



## STAGE DE MASTER 2 2019

### « Étude de l'écosystème microbien d'un environnement extrême : les sources hydrothermales volcaniques l'île de Vulcano (Italie) »

**Dominante** : Écologie microbienne : approche métagénomique

**Environnement du stage** : le ou la stagiaire sera accueilli dans l'équipe MEB (Microbiologie Environnementale et Biotechnologie) de l'Institut Méditerranéen d'Océanologie (MIO <http://mio.pytheas.univ-amu.fr/>) situé sur le campus de Luminy à Marseille, et encadré par Gaël Erauso (PR) assisté de Fabrice Armougom (IR bioinformatique). Ce projet est financé par les programmes X-Life et EC2CO du CNRS (Coordinateur G. Erauso).

**Période envisagée** : janvier-juin 2019.

**Contexte** : Notre équipe s'intéresse depuis de nombreuses années aux procaryotes extrêmophiles à la fois sur le plan fondamental (écologie, physiologie, génétique et évolution) qu'appliqué (biotechnologie). Nous avons initié un nouveau projet de recherche qui vise à identifier et comprendre le mode de vie de bactéries et archées extrêmophiles encore méconnues et qui représentent de nouvelles lignées pour lesquelles on ne dispose pas encore de représentants cultivés [1, 2].

Notre site d'étude est le système hydrothermal des îles de Vulcano et Panarea (archipel des éoliennes, Sicile) d'où proviennent les échantillons de fluides et de sédiments utilisés dans ce projet. Notre approche est multidisciplinaire incluant la microbiologie, la géochimie et la vulcanologie en partenariat avec des géochimistes et vulcanologues italiens et français. L'étude de la diversité microbienne de ces sites par séquençage d'une partie du gène (région V3-V4) de l'ARNr16S, a révélé une richesse sans précédent en groupes taxonomiques de bactéries et d'archées incultivées. Leur distribution est fortement corrélée avec les paramètres physico-chimiques, définissant plusieurs niches ou habitats au sein de ces écosystèmes. Ces procaryotes utiliseraient principalement des réactions d'oxydo-réduction de composés soufrés comme source d'énergie avec couplage entre les cycles géochimiques du Fe, N, et S [3]. Des cultures ciblant ces types métaboliques ont été initiées pour enrichir, sinon isoler, certains des microorganismes extrêmophiles les plus intéressants (originalité métabolique ou phylogénétique) afin de les étudier *in vivo*. En anticipant les difficultés pour réussir à les cultiver, nous avons également entrepris le séquençage de l'ADN métagénomique des échantillons les plus prometteurs par une approche innovante [4, 5]. Notre objectif est de reconstruire les génomes individuels des bactéries ou archées extrêmophiles ciblés Ceci nous permettra de faire le lien entre les fonctions supposées de ces microorganismes et leur identité (phylogénie ARNr 16S).

**Descriptif** : L'objectif principal de ce stage est d'inventorier la diversité des bactéries et archées dans les divers biotopes de cet écosystème et de déterminer l'influence des paramètres environnementaux dans la structure de ces communautés. Les données de séquençage MiSeq de la région V3-V4 du gène de l'ARNr16 des échantillons environnementaux et des cultures (déjà disponibles) seront traitées et analysées grâce aux 'pipelines' (QIIME ou DADA2) implémentés sur le serveur dédié à la bioinformatique du MIO. Les données des paramètres environnementaux mesurés *in situ* (T°C, pH, Eh, O<sub>2</sub>, S<sup>2-</sup>) ou après analyses (composition chimique des fluides : cations, anions, métaux, DIC, DOC et des gaz libres ou dissous : H<sub>2</sub>, CO, CO<sub>2</sub>, CH<sub>4</sub>, N<sub>2</sub>) seront intégrées dans des analyses statistiques (ACP, etc) pour établir des corrélations entre les facteurs environnementaux et la structure des communautés microbiennes. Un second objectif, sera de commencer l'analyse fonctionnelle des métagénomomes issus d'une sélection d'échantillons et dont les séquences devraient être disponibles en janvier 2020.

Une thèse dans la continuité de ce sujet sera proposée au prochain concours de l'école doctorale des Sciences de l'Environnement ED251 d'AMU.

**Profil recherché :** Étudiant.e M2/ingénieur.e en biologie ou bioinformatique avec des compétences en statistiques, et bonnes bases en écologie et microbiologie, motivé par la recherche et souhaitant poursuivre en thèse. La connaissance pratique d'un langage informatique (bash, python, R) serait un plus. Envoyez un CV précisant les coordonnées de référents (encadrants de stage, enseignants), une lettre de motivation et vos notes et classement de M1 à : [gael.erauso@mio.osupytheas.fr](mailto:gael.erauso@mio.osupytheas.fr).

**Références :** (*souligné : auteurs partenaires du projet finançant la recherche*)

1. Rinke, C., Schwientek, P., Sczyrba, A., Ivanova, N.N., Anderson, I.J., Cheng, J.-F., Darling, A., Malfatti, S., Swan, B.K., Gies, E.A., et al. (2013). Insights into the phylogeny and coding potential of microbial dark matter. *Nature* 499, 431-437.
2. Hug, L.A., Baker, B.J., Anantharaman, K., Brown, C.T., Probst, A.J., Castelle, C.J., Butterfield, C.N., Hermsdorf, A.W., Amano, Y., Ise, K., et al. (2016). A new view of the tree of life. *Nature Microbiology* 1, 16048.
3. Price, R.E., LaRowe, D.E., Italiano, F., Savov, I., Pichler, T., and Amend, J.P. (2015). Subsurface hydrothermal processes and the bioenergetics of chemolithoautotrophy at the shallow-sea vents off Panarea Island (Italy). *Chemical Geology* 407-408, 21-45.
4. Gasc, C., and Peyret, P. (2018). Hybridization capture reveals microbial diversity missed using current profiling methods. *Microbiome* 6, 61.
5. Gasc, C., and Peyret, P. (2017). Revealing large metagenomic regions through long DNA fragment hybridization capture. *Microbiome* 5, 33