



STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE

Rentrée 2017

Vers une nouvelle méthode moléculaire pour établir le lien entre des virus et leur hôte au sein d'écosystèmes complexes

Irstea-Antony, 1 rue Pierre-Gilles de Gennes CS10030, Bâtiment LAVOISIER 92761 Antony cedex

Encadrant : Ariane Bize (ariane.bize@irstea.fr)

Contexte

Les virus de microorganismes sont ubiquitaires et ils ont une grande influence sur les cycles biogéochimiques ainsi que la dynamique et l'évolution des écosystèmes microbiens. L'écologie virale est en plein essor, en particulier grâce au développement des approches méta-omiques. Toutefois, établir le lien entre des virus et leurs hôtes au sein d'écosystèmes complexes demeure un verrou important dans ce domaine, les virus ne partageant pas systématiquement de gènes ou de séquences génomiques avec leurs hôtes. Plusieurs approches expérimentales élégantes ont été proposées (e.g. Brum & Sullivan, Reviews Microbiology, 2015) et sont complémentaires car leur périmètre d'application et leurs avantages sont variés. L'objectif du stage est d'initier le développement d'une nouvelle méthode basée sur le « Stable Isotope Probing » (SIP) (Neufeld et al, The ISME journal, 2007), pour établir le lien entre des virus et leur hôte au sein d'écosystèmes complexes. L'avantage de cette méthode est qu'elle ne nécessite ni de pouvoir cultiver les hôtes, ni de cibler de famille virale précise.

Lors du stage, la preuve-de-concept de cette approche sera établie sur un système modèle de culture pure (*Escherichia coli* et phages modèles tels que T4). La bactérie sera cultivée sur un milieu minimal contenant du glucose marqué au ^{13}C , un isotope rare et stable du carbone. Après incubation et infection virale, le SIP permettra de séparer les acides nucléiques enrichis et non enrichis en ^{13}C , et ainsi de vérifier que les génomes des phages, dont la répllication se produit à l'intérieur des cellules bactériennes, sont bien enrichis au ^{13}C . La sensibilité et la spécificité de cette méthode seront notamment évaluées grâce à des gammes de taux de substrat marqué utilisés pour les cultures, et des gammes de quantités d'acides nucléiques utilisées pour le SIP. Ces évaluations sont essentielles en vue d'applications au sein de communautés complexes car les enrichissements y sont souvent partiels. Selon l'avancement du stage, l'approche pourra être appliquée à des microcosmes de méthanisation (digestion anaérobie) contenant un substrat marqué au ^{13}C favorisant la croissance des archées méthanogènes (e.g. acétate).

Objectifs du stage

Le stage offre la possibilité de poursuivre par une thèse, financée par l'ANR. Un travail de thèse est en effet le coeur du projet ANR-VIRAME (2017-2021), visant à appliquer cette nouvelle méthode, ainsi que des approches méta-omiques, à des écosystèmes de méthanisation de déchets organiques, afin d'identifier et caractériser *in situ* le contenu génomique de virus d'archées méthanogènes. Les résultats obtenus par cette approche originale seront analysés dans une perspective de biocontrôle des archées méthanogènes au sein de bioprocédés innovants de valorisation de déchets organiques