

## **Fiche de présentation**

**UMR CNRS 6023 LMGE/UCA <http://lmge.uca.fr> (Pr. Didier Debroas)**

**Directeur de thèse** : Pr. Didier DEBROAS  
didier.debroas@uca.fr

### **Intégration de données meta-omiques pour la caractérisation des du rôle fonctionnel des micro-eucaryotes lacustres**

Les microorganismes eucaryotes sont des composants clés dans les réseaux trophiques terrestres, ils sont en effet impliqués dans de nombreux cycles biogéochimiques. Au cours de la dernière décennie, des études ont mis en évidence une énorme diversité d'eucaryotes microbiens aquatiques. Cependant, la plupart des taxons ne peuvent être cultivés avec succès ou ne sont pas détectés en raison de leur petite taille ou de l'absence de caractéristiques morphologiques distinctives (espèces cryptiques). Ainsi leur rôle dans les écosystèmes n'est pas toujours compris et l'utilisation des données « omiques » peut alors être une solution. Le principal goulot d'étranglement dans ce domaine est le développement de méthodes bioinformatiques *ad hoc*. Dans cette perspective, le doctorant recruté aura à sa disposition un ensemble unique de données : métagénomomes, métatranscriptomes, transcriptomes, métabarcoding et « single-cell » génomes (SAGs). Les objectifs de cette thèse seront : 1) Reconstruire les génomes des eucaryotes, étudier les potentiels métaboliques, et aussi détecter les associations potentielles (symbiotiques ou parasitaires). 2) Générer un catalogue de gènes fonctionnels de référence d'eucaryotes microbiens non cultivés pour un large éventail de groupes taxonomiques d'écosystèmes d'eau douce. Cette base servira de ressources pour une large communauté scientifique et élargira les données relativement limitées disponibles sur ces microorganismes

Keck F, Millet L, Debroas D, Etienne D, Galop D, Rius D, Domaizon I. (2020) Assessing the response of micro-eukaryotic diversity to the Great Acceleration using lake sedimentary DNA. **Nat Commun.** 11(1):3831. doi: 10.1038/s41467-020-17682-8.