

Sujet de stage Master 2

Evolution des protéines chez les polychètes Alvinellidae

Laboratoire d'accueil : UMR 7144 CNRS – Sorbonne Université, équipe Dynamique & Diversité du Vivant (DYDIV)

Encadrant : Jean Mary (jmary@sb-roscoff.fr)

Les sources hydrothermales profondes constituent un écosystème riche en formes de vie endémiques, adaptées aux conditions particulières de leur environnement. Dans ce cadre, l'objectif de ce stage sera d'étudier l'histoire adaptative des protéines vis-à-vis de la température dans la lignée des Alvinellidae, une famille d'annélides polychètes strictement endémique des sources hydrothermales profondes de l'océan Pacifique. Nous nous attacherons plus particulièrement à l'évolution du caractère thermophile au sein de cette lignée. A ce jour, douze espèces ont été décrites. Elles se distribuent le long des parois des cheminées hydrothermales ou dans des zones d'émissions diffuses en fonction de leur *preferendum* thermique et donc de leur tolérance spécifique vis-à-vis du fluide hydrothermal. Certaines espèces colonisent ainsi des zones éloignées des sources d'émission du fluide (*Paralvinella grasslei* par exemple) et sont qualifiées de mésophile voire psychrophile, d'autres colonisent des zones aux plus proche de la source d'émission du fluide (*Alvinella pompejana* par exemple) et qualifiées de thermophile. Dans un premier temps nous établirons une phylogénie multi-locus des Alvinellidae, en intégrant également des séquences orthologues provenant d'espèces appartenant à la famille des Terebellidae et des Ampharetidae (outgroups). A partir des transcriptomes des douze espèces décrites dont nous disposons au laboratoire, nous identifierons un jeu de séquences orthologues complètes en utilisant le pipeline « AdaptSearch » développé dans l'équipe et disponible sur le serveur GALAXY de la station biologique de Roscoff. L'alignement multilocus de séquences codantes et l'arbre phylogénétique de référence seront ensuite utilisés pour inférer à chaque nœud les séquences ancestrales à un gène donné suivant la méthode bayésienne de reconstruction implémentée dans le logiciel PAML (Yang 2010). Pour chacune des protéines reconstruites, l'indice de thermostabilité des protéines PAYLE / DGMS défini chez les eucaryotes sera estimé (Jollivet *et al.* 2012 ; Fontanillas *et al.* 2017), ce qui permettra d'inférer le potentiel caractère thermostable des protéines correspondantes à un nœud de la phylogénie, et ainsi suivre l'évolution de ce caractère au sein de la lignée. La structure 3D

des protéines complètes actuelles et ancestrales pourra ensuite être proposée par une approche de modélisation par homologie afin de mesurer les potentiels effets de certains remplacements d'acides aminés.

Références

- * Fontanillas E., Galzitskaya O.V., Lecompte O., Lobanov M.Y., Tanguy A., Mary J., Girguis P.R., Hourdez S., Jollivet D. (2017) *Genome Biol. Evol.* **9**, 279-296. Proteome evolution of deep-sea hydrothermal vent alvinellid polychaetes supports the ancestry of thermophily and subsequent adaptation to cold in some lineages.
- * Jollivet D., Mary J., Gagnière N., Tanguy A., Fontanillas E., Boutet I., Hourdez, S., Segurens B., Weissenbach J., Poch O., Lecompte O. (2012) Proteome adaptation to high temperatures in ectothermic vent metazoa Pompeii worm. *PLOS One* **7** : e31150 10.1371.
- * Yang Z. (2007) PaML 4 : phylogenetic analysis by maximum likelihood. *Mol Biol Evol* **24**, 1586-1591.