



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, Gisèle Bronner, Corinne Cruaud, Corinne Da Silva, Jean-Marc Aury, Anne Moné, Agnès Vellet, Ivan Wawrzyniak, Jonathan Colombet, Hermine Billard, et al.

► To cite this version:

Arthur Monjot, Gisèle Bronner, Corinne Cruaud, Corinne Da Silva, Jean-Marc Aury, et al.. Métabarcoding et étude de traits, vers une description de la diversité taxonomique et fonctionnelle des eucaryotes unicellulaires dans le lac Pavin. Semaine écologie environnement biodiversité du CNRS, Jun 2022, Clermont-ferrand, France. hal-04795322

HAL Id: hal-04795322

<https://hal.science/hal-04795322v1>

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.



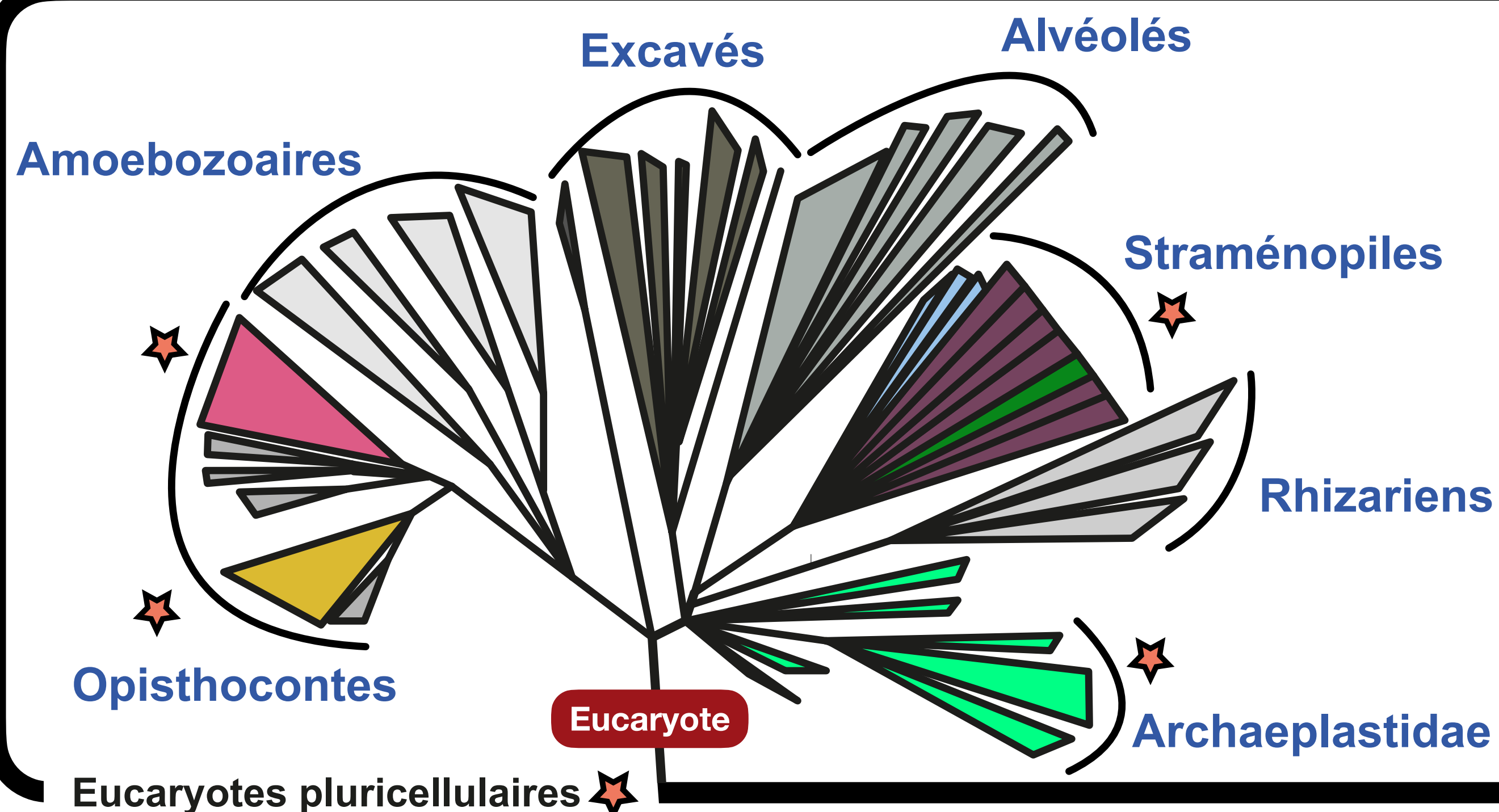
Distributed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License

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

Arthur Monjot¹, Gisèle Bronner¹, Corinne Cruaud², Corinne Da Silva², Jean-Marc Aury², Anne Moné¹, Agnes Vellet¹, Ivan Wawrzyniak¹, Jonathan Colombet¹, Hermine Billard¹, Didier Debroas¹, Cécile Lepère¹

¹ LMGE - UMR CNRS 6023 - UCA - Clermont Ferrand, France - ² Génoscope - CEA - Institut de Biologie Francois Jacob - Évry, France

Introduction



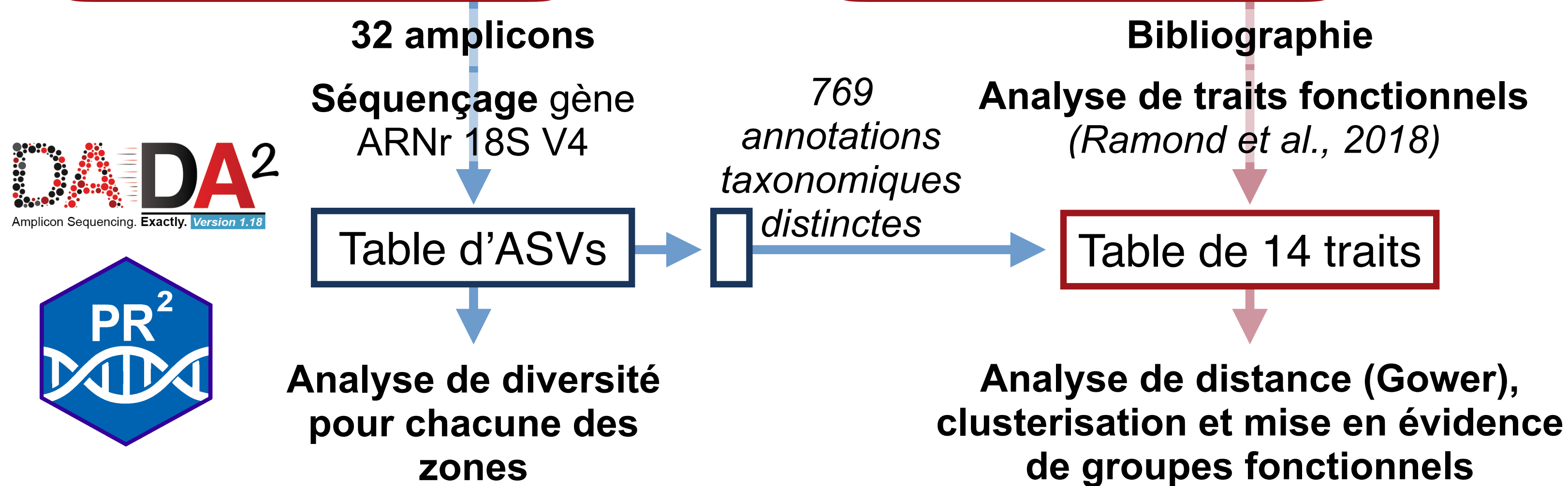
Contexte : Au cours des dernières décennies, notre compréhension de la diversité microbienne dans les écosystèmes a beaucoup progressé notamment avec l'avènement des méthodes de séquençage de nouvelle génération et des approches -omics. Ces dernières ont permis de compléter l'arbre des eucaryotes en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

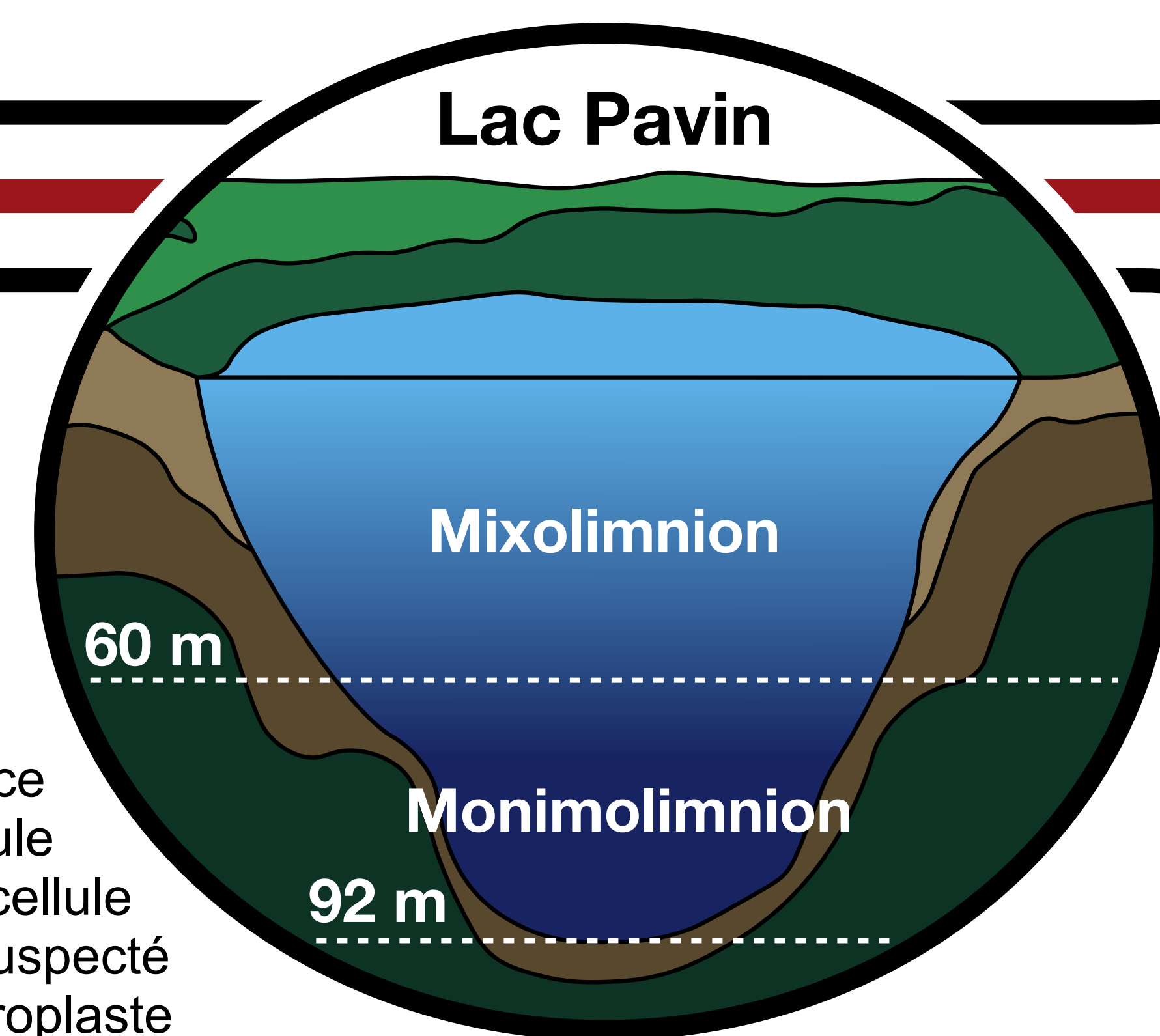
Diversité taxonomique

Diversité fonctionnelle



Traits étudiés :

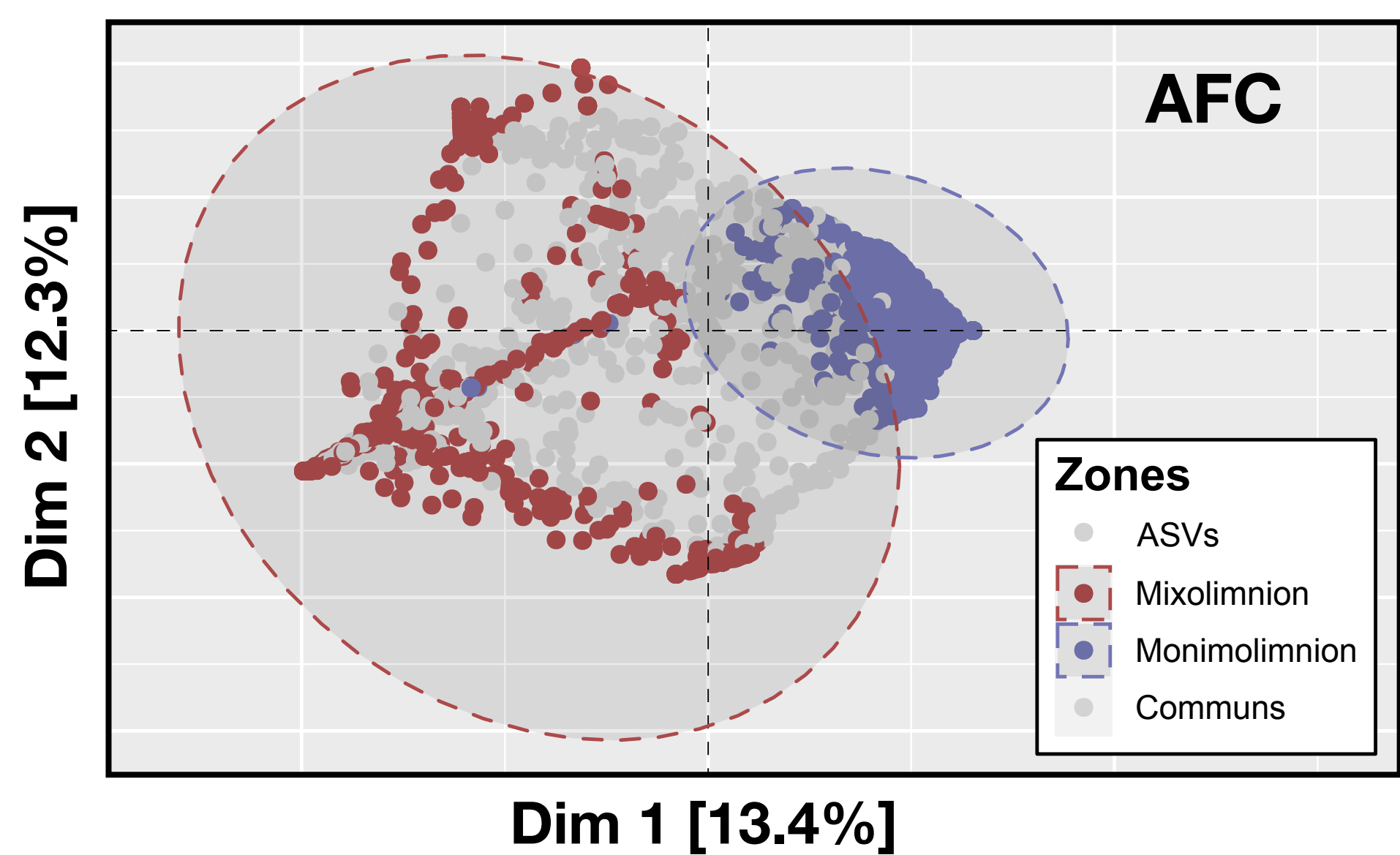
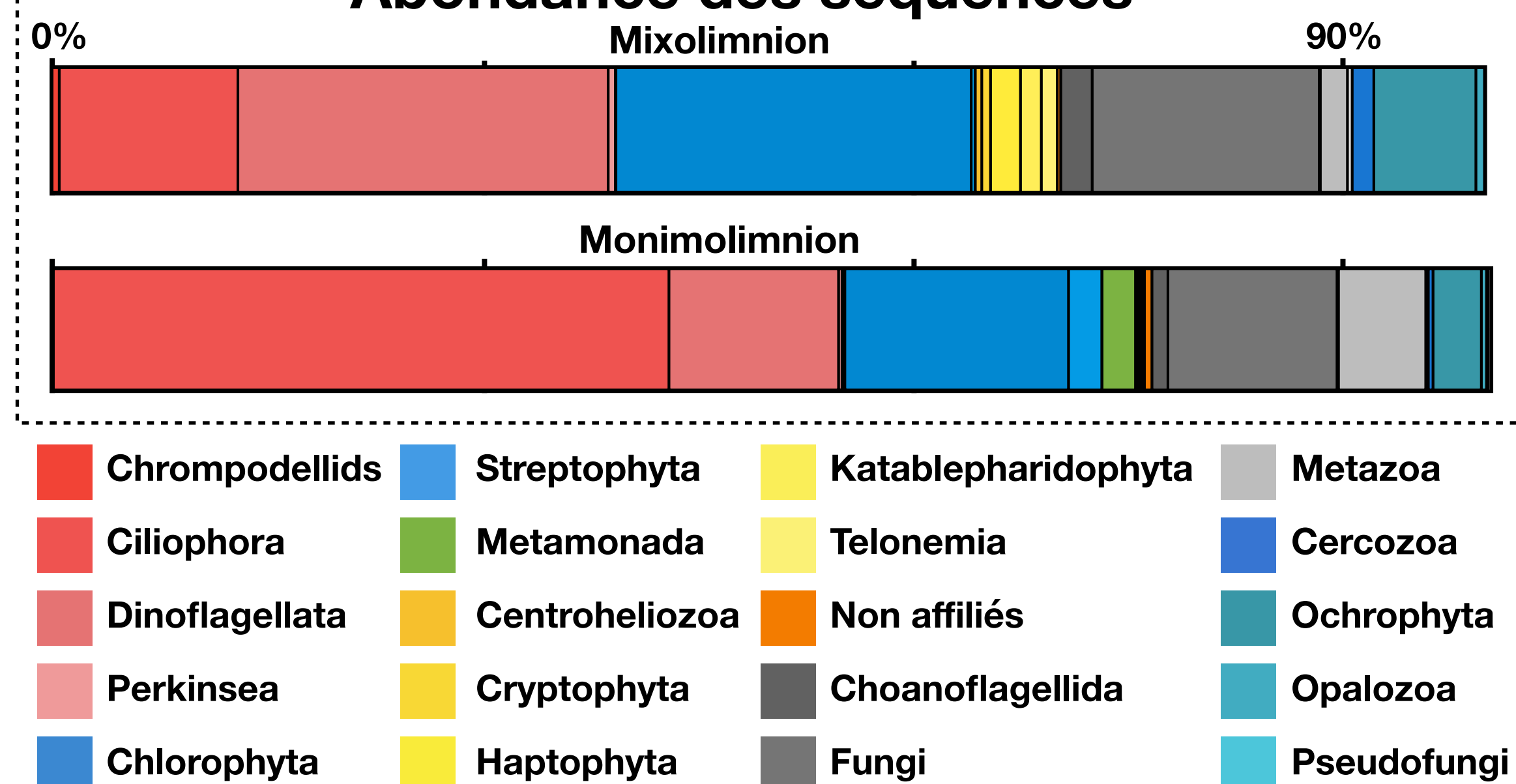
- o Mode d'ingestion
- o Polarité
- o Motilité
- o Forme
- o Symétrie
- o Stade parasitaire
- o Stade de résistance
- o Présence de spicule
- o Couverture de la cellule
- o Mode trophique suspecté
- o Présence de chloroplaste
- o Taille maximale et minimale
- o Capacité à former des colonies



Résultats

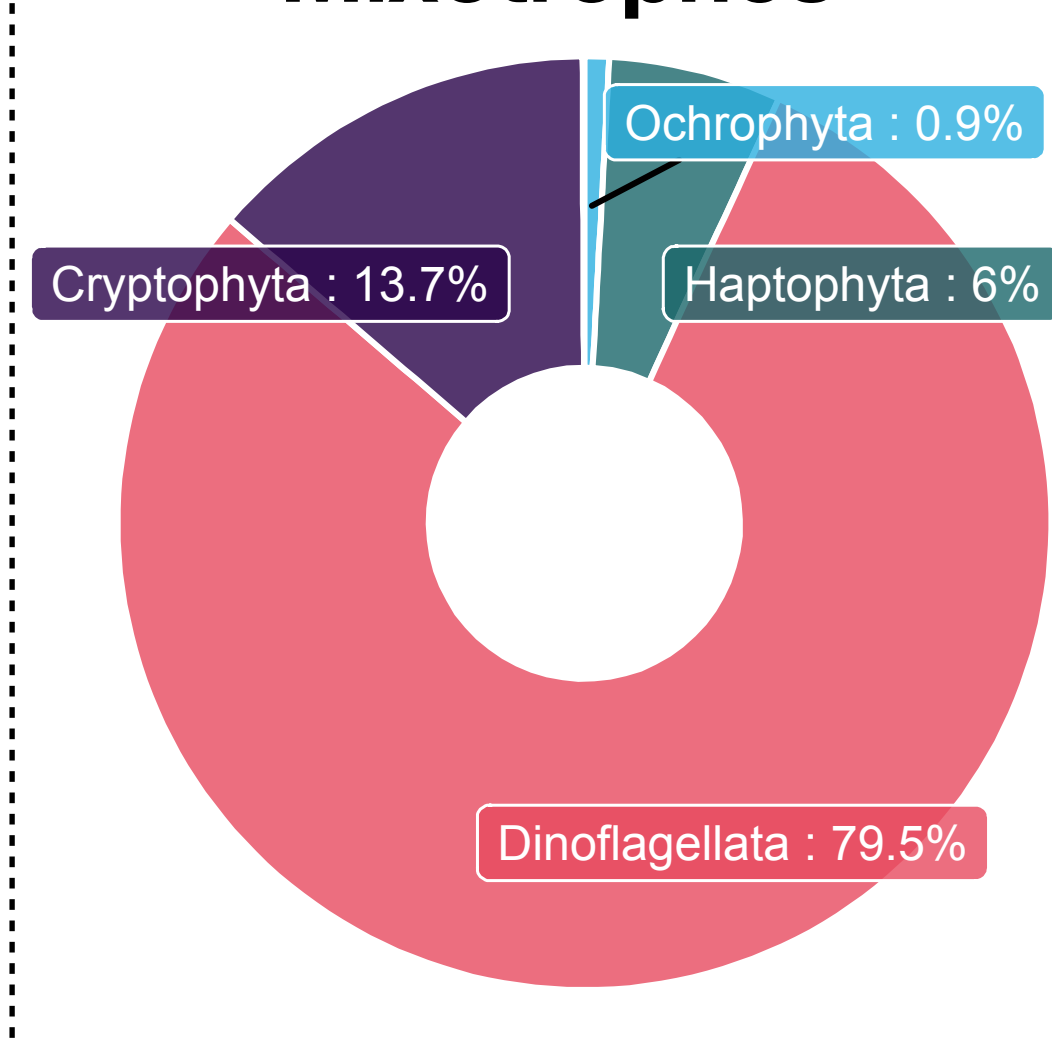
Diversité taxonomique

Abondance des séquences

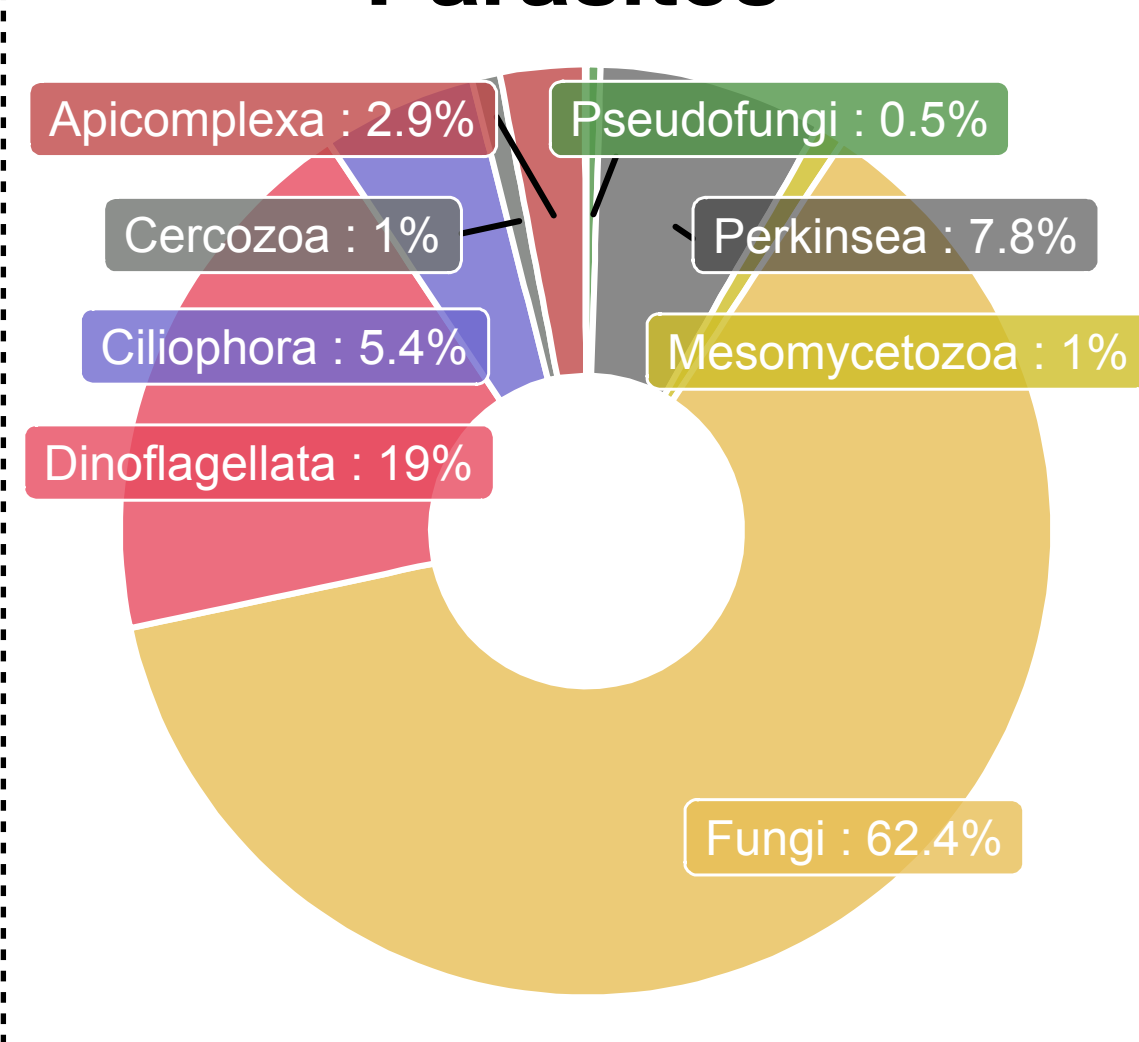


Diversité fonctionnelle

Mixotrophes

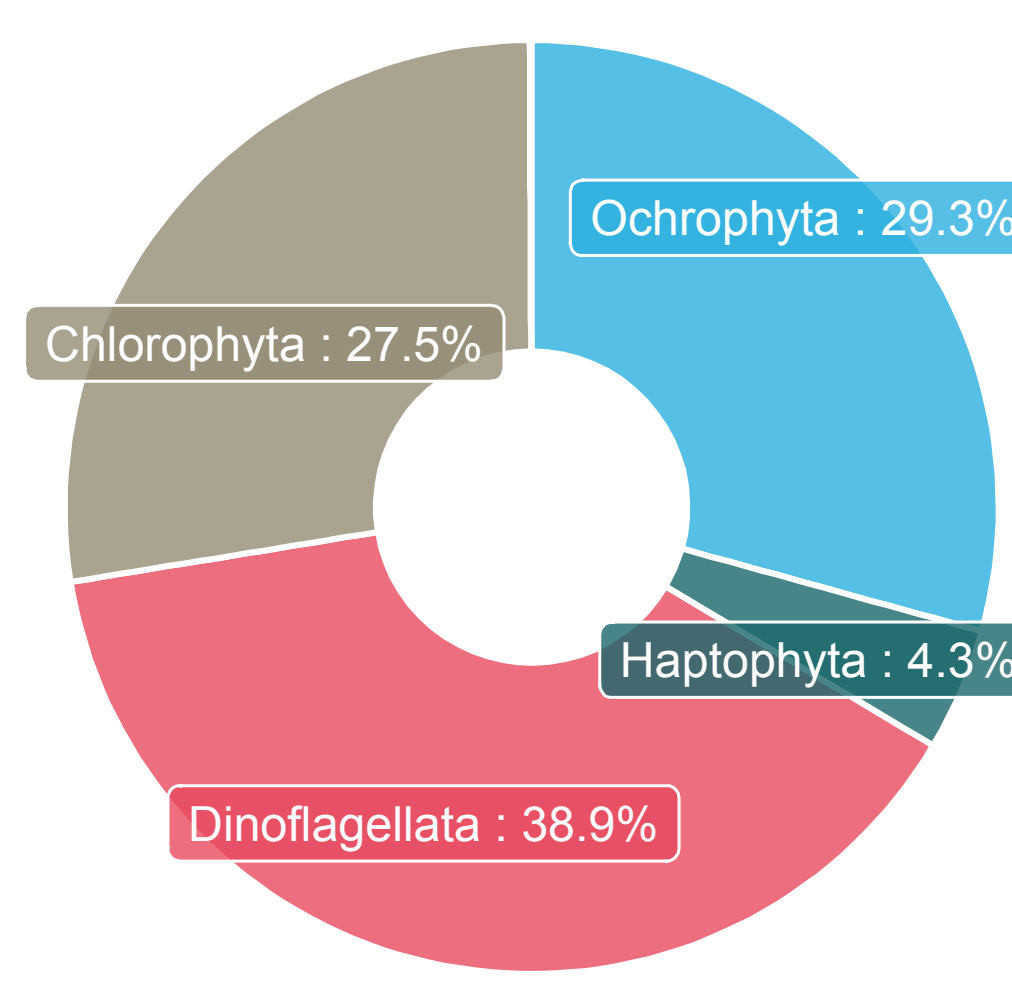


Parasites

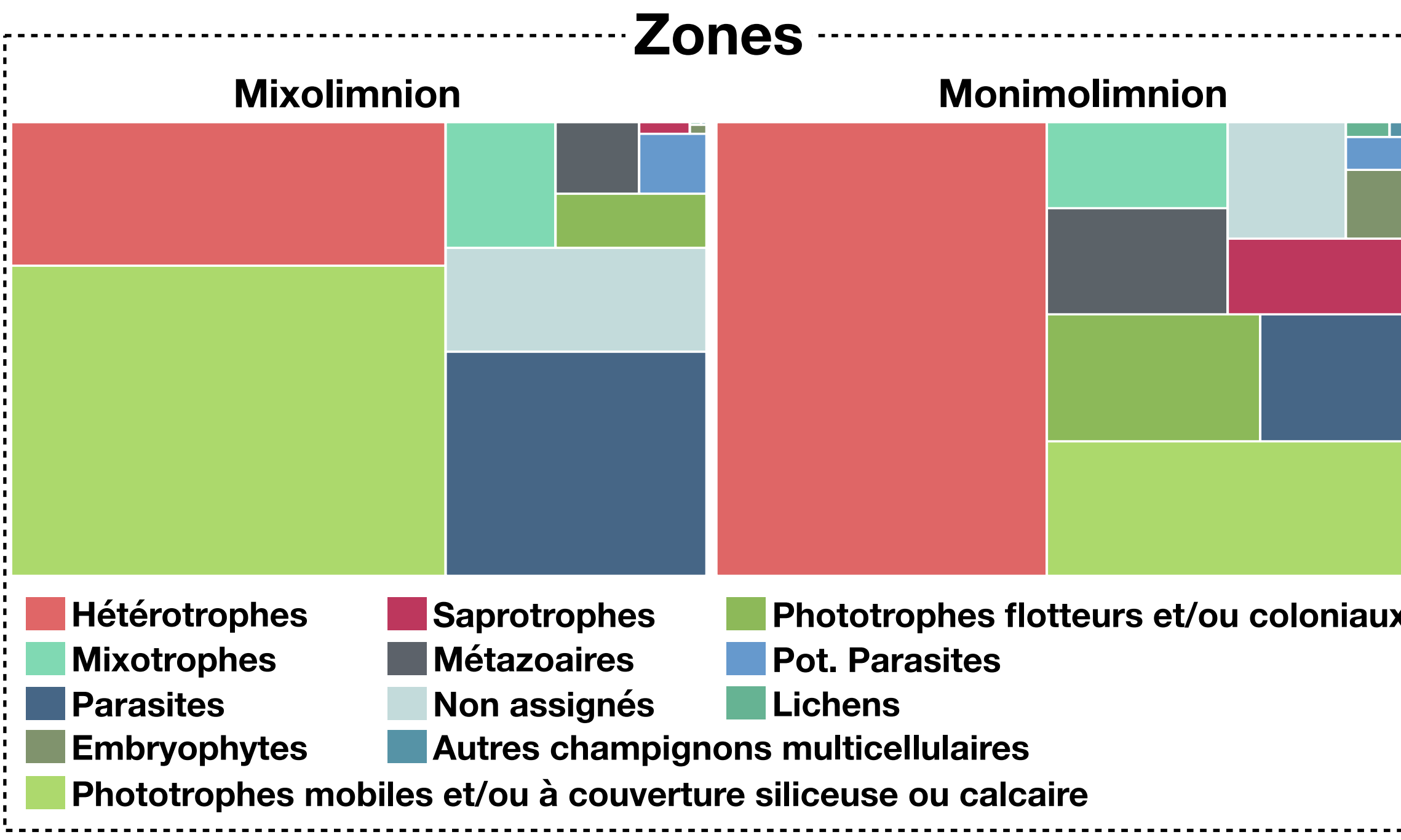
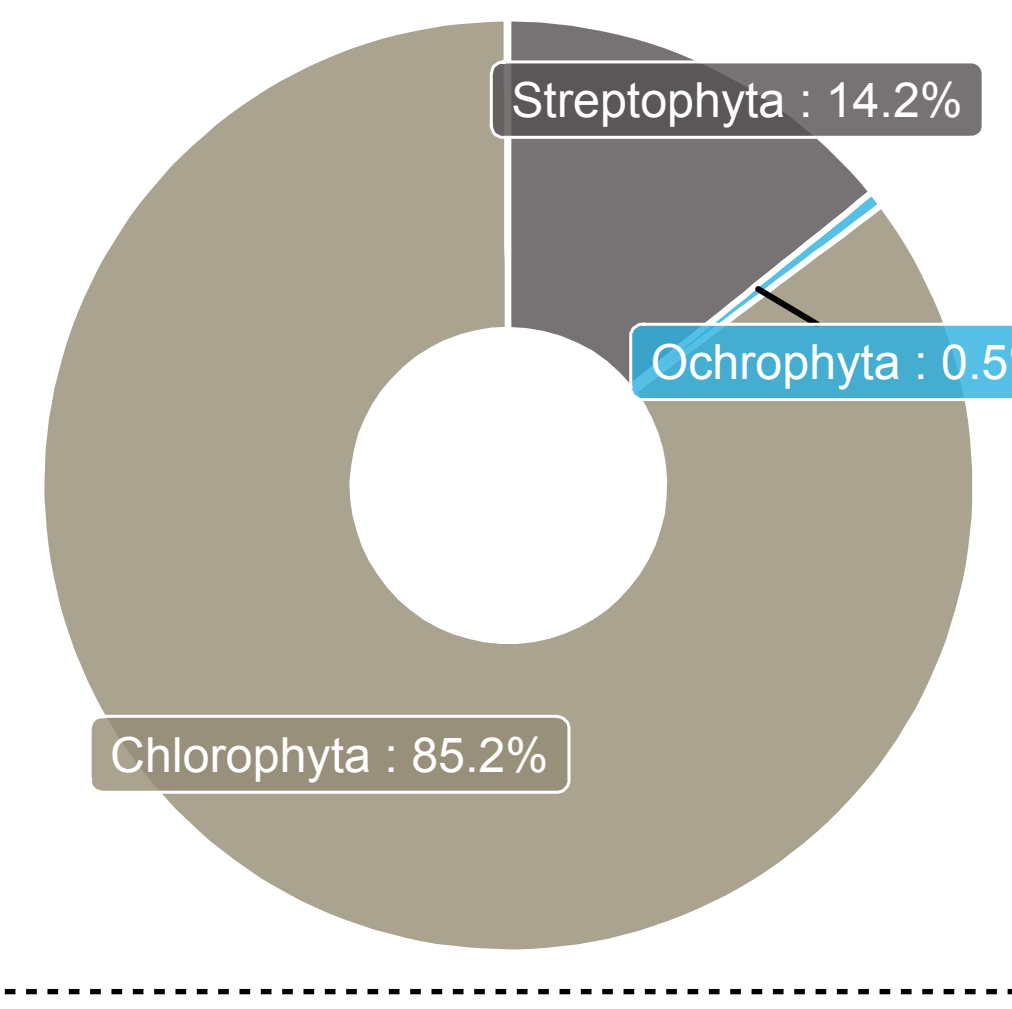


Phototrophes

Mobiles et/ou à couverture siliceuse ou calcaire



Flotteurs et/ou coloniaux



Conclusion & Perspectives

Les paramètres lumière et oxygène influencent les communautés eucaryotes unicellulaires du lac Pavin. Ils découpent la colonne d'eau en deux zones caractérisées par une diversité taxonomique ainsi que des stratégies métaboliques distinctes. Le mixolimnion favorise les phototrophes mobiles et les parasites tandis que les hétérotrophes, les saprotrophes et les phototrophes non mobiles sont plus abondants dans le monimolimnion. 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 pour ceux <10 µm (21.2%). Dans ce contexte, des analyses supplémentaires (*i.e.* méta-transcriptomique, ...) permettront de compléter ces résultats.

