

## Proposition de stage

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

#### 1. Laboratoire / Entreprise d'accueil :

Intitulé : Biodiversité, résilience et structuration des communautés bactériennes présentes dans les massifs coralliens de l'Atoll de Moruroa.

Adresse : UMR 7205, ISYEB, Equipe Biologie Intégrative des Populations et Evolution Moléculaire, Muséum National d'Histoire Naturelle - EPHE, 16 rue Buffon, 75005 Paris.

Responsable du Laboratoire / Entreprise : Prof. Thierry Wirth

Responsable de l'encadrement : Prof. Thierry Wirth

Téléphone : 01 40 79 80 36

E-mail : wirth@mnhn.fr

#### 2. Titre, description du sujet, approches utilisées, références (1 page maximum) :

**Biodiversité, résilience et structuration des communautés bactériennes présentes dans les massifs coralliens de l'Atoll de Moruroa.**

Description du sujet :

Les massifs coralliens forment un habitat et un environnement privilégié qui est source d'une grande biodiversité. Depuis plusieurs décennies, on observe un déclin et une fragilisation de cet écosystème. La plupart des études se sont concentrées sur les coraux afin de mieux comprendre leur résistance au blanchiment et à d'autres facteurs de stress. Cependant, la contribution des micro-organismes et plus particulièrement du bactérioplancton dans l'équilibre de ce milieu n'est que très partiellement comprise. L'objectif général de ce projet est de comparer la diversité du 16S bactérien et des données de métagénomique (Illumina) des lagons coralliens du Pacifique sud avec ceux de Moruroa (projet MICROSCAN) où se sont déroulés les essais nucléaires français de 1966 à 1995.

Les Tuamotu sont des îles volcaniques issues d'un hot spot et elles dérivent d'est en ouest à raison de 11 cm par année ; les plus vieilles ayant environ 65 millions d'années. Le stagiaire devra évaluer la diversité génétique et taxonomique des bactéries issues des différents atolls. Le but étant de mettre en évidence de possibles effets des rayons ionisants sur les génomes bactériens (mutagenèse), leur teneur en GC, ainsi que sur les systèmes de réparation des mésappariements des paires de bases. Une approche de génomique comparative sera également lancée sur les espèces les plus ubiquistes de cet environnement (*i. e.* SAR11 et *Prochlorococcus marinus*).

Mots-clés : Massifs coralliens, Tuamotu, 16S bactérien, Illumina, séquençage parallèle massif, génomique comparative, évolution, métagénomique, rayons ionisants.

Approches :

La campagne d'échantillonnage de ce projet s'est parachevée en mai 2017, en collaboration avec le CRIOBE et la direction générale des armées. Après une phase d'échantillonnage globale sur les Tuamotu, nous obtiendrons courant novembre 2018 un million de séquences

d'ADN 16S amplifiés à partir de 3 stations sur l'atoll de Moruroa, ainsi que deux lames de données Illumina. Le recrutement du stagiaire, se fait essentiellement dans un contexte d'analyses bioinformatiques (raréfaction, diffusion, phylogénétique, modélisation) et demande donc une formation poussée en génomique des populations. Les algorithmes utilisés comprendront notamment, Mothur, MEGAN, Bionumerics, BEAST. Le stage se déroulera sur 6 mois (de janvier à juin 2019) dans le cadre d'un Master 2.

#### Références :

- Gustave CA, Tristan A, Martins-Simoes P, Stegger M, Benito Y, Skytt Andersen P, Bes M, Le Hir Y, Diep BA, Uhlemann AC, Glaser P, Laurent F, Wirth T, Vandenesch F (2018) Demographic fluctuation of community-acquired antibiotic-resistant *Staphylococcus aureus* lineages: potential role of flimsy antibiotic exposure. ISME Journal 12 : 1879-1894.
- Rasigade JP, Barbier M, Dumitrescu O, Pichat C, Carret G, Ronnaux-Baron AS, Blasquez G, Godin-Benham C, Boisset S, Carricajo A, Jacomo V, Fredenucci I, Pérouse de Montclos M, Flandrois JP, Ader F, Supply P, Lina G & Wirth T (2017) Strain-specific estimation of epidemic success provides insights into the transmission dynamics of tuberculosis. Scientific Reports 7 :45326.
- Wirth T (2015). Massive lineage replacements and cryptic outbreaks of Salmonella Typhi in Eastern and South Africa. Nature Genetics 47: 565-567.
- Merker M, Bliin C, Mona S, Duforet-Frebourg N, Lecher S, Willery E, Blum M, Rüscher-Gerdes S, Mokrousov I, Aleksic E, Allix-Béguec C, Antierens A, Augustynowicz-Kopeć E, Ballif M, Barletta F, Beck HP, Barry III CE, Bonnet M, Borroni E, Campos-Herrero I, Cirillo D, Cox H, Crowe S, Crudu V, Diel R, Drobniewski F, Fauville-Dufaux M, Gagneux S, Ghebremichael S, Hanekom M, Hoffner S, Jiao WW, Kalon S, Kohl TA, Kontsevaya I, Lillebæk T, Maeda S, Nikolayevskyy V, Rasmussen M, Rastogi N, Samper S, Sanchez-Padilla E, Savic B, Chola Shamputa I, Shen A, Sng LH, Stakenas P, Toit T, Varaine F, Vukovic D, Wahl C, Warren R, Supply P, Niemann S & Wirth T (2015) Evolutionary history and global spread of the *Mycobacterium tuberculosis* Beijing lineage. Nature Genetics 47: 242-249.