

Analyse métabarcoding et Identification des micro-organismes - focus sur les microalgues – de trois lagunes de Corse

Les lagunes sont des écosystèmes côtiers très vulnérables. De part leur faible profondeur et leur emplacement (entre terre et mer), les lagunes peuvent subir des variations importantes de leur composition chimique à la suite des apports du bassin versant, aux assauts de la mer (vagues, tempêtes ...) ou à l'intervention humaine (manque d'entretien, pêche, espèces invasives introduites ...). En Corse, il existe différents types de lagunes selon leur taille : Biguglia (Grande lagune ; > 50 ha), Santa Giulia (Petite lagune ; < 50 ha) ou de leur profondeur (Urbino ou lagune tectonique).

Ces trois écosystèmes ont été suivis pendant 1 an. Leurs caractéristiques physico-chimiques ont été analysées afin de mieux comprendre leur fonctionnement. En parallèle, des échantillonnages ont été réalisés en février, avril, juillet et novembre 2020. L'analyse microscopique a montré une biodiversité différente entre les lagunes et au cours du temps.

Afin de conforter les résultats et de les compléter, une analyse moléculaire a été réalisée sur les mêmes échantillonnages. L'ADN environnemental de 28 échantillons a été extrait et le marqueur moléculaire 18S RNA a été amplifié et séquencé (séquençage Illumina). Cette technique de métabarcoding a généré des métadonnées. Nous avons entre 14 133 séquences pour le plus petit échantillon et 262 926 séquences pour l'échantillon ayant donné le plus de résultats. Une analyse bio-informatique est donc indispensable pour identifier les espèces eucaryotes présentes dans chacun des 28 échantillons. L'étudiant(e) devra réaliser un pipeline d'analyse de ces métadonnées, en vérifiant tout d'abord la qualité des données (fastQC, trimmomatic, bayesHammer ...), en regroupant les séquences identiques (obitools) afin de connaître leur abondance et la variation de celle-ci au cours de l'année dans les lagunes. Enfin, l'assignation des identifications taxonomiques sera réalisée en utilisant des bases de données généralistes (ncbi) ou plus spécifiques spécifiques comme CREST/SILVA (Classification Ressources for Environmental Sequence Tags). Les résultats bio-informatiques seront alors confrontés aux résultats de microscopie.

L'étudiant(e) devra faire preuve de rigueur et d'autonomie. Le stage pourra être fait en présentiel au Mans ou en distanciel avec des réunions journalières. Les dates de stages sont comprises en principe entre janvier et juin.

Contact : Aurore Caruso (aurore.caruso@univ-lemans.fr) Maître de Conférences, Laboratoire Biologie des Organismes, Stress, Santé, Environnement