

TITRE : Evolution de la microflore bactérienne mucosale chez *Magallana gigas* au cours d'une infection par le virus OsHV-1

CONTEXTE :

L'équipe Adaptation Santé des Invertébrés Marin de l'IFREMER de La Tremblade développe des projets de recherche pour répondre aux enjeux (i) d' amélioration des connaissances et des données sur les génomes des invertébrés marins et leurs micro-organismes pathogènes ; (ii) de compréhension des mécanismes évolutifs et adaptatifs des invertébrés marins et micro-organismes pathogènes associés dans leur écosystème ; (iii) et de développement d' approches d'analyse de risque dans un cadre plus global « One Health ».

Au sein de cette équipe, le projet DOOR (Deciphering OsHV-1 entry in its hOst *Magallana gigas* : key role of the mucosal inteRface) vise à étudier les interactions entre le virus OsHV-1 et l'huître creuse *Magallana gigas* au niveau de l'interface muqueuse de l'hôte, afin de mieux comprendre les facteurs qui déterminent la virulence et la résistance dans cette relation hôte-pathogène. Par différentes approches « omics », et à travers des modèles *in vitro*, *in vivo* et *ex vivo*, le projet vise à mettre en lumière les interactions entre l'hôte, la microflore bactérienne associée au mucus et le virus OsHV-1 au cours de l'infection.

OBJECTIFS DU STAGE :

La.le stagiaire participera à l'analyse des échantillons de mucus palléal collectés sur l'huître creuse. Afin d'investiguer l'évolution de la microflore bactérienne mucosale chez *Magallana gigas* au cours d'une infection par le virus OsHV-1, la.le stagiaire aura pour tâches :

1. Extraction d'ADN à partir d'échantillons de mucus palléal et préparation des échantillons en vue du séquençage ONT (Nanopore MinION) par metabarcoding 16S.
2. Utilisation d'un pipeline bioinformatique pour l'analyse de données de séquençage.
3. Analyse de la diversité microbienne mucosale.

Méthodologies mobilisées :

- Biologie moléculaire : extraction d'ADN, préparation de librairie de séquençage par metabarcoding 16S, séquençage ONT.
- Bio-informatique : utilisation du pipeline Ifremer « SAMBA » sur R.

FORMATIONS ET COMPETENCES RECHERCHEES : Master/Ingénieur (Bac+5)

- Master 2, ingénieur agronome à la recherche d'un stage de fin d'études, ou équivalent.
- Intérêt pour l'analyse de microbiote bactérien, la biologie moléculaire et la bioinformatique.
- Compétences en analyse de données de séquençage (Nanopore) appréciées.
- Curiosité, autonomie, rigueur et esprit d'équipe.

MOTS CLES : microflore bactérienne ; metabarcoding 16S ; interactions hôte-pathogène ; huître creuse ; Ostreid herpesvirus 1

PERIODE : Janvier – juin 2026 (adaptable).
natacha.delrez@ifremer.fr ; benjamin.morga@ifremer.fr

PERSONNES DE CONTACT :