



Muséum  
national  
d'Histoire  
naturelle

## Proposition de stage

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

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

Chers collègues,

Le parcours de Master 2 « Microbiologie, Environnement, Santé » est une formation proposée au sein du Master de l'UPMC « Biologie Moléculaire et Cellulaire » spécialité « Microbiologie » et du Master du MNHN « Evolution Patrimoine Naturel et Sociétés » spécialité « Mécanismes du Vivant et Environnement ».

Cette formation orientée à la fois recherche et professionnelle vise à répondre aux demandes grandissantes des laboratoires académiques et des entreprises dans des domaines variés comme la recherche fondamentale en écologie microbienne, la valorisation des microorganismes dans l'industrie, les écotecnologies, l'évaluation du risque sanitaire dans l'environnement, le diagnostic environnemental, l'analyse de l'anthropisation des milieux ...

Cette deuxième année de master se déroule en deux parties : un enseignement théorique et pratique de septembre à mi janvier et la réalisation d'un stage en laboratoire ou dans une entreprise de mi-janvier à mi-juin 2017. Le stage de master 2 doit permettre aux étudiants de se familiariser avec une démarche scientifique (faire un bilan des connaissances, identifier les problèmes à résoudre, élaborer des hypothèses, définir un plan d'expérience, mettre en œuvre un protocole, interpréter et discuter des résultats) et de favoriser leur insertion professionnelle.

La durée totale du stage ne doit pas excéder 6 mois. Les étudiants sont gratifiés sur la durée totale de leur stage suivant les règles en vigueur (3,60 € par heure de présence effective en 2016).

L'étudiant aura à réaliser durant la première partie de son enseignement une étude bibliographique en lien avec son projet de stage (thème défini en concertation avec le responsable du stage) ainsi qu'un échéancier des expériences à réaliser pour mener à bien son projet. C'est pour cette raison qu'il est nécessaire que vous nous transmettiez vos propositions de stage **le plus tôt possible et avant le 1<sup>er</sup> septembre 2016**.

A l'issue du stage, les étudiants auront à rédiger un rapport (d'une trentaine de pages) et à présenter oralement leur travail lors d'une soutenance, confidentielle ou non, prévue fin juin.

Merci par avance pour votre aide à la formation de nos étudiants et pour vos propositions de stages.

Cécile Bernard & Fabien Joux

Responsables du parcours Master 2 « Microbiologie, Environnement, Santé » (UPMC-MNHN)

Les propositions de stage sont à renvoyer par e-mail aux adresses suivantes :

Fabien Joux : [joux@obs-banyuls.fr](mailto:joux@obs-banyuls.fr)

Cécile Bernard : [cbernard@mnhn.fr](mailto:cbernard@mnhn.fr)

## 1. Laboratoire / Entreprise d'accueil :

Intitulé : Laboratoire Biologie Intégrative des Organismes Marins (BIOM) CNRS, UMR7232

Adresse : OOB/UPMC Sorbonne Universités, 66650 Banyuls sur Mer.

Responsable du Laboratoire / Entreprise : Dr. Hervé MOREAU

Responsable de l'encadrement : Nigel Grimsley

Téléphone : 0468261986, 0623227293

Fax :

E-mail : nigel.grimsley@obs-banyuls.fr

Co-encadrant éventuel :

### Perspectives de poursuite de thèse :

☒ oui

avec une bourse spécifique

☒ non

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

### **What are the functional roles of outlier chromosomes in the Mamiellophyceae?**

Introduction: Unicellular pelagic marine green algae in the class Mamiellophyceae are abundant members of planktonic communities worldwide, and numerous complete genomes of these tiny organisms have been analysed (Moreau et al., 2012; Grimsley, Nigel H. et al., 2014; Piganeau et al., 2011; Vandepoele et al., 2013). They are attacked by large DNA viruses, prasinoviruses, for which several complete genomes have also been characterized (Derelle et al., 2008; Moreau et al., 2010; Derelle et al., 2015), and that constitute the most numerous kind of eukaryotic viruses in the sea (Bellec et al., 2010a, 2010b; Hingamp et al., 2013; Clerissi et al., 2015). Prasinoviruses show strict host strain specificities, and preliminary genetic analysis suggests that strain specificity (resistance/susceptibility) in *Ostreococcus tauri* might be affected by genes on chromosome 19 {(Clerissi et al., 2012), and recent unpublished data}.

The completely sequenced genomes of species in this group are extremely streamlined and have probably evolved by deletions, reducing functions to a bare minimum. We speculate that their genome architecture, where noncoding DNA functions (such as production of small RNAs) are regrouped into units (in chromosomes 2 and 19 in *O. tauri*), might be a way of optimizing their evolution and modes of action. Such processes could include the sexual cycle {for example, (Kiuchi et al., 2014; Lee et al., 2008)} whose functions probably reside in a non-recombining region that may vary in size according to mating type, and responses to abiotic and biotic environmental interactions (such as interactions with viruses).

The objective of this M2 will be to test the involvement of specific genes in resistance to viruses or in mating between strains. In parallel, we will attempt to detect mating *in vivo* by cytometry by screening for the presence of zygotes or recombinants between mixtures of different previously isolated clonal strains of *O. tauri* (Grimsley et al., 2010; Subirana et al., 2013;), or by using molecular markers.

Methodologies:

Microbiology – algal and viral culture, flow cytometry

Molecular Biology – electrophoresis, DNA extraction and manipulation

## References

- Bellec, L., Grimsley, N., Derelle, E., Moreau, H., and Desdevises, Y.** (2010a). Abundance, spatial distribution and genetic diversity of *Ostreococcus tauri* viruses in two different environments. *Environmental Microbiology Reports* **2**: 313–321.
- Bellec, L., Grimsley, N., and Desdevises, Y.** (2010b). Isolation of Prasinoviruses of the Green Unicellular Algae *Ostreococcus* spp. on a Worldwide Geographical Scale. *Applied and Environmental Microbiology* **76**: 96–101.
- Clerissi, C., Desdevises, Y., and Grimsley, N.H.** (2012). Prasinoviruses of the marine green alga *Ostreococcus tauri* are mainly species-specific. *Journal of Virology* **86**: 4611–4619.
- Clerissi, C., Desdevises, Y., Romac, S., Audic, S., de Vargas, C., Acinas, S.G., Casotti, R., Poulain, J., Wincker, P., Hingamp, P., Ogata, H., and Grimsley, N.** (2015). Deep sequencing of amplified Prasinovirus and host green algal genes from an Indian Ocean transect reveals interacting trophic dependencies and new genotypes. *Environmental Microbiology Reports* **7**: 979–989.
- Derelle, E., Ferraz, C., Escande, M.-L., Eychenie, S., Cooke, R., Piganeau, G., Desdevises, Y., Bellec, L., Moreau, H., and Grimsley, N.** (2008). Life-cycle and genome of OtV5, a large DNA virus of the pelagic marine unicellular green alga *Ostreococcus tauri*. *PLoS ONE* **3**: e2250, 1–13.
- Derelle, E., Monier, A., Cooke, R., Worden, A.Z., Grimsley, N.H., and Moreau, H.** (2015). Diversity of Viruses Infecting the Green Microalga *Ostreococcus lucimarinus*. *J. Virol.* **89**: 5812–5821.
- Grimsley, N., Pequin, B., Bachy, C., Moreau, H., and Piganeau, G.** (2010). Cryptic Sex in the Smallest Eukaryotic Marine Green Alga. *Molecular Biology and Evolution* **27**: 47–54.
- Grimsley, Nigel H., Yau, Sheree, Piganeau, Gwenaël, and Moreau, Hervé** (2014). Typical features of genomes in the Mamiellophyceae. In *Marine Protists: Diversity and Dynamics* (Springer (Japan)).
- Hingamp, P. et al.** (2013). Exploring nucleo-cytoplasmic large DNA viruses in Tara Oceans microbial metagenomes. *ISME J* **7**: 1678–1695.
- Kiuchi, T. et al.** (2014). A single female-specific piRNA is the primary determiner of sex in the silkworm. *Nature* **509**, 633–636
- Lee, J.-H., Lin, H., Joo, S., and Goodenough, U.** (2008). Early Sexual Origins of Homeoprotein Heterodimerization and Evolution of the Plant KNOX/BELL Family. *Cell* **133**: 829–840.
- Moreau, H. et al.** (2012). Gene functionalities and genome structure in *Bathycoccus prasinos* reflect cellular specializations at the base of the green lineage. *Genome Biology* **13**: R74.
- Moreau, H., Piganeau, G., Desdevises, Y., Cooke, R., Derelle, E., and Grimsley, N.** (2010). Marine Prasinovirus Genomes Show Low Evolutionary Divergence and Acquisition of Protein Metabolism Genes by Horizontal Gene Transfer. *J. Virol.* **84**: 12555–12563.
- Piganeau, G., Grimsley, N., and Moreau, H.** (2011). Genome diversity in the smallest marine photosynthetic eukaryotes. *Research in Microbiology* **162**: 570–577.
- Subirana, L., Péquin, B., Michely, S., Escande, M.-L., Meilland, J., Derelle, E., Marin, B., Piganeau, G., Desdevises, Y., Moreau, H., and Grimsley, N.H.** (2013). Morphology, Genome Plasticity, and Phylogeny in the Genus *Ostreococcus* Reveal a Cryptic Species, *O. mediterraneus* sp. nov. (Mamiellales, Mamiellophyceae). *Protist* **164**: 643–659.
- Vandepoele, K., Van Bel, M., Richard, G., Van Landeghem, S., Verhelst, B., Moreau, H., Van de Peer, Y., Grimsley, N., and Piganeau, G.** (2013). pico-PLAZA, a genome database of microbial photosynthetic eukaryotes. *Environmental Microbiology* **15**: 2147–2153.