

## **Proposition de stage**

### **Parcours Master 2 « Microbiologie, Environnement, Santé »**

#### **1. Laboratoire / Entreprise d'accueil :**

Intitulé : Ifremer – Centre de Brest

Adresse : 1625 Route de Sainte-Anne, 29280 Plouzané

Responsable du Laboratoire / Entreprise : Mickael Le Gac (DYNECO/Pelagos)

Responsable de l'encadrement : Raffaele Siano (DYNECO/Pelagos)

Téléphone : 02 98 22 42 04

E-mail : raffaele.siano@ifremer.fr

Co-encadrant éventuel : Laure Quintric (laure.quintric@ifremer.fr) ; Cyril Noel

(cyril.noel@ifremer.fr)

#### **2. Description du stage (2 pages maximum) :**

**Titre : Récurrence d'interactions biologiques entre protistes et bactéries dans le milieu marin côtier**

**Mots clés :** écologie côtière, réseaux microbiens, interactions écologiques, metabarcoding, biostatistique

#### **Contexte et objectifs généraux :**

Le déterminisme et le fonctionnement des interactions biologiques entre bactéries et microeucaryotes (protistes) marins sont encore partiellement inconnus. Une manière d'inférer des possibles interactions est d'analyser la cooccurrence de bactéries et protistes dans le milieu marin par analyse de leur ADN environnementale (ADN extrait à partir d'échantillons naturels). L'identification de cooccurrences récurrentes dans le temps, dans l'espace et dans des écosystèmes différents pourrait mettre en évidence des interactions biologiques stables et indépendantes de facteurs abiotiques. Les analyses biostatistiques par réseaux microbiens permettent de mettre en évidence la cooccurrence dans le milieu de bactéries et protistes. La comparaison de réseaux microbiens dans des écosystèmes contrastés pourrait permettre de prouver l'existence de la récurrence des interactions bactéries-protistes dans le milieu naturel.

#### **Projet de stage :**

Les recherches proposées dans le stage visent à vérifier l'hypothèse de l'existence d'interactions stables et récurrentes entre bactéries et protistes indépendantes des conditions hydrologiques et hydrodynamiques des écosystèmes marins côtiers. Il sera ensuite vérifié que ces interactions sont structurantes et essentielles à la stabilité du réseau microbien côtier.

#### **Les objectifs de ce stage M2 sont :**

Le stage est basé sur la comparaison de jeux de données de metabarcoding de communautés de protistes et bactéries acquis au cours de suivis temporels ou campagnes océanographiques dans 3 écosystèmes contrastés : 1) système eutrophe de l'upwelling de l'Afrique de l'Ouest (Sénégal du Sud), 2) système mésotrophe influencé par les marées (Rade de Brest), 3) système oligotrophe océanique (archipel des Marquises). Ces jeux de données de metabarcoding (18S et 16S de l'ADN

ribosomiques) seront mis à dispositions au cours du stage et analysés par approche biostatistique de réseaux microbiens. Les réseaux microbiens des trois écosystèmes seront comparés afin d'identifier des récurrences de cooccurrences de bactéries et protistes. Enfin, les nœuds structurants, ceux qui permettent la stabilité des réseaux, seront identifiés par analyse statistique.

Le stage, essentiellement basé sur l'analyse de données, permettra l'acquisition d'une forte compétence en génomique environnementale microbienne et biostatistique via l'analyse écologique et statistiques de jeux de données de metabarcoding. Le/La stagiaire sera entouré/e d'un réseau de collaborateurs de différentes disciplines et compétences (Bioinformatique, biostatistiques, bactériologie, protistologie, modélisation).

#### Analyses envisagées :

- nettoyage, recherche de chimères, construction d'unité taxinomique génétique (ASV : Amplicon Sequence Variants) à partir des données brutes issues du séquençage NGS Illumina MiSeq de l'ADN environnementale de gènes 16s et 18s;
- gestion de pipelines bio-informatiques pour l'analyse des données de metabarcoding ;
- construction de réseaux microbiens par analyses statistiques ;
- recherche de patrons écologiques sur la base de la comparaison de réseaux de différents écosystèmes marins côtiers.

#### Compétences et profil recherchés :

Le stage s'adresse à des étudiants avec un parcours d'étude en microbiologie et écologie qui sont intéressés par les approches de diversité génétique et les analyses biostatistiques de jeux de données NGS (Next Generation Sequencing).

- connaissance en diversité, génétique et écologie des microorganismes marins ;
- très bonne maîtrise des outils d'analyse (logiciel R)
- connaissance des analyses statistiques en écologie microbiennes (NMDS, indice de diversités, etc.)
- compétence en analyse de données de metabarcoding souhaitée;
- maîtrise de la langue anglaise (lecture et écriture).

#### Encadrement :

Raffaele Siano (cadre de recherche) – encadrant principale – écologie moléculaire de protistes marins (Ifremer Brest, DYNECO/Pelagos) ;

Laure Quintric (ingénieur) – bioinformaticienne (Ifremer Brest, SeBiMer /IRSI)

Cyril Noel (ingénieur) - Bioinformaticien-Biostatisticien (Ifremer Brest, SeBiMer/RIC)

#### Collaborateurs :

Enora Briand (cadre de recherche) – écologie de microalgues et bactéries toxiques (Ifremer Nantes DYNECO/PHYC) ;

Dominique Hervio-Heath (cadre de recherche) – diversité et écologie des bactéries pathogènes (Ifremer Brest LSEM) ;

Marc Sourisseau (cadre de recherche) – modélisateur de la biodiversité planctonique (Ifremer Brest, DYNECO/Pelagos) ;

Eric Machu (cadre de recherche) – modélisateur biogéochimiste (IRD Dakar, Sénégal) ;

Xavier Capet (cadre de recherche) – modélisateur océanographe (CNRS Paris LOCEAN)

#### ***Bibliographie :***

##### ***Sélection d'autres publications de l'équipe sur le sujet:***

Ce stage peut-il se poursuivre par une thèse ? :

Le stage est proposé dans le cadre de l'ANR SOLAB 2019-2023 (*Plankton interactions, their environmental determinants and biogeochemical consequences in the southern Senegal cOastal*

*LABoratory*). Toujours dans le cadre de cet ANR, un sujet de thèse sera proposé au cours de l'année 2020. Le sujet de thèse portera sur l'analyse de nouveaux échantillons à acquérir au cours d'une campagne océanographique prévue en 2021 au Sénégal. Sur ces nouveaux échantillons il est prévu d'effectuer des analyses génétiques (metabarcoding) de gènes permettant d'identifier des fonctions biologiques spécifiques et de nouvelles analyses biostatistiques de réseaux microbiens.