

# Proposition de sujet de thèse 2020

(A remplir par les équipes d'accueil et à retourner à Isabelle HAMMAD : [hammad@cerege.fr](mailto:hammad@cerege.fr)  
\*à renseigner obligatoirement pour la validation du sujet, (1) : A remplir lors de la campagne d'attribution des allocations, à l'issue de la session de juin des Masters

**Sujet de doctorat proposé \***: Physiologie et génomique de procaryotes thermo-acidophiles incultivés de sources hydrothermales volcaniques des îles éoliennes : implication dans les cycles géochimiques du S, Fe, N, et C.

Encadrant(s), nom, prénom, adresse mail \*: ERAUSO Gaël, [gael.erauso@mio.osupytheas.fr](mailto:gael.erauso@mio.osupytheas.fr)

Laboratoire \*: Institut Méditerranéen d'Océanologie (MIO), équipe MEB

## Tableau récapitulatif du sujet

<b>Candidat(e)</b> <sup>(1)</sup>	
Nom - Prénom :	
Date de naissance :	
Licence (origine, années, mention) :	
Mention et classement au Master 1 année (Xème sur Y)	
Mention et classement au S3 du Master 2 (Xème sur Y)	
Mention et classement au S4 du Master 2 (Xème sur Y)	
Mention et classement au M2 (année) (Xème sur Y)	
MASTER (nom, université)	
<b>Sujet de doctorat proposé*</b>	<b>Physiologie et génomique de procaryotes thermo-acidophiles incultivés de sources hydrothermales volcaniques des îles éoliennes : implication dans les cycles D, Fe, N et C</b>
Encadrants (2 max, indiquer si HDR ou pas)*	ERAUSO Gaël (HDR), ARMOUGOM Fabrice
Laboratoire*	MIO
Programme finançant la recherche (indiqué si obtenu ou envisagé) (1)	Obtenus : X-TREMOPHILES, CNRS, Mission pour l'Interdisciplinarité (2017-2019) et CALDAMMOX CNRS, INSU, EC2CO (2019-2021).

## Sujet de doctorat proposé\*

Intitulé\* : Physiologie et génomique de procaryotes thermo-acidophiles incultivés de sources hydrothermales volcaniques des îles éoliennes : implication dans les cycles géochimiques du S, Fe, N, et C.

Descriptif \*:

### Contexte

Les microorganismes thermophiles et/ou acidophiles tels ceux isolés de sources hydrothermales volcaniques sont d'un intérêt scientifique considérable pour : i) leurs adaptations moléculaires aux conditions physico-chimiques qui dénaturent les protéines ou les acides nucléiques de toutes les autres formes de vie ; ii) l'étude de l'évolution et de l'origine de la vie sur Terre. La majorité d'entre eux, identifiée indirectement par des approches moléculaires, constitue une "matière noire"

[1] car on ignore leurs fonctions biologiques. Ces incultivés représentent des pans entiers du nouvel arbre du vivant [2] dont le mode de vie et le métabolisme restent largement méconnus.

Ce projet a donné lieu à une campagne d'échantillonnage réalisée en juin 2017 sur les îles de Panarea et Vulcano (d'autres campagnes sont prévues). Les données géochimiques des fluides et gaz collectés au niveau de plusieurs points d'émission ont permis de décrire leur nature, leur origine et de modéliser la circulation hydrothermale dans ces systèmes. L'étude de la diversité microbienne de ces sites, réalisée par séquençage d'une partie du gène (région V3-V4) de l'ARNr16S (F. Armougom), a révélé une richesse et abondance sans précédent de bactéries et surtout d'archées incultivées représentant de nouveaux phylum candidats (e.g. *Nanoarchaeota*, *Wosearchaeota*, *Hydrothermarcheaota*) dont la distribution est fortement corrélée avec les paramètres physico-chimiques, définissant plusieurs niches ou habitats au sein de ces écosystèmes. La modélisation thermodynamique des principaux métabolismes microbiens *in situ* a montré que les réactions d'oxydo-réduction des composés soufrés représentent la principale source d'énergie dans ces écosystèmes et révélé le couplage entre les cycles géochimiques du Fe, N, et S [3]. Par ailleurs, des études récentes suggèrent l'importance des échanges métaboliques (syntrophie) entre différents partenaires au sein des communautés [4] et l'originalité de sources et voies de fixation du carbone possiblement utilisées par ces extrémophiles [5]. Ces aspects seront aussi abordés dans l'analyse des données métagénomiques.

Des cultures ciblant ces types métaboliques sont en cours et visent à enrichir, sinon à isoler, certains des microorganismes extrémophiles les plus intéressants (originalité métabolique ou phylogénétique) afin de les étudier *in vivo* en combinant les méthodes culturales et génomiques. En anticipant les difficultés pour réussir à cultiver les plus récalcitrants en culture axénique, nous appliquerons la technique de capture (par hybridation) de grands fragments de génomes à partir de l'ADN extrait des consortia microbiens obtenus en culture pour faciliter la reconstruction des génomes individuels des bactéries ou archées extrémophiles ciblés [6,7]. Ceci nous permettra de faire le lien entre les fonctions supposées de ces microorganismes et leur identité (phylogénie ARNr 16S).

### **Missions et objectifs de la thèse**

Le ou la doctorant(e) sera chargé(e) d'analyser les données (méta)génomiques déjà disponibles ou qui seront obtenues en début de thèse par séquençage massif des ADNe extraits des sites d'études. L'objectif principal sera de reconstruire le plus complètement possible les génomes des extrémophiles incultivés. Pour ceux qu'il sera possible d'enrichir en culture (c'est le cas de la première archée cultivée du super phylum d'Asgard [8]) cette tâche pourra être facilitée grâce à la méthode de capture de gènes appliquée aux cultures de consortia microbiens en partenariat avec l'équipe du MEDIS à Clermont. Ces données (méta)génomiques, complétées par les données physiologiques obtenues par le suivi microbiologique des cultures (analyse des produits du métabolisme, microscopie confocale + FISH) nous permettront d'élucider la physiologie et le métabolisme des extrémophiles d'intérêt et de mieux comprendre leur rôle au sein de l'écosystème. Ces données, devraient également nous fournir des informations précieuses pour isoler ces microorganismes en culture axénique, ce qui constitue une étape cruciale pour la validation des hypothèses émises sur leurs fonction. Cette thèse, située au croisement de plusieurs disciplines bénéficiera des données et de l'appui scientifique des partenaires du projet de recherche dans lequel s'inscrit la thèse. Ce projet et cette thèse sont très ambitieux. Nous anticipons des résultats très originaux et des publications dans des revues scientifiques à fort impact

### **Profil recherché**

Nous recherchons un(e) candidat(e) ayant une formation de base en bioinformatique et bio-statistiques qui s'intéresse à la microbiologie et sera prêt à combiner l'approche *in silico* avec l'approche expérimentale. L'expérience pratique de la microbiologie est un avantage mais n'est pas indispensable. D'autre part, les candidats ayant une formation en sciences expérimentales connexes (biologie moléculaire, microbiologie ou biochimie) et ayant un penchant pour la bioinformatique sont également les bienvenus. La, ou le candidat(e) doit faire preuve d'ouverture d'esprit et être capable de travailler à l'interface de différentes disciplines

### **Environnement du stage**

Le ou la doctorant(e) sera accueilli(e) dans l'équipe MEB (Microbiologie Environnementale et Biotechnologie) du MIO (Mediterranean Institute of Oceanography) et encadré par le Pr. Gaël Erauso pour la partie génomique et physiologie microbienne. Pour la partie métagénomique-bioinformatique, le candidat sera encadré par le Dr. Fabrice Armougom, Ingénieur de recherche en bioinformatique, responsable de la plateforme OMICs du MIO et qui fait partie intégrante du projet ; Le ou la doctorant(e) bénéficiera également du soutien méthodologique d'un ingénieur de recherche en bioinformatique qui sera recruté en janvier 2021 sur un CDD financé par le projet ANR MICROPRONY (coordonné par G. Erauso) et dont la mission sera de mettre en place les analyses métagénomiques sur des échantillons hydrothermaux..

### **Références : (souligné : auteurs partenaires du projet finançant la recherche)**

1. Rinke, C., Schwientek, P., Sczyrba, A., Ivanova, N.N., Anderson, I.J., Cheng, J.-F., Darling, A., Malfatti, S., Swan, B.K., Gies, E.A., et al. (2013). Insights into the phylogeny and coding potential of microbial dark matter. *Nature* 499, 431-437.

2. Hug, L.A., Baker, B.J., Anantharaman, K., Brown, C.T., Probst, A.J., Castelle, C.J., Butterfield, C.N., Hermsdorf, A.W., Amano, Y., Ise, K., et al. (2016). A new view of the tree of life. *Nature Microbiology* 1, 16048.
3. Price, R.E., LaRowe, D.E., Italiano, F., Savov, I., Pichler, T., and Amend, J.P. (2015). Subsurface hydrothermal processes and the bioenergetics of chemolithoautotrophy at the shallow-sea vents off Panarea Island (Italy). *Chemical Geology* 407-408, 21-45.
4. Liu, X., Li, M., Castelle, C.J., Probst, A.J., Zhou, Z., Pan, J., Liu, Y., Banfield, J.F., and Gu, J.-D. (2018). Insights into the ecology, evolution, and metabolism of the widespread Woese archaeal lineages. *Microbiome* 6, 102.
5. Carr, S.A., Jungbluth, S.P., Eloe-Fadros, E.A., Stepanauskas, R., Woyke, T., Rappé, M.S., and Orcutt, B.N. (2019). Carboxydrotrophy potential of uncultivated Hydrothermarchaeota from the seafloor crustal biosphere. *The ISME Journal* 13, 1457-1468.
6. Gasc, C., and Peyret, P. (2018). Hybridization capture reveals microbial diversity missed using current profiling methods. *Microbiome* 6, 61.
7. Gasc, C., and Peyret, P. (2017). Revealing large metagenomic regions through long DNA fragment hybridization capture. *Microbiome* 5, 33
8. Imachi, H., Nobu, M.K., Nakahara, N., Morono, Y., Ogawara, M., Takaki, Y., Takano, Y., Uematsu, K., Ikuta, T., Ito, M., et al. (2020). Isolation of an archaeon at the prokaryote–eukaryote interface. *Nature* 577, 519-525

Détail du Programme finançant la recherche\* :

La thèse proposée s'inscrit dans le cadre de projets intitulés "X-TREMOPHILES" (coordinateur G. Erauso, 2017-2019) et "CALDAMMOX" (coordinateur G. Erauso, 2019-2021) financés respectivement par le programme X-Life de la mission interdisciplinarité du CNRS et par le programme EC2CO de l'INSU. Ces deux projets visent à étudier les extrémophiles méconnus : leur diversité spécifique et fonctionnelle (métabolisme et physiologie). Les sites d'études sont les sources hydrothermales des îles volcaniques de Vulcano et Panarea (Italie). L'approche méthodologique intègre plusieurs disciplines impliquant plusieurs équipes reconnues au plan international : 1. P. Peyret, MEDIS, Clermont (Métagénomique), V. Chavagnac, GET, Toulouse (Géochimie), C. Brochier-Armanet, LBBE, Lyon (Phylogénomique-évolution), et des collaborateurs étrangers : G. Capasso, INGV, Palerme, Italie (Vulcanologie), L. Laurent, SMG, Kazakhstan (modélisation-bioénergétique), R. Price, SoMAS, NY, USA (Géomicrobiologie).

### Directeur(s) de thèse proposé(s)\*

(limiter au plus à deux personnes principales, dont au moins une titulaire de l'HDR)

### Directeur HDR proposé\*

Nom - Prénom : ERAUSO Gaël

Corps : Professeur

Adresse mail : [gael.erauso@mio.osupytheas.fr](mailto:gael.erauso@mio.osupytheas.fr)

Laboratoire (i.e. formation contractualisée de rattachement, éventuellement équipe au sein de cette formation) :

Institut Méditerranéen d'Océanologie (MIO)

Choix de cinq publications récentes (souligner éventuellement les étudiants dirigés co-signataires) :

- [1] Quéméneur, M., Erauso, G., Frouin, E., Zeghal, E., Vandecasteele, C., Ollivier, B., Tamburini, C., Garel, M., Menez, B., and Postec, A. (in press) Hydrostatic pressure helps to cultivate an original anaerobic bacterium from the Atlantis Massif seafloor (IODP Expedition 357): *Petrocella atlantisensis* gen. nov. sp. nov., *Front Microbiol.*
- [2] Frouin, E., Bes, M., Ollivier, B., Quéméneur, M., Postec, A., Debroas, D., Armougom, F., and Erauso, G. (2018) Diversity of rare and abundant prokaryotic phylotypes in the Prony Hydrothermal Field and comparison with other serpentinite-hosted ecosystems, *Front Microbiol* 9.
- [3] Mei, N., Postec, A., Monnin, C., Pelletier, B., Payri, C. E., Ménez, B., Frouin, E., Ollivier, B., Erauso, G., and Quéméneur, M. (2016) 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.
- [4] Postec, A., Quéméneur, M., Bes, M., Mei, N., Benaïssa, F., Payri, C., Monnin, C., Pelletier, B., Guentas, L., Ollivier, B., Gérard, E., Pisapia, C., Gérard, M., Ménez, B., and Erauso, G. (2015) Microbial diversity in a submarine carbonate edifice from the serpentinitizing hydrothermal system of the Prony Bay (New Caledonia) over a 6-year period, *Front Microbiol* 6.
- [5] Quéméneur, M., Bes, M., Postec, A., Mei, N., Hamelin, J., Monnin, C., Chavagnac, V., Payri, C., Pelletier, B., Guentas-Dombrowsky, L., Gérard, M., Pisapia, C., Gérard, E., Ménez, B., Ollivier, B., and Erauso, G. (2014) Spatial distribution of microbial communities in the shallow submarine alkaline hydrothermal field of the Prony Bay, New Caledonia, *Environ Microbiol Rep* 6, 665-674.

## Thèses encadrées ou co-encadrées au cours des quatre dernières années\*

Nom : **FROUIN** Eléonore

Intitulé : *Etude de la biosphère microbienne des systèmes serpentinisés profonds par des approches de (meta)génomique environnementale*

Type d'allocation : **MRT**

Date de début de l'allocation de doctorat : **01/10/2015**

Date de soutenance (si la thèse est soutenue) : **17/12/2018**

Programme finançant la recherche : **ANR Deep Oases**

Situation actuelle du docteur (si la thèse est soutenue) : **Ingénieur de Recherche en Bioinformatique à L'Institut Curie (Paris)**

Pourcentage de participation du directeur à l'encadrement en cas de co-direction : **50% avec F. Armougom**

Nom : **MEI** Nan

Intitulé : *Ecologie des micro-organismes producteurs d'hydrogène des sources hydrothermales alcalines associées à la serpentinitisation en Baie de Prony, Nouvelle Calédonie*

Type d'allocation : **Bourse du gouvernement chinois**

Date de début de l'allocation de doctorat : **15/09/2013**

Date de soutenance (si la thèse est soutenue) : **30/09/2016**

Programme finançant la recherche : **ANR Deep Oases**

Situation actuelle du docteur (si la thèse est soutenue) : **Journaliste scientifique pour une revue Chinoise**

Pourcentage de participation du directeur à l'encadrement en cas de co-direction : **50 % avec Marianne Quéméneur.**

Nom : **BES** Méline

Intitulé : *Etude des communautés microbiennes d'un système hydrothermal serpentinsé, la baie de Prony en Nouvelle Calédonie : approches culturelles et moléculaires*

Type d'allocation : **MRT**

Date de début de l'allocation de doctorat : **01/11/2012**

Date de soutenance (si la thèse est soutenue) : **02/02/2016**

Programme finançant la recherche : **CNRS INSU EC2CO : MicroProny ; ANR Deep Oases**

Situation actuelle du docteur (si la thèse est soutenue) : **Professeure certifiée de biotechnologie en Lycée Technique**

Pourcentage de participation du directeur à l'encadrement en cas de co-direction : **50 % avec Anne Postec.**

## Autre directeur proposé (éventuellement)\*

Nom - Prénom : **ARMOUGOM** Fabrice

Corps : **Ingénieur de Recherche (IRD)**

**Adresse mail** : [fabrice.armougom@mio.osupytheas.fr](mailto:fabrice.armougom@mio.osupytheas.fr)

Laboratoire (i.e. formation contractualisée de rattachement, éventuellement équipe au sein de cette formation) :

**Master d'Océanographie, Institut Méditerranéen d'Océanologie (MIO), équipe Microbiologie Environnementale et Biotechnologie (MEB)**

Choix de cinq publications récentes (souligner éventuellement les étudiants dirigés co-signataires) :

1. Belahbib H, Summers ZM, Fardeau ML, Joseph M, Tamburini C, Dolla A, Ollivier B, **Armougom F\***. Towards a congruent reclassification and nomenclature of the thermophilic species of the genus *Pseudothermotoga* within the order Thermotogales. *Syst Appl Microbiol.* 2018 Nov;41(6):555-563.

2. **Frouin, E., M. Bes,** B. Ollivier, M. Quéméneur, A. Postec, D. Debros, **F. Armougom** and G. Erauso (2018). Diversity of Rare and Abundant Prokaryotic Phylotypes in the Prony Hydrothermal Field and Comparison with Other Serpentinite-Hosted Ecosystems. *Frontiers in Microbiology* 9(102)

2. **Zouch H,** Karray F, **Armougom F,** Chifflet S, Hirschler-Réa A, Kharrat H, Kamoun L, Ben Hania W, Ollivier B, Sayadi S et al: Microbial Diversity in Sulfate-Reducing Marine Sediment Enrichment Cultures Associated with Anaerobic Biotransformation of Coastal Stockpiled Phosphogypsum (Sfax, Tunisia) (2017) *Frontiers in Microbiology* 8(1583).

4. **El Kaoutari A, Armougom F,** Leroy Q, Vialettes B, Million M, Raoult D, Henrissat B\*. Development and validation of a microarray for the investigation of the CAZymes encoded by the human gut microbiome. *PloSOne.* 2013 Dec31;8(12):e84033.

5. [El Kaoutari A, Armougom F, Gordon JI, Raoult D, Henrissat B\\*](#). The abundance and variety of carbohydrateactive enzymes in the human gut microbiota. *Nat Rev Microbiol.* 2013 Jul;11(7):497-504.

### **Thèses encadrées ou co-encadrées au cours des quatre dernières années\***

Nom : [FROUIN Eléonore](#)

Intitulé : [Etude de la biosphère microbienne des systèmes serpentinisés profonds par des approches de \(meta\)génomique environnementale](#)

Type d'allocation : [MRT](#)

Date de début de l'allocation de doctorat : [01/10/2015](#)

Date de soutenance (si la thèse est soutenue) : [17/12/2018](#)

Programme finançant la recherche : [ANR Deep Oases \(2014-2018\)](#)

Situation actuelle du docteur (si la thèse est soutenue) : [Ingénieur de Recherche en Bioinformatique à L'Institut Curie \(Paris\)](#)

Pourcentage de participation du directeur à l'encadrement en cas de co-direction : [50% \(avec G. Erauso\)](#)

Nom : [EL KAOUTARI Abdessamad](#)

Intitulé : [Exploration des enzymes du microbiome intestinal humain impliquées dans la digestion des sucres complexes](#)

Type d'allocation : [Bourse Infectiopole Sud](#)

Date de début de l'allocation de doctorat : [Novembre 2010](#)

Date de soutenance (si la thèse est soutenue) : [Décembre 2013](#)

Programme finançant la recherche : [\\_](#)

Situation actuelle du docteur (si la thèse est soutenue) : [inconnue](#)

Pourcentage de participation du directeur à l'encadrement en cas de co-direction : [40% \(avec Bernard Henrissat\)](#)