



Proposition de thèse en biologie moléculaire

Titre de la thèse

Produits naturels de défense des bactéries associées aux fourmis de Guyane : étude des facteurs impactant la diversité des gènes de biosynthèse des cyclodipeptides et des peptides non-ribosomiques

Sujet de thèse

Le sujet de thèse proposé s'intéresse aux molécules biologiquement actives synthétisées par les bactéries symbiotiques des fourmis en Guyane. L'objectif est de découvrir des nouvelles transformations chimiques dans la biosynthèse de métabolites d'intérêt pharmacologique en combinant des approches en écologie des communautés, en biologie moléculaire, en bio-informatique et en chimie des produits naturels. Nous ciblons deux grandes classes de métabolites connus pour leurs excellentes activités biologiques, les cyclodipeptides (Jacques, 2016) et les peptides non-ribosomiques (Charlop-Powers, 2016 ; Chu, 2016), dont plusieurs structures sont actuellement prescrites en médecine.

Pour ce faire différentes espèces de fourmis phylogénétiquement différentes, aux régimes alimentaires et aux habitats contrastés, et nous chercherons dans ces échantillons les gènes bactériens codant pour les familles de molécules ciblées. La diversité des gènes de biosynthèse sera évaluée et leurs séquences seront comparées à celles des bases de données (Reddy, 2014) (eSNaPD, AntiSMASH). Enfin nous proposerons les modifications chimiques dans la structure des cyclodipeptides et des peptides non-ribosomiques correspondant aux nouvelles séquences identifiées. L'intérêt de cette thèse est (i) d'évaluer le potentiel pharmacologique des molécules de défense produites par des bactéries symbiotiques des fourmis de Guyane et (ii) de comprendre quels sont les facteurs écologiques qui structurent les stratégies de défense au sein des interactions fourmis-bactéries dans les forêts d'Amazonie.

Ce travail de thèse en écologie, biologie moléculaire et bio-informatique comportera plusieurs étapes :
(i) collecte sur le terrain dans différentes zones géographiques de Guyane,
(ii) extraction des séquences d'ADN bactérien codant pour la biosynthèse des cyclodipeptides et des peptides non-ribosomiques à l'aide de primers dégénérés,
(iii) analyse des données de séquençage haut-débit pour générer les phylogénies des séquences obtenues, identifier les séquences connues et réaliser des analyses de corrélation entre la diversité des séquences et les facteurs écologiques.

Directeur de thèse

Christophe Duplais (christophe.duplais@ecofog.gf), CR1 CNRS (HDR)-UMR EcoFoG

Site internet : <http://www.ecofog.gf>

Co-Directrice de thèse

Corrie Moreau (cmoreau@fieldmuseum.org), Associate Professor au Field Museum of Natural History et à University of Chicago, Illinois, USA

Site internet : <http://moreaulab.org/>

Unités d'accueil

Le travail de thèse sera réalisé en Guyane (collectes, biologie moléculaire) et aux Etats-Unis (bioinformatique)

- UMR EcoFoG (Ecologie des Forêts de Guyane) à l'Institut Pasteur de Cayenne, France
- Field Museum of Natural History à Chicago, USA

Profil souhaité

La personne recrutée devra posséder d'excellentes connaissances et compétences en biologie moléculaire, biochimie, écologie et chimie. La personne devra être apte à effectuer des collectes de terrain en milieu tropical et devra rapidement montrer rapidement une autonomie pour mener à bien le travail de thèse. Un bon niveau d'anglais à l'écrit et à l'oral est également requis.

Candidatures

Les candidatures sont adressées **avant le 15 Mai 2017** sous la forme d'un email comprenant CV et lettre de motivation à : christophe.duplais@ecofog.gf, cmoreau@fieldmuseum.org

Références

Z. Charlop-Powers et al. (2016) Urban park soil microbiomes are a rich reservoir of natural product biosynthetic diversity. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 113, 14811-14816. (IF: 9.42)

J. Chu et al. (2016) Discovery of MRSA-active antibiotics using primary sequence from the human microbiome. *Nature Chemical Biology* 12, 1004-1006. (IF: 12.70)

I. B. Jacques et al. (2016) Analysis of 51 cyclodipeptide synthases reveals the basis for substrate specificity. *Nature Chemical Biology* 11, 721-727. (IF: 12.70)

B. V. B. Reddy et al. (2014) eSNaPD: A Versatile, Web-Based Bioinformatics Platform for Surveying and Mining Natural Product Biosynthetic Diversity from Metagenomes *Chemistry & Biology* 21, 1023-1033. (IF: 5.74)

Christophe Duplais

C. Birer, N. Tysklind, L. Zinger, **C. Duplais** (2017). Comparative analysis of DNA extraction methods to study the body surface microbiota of insects: a case study with ant cuticular bacteria. Submitted to *Molecular Ecology Resources*. (IF: 5.29)

R. Duval, **C. Duplais** (2017). Fluorescent natural products as probes and tracers in biology. *Nat. Products Reports*, 34:161-193. (IF: 10.98)

J. Bossu, J. Beauchêne, Y. Estevez, **C. Duplais**, B. Clair (2016). New insights on wood dimensional stability influenced by secondary metabolites: the case of a fast-growing tropical species *Bagassa guianensis* Aubl. *PLoS ONE* 11, 3:e0150777. (IF: 3.54)

Corrie Moreau

Rubin, B. E. R. & **Moreau, C. S.** (2016). Comparative genomics reveals convergent rates of evolution in ant-plant mutualisms. *Nature Communications* 7: e12679. (IF: 11,32)

Martin, L. J., Adams, R. I., Bateman, A., Bik, H. M., Hawks, J., Hird, S. M., Hughes, D., Kembel, S. W., Kinney, K., Kolokotronis, S.-O., Levy, G., McClain, C., Meadow, J. F., Medina, R. F., Mhuireach, G., **Moreau, C. S.**, Munshi-South, J., Nichols, L. M., Palmer, C., Popova, L., Schal, C., Täubel, M., Trautwein, M., Ugalde, J. & Dunn, R. R. (2015) Evolution of the indoor biome. *Trends in Ecology and Evolution* 30 (4): 223-232. (IF : 16,73)

Moreau, C. S., Bell, C. D., Vila, R., Archibald, S. B., & Pierce, N. E. (2006). Phylogeny of the ants: Diversification in the age of angiosperms. *Science* 312, 101-104. [Cover image – photo by C.S. Moreau]. (IF: 34,66)