

# **Proposition de stage Parcours Master 2 “Microbiologie, Environnement, Santé”**

**Titre du projet de stage :**

**Genomic and phenotypic characterization of new resistance genes in marine environmental samples.**

**Caractérisation génomique et phénotypique des nouveaux gènes de résistance en milieu marin.**

**Laboratoire :** UMR 5244 IHPE

**Intitulé :** Interactions Hôtes Pathogènes Environnements

**Adresse :** UMR 5244 Université de Montpellier-CC80, 2 Place Eugène Bataillon, 34090 Montpellier, France.

**Responsable de l'encadrement :** Jamal Saad (CNRS)

**Téléphone :** 0467144705

**E-mail :** jamal.saad@ifremer.fr

**Co-encadrantes :** Delphine Destoumieux-Garzón (CNRS) et Viviane Boulo (Ifremer)

## **Sujet de stage :**

Les données s'accumulent aujourd'hui révélant le rôle joué par les antibiotiques et autres polluants (métaux lourds notamment) sur l'augmentation significative de bactéries résistantes aux antibiotiques (antibiotic resistant bacteria ou ARB) et la propagation des gènes de résistance (antibiotic resistance genes ou ARG) au sein de la microflore environnementale. L'organisation mondiale de la santé (OMS) considère aujourd'hui l'antibiorésistance comme l'une des plus graves menaces pesant sur la santé mondiale (Vikesland, P. J. *et al.* 2017), la sécurité alimentaire et le développement. Les environnements aquatiques et les systèmes aquacoles ont été identifiés comme des réservoirs à long terme d'ARG (Guo, H. *et al.* 2017) jouant un rôle central dans la sélection, la propagation et l'évolution de la résistance aux antibiotiques et la transmission des ARG à l'homme. Cependant la surveillance efficace des ARG dans les écosystèmes notamment marins est aujourd'hui entravée par le manque de données disponibles sur la diversité de ces gènes dans l'environnement. L'étendue révélée de la diversité de certains ARGs en milieu marin souligne les lacunes des bases de données qui sont le plus largement alimentées par des données cliniques ou vétérinaires (Teo, J. W. P. *et al.* 2000).

Ce projet de stage de Master 2 s'inscrit dans le cadre du projet européen « SPARE-SEA » (Environmental Spread and Persistence of Antibiotic REsistances in aquatic Systems Exposed to oyster Aquaculture) qui s'intéresse à la prévalence et à la dynamique environnementale des ARG dans les milieux ostréicoles anthropisés et leurs conséquences sur la santé de l'environnement, de la faune sauvage et cultivée ainsi qu'aux risques pour la santé humaine. Le projet porte sur 4 sites ostréicoles à travers l'Europe dont les niveaux d'anthropisation varient : Brest, Thau, Sylt en Allemagne, et le delta de l'Ebre en Espagne. Les premiers résultats obtenus au laboratoire ont permis d'établir (i) une collection de bactéries marines antibiorésistantes (notamment des *Vibrio*)

associées à ces différents environnements et aux huîtres qui y sont élevées, (ii) une base de données *in silico* de près de 400 ARG (« resistome ») trouvés dans ces échantillons et présentant de fortes homologues avec des ARG à haut risque pour la santé humaine et animale.

L'objectif du stage sera d'identifier au sein de la collection SPARE-SEA les isolats bactériens porteurs d'ARG abondants dans les environnements ostréicoles d'après nos données de séquençage massif. En particulier cinq ARG seront recherchés par qPCR au sein de la collection. Les isolats bactériens seront phénotypés par l'établissement d'antibiogrammes et de profils de résistance aux métaux. Le contexte génomique des ARG sera caractérisé sur des isolats pour lesquels un phénotype clair aura été révélé. Les plasmides seront extraits et les génomes seront séquencés pour déterminer si la résistance est plasmidique ou chromosomique, et si les ARGs sont présents sur des éléments génétiques mobiles (plasmides, IS, ICE, transposons...), ce qui constitue un facteur de risque majeur pour la propagation environnementale de l'antibiorésistance.

### **Profil recherché :**

Le ou la candidat.e sera inscrit.e en master 2. Il/elle aura des connaissances et une expérience pratique en bactériologie (cultures, antibiogrammes), biologie moléculaire (extraction d'acides nucléiques, qPCR) ainsi qu'en bio-informatique (blast, assemblage, annotation, exploitation de base de données de la résistance bactériennes comme CARD, MEGARES...). Il/elle travaillera en étroite collaboration avec les membres de l'unité et du consortium européen. Les autres qualités requises sont la rigueur, la sociabilité, et la capacité à travailler en équipe. La capacité de communiquer en anglais sera un atout majeur.

**Intéressé.e : Envoyez un CV et une lettre de motivation avant le 15 novembre 2022 à :**

Jamal Saad : [jamal.saad@ifremer.fr](mailto:jamal.saad@ifremer.fr)

### **Bibliographie :**

1. Vikesland, P. J. *et al.* Toward a Comprehensive Strategy to Mitigate Dissemination of Environmental Sources of Antibiotic Resistance. *Environ Sci Technol* **51**, 13061–13069 (2017).
2. Guo, H. *et al.* Characterization of Antibiotic Resistance Genes from Lactobacillus Isolated from Traditional Dairy Products. *Journal of Food Science* **82**, 724–730 (2017).
3. Teo, J. W. P., Suwanto, A. & Poh, C. L. Novel  $\beta$ -Lactamase Genes from Two Environmental Isolates of *Vibrio harveyi*. *Antimicrob Agents Chemother* **44**, 1309–1314 (2000).