

Fiche de stage M2

Intitulé du stage

Impact des contaminants inorganiques et organiques sur le microbiome intestinal des populations de poissons du Golfe du Lion - ICIOPOP

Structure d'accueil

Marine biodiversity, Exploitation and Conservation (MARBEC), UMR CNRS 9190

IFREMER, Boulevard Jean Monnet, 34203 Sète Cedex

et

Université de Montpellier, CC093, Place Eugène Bataillon, 34095 Montpellier Cedex 05

Encadrement

Anaïs BEAUVIEUX – UM/MARBEC

Quentin SCHULL – IFREMER/MARBEC

Jean-Marc FROMENTIN – IFREMER/MARBEC

Jean-Christophe AUGUET – CNRS/MARBEC

Description du stage

Contexte

Les océans sont aujourd'hui tous affectés par les activités humaines auxquelles s'ajoutent les fortes pressions liées au changement climatique. La biodiversité et les habitats composant les écosystèmes côtiers sont les premiers impactés et ont diminué de 30 à 60% dans le monde (Díaz et al. 2019). L'augmentation de la population humaine (9,5 milliards d'habitants prévus pour 2050) et des pressions anthropiques (pêche, contaminants...) et climatiques sur les écosystèmes marins pose la question de la durabilité de leur exploitation et de leur conservation (Díaz et al. 2019). L'étude de l'impact du changement global sur l'état de santé des populations marines exploitées est un sujet de recherche et d'évaluation contemporain en pleine expansion en raison des contraintes directes que le stress engendre sur la croissance, la reproduction, le système immunitaire et, in fine, sur le succès reproducteur de l'animal, tous étant des traits d'histoires de vie clés qui régulent la dynamique des populations (Brook et al. 2008). Pour déchiffrer cette complexité, il est nécessaire d'identifier et distinguer les impacts

des pressions environnementales naturelles et anthropiques, leurs conséquences immédiates sur la santé et la survie des individus, et à long terme sur les populations (Portner and Farell 2008, Doney et al. 2012).

Description de la problématique de recherche

Les microorganismes, terme regroupant des organismes microscopiques appartenant aux trois branches de l'arbre du vivant (bactérie, archaea, eucaryote) et les virus, constituent les plus anciennes et abondantes formes de vie sur la planète. Durant leur évolution, une large partie de ces microorganismes a colonisé d'autres formes de vie, co-évoluant avec ces dernières et constituant ce que l'on nomme aujourd'hui le microbiome. Le microbiome intestinal est sans conteste celui qui a reçu le plus d'attention et est aujourd'hui considéré comme un trait fonctionnel de l'hôte, sa composition pouvant servir de biomarqueurs de l'état de santé des organismes. En effet, des études antérieures ont proposé que le suivi et l'étude de la composition du microbiome intestinal fournissent des informations essentielles sur les réponses des organismes exposés aux contaminants organiques (Jin et al. 2017) et inorganiques (Zhai et al. 2017). Le microbiote intestinal des organismes est en effet un élément clé de la régulation de grandes fonctions biologiques participant entre autres à la digestion (Flint 2012) mais également à son développement, à la réponse immunitaire et à la protection vis à vis des pathogènes (Nicholson et al. 2012, Belkaid and Hand 2014). Il est ainsi nécessaire de comprendre les conséquences de la pollution sur l'adaptation ou l'acclimatation du microbiote.

Objectif

L'objectif principal est d'évaluer l'impact des cocktails de contaminants qui touche les poissons en milieu naturel, sur le microbiome intestinal de deux espèces emblématiques de Méditerranée (Sardine et Daurade royale). Pour cela l'étudiant(e) visera à caractériser et quantifier les dysbioses (modification de la composition des communautés) du microbiote intestinal associées à la pollution.

Déroulement du stage

Pour répondre à cette problématique, le tractus intestinal de Daurades royales et de Sardines échantillonnées dans le Golfe du Lion au sein d'environnements contrastés en termes d'expositions aux contaminants ont été prélevés et l'analyse des contaminants organiques et

inorganiques présent dans le muscle des poissons a également été effectuée. L'étudiant(e) réalisera l'extraction d'ADN à partir d'échantillons de tubes digestifs de ces deux espèces.

Il/elle réalisera ensuite le traitement bioinformatique et biostatistique de données issues du séquençage. Il/elle participera à la mise en corrélation des données de contamination avec les différentes facettes de la diversité (alpha et bêta) du microbiote intestinal appréhendées par méta-barcoding du gène ADNr 16S. Cette étude permettra de comprendre la réponse du microbiote face à une contamination en milieu naturel et s'inscrit plus largement dans le cadre d'un projet de thèse visant à identifier l'impact des Contaminants Inorganiques et Organiques sur l'état de santé des POpulations de Poissons du Golfe du Lion.

Résultats attendus

L'ambition de ce stage est de produire un protocole d'analyse du microbiote intestinal de Sardines et Daurades royale ainsi que définir des indicateurs microbiens afin de généraliser l'utilisation du microbiote intestinal comme un biomarqueur des contaminations et un index de la santé facilement utilisable de ces deux espèces emblématique de Méditerranée.

Profil et compétences recherchées

La (le) candidat(e) devra avoir une bonne connaissance des concepts d'écologie des communautés et d'écologie microbienne et des méthodes de biologie moléculaire. Une expérience en biostatistiques (programmation et l'écriture de scripts en R) et/ou en bioinformatique, tout comme en travail de paillasse (PCR) sera un avantage.

Les candidatures doivent être envoyées à anais.beauvieux@umontpellier.fr et jean-christophe.auguet@cnr.fr et doivent inclure : une lettre de motivation, un CV détaillé et un relevé des modules suivis en M1 et en M2.

Références

- Belkaid, Y., and T. W. Hand. 2014. Role of the microbiota in immunity and inflammation. *Cell* 157:121–141.
- Brook, B. W., N. S. Sodhi, and C. J. A. Bradshaw. 2008. Synergies among extinction drivers under global change. *Trends in Ecology and Evolution* 23:453–460.
- Díaz, S., J. Settele, E. S. Brondízio, H. T. Ngo, J. Agard, A. Arneeth, P. Balvanera, K. A. Brauman, S. H. M. Butchart, K. M. A. Chan, A. G. Lucas, K. Ichii, J. Liu, S. M. Subramanian, G. F. Midgley, P. Miloslavich, Z. Molnár, D. Obura, A. Pfaff, S. Polasky, A. Purvis, J. Razzaque, B. Reyers, R. R. Chowdhury, Y. J. Shin, I. Visseren-Hamakers, K. J. Willis, and C. N. Zayas. 2019. Pervasive human-driven decline of life on Earth points to the need for transformative change. *Science* 366.

Doney, S. C., M. Ruckelshaus, J. Emmett Duffy, J. P. Barry, F. Chan, C. A. English, H. M. Galindo, J. M. Grebmeier, A. B. Hollowed, N. Knowlton, J. Polovina, N. N. Rabalais, W. J. Sydeman, and L. D. Talley. 2012. Climate Change Impacts on Marine Ecosystems. *Annual Review of Marine Science* 4:11–37.

Flint, H. J. 2012. The impact of nutrition on the human microbiome. *Nutrition Reviews* 70.

Jin, Y., S. Wu, Z. Zeng, and Z. Fu. 2017. Effects of environmental pollutants on gut microbiota. *Environmental Pollution* 222:1–9.

Nicholson, J. K., E. Holmes, J. Kinross, R. Burcelin, G. Gibson, W. Jia, and S. Pettersson. 2012. Metabolic Interactions. *Science* 108:1262–1268.

Portner, H., and A. Farrell. 2008. Physiology and Climate Change. *Science* 322:690–692.

Zhai, Q., L. Yu, T. Li, J. Zhu, C. Zhang, J. Zhao, H. Zhang, and W. Chen. 2017. Effect of dietary probiotic supplementation on intestinal microbiota and physiological conditions of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) under waterborne cadmium exposure. *Antonie van Leeuwenhoek, International Journal of General and Molecular Microbiology* 110:501–513.