

Proposition de stage pour M2:

Stage : Analyse des voies métaboliques de bactéries marines

Le Laboratoire d'Analyses Bioinformatiques pour la Génomique et le Métabolisme ([LABGeM](#)) est une équipe de bioinformatique qui développe des outils et des méthodes destinés à l'analyse de génomes microbiens. Le LABGeM a une expertise dans le domaine de l'annotation et la comparaison de génomes procaryotes par le développement de plusieurs approches et méthodes. Il offre également à la communauté internationale de microbiologistes l'accès à une plateforme web, nommée MicroScope.

Le projet Phaeoexplorer a pour but l'analyse des génomes et des transcriptomes d'algues brunes (<https://phaeoexplorer.sb-roscoff.fr/home/>). Lors du séquençage de ces algues, des contaminants bactériens ont été retrouvés. Nous souhaitons étudier les interactions entre ces bactéries et leurs hôtes (https://labgem.genoscope.cns.fr/2023/05/10/bact_phaeoexplorer/). Une première étape de reconstruction de ces génomes bactériens nous a permis de reconstruire plus de 700 MAGs (Metagenome-Assembled Genomes) de bonne qualité.

Le but du stage est de faire une analyse comparative des différentes voies métaboliques retrouvées puis de détecter certaines voies métaboliques clés (synthèse de la vitamine B12, production d'énergie, photosynthèse) parmi ces MAGs. Dans un second temps, l'étudiant mettra en relation la présence des voies métaboliques bactériennes avec la phylogénie des algues brunes afin de mettre en évidence des corrélations.

Missions:

- Créer un répertoire des voies métaboliques dans ces différents MAGs.
- Étude de la distribution taxonomique de ces voies métaboliques.
- Étude de la présence/absence de voies métaboliques clés.

Profil recherché:

- Master 2 de bioinformatique et/ou génomique
- Informatique : linux, programmation python, base de données (en plus)
- Bioinformatique : génomique comparée, annotation fonctionnelle
- Biologie : métabolisme, microbiologie

Durée : 5 à 6 mois

Lieu : 2 rue Gaston Crémieux 91000 Evry-Courcouronnes

Contacts:

Mark Stam (mstam@genoscope.cns.fr)

Raphaël Meheust (rmeheust@genoscope.cns.fr)