

Durée du poste: 6 mois

Date de début: janvier 2020

Ville: Evry

Laboratoire: Laboratoire d'Analyses Génomiques des Eucaryotes. Genoscope / CEA

Adresse: 2, rue Gaston Crémieux 91330, Evry

http://ig.cea.fr/drf/ig/Pages/Genoscope/Les-laboratoires/UMR_8030/Analyses-genomiques-des-Eucaryotes.aspx

Nom et prénom du contact: Carradec Quentin

Email du contact: qcarrade@genoscope.cns.fr

Date de validité: 01/11/2019

Recherche et analyse du pico-eucaryote marin *Pelagomonas calceolata* dans les metatranscriptomes de l'expédition Tara Pacific.

Contexte scientifique :

Les picoeucaryotes photosynthétiques (PPE), sont abondants dans tous les océans et constituent une grande part de la biomasse et de la production primaire. Parmi eux, la micro-algue *Pelagomonas calceolata* (Stramenopiles/Pelagophyceae) est abondante et très largement répandue dans les océans[1] mais son rôle écologique dans le cycle du carbone et son impact sur la chaîne trophique restent méconnus [2]. Les centaines d'échantillons de planctons collectés au cours de l'expédition *Tara Pacific* (2016-2018) sont une ressource unique pour étudier *P.calceolata* dans un environnement spécifique : les récifs coralliens [3]. Les metatranscriptomes issus de ces échantillons ont déjà été séquencés au laboratoire ce qui va permettre d'étudier la micro-algue dans son environnement afin de comprendre son rôle dans la communauté planctonique et son activité dans un contexte de réchauffement global des océans.

Projet du stage :

L'objectif du stage M2 sera d'étudier *P.calceolata* par des méthodes bioinformatiques. Les metatranscriptomes provenant des premières îles seront analysés par l'étudiant afin d'estimer l'abondance relative de la micro-algue, de délimiter sa zone géographique puis de déterminer son état physiologique par l'analyse du niveau d'expression de ses gènes. Le candidat devra apprendre à manipuler ces grandes quantités de données génomiques à l'aide d'outils bio-informatiques afin d'en extraire les informations biologiques d'intérêt.

Profil du candidat :

- Connaissances en génomique, transcriptomique et bio-informatique.
- Bases en programmation (Perl ou Python, R).
- Maîtrise de l'environnement UNIX.

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/>