

Proposition de stage

Parcours Master 2 « Microbiologie, Environnement, Santé »

1. Laboratoire / Entreprise d'accueil :

Intitulé : UMR 7618 iEES-Paris
Adresse : 4 place Jussieu, 75005 Paris
Responsable du Laboratoire / Entreprise : Pr M. Maibeche
Responsable de l'encadrement : J. Leloup
Téléphone : 01 44 27 38 26
E-mail : julie.leloup@upmc.fr
Co-encadrant éventuel : D. Lamy (FRE BOREA) et L. Bittner (UMR ISYEB)

2. Description du stage (2 pages maximum) :

Titre : Impact de la Matière organique sur la structure des communautés microbiennes lacustres (analyses bio-informatiques et réseaux de co-occurrence)

Mots clés :

Contexte et objectifs généraux :

De par leur grande diversité métabolique, les microorganismes planctoniques (bactéries et archées) constituent un maillon fondamental dans le transfert de la matière organique (MO) aquatique (dissoute et particulaire) au sein des réseaux trophiques planctoniques et conditionne en partie son transfert vers le compartiment benthique. En effet, les multiples activités enzymatiques similaires et/ou complémentaires des populations hétérotrophes au sein de la communauté microbienne, soutenues par la mise en place de mécanismes de communication cellulaire, permettent la minéralisation des différents pools de MO et ainsi réguler son accumulation et son exportation (Cole et al. 1988, Eiler et al., 2012). En retour, la structure des communautés microbiennes est directement liée à l'origine et la qualité de la MO. De plus, la MOP est susceptible d'abriter des communautés microbiennes structurellement et fonctionnellement différentes, suivant la nature et l'origine de la MO colonisée (Lamy et al ; 2009 Sarmiento et al., 2012). Parmi les différents facteurs environnementaux identifiés (pH, lumière température, ..) la MO d'origine phytoplanctonique modifiera les communautés microbiennes selon leur modes de colonisation (Louati et al., 2015, Mestre et al., 2017), et présenteront alors des activités métaboliques de dégradation différentes. Ainsi, la structuration de la MO et celle des communautés microbiennes fonctionnent en potentielle synergie. Cependant, les liens existants entre les caractéristiques biochimiques de la MO et la diversité et l'activité des microorganismes restent encore peu explorés, alors que (i) le devenir (dégradation, minéralisation) de cette matière au sein du réseau trophique et (ii) la structure et la fonction des communautés microbiennes vont dépendre de cette synergie.

L'objectif général du projet est d'étudier les mécanismes de réponses des communautés microbiennes à des apports de MO différentes, la dynamique de la minéralisation des MO, ainsi que les potentiels de communication bactérienne mis en place, au sein de microcosmes

amendés en MO d'origine cyanobactérienne, en conditions semi-contrôlées réalisés dans le projet SamBa (Projet EC2CO - 2018-2019).

Projet de stage :

Dans un premier temps, la structure des communautés microbiennes au cours du suivi temporel des microcosmes sera analysée par métabarcoding du gène cible codant l'ARNr16S, ainsi que des outils statistiques (type Alpha et Beta diversités et analyses multivariées). Ensuite, un travail de construction de réseau de co-occurrence sera réalisé (type SPIEC-easy) afin de mettre en évidence des corrélations positives et/ou négatives entre les dynamiques microbiennes (Faust and Raes, 2012; Wang et al., 2017; Weiss et al., 2016). Dans un second temps, la structure des communautés sera mise en corrélation avec les paramètres biotiques (activités enzymatiques de dégradation type Ecoplate, abondance des compartiments trophiques) et abiotiques (structure des acides gras de la MO et paramètres physico-chimiques) (Faust and Raes, 2012; Wang et al., 2017; Weiss et al., 2016).

Les objectifs de ce stage M2 sont :

Ce stage se situe à l'interface entre l'écologie microbienne, l'écologie numérique, les bio-statistiques et la bio-informatique. Le travail de la personne retenue s'effectuera en collaboration entre 3 équipes de recherche dont les compétences sont complémentaires.

Bibliographie :

- Cole et al., Bacterial production in fresh and saltwater ecosystems: a cross-system overview (1988) *Marine Ecology Progress Series*, 43:1-10.
- Eiler et al., Coherent dynamics and association networks among lake bacterioplankton taxa (2012) *The ISME journal*, 6:330-342
- Mestre et al., Patterns of bacterial diversity in the marine planktonic particulate matter continuum (2017) *The ISME journal*, 11: 99-1010
- Sarmiento et al., Use of phytoplankton-derived dissolved organic carbon by different types of bacterioplankton (2012). *Environmental Microbiology*, 14: 2348–2360
- Faust and Raes, Microbial interactions: from networks to models (2012) *Nat Rev Microbiology*
- Weiss et al., Correlation detection strategies in microbial data sets vary widely in sensitivity and precision (2016) *The ISME Journal*
- Wang et al., Combined use of network inference tools identifies ecologically meaningful bacterial associations in a paddy soil (2017) *Soil Biology and Biogeochemistry*.

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

- Louati et al., Structural diversity of bacterial communities associated with bloom-forming freshwater cyanobacteria differs according to the cyanobacterial genus (2015) *PLoS One* 10.
- Pascault, N., Loux, V., Derozier, S., Martin, V., Debroas, D., Maloufi, S., et al. (2015) Technical challenges in metatranscriptomic studies applied to the bacterial communities of freshwater ecosystems. *Genetica* **143**: 157–167.
- Faure, E., Not, F., Benoiston, A.S., Labadie, K., Bittner, L., and Ayata, S.D. (2019) Mixotrophic protists display contrasted biogeographies in the global ocean. *ISME J* 1072–1083.
- Lamy et al., Temporal changes of major bacterial groups and bacterial heterotrophic activity during a *Phaeocystis globosa* bloom in the eastern English Channel (2009) *Aquatic Microbial Ecology*, 58: 95-107

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

Poursuite de thèse sans financement acquis à ce jour