



**Stage de Master II en Ecologie Microbienne Marine**

**Une Taxonomie Intégrative pour Comprendre la Réponse Adaptative**

**des a-cyanobactéries aux Changements Environnementaux**

**- *CyanoTaxa* -**

**Localisation :** Station biologique de Roscoff, équipe [ECOMAP](https://www.sb-roscoff.fr/en/team-ecomap)

[OrcID](https://orcid.org/0000-0002-8191-8395)

[RG](https://www.researchgate.net/profile/Laurence-Garczarek)

[Web](https://www.sb-roscoff.fr/en/garczarek-laurence/)

**Encadrante** : [Laurence Garczarek](mailto:laurence.garczarek@sb-roscoff.fr) (DR CNRS, HDR)

**Date de démarrage estimée :** Janvier 2024

**Mots clés :** Concept d’espèces, *Synechococcus,* écologie fonctionnelle, génomique évolutive, génomique environnementale, traits phénotypiques

**Contexte de l’étude**

Les a-cyanobactéries, c'est-à-dire les cyanobactéries possédant la forme IA de la RuBisCO (l’enzyme nécessaire à la fixation du CO2 atmosphérique), sont les procaryotes photosynthétiques les plus abondants et les plus ubiquistes dans les écosystèmes aquatiques marins et d'eau douce et contribuent à une grande partie de la productivité primaire nette océanique [1,2]. Outre *Prochlorococcus*, ce groupe monophylétique comprend 3 lignées majeures ou sous-clusters (SC) assignés aux genres *Synechococcus* ou *Cyanobium* [3]. Les membres du SC 5.3 prospèrent dans certains écosystèmes marins et de nombreux lacs d'eau douce tempérés, le SC 5.2 comprend des représentants d'eau douce et halotolérants et domine souvent dans les estuaires, tandis que le SC 5.1 est de loin la lignée la plus abondante en haute mer, avec 5 clades majeurs dominant dans des niches distinctes [4]. Ce succès écologique, ainsi que la disponibilité de nombreuses cultures, génomes et outils génétiques, font des a-cyanobactéries des modèles pertinents en écologie microbienne qui peuvent être étudiés à tous les niveaux d’organisation, des molécules aux écosystèmes. Au cours de la dernière décennie, la génération d'une multitude de données omiques a considérablement amélioré notre connaissance de leur diversité génétique et de leurs capacités métaboliques communes et accessoires. Cependant, leur longue histoire évolutive, leur absence de spécificité morphologique, leur grande plasticité phénotypique et la forte variabilité génotypique entre lignées ou écotypes proches, ont rendu difficile la définition d'unités taxonomiques écologiquement significatives qui sont indispensables pour établir les liens entre diversité phylogénétique, diversité fonctionnelle et la capacité des différents taxons à coloniser des niches écologiques particulières.

**Objectifs**

Dans ce contexte, les principaux objectifs de ce stage qui s’intégrera dans l’ANR TaxCy (2024-27) seront de :

1. Définir une formulation du **concept d'espèce pour les a-cyanobactéries** intégrant les nombreuses données disponibles concernant le **phénotype, le génotype et l'écologie des souches-types** (ou génomes-types pour les taxons non cultivés).
2. Utiliser ce système de classification optimisé pour mieux **comprendre l'évolution des espèces** de ce groupe et **comment les génotypes se sont différenciés fonctionnellement et écologiquement** de leurs proches parents en réponse aux facteurs environnementaux.
3. Décrire et modéliser les niches environnementales afin d’identifier les **voies métaboliques impliquées dans la survie des différentes espèces dans leurs niches spécifiques**.

**Méthodes**

Afin de mener à bien ce projet, le (ou la) stagiaire exploitera les nombreux génomes disponibles (~1500) et ceux nouvellement séquencés au cours de ce projet, qui seront annotés grâce au système d'information [*Cyanorak*](http://www.sb-roscoff.fr/cyanorak) [8] pour constituer une base de génomes de référence fiable qui sera ensuite utilisée pour i) aider à délimiter les espèces candidates en fonction de leur génotype et de leur phénotype *in silico*, basé sur la présence/absence de gènes fonctionnels permettant de prédire leur capacité à assimiler différents nutriments, à répondre à différents stress, etc. et ii) réconcilier les taxonomies issues de différents marqueurs génétiques (16S, *rpoC1*, *petB*, etc.) en utilisant une base de séquences de référence ‘maison’ (*[CyanoMarks](https://github.com/roskobaz/cyanomarks)*) et mieux évaluer la diversité génomique des a-cyanobactéries. Enfin, CyanoTaxa utilisera des données de méta-omes disponibles depuis peu (stations à long terme SOMLIT-ASTAN et BOUSSOLE et expédition Tonga) afin de d’identifier les voies métaboliques impliquées dans l’adaptation aux principales niches écologiques trouvées dans les écosystèmes marins par une approche de réseau (e.g. WGCNA, [9,10,11]).

**Résultats attendus**

Bien que des initiatives de classification globale des procaryotes comme GTDB [6] ou SeqCode [7] aient déjà permis de faire des progrès significatifs vers la normalisation de la taxonomie de ces microorganismes, les résultats de ce projet de master permettront de les compléter en proposant une taxonomie pragmatique et consensuelle pour l'un des groupes phytoplanctoniques les plus étudiés et les plus pertinents sur le plan écologique, les a-cyanobactéries. Cette taxonomie intégrera les nombreuses connaissances accumulées sur ces organismes depuis leur découverte, mais également de nouvelles données phénotypiques, génomiques et/ou écologiques qui seront utilisées pour définir des espèces écologiquement pertinentes et mieux comprendre les bases moléculaires de la distribution des a-cyanobactéries dans des niches environnementales distinctes. Une autre valeur ajoutée importante du projet CyanoTaxa sera de mettre à jour des bases de données de référence développées par l’équipe d’accueil, permettant d’étudier la diversité génétique (*CyanoMarks*), fonctionnelle (*Cyanorak*) et phénotypique (*CyanoTraits*) de ce groupe clé de micro-organismes. Ces bases constituent des outils inestimables pour la communauté scientifique à l'ère des big data, non seulement pour évaluer la biodiversité actuelle, mais aussi pour évaluer l'effet du changement global et plus généralement des activités anthropiques sur les acteurs clés des écosystèmes aquatiques.

**Environnement scientifique**

Le (ou la) stagiaire travaillera au sein de l’équipe ECOMAP de la Station biologique de Roscoff (CNRS et Sorbonne Université). Il sera encadré par M. E. Faure (postdoctorant en bioinformatique) et L. Garczarek et travaillera en interaction avec la plateforme ABIMS de la Station Biologique de Roscoff pour l’accès au cluster de calcul. Par ailleurs, ce projet sera réalisé en étroite collaboration avec Damien Eveillard (Prof. Univ. Nantes) et Samuel Chaffron (CR CNRS Nantes), qui possèdent une large expertise en bioinformatique et en modélisation des systèmes biologiques.

**Profil et compétences recherchées**

* Connaissance en bioanalyse (langage R et/ou python et/ou bash) et analyses statistiques.
* Intérêt pour les sciences biologiques et plus particulièrement pour l’écologie marine.
* Capacité à travailler en équipe et, plus particulièrement dans un milieu pluridisciplinaire.
* Autonomie, initiative, capacité d’organisation, bon esprit d'analyse et de synthèse.
* Maîtrise des techniques de présentation écrite et orale et bon niveau d’anglais (lu, parlé et écrit).

**Références bibliographiques**

1. Flombaum P et al. Present and future global distributions of the marine Cyanobacteria PNAS 110, 9824 (2013).

2. Cabello-Yeves PJ et al. α-cyanobacteria possessing form IA RuBisCO dominate aquatic habitats. ISME J 16, 2421 (2022).

3. Doré H et al. Evolutionary mechanisms of genome diversification associated with niche partitioning Front. Microbiol. 11 (2020).

4. Farrant GK et al. Delineating ecologically significant taxonomic units from global patterns of marine picocyanobacteria. PNAS 113, E3365 (2016).

5. Parks DH et al. A standardized bacterial taxonomy based on genome revises the tree of life. Nat Biotech 36, 996 (2018).

6. Whitman WB. et al. Development of the SeqCode: A proposed nomenclatural code for uncultivated prokaryotes with DNA sequences as type. Syst. Appl. Microbiol. 45, 126305 (2022).

7. Komárek J. Quo vadis, taxonomy of cyanobacteria (2019). Fottea 20, 104 (2020).

8. Garczarek L et al. Cyanorak v2.1: a scalable information system dedicated to the visualization and expert curation of marine picocyanobacteria genomes. NAR 49, D667 (2021).

9. Doré H et al. Differential global distribution of marine picocyanobacteria gene clusters reveals distinct niche-related adaptive strategies. BioRxiv 10.1101/2022.08.17.504260 (2022).

10. Ustick LJ et al. Metagenomic analysis reveals global-scale patterns of nutrient limitation. Science 372, 287 (2021).

11. Langfelder P, Horvath S. WGCNA: an R package for weighted correlation network analysis. BMC Bioinfo 2008; 9: 559.