Sujet de stage Master M2 - Année 2026

Laboratoire "Ecologie et Biologie des Interactions"

Equipe "Ecologie Evolution Symbiose"

Titre du stage :

[FR] Influence de l'exposition aux pesticides sur le microbiote d'écrevisses exotiques : une approche par métabarcoding
[EN] Effects of pesticide exposure on the microbiota of exotic crayfish: a metabarcoding approach

Encadrant(s) :

1) Thomas Baudry (Maitre de Conférences – Laboratoire EBI UMR CNRS 7267 Université de Poitiers) – Batiment B31 – 0549366407 – thomas.baudry01@univ-poitiers.fr
2) Frédéric Grandjean (Professeur – Laboratoire EBI UMR CNRS 7267 Université de Poitiers) – Batiment B31 – frederic.grandjean@univ-poitiers.fr

Mots clés :

Écrevisses – Pesticides – Microbiote – Métabarcoding – Bioindication

Résumé :

Contexte scientifique :
Les pesticides constituent une source majeure de contamination diffuse des écosystèmes aquatiques et peuvent affecter les organismes non cibles exposés chroniquement. Les écrevisses exotiques, largement distribuées dans les milieux aquatiques, constituent des organismes sentinelles pertinents pour étudier ces contaminations. Au-delà de leur bioaccumulation, l'exposition aux pesticides peut modifier le microbiote associé aux organismes hôtes, notamment au niveau de l'intestin et de l'hépatopancréas, avec des conséquences potentielles sur la nutrition, l'immunité et les processus de détoxification. Dans le cadre du projet HOLOCRAY-PEST, des écrevisses provenant de sites présentant des niveaux contrastés de contamination seront étudiées afin de caractériser les communautés microbiennes associées à ces tissus par métabarcoding. Le stage aura pour objectif de caractériser la diversité et la composition du microbiote et d'identifier d'éventuelles signatures microbiennes associées à l'exposition aux pesticides.
Hypothèses testées dans le projet :
H1 : L'exposition chronique aux pesticides modifie la composition et la diversité du microbiote des écrevisses.
H2 : Les communautés microbiennes diffèrent entre les populations provenant de sites fortement contaminés et peu ou pas contaminés.
H3 : Certaines bactéries ou signatures microbiennes sont associées au niveau de contamination et pourraient constituer des biomarqueurs de l'exposition.

Techniques, méthodologies mises en œuvre :

Extraction d'ADN à partir des tissus intestinaux et hépatopancréatiques ; amplification du gène 16S rRNA et séquençage Illumina paired-end ; traitement bioinformatique des données de métabarcoding (filtrage, débruitage, assignation taxonomique) ; analyses de diversité alpha et beta et analyses multivariées des communautés microbiennes ; recherche de taxons et signatures microbiennes associés aux niveaux de contamination.

Références bibliographiques :

1) Siddiqui *et al.* (2022) Role of Insect Gut Microbiota in Pesticide Degradation: A Review https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.870462.
2) Qian *et al.* (2024) Integration of transcriptomics, gut microbiota, and physiology reveals the toxic response of bensulfuron-methyl in *Procambarus clarkii*. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.177091.
3) Baudry *et al.* (2025). Metabarcoding outperforms traditional electrofishing in decapod and fish inventories, paving the way for enhanced biodiversity monitoring in the Caribbean. https://doi.org/10.3897/mbmg.9.151675

Compétences particulières souhaitées :

Intérêt pour l'écologie microbienne, l'écotoxicologie et les approches moléculaires ; connaissances en biologie moléculaire et/ou bioinformatique ; intérêt pour l'analyse de données sous R ; autonomie, rigueur et goût pour l'analyse de données scientifiques.