

## **Sujet de thèse 2023-206**

### **CoME-ON: le microbiome côtier sous l'influence des apports fluviatiles**

**Unité de rattachement :** Ifremer/ DYNECO

**Financement :** Acquis 100% (projet Horizon Europe BioOcean5D)

**Encadrants principaux :**

Raffaele Siano, HDR, Ifremer, DYNECO, Pelagos ([raffaele.siano@ifremer.fr](mailto:raffaele.siano@ifremer.fr))

Mathieu Chevalier, Ifremer, DYNECO, LEBCO ([mathieu.chevalier@ifremer.fr](mailto:mathieu.chevalier@ifremer.fr))

**Mots-clés :** génomique environnementale ; ADN environnemental, metabarcoding, biostatistique, réseaux de co-occurrence, écologie côtière, parasites, Harmful Algal Blooms, Alexandrium, Crassostrea, réseau d'observation

### **Cotexte scientifique**

Le microbiome côtier est composé de communautés d'organismes unicellulaires, à la fois procaryotes et eucaryotes, qui incluent les virus, les bactéries et les protistes. Ces communautés sont caractérisées par une richesse spécifique plus élevée que celle d'autres communautés marines (par exemple la macrofaune) mais aussi par la présence d'espèces pathogènes pour l'homme ou pour d'autres organismes marins destinés à la commercialisation. Les dynamiques spatio-temporelles de ces microorganismes, leurs interactions et leurs relations (prédation, symbiose, compétition interspécifique) avec des organismes pluricellulaires (par exemple le mesozooplancton ou des organismes bivalves filtreurs) sont extrêmement variables et dépendent des forçages biotiques et abiotiques de l'écosystème côtier. Les apports fluviaux représentent la cause la plus importante de la variabilité des écosystèmes côtiers, et en particulier des écosystèmes estuariens. Les nutriments, la matière organique, les contaminants chimiques, ainsi que les microorganismes d'origine terrigènes causent des variations de l'équilibre trophique et biogéochimique de ces systèmes. Le potentiel effet en cascade de ces changements sur la chaîne trophique marine rend les écosystèmes côtiers particulièrement vulnérables. Lorsque la conchyliculture est implantée dans ces écosystèmes, la durabilité et la salubrité de cette ressource économique sont mises en danger.

Cette thèse de doctorat s'attachera à évaluer la vulnérabilité des écosystèmes estuariens sous l'influence des apports fluviaux par le biais de :

- 1) l'analyse des variations spatio-temporelles des interactions microbiennes (bactéries-protistes-mesozooplancton) entre les zones littorales et les eaux du large dans un même écosystème côtier ;
- 2) l'évaluation des nouveaux risques associés aux apports d'origine microbiennes pour la conchyliculture des zones côtières.

Le projet de thèse s'appuiera sur les données d'ADN environnemental (ADNe) produites dans le cadre du projet ROME (Réseau D'Observatoires de microbiologie Environnementale Intégrée, <https://rome.ifremer.fr/>) piloté et géré par l'Ifremer depuis 2020. Le projet ROME s'appuie sur le

premier réseau d'observation au niveau nationale et européen. L'objectif de ce projet est d'analyser les écosystèmes côtiers afin d'améliorer notre capacité protéger la ressource aquacole et la santé humaine. Il se base sur 4 sites côtiers situés dans des écosystèmes estuariens où l'ostréiculture est une activité importante. Les écosystèmes ciblés sont : le Baie de Veys en Normandie, la Rade de Brest en Bretagne, les Marennes-Oléron en Nouvelle Aquitaine et l'étang de Thau en Occitanie. Le projet ROME est basé sur l'analyse, par metabacording, de l'ADN environnemental pour caractériser les communautés de bactéries et de protistes prélevés à la fois dans l'eau (prélèvements bimensuels) et dans les tissus des huitres (*Crassostrea gigas*) de populations d'élevage (prélèvements mensuels). L'échantillonnage de l'ADNe, associée à l'application de techniques de séquençage massif, permet aujourd'hui d'élargir le spectre d'observation des microorganismes à des groupes et des genres difficilement observables avec les techniques classiquement utilisées dans d'autre réseau d'observation (par exemple la microscopie). Avec l'utilisation de l'ADNe, ROME se propose donc de compléter les observations effectuées dans le cadre de ces réseaux traditionnels afin d'avoir une vision plus exhaustive des communautés microbiennes du littoral et de leur dynamique.

## Résultats attendus

Le projet de thèse visera à répondre à différentes questions développées dans des chapitres séparés :

1) comment se structure la diversité du microbiome des systèmes estuariens en fonction de l'influence des apports fluviaux ?

2) Comment les interactions entre bactéries, protistes et mesozooplancton varient à l'échelle locale, en fonction des apports fluviaux et à l'échelle biogéographique des 4 sites (3 façades maritimes) du réseau ROME ? Certaines espèces cibles (par exemple le dinoflagellé toxique *Alexandrium minutum*) sont-elles caractérisées par des interactions spécifiques ?

3) Existe-t-il un patron biogéographique des microbiomes estuariens à l'échelle de l'Europe et quels sont les facteurs qui structurent cette diversité ?

4) Quels sont les nouveaux risques microbiologiques pour l'ostréiculture dans les systèmes estuariens soumis aux apports fluviaux ?

Ces chapitres donneront lieu à différentes publications et permettront de valoriser les données collectées sur 3 ans du réseau ROME (sept. 2020- sept. 2023).

De plus, l'analyse de la diversité du mesozooplancton permettra une nouvelle utilisation des échantillons (taille >20µm) d'ADNe de ROME pour étudier les interactions entre le mesozooplancton et les microorganismes et ainsi évaluer le potentiel de l'ADNe pour la construction d'un observatoire futur de la biologie côtière. Ce projet permettra de proposer des méthodes de surveillance basées sur l'ADNe afin d'analyser la vulnérabilité des systèmes estuariens et de protéger ses ressources aquacoles. Les approches biostatistiques envisagées incluront des méthodes de réseaux d'interaction particulièrement innovantes en microbiologie qui, sur la base de la co-occurrence de données génétiques, permettront de formuler des hypothèses sur l'existence et la dynamique écologique des véritables interactions biologiques.

## Partenariat international

Au-delà du consortium de scientifiques du projet ROME, le projet de thèse s'inscrit dans le cadre du projet Horizon Europe BioOcean5D (<https://www.biocean5d.org/>) et s'appuie sur le programme scientifique TREC (Traversing European Coastlines, <https://www.embl.org/about/info/trec/>). Le/la doctorante bénéficiera donc d'un contexte international de haut niveau et de collaborations

scientifique avec des partenaires importants (Fondation Tara, EMBL) dans le contexte de la génomique environnementale mondiale. Dans le cadre du projet TREC les données d'ADNe de 30 estuaires européens compléteront les données ROME, afin d'identifier les patrons de biogéographie des microbiomes estuariens à l'échelle de l'Europe. Ce projet de thèse sera mené en parallèle avec un autre projet Horizon Europe, Obama-NEXT (<https://obama-next.eu/>), dont l'objectif est de développer des bioindicateurs de perturbation des écosystèmes côtiers liés aux apports terrigènes à partir de donnée d'ADNe.

### **Profil de candidats souhaité :**

- Master 2 en écologie ou biologie microbienne marine ;
- connaissance en diversité, génétique et écologie des microorganismes marins ;
- connaissance des approches de génomique environnementale et des analyses d'ADNe ;
- propension pour l'analyse de données et la biostatistique (connaissance du logiciel R et des approches classiquement utilisées en dynamique des communautés)
- gestion des données de metabarcoding ;
- intérêt pour la gestion des zones côtières ;
- bonne connaissance de l'anglais ;
- disponibilité pour voyager à l'international dans le cadre de congrès et réunion des projets scientifiques associés.

### **Date de de clôture des candidatures**

16 juillet 2023

### **Sélection des candidats**

17 juillet – 4 août

### **Date de démarrage du contrat**

9 octobre 2023

### **Pour information :**

Raffaele Siano, HDR, Ifremer, DYNECO, Pelagos ([raffaele.siano@ifremer.fr](mailto:raffaele.siano@ifremer.fr))

Mathieu Chevalier, Ifremer, DYNECO, LEBCO ([mathieu.chevalier@ifremer.fr](mailto:mathieu.chevalier@ifremer.fr))