

## Fiche de présentation

**UMR CNRS 6023 Laboratoire Microorganismes : Génome et Environnement, Université Clermont Auvergne (D. Debroas)**

**Directeur de thèse :** Pradeep Ram ANGIA SRIRAM (CRCN CNRS), [pradeep\\_ram.angia\\_sriram@uca.fr](mailto:pradeep_ram.angia_sriram@uca.fr)

**Co-Directeur :** David BIRON (CRHC CNRS), [david.biron@uca.fr](mailto:david.biron@uca.fr)

### ***La dynamique, la distribution, et l'activité des virus dans les sources minérales et thermales.***

*Les virus sont remarquablement abondants dans une grande variété d'environnements aquatiques et leur capacité à infecter tout hôte microbien fait le plus grand réservoir de diversité génétique. Le nombre de virus et leur relation intime avec la vie microbienne suggèrent leur rôle critique dans l'influence sur la diversité des hôtes et la gouvernance des cycles biogéochimiques dans la biosphère aquatique. Malgré leur importance potentielle, on sait très peu de choses sur l'influence des phages sur les communautés microbiennes dans les écosystèmes des sources minérales et thermales. Jusqu'à présent, aucun effort substantiel n'a été fait pour déterminer l'abondance ou la dynamique des communautés de phages d'origine naturelle ou pour quantifier les effets de ces phages sur les populations microbiennes dans ces environnements peu étudiés. Désormais, le projet vise à étudier la dynamique virale dans le but de mettre en évidence l'importance des processus viraux dans les sources minérales et thermales dans le Massif Central. Des techniques modernes impliquant l'utilisation de la microscopie électronique, de la cytométrie en flux, de l'analyse phylogénétique et de la bioinformatique seront mises en œuvre pour aborder l'hypothèse de recherche. Cette étude fait partie du programme en cours de la Zone Atelier Territoires Uranifères (ZATU) qui vise à déchiffrer et à comprendre la diversité et la structure des communautés microbiennes dans ces habitats extrêmes.*

**Pradeep Ram AS et al (2020) Differential impact of top-down and bottom-up forces in structuring freshwater bacterial communities. FEMS Microbiol Ecol 96: fiae005.**

