Formulaire de stage

Parcours M2 GGBS 2019-20

Laboratoire : Laboratoire de Microbiologie des environnements extrêmes, UMR 6197

N° d’équipe : Groupe « ecogénomique »

Nom-Prénom de l’encadrant : Clarisse Lemonnier

Courriel de l’encadrant : clarisse.lemonnier@univ-brest.fr

Titre du stage : Dynamique temporelle des communautés d’Archaea dans l’observatoire génomique de la Rade de Brest

Résumé du projet proposé:

Les Archées pélagiques interviennent dans le fonctionnement des écosystèmes marins de par leur rôle dans les principaux cycles géochimiques de la colonne d’eau. Le développement de techniques de séquençage haut débit de nouvelle génération, ainsi que les outils d’analyses en bioinformatique et en écologie numérique permettent désormais de dresser un inventaire quasi exhaustif de ces microorganismes, et de comprendre quels sont les paramètres environnementaux qui contrôlent la structure et la dynamique des communautés microbiennes marines. Depuis 2014 un Observatoire microbien génomique a été mis en place au niveau de la station SOMLIT de la Rade de Brest. Cet observatoire avec une fréquence d’échantillonnage bimensuelle, associé aux prélèvements de près de 20 paramètres physiques, chimiques et biologiques du réseau SOMLIT, permet de décrire la dynamique temporelle de ces microorganismes en lien avec les variations de l’environnement, donnant des clés pour comprendre leurs variations saisonnières et leur rôle dans cet environnement. La dynamique temporelle des bactéries au niveau de cette station a déjà été étudiée, montrant des variations saisonnière remarquable et une réponse caractéristique de ces eaux côtières tempérées notamment dans la dégradation de la matière organique produite par les producteurs primaires au printemps. La dynamique des archées et de façon plus générale leur rôle dans ces environnements côtiers, restent encore peu connus. L’étudiant devra dans un premier temps, caractériser la dynamique des communautés archéennes (alpha et beta-diversité) à cette station sur près de 3 années d’échantillonnages. Dans un second temps, étudier leur lien avec les communautés bactériennes déjà décrites par des approches en réseau. Pour compléter et affiner ces analyses sur la structure des communautés archéennes, l’étudiant pourra se reposer sur des données de métagénomiques produites dans le cadre de cet observatoire, avec des génomes de bactéries et d’archées reconstruits et les gènes fonctionnels associés.