

## Stage de Master 2: Estimation du taux de mutations structurales dans les microalgues du phytoplancton

Lieu du stage : Equipe Génomique Evolutive et Environnementale du Phytoplancton, Laboratoire de biologie intégrative des organismes marins, UMR7232 Observatoire Océanologique, 1, avenue Pierre Fabre, 66650 Banyuls sur mer – France

Contact: Marc Krasovec, CR CNRS, [marckrasovec@hotmail.fr](mailto:marckrasovec@hotmail.fr)

Le taux de mutation, noté  $\mu$ , définit la quantité de nouvelles variations génétiques générées à chaque nouvelle génération. Ces mutations constituent la source principale de diversité génétique et permettent l'adaptation des espèces par la sélection naturelle. Le taux de mutation est donc l'un des plus importants paramètres en évolution. Il a été estimé chez les organismes modèles comme la drosophile ou la levure (Lynch 2010; Lynch *et al.* 2016), mais nos connaissances du taux de mutation sont encore très parcellaires. En particulier, les publications actuelles ne concernent presque que les mutations nucléotidiques ou de courtes insertions-délétions. Les mutations structurales (dont font partie les duplications, les inversions et les réarrangements chromosomiques) sont très peu étudiées alors qu'elles ont des effets phénotypiques très importants (Press *et al.* 2019).

Ce stage a pour objectif de mesurer le taux de mutations structurales de plusieurs espèces de phytoplancton. Le phytoplancton est un groupe écologiquement clé à la base des réseaux trophiques marins et qui produit environ la moitié de l'oxygène sur Terre. Étudier le taux de mutation de ces espèces est une étape essentielle pour comprendre leur évolution, leur diversité et leur potentiel adaptatif. Deux approches seront utilisées : (1) une approche bioinformatique avec l'utilisation de génomes déjà disponibles (Krasovec *et al.* 2017) issus d'expériences d'accumulation de mutations (Halligan and Keightley 2009) de deux espèces de Chlorophytes du genre *Ostreococcus* (Blanc-Mathieu *et al.* 2014); Et (2) une approche expérimentale via une expérience d'accumulation de mutations pour acquérir de nouvelles données.

Les compétences développées pendant ce stage seront essentiellement de la bioinformatique (alignement de génomes, traitement de données NGS, identification de variants génétiques) et de la culture de phytoplancton avec utilisation de la cytométrie en flux. Une partie de biologie moléculaire pourrait éventuellement être ajoutée pour la vérification des mutations par PCR suivant l'avancée du projet.

### Références.

- Blanc-Mathieu R., B. Verhelst, E. Derelle, S. Rombauts, F.-Y. Bouget, *et al.*, 2014 An improved genome of the model marine alga *Ostreococcus tauri* unfolds by assessing Illumina de novo assemblies. *BMC Genomics* 15: 1103.
- Halligan D. L., and P. D. Keightley, 2009 Spontaneous Mutation Accumulation Studies in Evolutionary Genetics. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.* 40: 151–172.
- Krasovec M., A. Eyre-Walker, S. Sanchez-Ferandin, and G. Piganeau, 2017 Spontaneous Mutation Rate in the Smallest Photosynthetic Eukaryotes. *Mol. Biol. Evol.* 34: 1770–1779.
- Lynch M., 2010 Evolution of the mutation rate. *Trends Genet.* TIG 26: 345–352.
- Lynch M., M. S. Ackerman, J.-F. Gout, H. Long, W. Sung, *et al.*, 2016 Genetic drift, selection and the evolution of the mutation rate. *Nat. Rev. Genet.* 17: 704–714.
- Press M. O., A. N. Hall, E. A. Morton, and C. Queitsch, 2019 Substitutions Are Boring: Some Arguments about Parallel Mutations and High Mutation Rates. *Trends Genet.* 35: 253–264.

Mis en forme : Anglais (E.U.)