

Proposition de stage

Parcours Master 2 « Microbiologie, Environnement, Santé »

1. Laboratoire / Entreprise d'accueil :

Intitulé : **CARTEL**

Adresse : **Station INRA d'Hydrobiologie Lacustre, 75 avenue de Corzent, 74203 Thonon-les-Bains cedex**

Responsable du Laboratoire / Entreprise : **Bernard MONTUELLE (DR1)**

Responsable de l'encadrement : **Stéphan JACQUET (DR2)**

Téléphone : **04 50 26 78 12**

Fax : **04 50 26 07 60**

E-mail : sjacquet@thonon.inra.fr

Co-encadrant éventuel :

Perspectives de poursuite de thèse :

oui
 non

avec une bourse spécifique

oui
 non

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

Etude préliminaire sur l'importance quantitative, la structure et la diversité des bactéries prédatrices de bactéries : les *Bdellovibrio* et organismes apparentés

Les prédateurs bactériens appartenant au groupe des *Bdellovibrio* et organismes apparentés (BALO), qui sont des organismes cellulaires gram négatif très mobiles, sont relativement bien caractérisés. Ces bactéries sont des prédateurs obligatoires d'autres bactéries gram négatives. Leur importance quantitative, leur diversité et leur rôle fonctionnel ont déjà été démontrés dans de nombreux environnements. Si l'on sait que les grands lacs péri-alpins sont caractérisés par une communauté bactérienne abondante (Personnic et al. 2009, Berdjeb et al. 2011, Ammini et al. 2014, Zhong & Jacquet 2014) et que de nombreux paramètres physiques, chimiques et biologiques peuvent intervenir dans la structuration de cette communauté comme les nutriments (Berdjeb et al. 2011), les virus (Jacquet et al. 2013), ou encore les flagellés hétérotrophes (Berdjeb et al. 2011), on ne sait encore rien de l'importance du rôle des bactéries prédatrices. Pourtant, comme les processus ou facteurs précédemment mentionnés peuvent avoir une incidence écologique forte à ce niveau trophique, il est critique de mieux connaître et comprendre la diversité et la phylogénie des prédateurs bactériens tout comme les cinétiques de leurs interactions avec leur proie. Nous suspectons que cette communauté est sûrement importante et diversifiée dans les grands lacs alpins car nous venons de montrer que les virus à ADN simple brin, qui sont généralement parasites de ce type de bactéries, le sont également (Zhong et al 2015).

Le travail de l'étudiant consistera à :

- Analyser la littérature et les bases de données existantes pour trouver les séquences environnementales de *Bdellovibrio* afin de vérifier et/ou dessiner des primers spécifiques à leur étude ;

- Utiliser ces primers pour analyser par PCR-DGGE la structure de la communauté et déterminer leur abondance par qPCR pendant une période courte et sélectionnée de l'année ;
- Estimer la diversité par clonage-séquençage et établir une première phylogénie ;
- Estimer l'importance des facteurs environnementaux et déterminer si des liens peuvent être mis en évidence avec la communauté procaryotique par analyses statistiques.

Le candidat devra être familier avec la recherche de séquences, le dessin d'amorces et les approches en biologie moléculaires.