

Proposition de sujet de thèse 2021

(A remplir par les équipes d'accueil et à retourner à Isabelle HAMMAD : hammad@cerege.fr
*à renseigner obligatoirement pour la validation du sujet, (1) : A remplir lors de la campagne d'attribution des allocations, à l'issue de la session de juin des Masters

Sujet de doctorat proposé * : Étude des microbiomes associés aux sargasses pélagiques responsables de marée brune dans les caraïbes : impacts potentiels des microorganismes sur la prolifération algale

Encadrant(s), nom, prénom, adresse mail *: Michotey, Valérie, valerie.michotey@mio.osupytheas.fr,
Navarro Elisabeth. elisabeth.navarro@univ-tln.fr

Laboratoire *: MIO (Marseille et Toulon)

Tableau récapitulatif du sujet

Candidat(e) (1)	
Nom - Prénom :	
Date de naissance :	
Licence (origine, années, mention) :	
Mention et classement au Master 1 année (Xème sur Y)	
Mention et classement au S3 du Master 2 (Xème sur Y)	
Mention et classement au S4 du Master 2 (Xème sur Y)	
Mention et classement au M2 (année) (Xème sur Y)	
MASTER (nom, université)	
Sujet de doctorat proposé*	Étude des microbiomes associés aux sargasses pélagiques responsables de marée brune dans les caraïbes : impacts potentiels des microorganismes sur la prolifération algale
Encadrants (2 max, indiquer si HDR ou pas)*	Michotey, V(HDR) Elisabeth Navarro
Laboratoire*	MIO
Programme finançant la recherche (indiqué si obtenu ou envisagé) (1)	ANR Origins (2020-2023).

Sujet de doctorat proposé*

Intitulé* : **Étude des microbiomes associés aux sargasses pélagiques responsables de marée brune dans les caraïbes : impacts potentiels des microorganismes sur la prolifération algale**

Descriptif *: Depuis 2011, des échouages importants de sargasses pélagiques sont observés dans tout le bassin caribéen, sur les côtes de Guyane, du Brésil, du Golfe du Mexique ainsi que de l'Afrique de l'Ouest^{1,2}. La particularité des espèces de Sargasses qui s'échouent est qu'elles sont holopélagiques (i.e. elles n'ont pas de phase benthique), ce qui est une originalité au sein du genre et une originalité géographique puisqu'on ne les rencontrait auparavant que dans l'Océan Atlantique Nord. Elles forment des radeaux, des filaments ou des individus épars qui constituent la Mer des Sargasses. Elles composent un biome pélagique flottant unique, abritant des centaines d'espèces dont une dizaine d'endémiques, dans un océan ouvert pauvre en nutriments et de ce fait sont désignées parfois par le terme « golden floating rainforest of the Atlantic Ocean »³. La présence récente, et permanente, de quantités importantes de sargasses pélagiques entre l'équateur et 15° Nord suggère la formation d'une deuxième Mer des Sargasses entre l'Amazonie et l'Afrique⁴. La circulation océanique entraîne ces radeaux vers les côtes. Les immenses quantités échouées (estimées entre 20 000 à 40 000 tonnes

de matière sèche annuellement pour le seul littoral guadeloupéen¹ ont un impact environnemental, économique et social majeur sur les écosystèmes et les populations humaines des zones concernées⁵

Beaucoup d'espèces de sargasses ont une texture rugueuse et un mucus collant, propice à la colonisation de microorganismes (procaryotes et eucaryotes unicellulaires) sous forme de biofilm. Une de nos études récentes a montré que la composition bactérienne des biofilms associés aux sargasses était différente de celle de l'eau environnante⁶. De plus les différents microbiotes bactériens associés aux sargasses pélagiques ont été identifiés et semblent être liés à l'état de croissance de leur hôte. Les molécules carbonées excrétées par les algues seraient utilisées par les microorganismes hétérotrophes des biofilms. Cette étude semble indiquer des liens étroits entre les sargasses pélagiques et leur microbiomes. La compréhension des causes de la prolifération des sargasses, passe par l'étude des relations entre ces algues et les microorganismes de leurs biofilms. Les objectifs de ce présent projet sont de compléter l'étude de la diversité des biofilms associés aux sargasses (composante eucaryotique unicellulaire) d'une part, et d'étudier les liens entre les métabolismes des microbiomes des sargasses et leur hôte algues d'autre part. Parmi les métabolismes qui pourraient être bénéfiques, ceux impliqués dans le cycle de l'azote comme la fixation d'azote atmosphérique par des procaryotes épiphytes pourrait contribuer aux ressources nutritionnelles des sargasses. Le microbiome pourrait également être impliqué dans la production de vitamines. Enfin, à l'instar de ce qui se passe chez les plantes, chez certaines algues uni-ou pluricellulaires, les bactéries associées pourraient jouer un rôle central dans le développement de l'algue hôte en produisant des molécules impliquées dans la régulation de sa croissance ou sa morphologie i.e des phytohormones⁷. La molécule plus fréquemment retrouvée est l'indol 3 acetic Acid (IAA) et appartient à la famille des auxines. Son impact sur la croissance de certaines algues uni-ou pluricellulaire a été établi⁸. La potentialité à produire de l'IAA a été identifiée chez de nombreuses bactéries et plusieurs voies métaboliques et enzymes ont été décrites et caractérisées. Enfin, les enzymes impliquées dans le métabolisme de molécules carbonées pourraient également jouer un rôle dans les interactions microorganismes/algues. En effet, le groupe bactérien *Bacteroidetes* identifié dans les biofilms⁶ de certaines sargasses pélagiques est connu pour présenter un métabolisme particulier d'assimilation des carbohydrates.

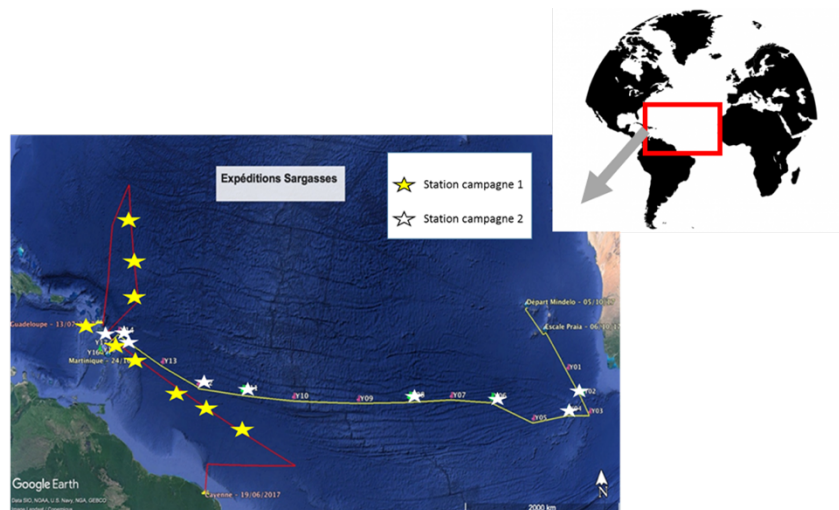


Fig 1 : Échantillonnages campagnes de Juillet et octobre 2017

Le présent projet consiste à partir d'échantillons collectés lors de 2 campagnes transatlantique en 2017 (Fig. 1), à répondre aux questions suivantes

- **Existe-t-il des réseaux d'interaction entre les procaryotes et les eucaryotes constituant les biofilms sur les sargasses ?** Pour cela nous compléterons les analyses de diversité taxonomiques des communautés procaryotiques des biofilms obtenue au cours de travaux précédents par l'étude de la diversité de la composante des eucaryotes unicellulaires (environ 100 échantillons) afin d'identifier les partenaires eucaryotes des biofilms.
- **Existe-t-il des réseaux d'interaction entre les autres membres du biofilm et les organismes eucaryotes vivants dans l'eau environnante ?** Pour cela, nous analyserons les co-occurrences entre la diversité moléculaire dans l'eau prélevée autour des radeaux par une approche de eDNA et les organismes identifiés par leur morphologie et la composition des biofilms.
- **Quelles sont les relations métaboliques entre le biofilm et les sargasses ?** Pour aller plus loin dans la compréhension du fonctionnement du microbiome nous souhaitons prendre en compte la diversité fonctionnelle. Pour ceci, à partir de 3 microbiomes de biofilms collectés dans des conditions de croissance contrastées, l'ADN métagénomique sera extrait puis séquencé massivement afin d'obtenir le patrimoine génomique de ces microbiomes. Une analyse de métagénomique comparative permettra d'identifier les voies métaboliques en jeu, ainsi que les gènes impliqués dans des métabolismes d'intérêt : cycle de l'azote, synthèse

de vitamines, hormones de croissance ou métabolismes carbonées. Pour ce dernier point, une collaboration avec N Terrapon (AFMB, Marseille) nous permettra une meilleure identification des enzymes impliquées dans la dégradation de carbohydrates (Cazy data base).

- Déterminer la composition des molécules carbonées associées avec les sargasses et leur biofilm dans des conditions contrastées, en collaboration avec un des partenaires américains (K Kaiser, TAMUG, Texas) de l'ANR Origins ,
- Déterminer les abondances relatives des gènes d'intérêt, déterminés au préalable grâce à l'analyse des métagénomés, à partir de l'échantillonnage transatlantique (100 échantillons) afin d'étendre les résultats au niveau global. (abondance mesurée par qPCR)

Détail du Programme finançant la recherche* : ANR Origins (2020-2023). Ce projet prend en charge les couts de séquençages d'ADNr 18S , de métagénomés et de qPCR pour la mesure des abondances des gènes cibles. Le traitement informatique des séquences sera réalisé sur le cluster Bioinfo du laboratoire. La part chercheur du laboratoire alloué au doctorant servira à acheter sa station de travail et participera aux frais du congrès international.

References du projet :¹ Mazeas, (2015)

http://www.guadeloupe.developpementdurable.gouv.fr/IMG/pdf/Note_DEAL_sur_description_et_explications_des_echouages_Dec2014-MAJ_13aout2015.pdf; ² Schell, et al (2015). *Oceanography* 28:8-10 ; ³ Laffoley, et al. (2011) The protection and management of the Sargasso Sea: Summary science and supporting evidence case (44 pp.). Sargasso Sea Alliance.; ⁴Gower et al (2013) , *Remote Sensing Letters*, vol. 4: . 764-773.; ⁵Smetacek & Zingone,(2013) *Nature* 504:84-88; ⁶ Michotey et al (2020) *Science of Total Environnement* 748:141216. ⁷Singh, et al (2014). *FEMS microbiology ecology*, 88:213-230. ⁸ Zhang et al *Plants* (2014), 3, 58-69

Directeur(s) de thèse proposé(s)*

(limiter au plus à deux personnes principales, dont au moins une titulaire de l'HDR)

Directeur HDR proposé*

Nom - Prénom : MICHOTÉY Valérie

Corps : PR

Laboratoire (i.e. formation contractualisée de rattachement, éventuellement équipe au sein de cette formation) :M.I.O, equipe

MEB (microbiologie environnementale et biotechnologie) site Marseille

Adresse mail : valerie.michotey@mio.osupytheas.fr

Choix de cinq publications récentes (souligner éventuellement les étudiants dirigés co-signataires) :

1. **Michotey V**, Blanfuné A, Chevalier C, Garel M, Diaz L, Berlin L, Le Grand L, Armougom F, Guasco S, Ruitton S, Changeux T, Belloni, B; Blanchot, B; Ménard, F; Thibaut, T (2020) *In situ* observations and modelling revealed environmental factors favouring occurrence of *Vibrio* in microbiome of the pelagic *Sargassum* responsible for strandings. *Science of Total Environnement* 748:141216
2. Fonseca-Batista D, Li XF, Riou V, **Michotey V**, Deman F, Fripiat F, Guasco S, Brion N, Lemaitre N, Tonnard M, Gallinari M, Planquette H, Planchon F, Sarthou G , Elskens M, LaRoche J, Chou L, Dehairs F (2019) Evidence of high N-2 fixation rates in the temperate northeast Atlantic. *Biogeosciences*, . 16 :999-1017
3. Aigle, A ; Bonin, P ; Fernandez-Nunez, N; Loriod, B ; Guasco, S; Bergon, A; Armougom, F; Iobbi-Nivol, C; Imbert, J; **Michotey, V** (2018)The nature of the electron acceptor (MnIV/NO3) triggers the differential expression of genes associated with stress and ammonium limitation responses in *Shewanella algae* C6G3. *FEMS microbiol letters* . 365
4. Zaghmouri, I; **Michotey, V**; Armougom, F; Guasco, S; Bonin, P (2018) Salinity shifts in marine sediment: Importance of number of fluctuation rather than their intensities on bacterial denitrifying community. *Mar Poll. Bull.* 130:76-83
5. Aigle A, Bonin P, Iobbi-Nivol C, Mejean V, **Michotey V** (2017) Physiological and transcriptional approaches reveal connection between nitrogen and manganese cycles in *Shewanella algae* C6G3. *Scientific Report -Uk* 7:44725.

Thèses encadrées ou co-encadrées au cours des quatre dernières années* : aucune

Nom :

Intitulé :

Type d'allocation :

Date de début de l'allocation de doctorat :

Date de soutenance (si la thèse est soutenue) :

Programme finançant la recherche :

Situation actuelle du docteur (si la thèse est soutenue) :

Pourcentage de participation du directeur à l'encadrement en cas de co-direction : ..%

Autre directeur proposé (éventuellement)*

Nom - Prénom : Navarro Elisabeth

Corps : CR

Adresse mail : [elisabeth.navarro@univ-tln.fr/](mailto:elisabeth.navarro@univ-tln.fr)

Laboratoire (i.e. formation contractualisée de rattachement, éventuellement équipe au sein de cette formation) : M.I.O, équipe MEB (microbiologie environnementale et biotechnologie) site Toulon

Choix de cinq publications récentes (souligner éventuellement les étudiants dirigés co-signataires) :

Sekkour S., Bekki A., Bouchiba, Z. Vogel TM, **Navarro E.** 2019. The diversity of cultivable hydrocarbon-degrading bacteria isolated from crude oil contaminated soil and sludge from Arzew refinery in Algeria. Journal of Microbiology, Biotechnology and Food Sciences 9 (1), 70-77

Le Quere, A., Gully Dj, Teulet A., **Navarro E.**, D.Gargani D., Fardoux J., S. Cruveiller S., Neyra M, Giraud E., Krasova Wade T. 2019. Complete Genome Sequence of Bradyrhizobium sp. Strain ORS3257, an Efficient Nitrogen-Fixing Bacterium Isolated from Cowpea in Senegal. Microbiology resource announcements 8 (3): e01449-18. doi: 10.1128/MRA.01449-18.

Niang N., Demanèche S., Ndoye I., **Navarro E.**, Fall S. 2018. Genetic diversity of rhizobia and plant growth promoting rhizobacteria of soil under the influence of Piliostigma reticulatum (DC.) Hochst and their impact on shrub growth. African Journal of Agricultural Research. 13(46), 2668-2679

Boughattas I., Hattab S, Boussetta H., Banni M., **Navarro E.** 2017. Impact of heavy metal contamination on oxidative stress of Eisenia andrei and bacterial community structure in Tunisian mine soil. Environ. Sci Pollut Res. doi: 10.1007/s11356-017-9449-8

Ighilhariz S., de Lajudie P., Bekki A., Ighilhariz Z., Duponnois R., Reboulet J., **Navarro E.** 2016. Effect of anthropisation and revegetation efforts on soil bacterial community structure in Terga sandpit, Algeria. Journal of Biodiversity and Environmental Sciences, 9: 283-296

Thèses encadrées ou co-encadrées au cours des quatre dernières années* Aucune

Nom :

Intitulé :

Type d'allocation :

Date de début de l'allocation de doctorat :

Date de soutenance (si la thèse est soutenue) :

Programme finançant la recherche :

Situation actuelle du docteur (si la thèse est soutenue) :

Pourcentage de participation du directeur à l'encadrement en cas de co-direction :%