



STAGE DE MASTER 2 - 2025

« Étude du métabolisme de microorganismes extrêmophiles incultivés impliqués dans la production primaire de l'écosystème hydrothermal serpentinisé, de Prony (Nouvelle Calédonie) par approche métagénomique »

Dominante : bioinformatique, métagénomique, microbiologie

Mots-clés : Métagénomique, microorganismes, extrêmophiles, serpentinisation.

Environnement du stage. Le ou la stagiaire sera accueilli.e dans l'équipe MEB (Microbiologie Environnementale et Biotechnologie) de l'Institut Méditerranéen d'Océanologie ([MIO](#)) situé sur le campus de Luminy à Marseille et sera encadré.e par Gaël Erauso (PR AMU) et Mélanie Hennart (IR bioinformatique). Ce projet est financé par l'Agence Nationale de la Recherche (ANR) dans le cadre du projet [MICROPRONY](#) (2020-2025 Coordinateur G. Erauso).

Période envisagée : janvier-juin 2025.

Contexte. Le projet MICROPRONY vise à comprendre le fonctionnement de l'écosystème microbien unique associé à un système hydrothermal situé dans la baie de Prony, Nouvelle-Calédonie. Là, des cheminées sous-marines de carbonates émettent des fluides alcalins ($\text{pH} > 11$), chauds (43°C), anoxiques enrichis en H_2 , CH_4 et composés organiques produits abiotiquement par un processus géochimique appelé serpentinisation. Ces composés constituent des sources d'énergie et de carbone pour les microorganismes extrêmophiles qui s'y développent et que nous étudions depuis une douzaine d'années par des approches culturelles et métagénomique.

Nos travaux ont révélé que la communauté microbienne se développant au contact du fluide hydrothermal est dominée par des lignées bactériennes et des archées incultivées, présentes uniquement dans ce type d'écosystème alimenté par la serpentinisation.

Nous supposons i) que ces micro-organismes ont développé des caractéristiques spécifiques (métaboliques) qui leur permettent de prospérer dans des conditions aussi difficiles et ii) que les molécules produites abiotiquement soutiennent cet écosystème. Plus spécifiquement, nous pensons que l' H_2 constitue la principale source d'énergie pour les producteurs primaires utilisant soit une forme insoluble de carbone inorganique (CaCO_3), soit des molécules organiques simples et solubles (produites abiotiquement par la serpentinisation) même à pH élevé. Ces hypothèses sont testées en intégrant des méthodes multidisciplinaires combinant métagénomique, géochimie, imagerie et modélisation thermodynamique, par les partenaires du projet.

C'est dans ce contexte que s'inscrit le projet de ce stage de Master dont les grandes lignes du projet.

Objectifs et tâches.

Les objectifs du stage sont :

1. Reconstruire les génomes des microorganismes dominants à partir de métagénomiques (MAGs).
2. Annoter les MAGs avec une attention particulière pour les voies du métabolisme énergétique et de la fixation ou d'assimilation du carbone.

3. Comparer les MAGs avec des lignées proches, ainsi qu'avec ceux provenant de sites comparables ou d'autres environnements, afin de mieux comprendre leur spécificité et leurs relations évolutives.

Les tâches confiées seront :

1. Assembler les reads obtenus (MetaSpades, MEGAHIT) par séquençage massif (Illumina Novaseq) d'ADN environnemental d'échantillons de cheminées et de fluide hydrothermal de plusieurs sites de la baie de Prony. Plusieurs métagénomes sont déjà disponibles (et en cours d'analyse), d'autres seront bientôt séquencés et seront disponibles en début d'année 2025.
2. Reconstruire les Metagenome-Assembled Genomes (MAGs) des microorganismes dominants indigènes en utilisant divers pipeline (Maxbin, MetaBAT 2, Concoct...etc).
3. Établir les données statistiques des MAGs reconstruits et comparaison avec ceux provenant d'autres métagénomes des bases de données publiques.
4. Annoter les gènes des MAGs avec divers outils (Bakta, KofamScan, COG, Pfam).
5. Reconstruire les principales voies métaboliques notamment énergétique et fixation/assimilation du carbone.
6. Comparaison phylogénomique des MAGs (utilisation des marqueurs de GTDB-tk) pour la construction d'arbres.

Perspectives. La reconstruction des principales voies métaboliques des acteurs dominants de Prony nous permettra de mieux comprendre les réseaux trophiques impliqués entre les différents acteurs de cet écosystème et globalement de mieux appréhender leurs mécanismes d'adaptation à ces environnements extrêmes. Cette approche fera partie intégrante du projet de thèse dans la continuité de ce sujet et qui sera proposée au prochain concours de l'école doctorale des Sciences de l'Environnement ED251 ou au concours inter-ED d'AMU.

Profil recherché. Étudiant.e M2/ingénieur.e en bioinformatique et biostatistiques de préférence appliquée au traitement des données séquençage NGS et approche métagénomique ; idéalement avec des notions d'écologie microbienne et motivé par la recherche. La connaissance pratique d'un langage informatique (Bash, Python, R) est un prérequis. Envoyez un CV précisant les coordonnées de référents (encadrants de stage, enseignants), une lettre de motivation et vos notes et classement de M1 à : gael.erauso@mio.osupytheas.fr.

Publications de l'équipe sur le sujet :

- 1 Quéméneur, M. *et al.* Microbial taxa related to natural hydrogen and methane emissions in serpentinite-hosted hyperalkaline springs of New Caledonia. *Frontiers in Microbiology* **14** (2023). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1196516>
- 2 Popall, R. M., Postec, A., Lecoivre, A., Quéméneur, M. & Erauso, G. Metabolic challenges and key players in serpentinite-hosted microbial ecosystems. *Frontiers in Microbiology* **14** (2023). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1197823>
- 3 Frouin, E., Lecoivre, A., Armougom, F., Schrenk, M. O. & Erauso, G. Comparative Metagenomics Highlight a Widespread Pathway Involved in Catabolism of Phosphonates in Marine and Terrestrial Serpentinizing Ecosystems. *mSystems* **7**, e00328-00322 (2022). <https://doi.org/doi:10.1128/msystems.00328-22>
- 4 Quéméneur, M. *et al.* Prokaryotic Diversity and Hydrogenotrophic Methanogenesis in an Alkaline Spring (La Crouen, New Caledonia). *Microorganisms* **9**, 1360 (2021).
- 5 Pelletier, B. *et al.* Le champ hydrothermal hyperalkalin de la baie du Prony. *Géologues* **209**, 29-35 (2021).
- 6 Frouin, E. *et al.* Diversity of rare and abundant prokaryotic phylotypes in the Prony Hydrothermal Field and comparison with other serpentinite-hosted ecosystems. *Front Microbiol* **9** (2018). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00102>
- 7 Mei, N. *et al.* Metagenomic and PCR-based diversity surveys of [FeFe]-hydrogenases combined with isolation of alkaliphilic hydrogen-producing bacteria from the serpentinite-hosted Prony Hydrothermal Field, New Caledonia. *Front Microbiol* **7** (2016). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01301>