

Proposition de stage

Parcours Master 2 « Microbiologie, Environnement, Santé »

Responsables : Dr. Fabien JOUX (UPMC) / Pr. Cécile BERNARD (MNHN)

1. Laboratoire / Entreprise d'accueil :

Intitulé : UMR 7618 iEES équipe Communautés microbiennes des milieux continentaux

Adresse : Ecole Normale Supérieure, 6^{ème} étage, 46 rue d'Ulm, 75005 PARIS

Responsable du Laboratoire / Entreprise : Luc Abbadie

Responsable de l'encadrement : E. Rochelle-Newall et J. Leloup

Téléphone : 01 44 32 38 08

Fax :

E-mail : julie.leloup@upmc.fr

Co-encadrant : Emma.Rochelle-newall@ird.fr

Perspectives de poursuite de thèse :

| | | |
|--------------------------------------|----------------------------|--------------------------------------|
| <input checked="" type="radio"/> oui | avec une bourse spécifique | <input type="radio"/> oui |
| <input type="radio"/> non | | <input checked="" type="radio"/> non |

Le sujet peut donner lieu à une poursuite en thèse mais à l'heure qu'il est le laboratoire ne dispose pas d'un financement dédié.

2. Titre, description du sujet, approches utilisées, références (2 pages maximum):

Rôle de la matière organique sur la diversité structurale et fonctionnelle des communautés bactériennes dans un écosystème aquatique artificiel

Les bactéries jouent un rôle fondamental dans le fonctionnement des écosystèmes (Del Giorgio and Davis 2003), toutefois les liens qui existent entre la matière organique (MO) et sa dégradation par les communautés bactériennes ne sont pas encore pleinement décrits (Sarmiento and Gasol 2012). Afin de mieux connaître ces liens, nous proposons de suivre la colonisation de lacs artificiels mis en place au Centre Expérimental de Recherche en Ecologie expérimentale et prédictive (CEREPEP-Foljuif). Ces infrastructures innovantes (Equipex Planaqua) permettent de réaliser des études intégratives, du gène à l'écosystème. Le principal objectif de ce stage est d'étudier la dynamique d'installation des communautés

bactériennes dans des systèmes, en s'intéressant en particulier, à l'évolution de la diversité structurale et fonctionnelle de ces communautés en réponse aux changements intervenant dans la qualité et la quantité de la MO disponible (par exemple sélection d'espèces « généralistes » ou « spécialistes » utilisant une gamme plus ou moins large de MO) (Gómez-Consarnau et al. 2012). Ces travaux nous permettront de vérifier s'il y a une évolution dans nos écosystèmes, de communautés bactériennes dominées par des espèces généralistes capables d'utiliser des molécules de MOD diverses en début de colonisation, à des communautés dominées par des espèces plus spécialistes capables d'utiliser des sources de MOD plus stables, en fin de colonisation. Nous comparerons également en fonction des niveaux trophiques de nos systèmes (oligotrophe versus eutrophe), la variabilité dans les réponses de ces communautés bactériennes, sachant que des différences sont attendues entre niveaux trophiques, en liaison avec la qualité et la quantité de MO disponible. La diversité structurale et fonctionnelle sera étudiée par des outils de biologie moléculaire (pyroséquençage et PCR quantitative en temps réel) pour comprendre les liens entre la diversité fonctionnelle et génétique et les cycles biogéochimiques. La MO sera étudiée par spectroscopie et spectrofluorimétrie (CDOM) et par HTCO (Shimadzu TOC). La capacité métabolique des communautés sera déterminée par microplaques (Ecoplates® Biolog) avec l'objectif de déterminer comment la diversité fonctionnelle et génétique évolue pendant la colonisation des milieux.

- Rochelle-Newall E, Hulot FD, Janeau JL, Merroune A (2014). CDOM fluorescence as a proxy of DOC concentration in natural waters: a comparison of four contrasting tropical systems. *Environ Monit and Assess* 186: 589-596.
- Combe M, Bouvier T, Pringault O, Rochelle-Newall E, Bouvier C, Agis M et al (2013). Freshwater prokaryote and virus communities can adapt to a controlled increase in salinity through changes in their structure and interactions. *Estuar Coast Shelf Sci* 133: 58-66.
- Gómez-Consarnau, L., Lindh, M. V., Gasol, J. M., & Pinhassi, J. (2012). Structuring of bacterioplankton communities by specific dissolved organic carbon compounds. *Environmental Microbiology*, 14(9), 2361-2378, doi:10.1111/j.1462-2920.2012.02804.x.
- Sarmiento, H., & Gasol, J. M. (2012). Use of phytoplankton-derived dissolved organic carbon by different types of bacterioplankton. *Environmental Microbiology*, 14(9), 2348-2360, doi:10.1111/j.1462-2920.2012.02787.x.
- Rochelle-Newall EJ, Chu VT, Pringault O, Amouroux D, Arfi R, Bettarel Y et al (2011). Phytoplankton diversity and productivity in a highly turbid, tropical coastal system (Bach Dang Estuary, Vietnam). *Mar Pollut Bull* 62: 2317–2329.
- Del Giorgio, P. A., & Davis, J. (2003). Patterns in dissolved organic matter lability and consumption across aquatic ecosystems. In S. Findlay, & R. L. Sinsabaugh (Eds.), *Aquatic ecosystems: Interactivity of dissolved organic matter* (pp. 399-424). Amsterdam: Academic.