



**HAL**  
open science

# Métabarcoding et étude de traits, vers une description de la diversité taxonomique et fonctionnelle des eucaryotes unicellulaires dans le lac Pavin

Arthur Monjot, Jean-Marc Aury, Gisèle Bronner, Corinne Cruaud, Corinne Da Silva, Didier Debroas, Anne Moné, Agnès Vellet, Cécile Lepère

## ► To cite this version:

Arthur Monjot, Jean-Marc Aury, Gisèle Bronner, Corinne Cruaud, Corinne Da Silva, et al.. Métabarcoding et étude de traits, vers une description de la diversité taxonomique et fonctionnelle des eucaryotes unicellulaires dans le lac Pavin. Xème Colloque de l'AFEM, Nov 2021, Distanciel, France. hal-04795050

**HAL Id: hal-04795050**

**<https://hal.science/hal-04795050v1>**

Submitted on 21 Nov 2024

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



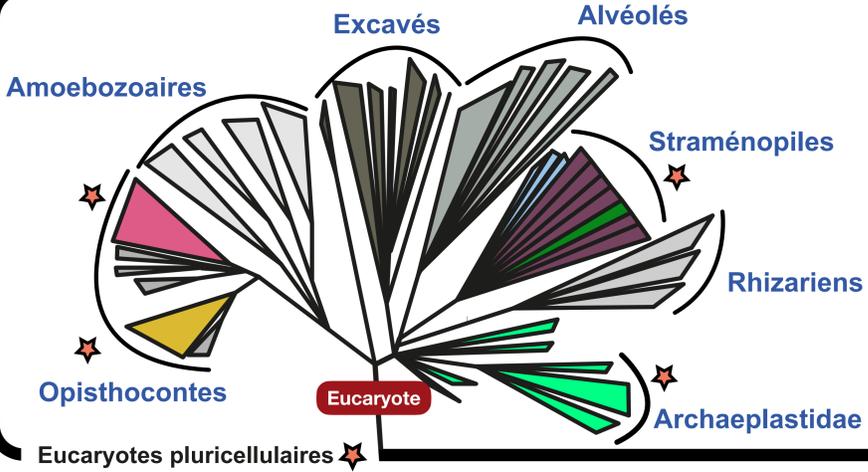
Distributed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License

# Métabarcoding et étude de traits, vers une description de la diversité taxonomique et fonctionnelle des eucaryotes unicellulaires dans le lac Pavin

Arthur Monjot<sup>1</sup>, Jean-Marc Aury<sup>2</sup>, Gisèle Bronner<sup>1</sup>, Corinne Cruaud<sup>2</sup>, Corinne Da Silva<sup>2</sup>, Didier Debroas<sup>1</sup>, Anne Moné<sup>1</sup>, Agnes Vellet<sup>1</sup>, Cécile Lepère<sup>1</sup>

<sup>1</sup> LMGE - UMR CNRS 6023 - UCA - Clermont Ferrand, France - <sup>2</sup> Génomscope - CEA - Institut de Biologie Francois Jacob - Évry, France

## Introduction

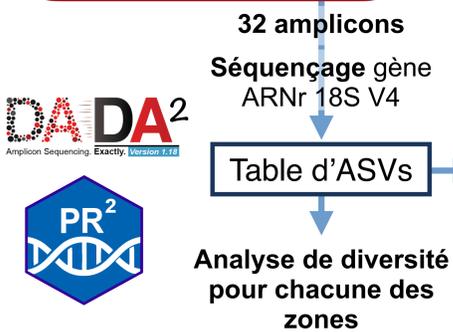


**Contexte :** Au cours des dernières décennies, notre compréhension de la diversité microbienne dans les écosystèmes a beaucoup progressé notamment avec l'avènement des méthodes de séquençage de nouvelle génération et des approches -omics. Ces dernières ont permis de compléter l'arbre des eucaryotes en mettant en évidence une majorité d'espèces unicellulaires.

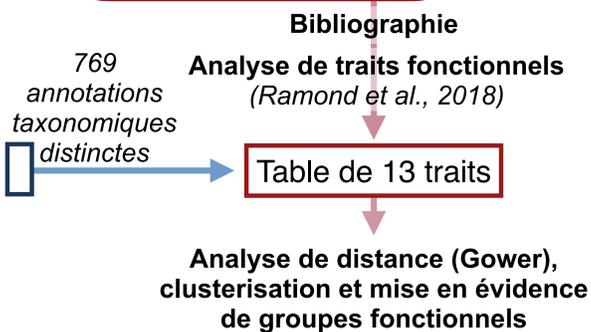
**Objectif :** En milieu lacustre, même si la diversité taxonomique de ces eucaryotes tend à être mieux connue, leur fonction ainsi que leur rôle au sein des écosystèmes sont encore à déterminer. Une étude de métabarcoding, couplée à une étude de traits, a alors été réalisée dans un lac modèle (*i.e.* le lac Pavin) afin de déchiffrer la diversité taxonomique et d'en inférer la diversité fonctionnelle.

## Matériels & Méthodes

### Diversité taxonomique

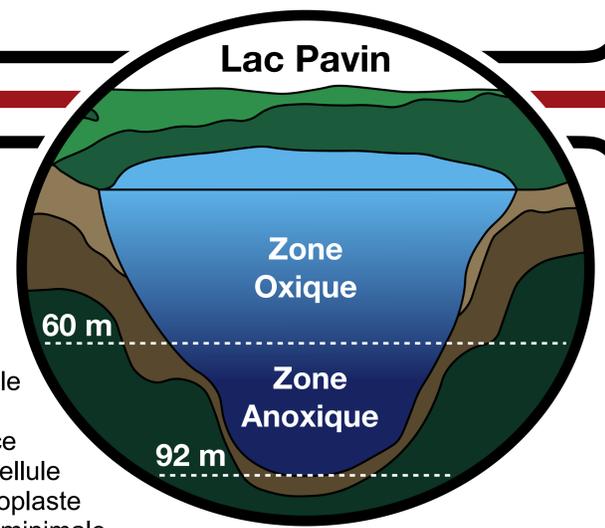


### Diversité fonctionnelle



### Traits étudiés :

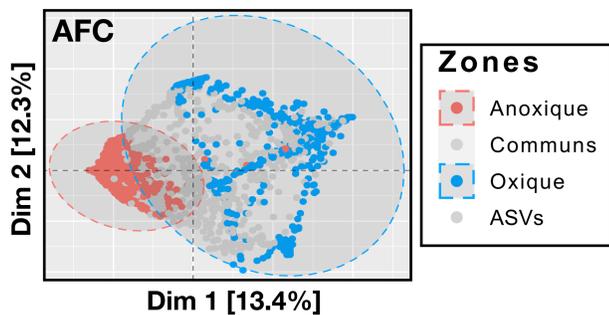
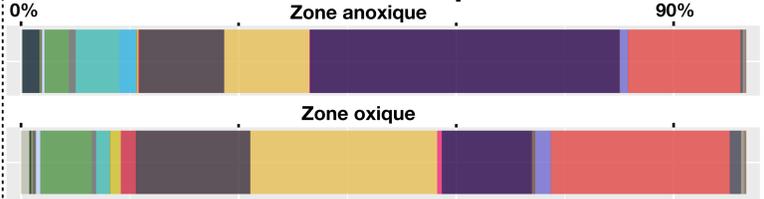
- Mode d'ingestion
- Motilité
- Polarité
- Forme
- Symétrie
- Présence de spicule
- Stade parasitaire
- Stade de résistance
- Couverture de la cellule
- Présence de chloroplaste
- Taille maximale et minimale
- Capacité à former des colonies



## Résultats

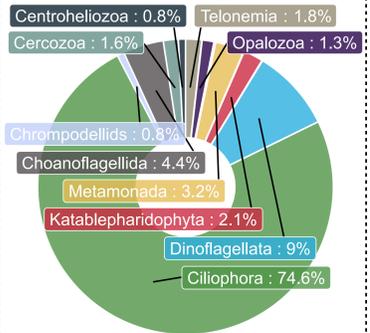
### Diversité taxonomique

#### Abondance des séquences

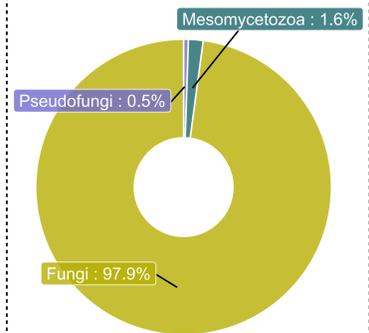


### Diversité fonctionnelle

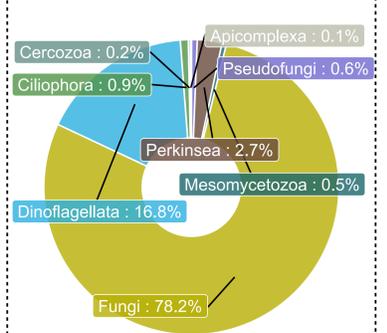
#### Hétérotrophes



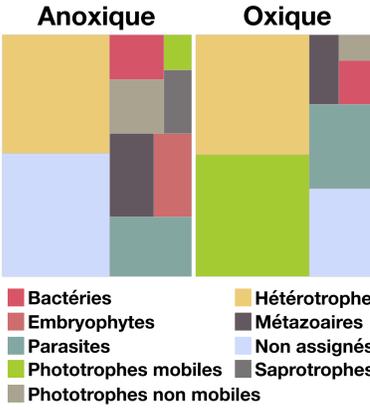
#### Saprotrophes



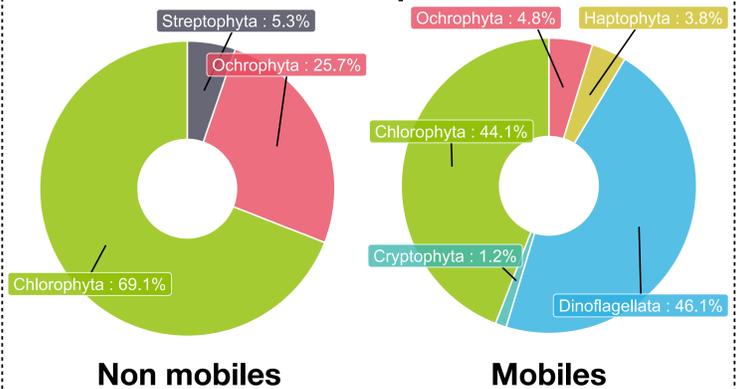
#### Parasites



#### Zones



#### Phototrophes



## Conclusion & Perspectives

Le paramètre oxygène influence les communautés eucaryotes unicellulaires du lac Pavin. Celui-ci découpe la colonne d'eau en deux zones caractérisées par une diversité taxonomique ainsi que des stratégies métaboliques distinctes. La zone oxique favorise les phototrophes mobiles et les parasites tandis que les saprotrophes et les phototrophes non mobiles sont plus abondants dans la zone anoxique. Cette étude a permis d'appréhender un peu mieux le rôle des eucaryotes unicellulaires en milieu lacustre. Pourtant, une part non négligeable de la diversité fonctionnelle de ces organismes reste encore inconnue notamment dans la zone anoxique (28.9%). Dans ce contexte, des analyses supplémentaires (*i.e.* méta-transcriptomique, ...) permettront de compléter ces résultats.

