

## 1-Laboratoire

Intitulé : UMR Marbec (Marine Biodiversity Exploitation Conservation) <http://www.umarbec.fr/fr/>

Lieu du stage : Station Ifremer, Avenue Jean Monnet, 34200 Sète

Directeur du Laboratoire : Laurent Dagorn

Responsable de l'encadrement : Ariane Atteia (CNRS) ; co-encadrante : Sophie Arnaud-Haond (IFREMER)

Contact : e-mail : [ariane.atteia@cnrs.fr](mailto:ariane.atteia@cnrs.fr); tel : 04 99 57 32 68

## 2-Sujet

**Titre : Les microalgues marines en anoxie : diversité des métabolismes et interaction entre communautés**

**Contexte** : Les microalgues sont à l'origine d'une grande partie des réseaux trophiques et jouent, par conséquent, un rôle primordial dans la vie des écosystèmes marins. Ces microorganismes sont confrontés à des conditions environnementales changeantes auxquelles ils s'adaptent grâce à leur métabolisme versatile. Dans des conditions qui ne leur permettent pas de réaliser la photosynthèse, les microalgues peuvent dégrader des substrats organiques en utilisant l'oxygène comme accepteur d'électrons. Cependant, l'activité de respiration aérobie sera fonction des teneurs en oxygène dans le milieu qui sont régulées par des facteurs abiotiques (température, salinité, richesse en matière organique et nutriments) et les échanges avec l'atmosphère. Au cours des dernières décennies, la hausse des températures et des pollutions liées aux rejets agricoles et eaux usées a entraîné un déclin important des concentrations en oxygène dans les océans et les eaux côtières (Brightburg et al. 2018). L'augmentation de la fréquence des épisodes d'anoxie dans les étangs et les lagunes génère des perturbations d'intensité croissante avec des mortalités importantes de nombreux acteurs des communautés.

Les réponses métaboliques et physiologiques des microalgues aux épisodes hypoxiques et anoxiques sont déterminantes pour l'adaptation et l'évolution des communautés. L'exploration de quelques génomes de microalgues a révélé la présence de gènes pour des enzymes fermentaires que l'on croyait restreintes au monde bactérien et aux eucaryotes unicellulaires pathogènes (Atteia et al. 2006, 2013; Müller et al. 2012; Mus et al. 2007). Des différences notables dans les répertoires de gènes fermentaires ont été relevées entre espèces d'algues (Atteia et al. 2013). Dans le cas de l'algue *Chlamydomonas reinhardtii*, qui à ce jour possède le répertoire anaérobie le plus étendu parmi les microalgues, la fonctionnalité des différents gènes fermentaires a pu être démontrée (Philipps et al. 2011; Magneschi et al. 2012; van Lis et al. 2013; 2017), révélant ainsi des capacités métaboliques insoupçonnées pour répondre aux épisodes anoxiques. Les données sur les capacités métaboliques anaérobies des microalgues sont éparpillées, difficiles à comparer, et insuffisantes pour appréhender les limites de leur survie en conditions anoxiques.

**Objectif** : Le stage vise à mieux comprendre l'importance du métabolisme anaérobie des microalgues et à appréhender leur rôle dans le fonctionnement des écosystèmes marins. Le stage comprend deux volets : 1) l'analyse moléculaire d'échantillons issus d'environnements marins hypoxiques/anoxiques variés afin d'évaluer la présence et la diversité algale; 2) l'analyse bio-informatique des génomes d'algues marines déjà séquencés afin d'établir un inventaire exhaustif des potentialités anaérobies chez ces microorganismes.

### **Principales méthodes envisagées :**

- extraction d'ADN environnemental et identification des espèces algales présentes («code barre ADN» des gènes 18S et COI)
- analyse des séquences génomiques de microalgues marines disponibles publiquement pour la présence d'enzymes d'un métabolisme anaérobie
- fouille de métagénomiques issus d'environnements anoxiques et/ou aphotiques pour la présence de microalgues.
- compilation des données métaboliques et environnementales
- des études de phylogénie pourront être développées pour mieux comprendre l'origine et l'évolution des voies métaboliques anaérobies chez les algues

### **Compétences attendues :**

- en biologie : base de physiologie / métabolisme cellulaire – une connaissance des microalgues serait un plus
- en informatique : bonne maîtrise des outils d'analyse génomique
- maîtrise de l'anglais

## **Références**

- Atteia A, van Lis R, Gelius-Dietrich G, Adrait A, Garin J, Joyard J, Rolland N, Martin W (2006) Pyruvate formate-lyase and a novel route of eukaryotic ATP synthesis in *Chlamydomonas* mitochondria. *J Biol Chem.* 281(15):9909-18
- Atteia A, van Lis R, Tielens AG, Martin WF (2013) Anaerobic energy metabolism in unicellular photosynthetic eukaryotes. *Biochim Biophys Acta.* 1827(2): 210-223
- Breitburg D, Levin LA, Oschlies A, Grégoire M, Chavez FP, Conley DJ, Garçon V, Gilbert D, Gutiérrez D, Isensee K, Jacinto GS, Limburg KE, Montes I, Naqvi SWA, Pitcher GC, Rabalais NN, Roman MR, Rose KA, Seibel BA, Telszewski M, Yasuhara M, Zhang J. (2018) Declining oxygen in the global ocean and coastal waters. *Science.* 359, eaam. 7240. DOI: 10.1126/science.aam7240
- Magneschi L, Catalanotti C, Subramanian V, Dubini A, Yang W, Mus F, Posewitz MC, Seibert M, Perata P, Grossman AR (2012) A mutant in the ADH1 gene of *Chlamydomonas reinhardtii* elicits metabolic restructuring during anaerobiosis. *Plant Physiol.* 158(3):1293-305.
- Müller M, Mentel M, van Hellemond JJ, Henze K, Woehle C, Gould SB, Yu RY, van der Giezen M, Tielens AG, Martin WF (2012) Biochemistry and evolution of anaerobic energy metabolism in eukaryotes. *Microbiol Mol Biol Rev* 76(2):444-495.
- Mus F, Dubini A, Seibert M, Posewitz MC, Grossman AR (2007) Anaerobic acclimation in *Chlamydomonas reinhardtii*: anoxic gene expression, hydrogenase induction, and metabolic pathways. *J Biol Chem.* 2007 Aug 31;282(35):25475-86.
- Philipps G, Krawietz D, Hemschemeier A, Happe T (2011) A pyruvate formate lyase-deficient *Chlamydomonas reinhardtii* strain provides evidence for a link between fermentation and hydrogen production in green algae. *Plant J.* 66(2):330-40.
- van Lis R, Baffert C, Couté Y, Nitschke W, Atteia A. (2013) *Chlamydomonas reinhardtii* chloroplasts contain a homodimeric pyruvate:ferredoxin oxidoreductase that functions with FDX1. *Plant Physiol.* 161(1):57-71.
- van Lis R, Poppek M, Couté Y, Kosta A, Drapier D, Nitschke W, Atteia A (2017) Concerted Up-regulation of Aldehyde/Alcohol Dehydrogenase (ADHE) and Starch in *Chlamydomonas reinhardtii* Increases Survival under Dark Anoxia. *J Biol Chem.* 292(6):2395-2410