

## Microhabitats et écologie Projet

Suivi des interactions Vibrio-mollusque à l'échelle de la cellule unique Les organismes marins sont actuellement confrontés aux changements climatiques, qui vont également influer le comportement et la virulence de micro-organismes pathogènes. Les bactéries appartenant au genre *Vibrio* font partie des [...]

**Thématique** : Pathogènes, maladies, parasites, nuisibles | **Localisation** : France | **Filière** : Aquaculture, Pêche

 Projet : Terminé

 **Porteurs du projet** : Institut Universitaire Européen de la Mer (IUEM),

 **Financeurs** : UBO – LABEX Mer,

## Contexte

### **Suivi des interactions Vibrio-mollusque à l'échelle de la cellule unique**

Les organismes marins sont actuellement confrontés aux changements climatiques, qui vont également influer le comportement et la virulence de micro-organismes pathogènes.

Les bactéries appartenant au genre *Vibrio* font partie des pathogènes marins les plus couramment retrouvés, et sont responsables de mortalités massives de différentes espèces de mollusques. Pourtant, en dépit de leur importance écologique et économique, le comportement durant l'infection des individualités composant la population de pathogènes n'a jamais été étudié.

Est-ce que toutes les cellules d'une population isogénique du pathogène se comporteront de façon similaire? Ou bien, est-ce que la population bactérienne est composée de différentes sous-populations se comportant différemment, pour diviser le travail et conquérir de nouvelles niches.

Cette stratégie de division et de conquête est l'objet d'un nouveau champ d'étude en microbiologie, mais qui demeure presque exclusivement restreint aux pathogènes de mammifères.

Le but de ces travaux sera d'étudier le comportement de pathogènes modèles comme *Vibrio harveyi* ou *Vibrio tapetis*, respectivement infectant l'ormeau et la palourde, en travaillant à l'échelle de la cellule unique pour prendre en compte l'hétérogénéité phénotypique.

Il s'agira ici de construire des *Vibrio* bioreporteurs en se focalisant sur certains gènes de virulence, puis de suivre l'expression *in vivo* de ces gènes lors des différentes étapes de l'infection, en travaillant à l'échelle de la cellule unique. Cette stratégie permettra de mieux comprendre le comportement de pathogènes marins et d'améliorer notre compréhension de l'importance de l'hétérogénéité phénotypique lors d'infections microbiennes