

UMR CNRS 6023 Laboratoire Microorganismes : Génome et Environnement, Clermont Université (T. Sime-Ngando)

Directeur de thèse : T Sime-Ngando (DR CNRS) telesphore.sime-ngando@uca.fr

Co-encadrant : F Enault (MCF) francois.enault@uca.fr

Classification, diversité et répartition des virus de microbes dans la biosphère

Les virus sont omniprésents dans la biosphère et infectent l'ensemble des êtres vivants. Au sein des écosystèmes, ils ont un impact sur la diversité des populations microbiennes, l'évolution des génomes de ces populations, et directement ou indirectement sur les cycles biogéochimiques majeurs. L'exploration des communautés virales reste toutefois une tâche complexe et nos connaissances sur la composition, la diversité et la dynamique de ces communautés sont encore très limitées. La métagénomique, appliquée à la fraction virale, permet d'étudier le contenu génétique des virus présents dans un écosystème et a notamment mis en évidence la grande richesse des populations virales environnementales, tant du point de vue des gènes que des génotypes. Toutefois, notre compréhension du monde viral est encore très fragmentaire et la démocratisation récente de la métagénomique virale offre de nouvelles possibilités.

L'objectif de cette thèse sera dans un premier temps de mieux caractériser le contenu en gènes des virus de microbes à partir des nombreux métagénomes publics et de proposer une classification de ceux-ci à partir de leur génome. Ce travail fournira un cadre pour analyser la diversité et la répartition de ces entités dans la biosphère et étudier l'évolution de familles virales d'intérêt. Une attention spéciale sera portée aux écosystèmes lacustres particulièrement étudiés au laboratoire et pour lesquels des données obtenues au sein de notre équipe permettront des analyses plus spécifiques. Dans le cadre de ces travaux, le candidat sera amené à développer des méthodologies bio-informatiques adaptées au traitement de ces données particulières et à les rendre disponibles à l'ensemble de la communauté scientifique.

Roux S, Enault F, Ravet V, Colombet J, Bettarel Y, Auguet JC, Bouvier T, Lucas-Staat S, Vellet A, Prangishvili D, Forterre P, Debroas D, Sime-Ngando T. (2016) Analysis of Metagenomic Data Reveals Common Features of Halophilic Viral Communities Across Continents. *Environ Microbiol.* 18(3):889-903. Doi: 10.1111/1462-2920.13084. (IF: 4.9)

Roux S, Adriaenssens EM, Dutilh BE, Koonin EV, Kropinski AM, Krupovic M, Kuhn JH, Lavigne R, Brister JR, Varsani A, Amid C, Aziz RK, Bordenstein SR, Bork P, Breitbart M, Cochrane GR, Daly RA, Desnues C, Duhaime MB, Emerson JB, Enault F *et al.* (2018) Minimum Information about an Uncultivated Virus Genome (MIUViG). *Nat Biotechnol.* Doi: 10.1038/nbt.4306. PMID: 30556814. (IF: 35.7)