - Si « projet blanc » (hors DIS), préciser les raisons de ce choix :

NA

6 - Si lien avec projet ERC, préciser lequel :

Ce projet n'est pas directement en lien avec un projet ERC.

7 - Autres informations utiles (CPER, FEDER, concernant la politique régionale) :

NA

8 - Le cas échéant, précisez le lien du sujet avec les thèmes ISblue

(2) la régulation du climat par l'océan

les interactions entre la Terre et l'océan

- la durabilité des systèmes côtiers
- (1) X l'océan vivant et les services écosystémiques
- les systèmes d'observation à long terme

Le cas échéant (si financement ISblue demandé): en regard de la formation par la recherche du futur docteur, perspectives d'insertion professionnelle dans le milieu académique et non académique

A l'issue de ce doctorat, l'étudiant aura acquis une connaissance approfondie de la diversité planctonique de l'océan austral et par extension, des autres océans, notamment en utilisant les données de diversité globale du projet TARA comme référence. Cette expertise sera facilement valorisable par l'étudiant pour l'obtention de contrats de recherche en sciences marines.

Par ailleurs, l'étudiant(e) aura acquis une expertise approfondie des méthodes moléculaires et bioinformatiques de pointe pour l'étude des microorganismes dans leurs environnements. L'utilisation de ces approches en ecogénomique microbienne est en plein essor, tant sur le plan académique qu'industriel et s'appliquent aussi bien au microbiome humain (sciences médicales), qu'animal, aux plantes (phytosanitaire, promotion de croissance, protection des cultures) ou aux sols (bioremediation,...). L'étendu des champs d'application, ainsi que la spécificité de cette expertise multidisciplinaire à l'interface de l'écologie, de la génomique et de la bioinformatique permettront à l'étudiant(e) de s'insérer facilement sur le marché du travail académique ou industriel.

De plus, l'étudiant(e) évoluera dans un contexte collaboratif international d'excellent niveau impliquant plusieurs laboratoires leaders dans le domaine de l'écologie microbienne, de la biogéochimie marine, des grands projets de séquençage et de la bioinformatique. Ce réseau de partenaires permettra d'ouvrir des opportunités professionnelles de haut niveau pour le (la) candidat(e).

Enfin, le projet prévoit un volet de formation important, avec un séjour de recherche dans le laboratoire de Prof. Eren (Chicago Univ.) de plusieurs semaines, afin d'acquérir les outils bioinformatiques nécessaires. Ce séjour sera financé par une bourse de voyage de l'ambassade de France aux USA entre les groupes des Dr. Eren et Maignien et aura lieu en 2020, c'est à dire en première année de thèse. Le projet inclut également une formation à l'utilisation des grands centres de calculs nationaux de l'IFREMER et du CEA. La capacité à analyser et visualiser des données complexes via ces grandes infrastructures est une compétence particulièrement recherchée et augmentera d'autant les possibilités d'insertion professionnelles du ou de la candidate

9 - Contexte scientifique et partenarial : éléments généraux

Ce projet s'inscrit dans le cadre d'un projet ANR jeune chercheur « ACE Ecogenomics » sur cette thématique, financé pour la période 2019-2023. Ce financement couvrira l'ensemble des besoins nécessaires au déroulement du doctorat. Par ailleurs, une demi-bourse de thèse est déjà acquise dans le cadre de ce financement ANR, en complément de la demi-bourse demandée

De plus, ce projet repose sur un partenariat important avec le Genoscope (centre national de séquençage) qui produira les données nécessaires au projet doctoral (séquençage en cours jusqu'à fin 2019).

Enfin, un(e) post-doctorant(e) sera recruté(e) sur fonds ANR en 2020 sur ce même projet et contribuera à l'encadrement du candidat. La présence de deux projets complémentaires permettra en outre d'accroître la production scientifique des deux jeunes chercheurs recrutés.

10 - Si projet de co-tutelle, internationale, précisez le pays et l'établissement

Le doctorant bénéficiera d'une co-tutelle internationale avec l'Université de Chicago (USA). Le Prof. A.M. Eren (faculté de médecine) assurera 1/3 de la supervision du candidat.

11 - Financements Région Bretagne acquis par le porteur au cours des 3 dernières années (titre, montant)

Aucun.

12 - Si projet cofinancé, nom du co-financeur (sollicité et ou acquis)

Cofinancement ANR acquis.

13 - Si cofinancement refusé, autres sources de cofinancement identifiées

NA

Le – la candidat.e

Profil souhaité du candidat (compétences scientifiques et techniques requises) :

Nous recherchons un(e) candidat(e) ayant une solide formation en bioinformatique, écologie numérique et microbiologie. Idéalement, il aura suivi un master de bioinformatique ou de microbiologie, et effectué un stage en lien avec la microbiologie environnementale. Le recrutement d'un candidat possédant une excellente connaissance de l'écologie microbienne marine, et désirant se former à la bioinformatique sera également possible.

Le ou la candidate devra comprendre et implémenter des outils de bioinformatiques complexes, maintenir un environnement bioinformatique efficace sur plusieurs serveurs de calcul. Il pourra aisément composer des scripts en bash, R et Python (ou autres langages équivalents).

Le candidat devra, dans la présentation de son projet de recherche, démontrer son intérêt pour l'étude de l'environnement marin. Il devra être capable d'interagir avec les autres disciplines impliquées dans le projet (océanographie physique, biogéochimie, administration informatique)

Projet de thèse en cotutelle internationale

S'agit-il d'un projet de thèse en cotutelle internationale (oui/non) : oui

Si oui, préciser l'établissement pressenti (et le pays de rattachement) : Université de Chicago, IL, USA

Ce projet de thèse fera-t-il l'objet d'un cofinancement international (oui/non) : non

(Rémunération du doctorant par l'établissement implanté sur le territoire régional (18 mois sur 36 mois), et l'établissement étranger, qui s'engage également à rémunérer le doctorant dans le cadre de son séjour à l'étranger, soit durant 18 mois -a minima-)

En cas de cofinancement international, préciser -si vous en avez connaissance- l'organisation du calendrier des périodes de séjour : janvier-avril 2020, puis janvier-juin 2022.

Financement du projet de thèse

Part de l'enveloppe financière régionale affectée au projet :

Financement Région 100 %

Financement Région 50 % (préconisé)

En cas de financement à 50 %, le cofinancement est-il déjà identifié (oui/non) : oui

Si oui, préciser la nature du cofinancement (ANR, partenaire privé, Ademe, etc.) : projet ANR JCJC 2019 -2023 ACE ecogenomics financé.

Si le cofinancement n'est pas encore confirmé, date prévue de réponse du cofinancier : NA

En cas de non-obtention du cofinancement demandé, une autre source de cofinancement est-elle identifiée (*oui/non*) : NA

Annexe : Domaines et sous-domaines d'innovation stratégique

Domaines d'innovation stratégique

- 1/ Innovations sociales et citoyennes pour une société ouverte et créative
- 2/ Chaîne alimentaire durable pour des aliments de qualité
- 3/ Activités maritimes pour une croissance bleue
- 4/ Technologies pour la société numérique
- 5/ Santé et bien-être pour une meilleure qualité de vie
- 6/ Technologies de pointe pour les applications industrielles
- 7/ Observation et ingénieries écologique et énergétique au service de l'environnement

Ventilation en sous-domaines

D1 – Innovations sociales et citoyennes pour une société ouverte et créative

- 1A- Démarches d'innovation sociale et citoyenne
- 1B- E-éducation et e-learning
- 1C- Patrimoine et tourisme durable
- 1D- Industries créatives et culturelles
- 1E- Transitions et mutations des modèles économiques des filières et des entreprises

D2- Chaîne alimentaire durable pour des aliments de qualité

- 2A- Qualité et sécurité sanitaire des aliments
- 2B- Nouveaux modèles de production agricole
- 2C- Usine agro-alimentaire du futur

D3- Activités maritimes pour une croissance bleue

- 3A- Energies marines renouvelables
- 3B- Valorisation de la biomasse marine et biotechnologies (pour toutes les applications)
- 3C- Valorisation des ressources minières marines
- 3D- Nouveaux modèles d'exploitation des ressources vivantes aquatiques (pêche et aquacultures)
- 3E- Navire du futur
- 3F- Sécurité et sûreté maritime

D4- Technologies pour la société numérique

- 4A- Internet du futur : objets communicants, cloud computing et big data
- 4B- Images et contenus
- 4C- Conception logiciels
- 4D- Modélisation numérique
- 4E- Réseaux convergents, fixes mobile broadcast
- 4F- Cybersécurité

D5- Santé et bien-être pour une meilleure qualité de vie

- 5A- Prévention – santé – bien-être
- 5B- Nouvelles approches thérapeutiques alliant génétique, bio-marqueurs et biomolécules
- 5C- Technologies médicales, diagnostiques et thérapeutiques et e-santé

D6- Technologies de pointe pour les applications industrielles

- 6A- Photonique et matériaux pour l'optique
- 6B- Matériaux multi-fonctionnels
- 6C- Technologies en environnements sévères
- 6D- Electronique, robotique et cobotique pour l'ingénierie industrielle
- 6E- Systèmes de production avancés de petites et moyennes séries (usine du futur)

D7- Observation et Ingénieries écologique et énergétique au service de l'environnement

- 7A- Observation, surveillance et gestion de l'environnement et des éco-systèmes et de leurs inter-actions
- 7B- Réseaux énergétiques intelligents
- 7C- Système constructif performant et durable (éco-construction et éco-rénovation, TIC et bâtiment)
- 7D- Véhicules et mobilités serviciels durables
- 7E- Eco-procédés, éco-produits et matériaux bio-sourcés.