

# Proposition de thèse

## Impact des changements environnementaux sur l'activité du picoeucaryote marin *Pelagomonas calceolata*.

### Contexte scientifique :

Les picoeucaryotes photosynthétiques sont abondants dans tous les océans et constituent une grande part de la biomasse et de la production primaire. Les modèles climatiques prédisent une extension des zones oligotrophiques dans les prochaines décennies ce qui pourrait fortement augmenter l'abondance et l'impact écologique des PPEs. Parmi eux, la microalgue *Pelagomonas calceolata* (Stramenopiles/Pelagophyceae) est très largement répandue dans les océans[1] mais son rôle dans le cycle du carbone et son impact sur la chaîne trophique restent méconnus [2]. Les centaines d'échantillons de planctons collectés au cours des expéditions *Tara Oceans* et *Tara Pacific* (2016-2018) sont une ressource unique pour étudier *P.calceolata in situ* [3]. Les metatranscriptomes issus de ces échantillons ont déjà été séquencés au laboratoire ce qui va permettre d'étudier la microalgue dans son environnement afin de comprendre son rôle dans la communauté planctonique et son activité dans un contexte de réchauffement global des océans.

### Objectifs de la thèse :

Le projet de thèse se décompose en deux parties principales qui permettront de caractériser les capacités d'adaptation de *Pelagomonas calceolata* par des analyses de données *in situ* et des analyses en laboratoire.

Le premier objectif sera d'étudier l'activité transcriptomique de *P.calceolata* dans les metatranscriptomes issus des échantillons d'eau collectés au cours des expéditions *Tara Oceans* et *Tara Pacific*. Plus de 700 échantillons sont maintenant disponibles pour réaliser une analyse bioinformatique globale de *P.calceolata*. Ces échantillons proviennent de tous les océans de l'Arctic à l'Antarctique et couvrent des régions océaniques très distinctes (récifs coralliens, zones oligotrophiques et eutrophiques, upwelling, ...). *P.calceolata* étant abondant dans tous les océans, nous sommes en capacité d'étudier l'expression de ses gènes dans les différentes conditions environnementales. Des analyses d'expression différentielles seront réalisées entre ces différentes conditions océaniques afin de déterminer les facteurs permettant la prolifération de *P.calceolata* et les gènes impliqués dans cette adaptation.

En parallèle de l'analyse bioinformatique des données *in situ*, *P.calceolata* sera mis en culture dans le laboratoire. Des expériences de culture dans des conditions variables seront réalisées afin de tester les capacités de prolifération de la micro-algue. En fonction des résultats obtenus sur l'analyse des échantillons *Tara*, la température, la salinité, la disponibilité en fer, ammonium et nitrate seront testés au laboratoire. Les ARNs seront extraits dans ces différentes conditions puis séquencés afin de voir la réponse transcriptomique de *P.calceolata* à ces différentes conditions dans un environnement contrôlé. Enfin, des manipulations génétiques sur *P.calceolata* seront envisagées afin de caractériser les gènes de fonction inconnue impliqués dans l'adaptation de *P.calceolata*.

### Profil du candidat :

Le ou la candidat(e) devra être diplômé(e) d'un Master 2 en biologie, génomique et/ou

bioinformatique. De solides connaissances en biologie environnementale et en génomique seront nécessaires pour réaliser cette thèse. Une expérience de laboratoire en analyses de données NGS et la maîtrise d'un langage de programmation sont demandées (Python ou Perl et R). Les candidats ayant en plus une expérience en biologie moléculaire et/ou cellulaire (PCR, extraction d'ADN/ARN, culture cellulaire, génétique) sont particulièrement recherchés.

**Conditions de réalisation de la thèse :**

La thèse est financée pour 3 ans par le CEA (2043,54€ brut mensuel), elle se déroulera au Genoscope à Evry dans le Laboratoire d'Analyses Génomiques des Eucaryotes (UMR8030).

[http://jacob.cea.fr/drf/ifrancoisjacob/Pages/Departements/Genoscope/Les-laboratoires/UMR\\_8030/Analyses-genomiques-des-Eucaryotes.aspx](http://jacob.cea.fr/drf/ifrancoisjacob/Pages/Departements/Genoscope/Les-laboratoires/UMR_8030/Analyses-genomiques-des-Eucaryotes.aspx)

L'étudiant(e) sera encadré(e) par Quentin Carradec et le directeur de thèse sera Patrick Wincker.

Merci d'envoyer votre CV, lettre de motivation et éventuelles lettres de recommandation à [qcarrade@genoscope.cns.fr](mailto:qcarrade@genoscope.cns.fr) avant le 1<sup>er</sup> juin 2020.

**Références :**

1. Worden, A.Z., et al., *Global distribution of a wild alga revealed by targeted metagenomics*. Current Biology, 2012. **22**(17): p. R675-R677.
2. Dupont, C.L., et al., *Genomes and gene expression across light and productivity gradients in eastern subtropical Pacific microbial communities*. Isme Journal, 2015. **9**(5): p. 1076-1092.
3. Site web Tara: <http://oceans.taraexpeditions.org/m/qui-est-tara/les-expeditions/tara-pacific/>