

Contrat post-doctoral 2015

Hémo-microbiote de l'huître: diversité microbienne et dynamique au cours de pathogénèse expérimentale chez *Crassostrea gigas*.

Responsable scientifique : ESCOUBAS Jean-Michel Chargé de Recherche (CR1) CNRS

Contacts : jmescoabas@univ-montp2.fr ; Caroline.Montagnani@ifremer.fr

L'huître *Crassostrea gigas*, espèce la plus exploitée en France et dans le monde, souffre d'épisodes de mortalité estivale dévastateurs, dont la gravité a augmenté de façon spectaculaire depuis 2008. Des projets de recherche ont mis en évidence que ces mortalités étaient liées à: des facteurs abiotiques, des pratiques d'élevage, la génétique des huîtres, leur histoire de vie, leur statut immunitaire et, bien sûr, des agents pathogènes. Il a été récemment suggéré que les bactéries vivant dans l'hémolymphe des huîtres (hémo-microbiote) pourraient également être un facteur affectant la fitness des huîtres. Cependant, la plupart des recherches ne prennent pas en compte l'hémo-microbiote globale, mais se concentrent sur les populations bactériennes. Le post-doctorant sera associé à un programme de recherche intégrant (i) l'analyse qualitative et quantitative de la globalité de l'hémo-microbiote (virus, procaryotes et eucaryotes) par des approches classiques (microscopie et cytométrie) mais aussi des approches nouvelles de métagénomique (métabarcoding et « shotgun metagenomic sequencing ») ; (ii) l'analyse de la dynamique de l'hémo-microbiote chez des huîtres de fonds génétiques différents et de statuts immunitaires variés le tout, dans des environnements et historiques d'interactions entre les protagonistes de ce pathosystème différents. Ces études permettront de déterminer si l'huître peut contrôler, adapter la composition de son hémo-microbiote pour améliorer sa fitness, en particulier dans le contexte de l'émergence de maladies.

Mots clés: huîtres du Pacifique, communautés microbiennes, microbiome de l'hémolymphe, fond génétique, réponse immunitaire.

The main oyster species exploited in France and worldwide, *Crassostrea gigas*, suffers from devastating summer mortality outbreaks, which severity has dramatically increased since 2008. A series of research projects have evidenced that mortality outbreaks are linked to abiotic factors, human activities, oyster genetics, their life history, their immune status and of course, to pathogens that might influence each other. It has been recently suggested that bacteria living in oysters' hemolymph (hemo-microbiota) might also be a factor affecting oyster fitness. However, most of the research does not consider overall microbiota but focus on bacteria living in oyster hemolymph. The candidate will be associated to a research program integrating (i) qualitative and quantitative analyses of overall oyster hemo-microbiota (virus, prokaryote and eukaryote) through classical approaches (microscopy and cytometry) as well as recent metagenomic methods (metabarcoding and shotgun metagenomic sequencing) and (ii) the analysis of hemo-microbiota dynamic in various genetic background and immune statute of the host, changes in the environment and the history of interactions between the protagonists of this pathosystem. These studies will determine if the oyster can control and adapt the composition of its hemo-microbiota to improve its fitness especially in the context of disease emergence.

Key words: Pacific oyster, microbial communities, hemolymph microbiome, genetic background, immune response.

- Profil de candidature souhaitée:

Doctorat en biologie, spécialisation en biologie moléculaire, transcriptomique, bioinformatique, biologie cellulaire.

PHD in biology, specialized in molecular biology, transcriptomic approaches, bioinformatics and cellular biology