

Offre de Stage M2 : Identification des sources d'invasion par les populations microbiennes antibiorésistantes dans une exploitation aquaponique

Mots clefs : Ecologie microbienne, antibioresistance, invasion

Laboratoire d'accueil : LCPME (Laboratoire de Chimie Physique et Microbiologie pour les Matériaux et l'Environnement - UMR 7564 CNRS - Université de Lorraine, équipe Microbiologie environnementale (<http://www.lcpme.cnrs-nancy.fr>).

Encadrante : Frédérique CHANGEY, Maîtresse de conférences - Université de Lorraine

Co-encadrant : Christophe MERLIN, Maître de Conférences - Université de Lorraine

Pour postuler au stage, le ou la candidat-e doit envoyer une lettre de motivation et un CV détaillé à l'adresse suivante frederique.changey@univ-lorraine.fr avant le 31.10.2022

Le sujet de stage s'intègre dans un projet de recherche pluridisciplinaire associant trois laboratoires, le LCPME, l'UR AFPA et le LAE, afin de caractériser le fonctionnement d'une ferme aquaponique. L'aquaponie constitue une approche agricole nouvelle pour faire face au manque d'eau et à l'artificialisation des sols. C'est un système qui repose sur l'association de l'aquaculture et du maraichage en circuit quasi fermé. Concrètement, l'eau de pluie collectée est utilisée pour l'élevage de poissons d'eau douce lesquels vont l'enrichir grâce à leurs déjections. L'ammoniac contenu dans cette eau est ensuite converti en nitrate *via* une réaction biotique réalisée par les communautés microbiennes aquatiques. Ces nitrates seront absorbés par les racines et s'associeront, entre autres, au carbone d'origine atmosphériques pour former les molécules biologiques végétales. Les fermes aquaponiques peuvent constituer une alternative à l'agriculture conventionnelle, notamment en raison d'une culture moins gourmande en eau (90% de moins par rapport à l'agriculture en sol). Néanmoins, une absence de connaissances scientifiques solides de ces systèmes, et de sa qualité microbiologique, font potentiellement du système aquaponique un environnement à risque pour les poissons ou les plantes, voire le consommateur. Une illustration de cette incertitude dans la composante biologique est le devenir des bactéries allochtones dans le continuum aquaponique, et en particulier les bactéries antibiorésistantes. Une dispersion de ces microorganismes dans un système aquaponique pose deux problèmes, l'un au niveau de la gestion du bien-être animal, l'autre au niveau de la transmission à l'Homme *via* la consommation des légumes produits ou par dissémination dans l'environnement. Nos travaux préliminaires ont permis d'identifier qu'il existait une diversité importante de gènes responsables d'antibioresistance dans notre ferme pilote. L'idée est maintenant d'approfondir ces premiers résultats sur l'invasion de l'antibioresistance dans le système.

Les objectifs de ce stage seront multiples (i) de caractériser les sources d'invasion par les bactéries antibiorésistantes dans le système (ii) d'identifier s'il existe une compartimentation de cette antibioresistance (eau, biofilm, poissons, sédiments...) (iii) et d'appréhender le succès de l'invasion, à savoir le maintien temporel de la fonction d'antibioresistance dans le système.

Programme de travail : Pour répondre à ces objectifs, de l'eau et des biofilms seront échantillonnés tout le long du continuum aquaponique (bacs de stockage, bassins, zones amont et aval des travées de culture) ainsi que dans chacun des intrants et des déchets. L'ADN des **communautés microbiennes** contenus dans ces échantillons sera extrait. Les manipulations consisteront en l'utilisation de méthodes de **biologie moléculaire** (PCR quantitative, biopuce et séquençage) sur ces ADN extraits pour caractériser la diversité microbienne et identifier les sources

de bactéries antibiorésistantes et leur maintien (voire amplification) dans le système, témoignant du succès de l'invasion.

- Dans un premier temps ; une approche de **metabarcoding** sera effectuée sur ces échantillons pour les appréhender d'un point de vue qualitatif afin d'identifier les spécificités taxonomiques de chacun des compartiments et ainsi localiser la ou les sources d'entrée de nouveaux microorganismes dans le système.
- La distribution quantitative et qualitative de l'antibiorésistance sera appréhendée avec la **biopuce © Resistomap** capable de balayer 384 gènes d'antibiorésistance et de cibler cet antibiorésistance par qPCR et ddPCR.
- Une approche de **metatranscriptomique** permettra de vérifier le maintien spatio-temporel de la fonction d'antibiorésistance dans le système

Qualifications requises : Nous recherchons un-e candidat-e en **Master 2** possédant les qualifications professionnelles et personnelles suivantes :

- Très bonnes compétences en Microbiologie, biologie moléculaire mais des connaissances en bioinformatique et traitement de données seront fortement appréciées.
- Expérience dans les manipulations de biologie moléculaire (extraction d'ADN, qPCR), les prélèvements sur le terrain et l'analyses de données, **néanmoins nous invitons les candidat-es extrêmement motivées et désireux de se former à ces techniques à candidater.**
- Bonnes qualités rédactionnelles, grande curiosité scientifique, enthousiasme.