



Stage de master 2 orienté recherche:

L'analyse métagénomique de miels comme outil de traçabilité et de suivi du niveau d'infestation du parasite varroa

Contexte :

Le laboratoire d'accueil dispose d'une grande expérience dans la caractérisation génomique des abeilles domestiques (*Apis mellifera*) utilisées en apiculture. Dans le cadre du projet MALLAURIE - *le Miel et les AbeiLLes: Apport du séquençage Uniquement basé sur des produits de la Ruche pour des échantillonnages plus Internationaux et Ethiques* -. nous visons à déployer une stratégie d'obtention de données génétiques d'abeilles non létale, en séquençant l'ensemble des ADNs extraits au sein du miel.

Objectif du stage :

L'objectif du stage sera de développer une approche métagénomique pour caractériser les ADN présents dans le miel, autre que celui des abeilles. Des ADNs de deux autres grands types d'organismes seront recherchés, les végétaux d'une part et le parasite varroa de l'autre. Grâce à une collaboration avec l'UMR *Abeilles & Environnement* (INRAE Avignon), nous avons en effet mis en place une étude pilote en suivant des ruches en transhumance sur différentes plantes au cours de la saison, avec différentes espèces plus ou moins pollinifères et nectarifères et avec un attendu général d'augmentation du varroa au cours de la saison. En outre, nous disposons d'un nombre conséquent de miel d'origines diverses. Tous ces ADNs seront anonymisés avant séquençage. L'étudiant-e devra mener l'enquête afin de proposer via les lectures végétales une origine géographique potentielle des miels. D'autres questions pourront être étudiées en fonction de l'état d'avancement des travaux.

Données disponibles :

Nous disposerons en début du stage d'environ 80-100 échantillons de miel passés en basse couverture sur 2 à 3 runs de MiSeq (dont ~50 proviendront de l'étude pilote effectuée avec l'INRAE d'Avignon), ainsi que d'un run complet de NovaSeq pour un séquençage forte couverture de 10-20 échantillons.

Profil souhaité :

L'étudiant-e devra disposer d'un goût prononcé pour l'exploration de gros jeux de données et la bioinformatique, avec la maîtrise de l'utilisation d'outils en ligne de commande, avec idéalement une bonne maîtrise d'un langage de script (R, python, bash). Des connaissances en génomique et/ou génomique des populations seraient appréciées.

Structure d'accueil et lieu du stage :

Vous serez hébergé au sein du pôle abeilles, de l'équipe Cytogene, rattachée à l'UMR GenPhySE du centre INRAE Occitanie-Toulouse (Castanet-Tolosan). Le laboratoire est facilement accessible depuis le centre-ville de Toulouse (métro ligne B + bus express "L6").

Période de stage et indemnité :

Le stage sera idéalement entre janvier et juin 2024, avec possibilité d'ajustement sur la période mars à septembre suivant la disponibilité de l'étudiant-e. Une gratification de stage contractuelle est associée (INRAE: 4,05€/heure, soit ~550€/mois sur une base de 35 heures).

Encadrants:

Thibault Leroy, thibault.leroy@inrae.fr (encadrant principal)
Kamila Tabet, kamila.tabet@inrae.fr

Références bibliographiques en relation avec le sujet :

Bovo, S., Utzeri, V.J., Ribani, A. *et al.* Shotgun sequencing of honey DNA can describe honey bee derived environmental signatures and the honey bee hologenome complexity. *Sci Rep* **10**, 9279 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-66127-1>

Wragg, D., Eynard, S. E., Basso, B., Canale-Tabet, K., Labarthe, E., Bouchez, O., Bienefeld, K., Bieńkowska, M., Costa, C., Gregorc, A., Kryger, P., Parejo, M., Pinto, M. A., Bidanel, J-P, Servin, B., Le Conte, Y., & Vignal, A. (2022). Complex population structure and haplotype patterns in the Western European honey bee from sequencing a large panel of haploid drones. *Molecular Ecology Resources*, 22, 3068– 3086.
<https://doi.org/10.1111/1755-0998.13665>