

Offre de stage de Master 2



Microbiote et santé de la souris grise en milieu naturel : étude des relations entre les bactéries et les micro-eucaryotes intestinaux.

Mots-clés : One Health, faune sauvage, parasites, immunité, éco-physiologie, bioinformatique

Laboratoire d'accueil : **Laboratoire d'Ecologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés (LEHNA)** – UMR 5023, Université Lyon 1, CNRS - Campus de la Doua, Villeurbanne.
 Equipe *Ecophysiologie, Comportement, Conservation*. <https://umr5023.univ-lyon1.fr/recherche/e2c>
Encadrante : **Dr Louise Cheynel**, chercheuse contractuelle (ATER) – Contact : louise.cheynel@univ-lyon1.fr
 Les données utilisées pour ce stage ont été obtenues lors d'un travail de 3 ans mené à l'Université de Liverpool (Royaume-Uni) - le responsable du projet **Pr Mark Viney** sera donc impliqué dans la discussion autour des résultats obtenus, mais n'encadrera pas le stage au quotidien.
Autre étudiante encadrée : Arthemis Moraru, étudiante en 1^{ère} année de thèse, qui travaille sur le microbiote chez le crapaud commun. Son contact : arthemis.moraru@univ-lyon1.fr
Pour candidater : envoyer une lettre de motivation, un CV et le contact d'une personne référente à louise.cheynel@univ-lyon1.fr. Les candidatures seront évaluées au fil de l'eau.

Description du projet

Contexte. L'approche *One Health* ou *Santé unique* postule que la santé des humains, de la faune sauvage avec laquelle ils co-existent, et de l'environnement sont étroitement liées. La faune sauvage héberge de nombreux agents pathogènes transmissibles à l'homme, et à l'heure d'une explosion des épidémies dont une grande part sont des zoonoses, mieux comprendre l'état de santé des espèces animales en milieu naturel représente de forts enjeux de santé publique, mais aussi en termes de biologie de la conservation. Il est désormais admis que le microbiote est un facteur clé de santé des individus (O'Hara & Shanahan, 2006). Le système digestif des vertébrés héberge effectivement d'importantes communautés microbiennes qui jouent un rôle crucial dans la physiologie et la santé de l'hôte, notamment en ce qui concerne les performances digestives — telles que l'apport énergétique, l'assimilation ou l'efficacité digestive — mais aussi l'immunité et la résistance aux maladies. Une grande partie de nos connaissances actuelles sur la composition des microbiotes et des facteurs qui l'influencent proviennent d'études menées en laboratoire sur des espèces modèles telles que les souris. Cependant, de récentes études montrent que le microbiote intestinal des souris en milieu naturel est très différent de celui des souris élevées et étudiées en laboratoire : il semble plus diversifié et présente une plus grande variabilité inter-individuelle (Weldon *et al.*, 2015). De plus, les travaux actuels sur le microbiote intestinal se concentrent encore majoritairement sur les bactéries qui le compose - alors que le microbiote est également composé d'autres taxa tels que des champignons et des eucaryotes, encore peu pris en compte dans les études. Pourtant, chez les animaux sauvages, il existe un certain nombre d'agents pathogènes eucaryotes

qui peuvent entraîner des états pathologiques voire la mortalité des individus (Laforest-Lapointe & Arrieta, 2018). De récentes études montrent également que ces différentes composantes peuvent interagir entre elles (e.g. compétition, association). Ces relations, encore mal connues, sont susceptibles d'avoir une influence majeure sur la communautés microbiennes intestinales et sur l'état de santé générale des individus et donc des populations en milieu naturel (López *et al.*, 2026 ; Vargas-Gastélum *et al.*, 2024).

Objectifs du stage. L'objectif de ce stage sera de caractériser les composantes bactériennes et eucaryotes du microbiote intestinal de souris grises (*Mus musculus domesticus*) issues de trois populations naturelles échantillonnées au Royaume-Uni, et d'analyser les relations qui peuvent exister entre ces deux composantes. Cette composition et ces relations seront également mises en lien avec l'état immunitaire et la condition des individus. Ce stage permettra ainsi de répondre à des questions résolument actuelles sur la composition du microbiote intestinal chez les espèces en milieu naturel, et sur le lien entre microbiote et état de santé dans un contexte écologiquement réaliste.

Méthodologie. Ces analyses feront suite à une première étude déjà menée sur ce jeu de données, mais orienté plus spécifiquement sur les relations entre immunité et la composante bactérienne du microbiote (voir le pre-print Cheynel, Hunter-Barnett *et al.*, bioRxiv, <https://doi.org/10.64898/2026.04.21.719812>). La première partie du stage consistera à réanalyser les données brutes de microbiote fécal des souris issues du séquençage (taxa bactériens, séquençage 16S ; taxa eucaryotes, séquençage 18S) à l'aide d'une méthodologie récente, afin d'obtenir les jeux de données de base permettant de conduire les analyses statistiques. La deuxième partie du stage consistera en la caractérisation fine des deux composantes bactérienne et eucaryote (description des taxa, identification des pathogènes, analyses de diversité) et analyser leurs relations (analyses de réseaux). Ces analyses de réseaux dans le microbiotes étant très récentes, un travail de recherche dans la littératures des méthodes disponibles et pouvant être utilisées ici sera nécessaire.

Profil. Ce stage est un stage d'analyse de données uniquement (pas de terrain, d'expérimentation ou de travail de laboratoire). Les données sont déjà disponibles, l'obtention de résultats est donc assurée. Ce stage nécessite des connaissances préalables du travail sous R. Il n'est pas nécessaire d'avoir des prérequis en analyses bio-informatiques de données issues du séquençage, mais d'avoir l'envie forte de se former sur ces analyses spécifiques qui vont représenter une première partie importante du travail à mener. Enfin, il est indispensable d'avoir un réel goût pour la recherche de méthodes et le travail d'analyses statistiques, qui seront le cœur du stage. Le travail se fera au sein d'une équipe dynamique et le/la stagiaire sera activement soutenu(e) par l'encadrante et les membres de l'équipe au cours de son stage.

Références

Cheynel, L., Hunter-Barnett, S., Lukomski, L., Law, C., Ressel, L., Hurst, J. & Viney, M. Gut immunity and the bacterial and eukaryotic microbiome of wild house mice. *bioRxiv*, 2026-04. <https://doi.org/10.64898/2026.04.21.719812>

Corral López, R., Bonachela, J. A., Dominguez-Bello, M. G., Manhart, M., Levin, S. A., Blaser, M. J., & Muñoz, M. A. (2026). Imbalance in gut microbial interactions as a marker of health and disease. *Science*, 391(6788), 890-895.

O'Hara, A. M., & Shanahan, F. (2006). The gut flora as a forgotten organ. *EMBO reports*, 7(7), 688-693.

Laforest-Lapointe, I., & Arrieta, M. C. (2018). Microbial eukaryotes: a missing link in gut microbiome studies. *MSystems*, 3(2), 10-1128.

Vargas-Gastélum, L., Romer, A. S., Ghotbi, M., Dallas, J. W., Alexander, N. R., Moe, K. C., McPhail, K. L., Neuhaus, G. F., Shadmani, L., Spatafora, J. W., Stajich, J. E., Tabima, J. F., & Walker, D. M. (2024). Herptile gut microbiomes : A natural system to study multi-kingdom interactions between filamentous fungi and bacteria. *mSphere*, 9(3), e00475-23.

Weldon, L., Abolins, S., Lenzi, L., Bourne, C., Riley, E. M., & Viney, M. (2015). The gut microbiota of wild mice. *PLoS One*, 10(8), e0134643.