

## Proposition de sujet de thèse 2026

(A remplir par les équipes d'accueil et à retourner à Isabelle HAMMAD : [hammad@cerege.fr](mailto:hammad@cerege.fr)  
\*à renseigner obligatoirement pour la validation du sujet, (1) : A remplir lors de la campagne d'attribution des allocations, à l'issue de la session de juin des Masters

### Sujet de doctorat proposé \*:

Encadrant(s) : *BLANC Guillaume* [guillaume.blanc@mio.osupytheas.fr](mailto:guillaume.blanc@mio.osupytheas.fr)

Laboratoire \*: MIO

Tableau récapitulatif du sujet

<b>Candidat(e)(1)</b>	
Nom - Prénom :	
Date de naissance :	
Licence (origine, années, mention) :	
Mention et classement au Master 1 année (Xème sur Y)	
Mention et classement au S3 du Master 2 (Xème sur Y)	
Mention et classement au S4 du Master 2 (Xème sur Y)	
Mention et classement au M2 (année) (Xème sur Y)	
MASTER (nom, université)	
<b>Sujet de doctorat proposé*</b>	
Encadrants (2 max, indiquer si HDR ou pas)*	Guillaume Blanc, HDR
Laboratoire*	MIO
Programme finançant la recherche (indiqué si obtenu ou envisagé) (1)	Transvir (ITEM 2023-2025 - 30K€) VIROPICO (EC2CO 2025-2026 - 28 k€) BONUS (ANR 2024-2027 - 75 K€) POLeNTA (ANR, en cours d'éval AAPG2026)

### Sujet de doctorat proposé\*

Intitulé\* : **Rôle des virus dans la régulation des communautés phytoplanctoniques des lagunes méditerranéennes : approche intégrée par séries temporelles environnementales et génomique écologique**

Descriptif \*:

Les lagunes méditerranéennes sont des écosystèmes côtiers peu profonds soumis à de fortes variations de température, de salinité et d'apports nutritifs. Ces milieux, fortement influencés par les activités humaines et le changement climatique, présentent des dynamiques biologiques rapides et marquées. Les communautés microbiennes y réagissent rapidement aux fluctuations environnementales, ce qui en fait des systèmes sentinelles des transformations écologiques en cours. Parmi ces communautés, le phytoplancton joue un rôle central dans le fonctionnement biogéochimique des lagunes. Il contribue à la production primaire et aux cycles du carbone et des nutriments, mais peut aussi former des proliférations intenses et récurrentes qui modifient la transparence de l'eau, la disponibilité en oxygène et les usages du milieu.

Les facteurs abiotiques tels que la température, la lumière ou les nutriments sont classiquement invoqués pour expliquer la dynamique des blooms phytoplanctoniques. En revanche, la contribution quantitative des virus à la structuration et à la régulation de ces communautés reste peu évaluée dans les lagunes méditerranéennes. Pourtant, les virus infectant les microalgues peuvent influencer l'abondance des populations dominantes, modifier les interactions compétitives et participer au recyclage de la matière organique. Il existe donc un

décalage entre la reconnaissance théorique du rôle des virus en écologie microbienne et leur prise en compte effective dans l'analyse des dynamiques lagunaires.

## **La question centrale de cette thèse est la suivante : les virus constituent-ils des acteurs structurants mesurables de la dynamique des communautés phytoplanctoniques dans les lagunes méditerranéennes ?**

Parmi les espèces d'intérêt, une attention particulière sera portée au genre *Picochlorum*. Cette algue verte unicellulaire est capable de former des blooms denses, parfois qualifiés d'eaux vertes, pouvant perturber le fonctionnement des écosystèmes lagunaires. De tels épisodes ont été associés à des mortalités de mollusques bivalves, notamment dans les fermes ostréicoles de l'étang de Thau. Par ailleurs, ces mêmes espèces suscitent un intérêt biotechnologique important en raison de leur croissance rapide et de leur tolérance à des conditions environnementales variables. À Fos-sur-Mer, elles sont utilisées pour valoriser le CO<sub>2</sub> industriel en biomasse destinée à la production de biocarburants ou de bioplastiques. Toutefois, ces cultures présentent des effondrements brutaux, et nos travaux ont montré que des infections virales constituent une cause probable de cette mortalité.

Des virus infectant *Picochlorum* ont récemment été identifiés dans des jeux de données métagénomiques environnementaux, puis isolés à partir d'échantillons du Salin du Lion à Vitrolles. Le séquençage de leurs génomes et leur maintien en culture offrent la possibilité d'étudier finement leurs interactions avec leur hôte. Une question spécifique du projet sera donc de déterminer si les virus impliqués dans les effondrements en culture jouent également un rôle dans les dynamiques naturelles observées en lagune. Ce système servira de modèle pour tester des mécanismes potentiellement généralisables à l'échelle communautaire.

### **Hypothèses et objectifs scientifiques**

Le projet repose sur l'hypothèse que les virus contribuent de manière mesurable et indépendante à la structuration des communautés phytoplanctoniques lagunaires.

Trois hypothèses seront testées :

Premièrement, les dynamiques virales présentent un décalage temporel compatible avec un mécanisme dépendant de la densité, caractérisé par une augmentation des virus spécifiques suivant l'expansion d'un taxon dominant.

Deuxièmement, la contribution des virus à la variation des abondances phytoplanctoniques peut être distinguée statistiquement de celle des facteurs abiotiques.

Troisièmement, le système *Picochlorum*-picochlorovirus constitue un cas test permettant d'évaluer un mécanisme potentiellement applicable à d'autres taxons dominants.

L'objectif est de quantifier la contribution relative des facteurs environnementaux et des interactions hôte-virus dans la dynamique des communautés phytoplanctoniques, et de déterminer dans quelle mesure les virus participent à la terminaison des blooms ou à leur régulation au cours du temps.

### **Programme des recherches**

#### [Approche générale](#)

Le projet combinera séries temporelles environnementales, analyses de génomique écologique et modélisation quantitative des interactions hôte-virus. L'objectif est de passer d'une description des successions saisonnières à une évaluation quantitative des mécanismes susceptibles de structurer ces dynamiques.

#### [Site d'étude et données préliminaires](#)

Le Salin du Lion, situé dans le complexe lagunaire de l'étang de Berre, constitue le site de référence. Un projet pilote mené en 2024 a permis de constituer une série de 46 échantillons

hebdomadaires couvrant un cycle annuel complet. Pour chaque échantillon, un métabarcoding 18S de la fraction cellulaire, un virome issu de la fraction virale et des mesures environnementales (pH, température, salinité, nutriments dissous, chlorophylle) ont été réalisés.

Les analyses préliminaires montrent une succession marquée d'efflorescences phytoplanctoniques. Les viromes révèlent une forte diversité virale, notamment au sein des Phycodnaviridae, incluant de nombreux virus apparentés aux picochlorovirus déjà caractérisés.

Nous avons développé une approche de séquençage long-read ciblant Picochlorum afin d'accéder à la microdiversité intra-générique. Cette stratégie, associée à une pipeline bioinformatique développé spécifiquement pour cette analyse (Ampliconsensus), permettra d'identifier finement les génotypes naturels et leurs virus associés.

La série temporelle sera prolongée entre T4 2026 et T1 2028, correspondant à 18 mois d'échantillonnage hebdomadaire effectif.

### WP1 — Échantillonnage et production des données

Les prélèvements hebdomadaires consisteront en cinq litres d'eau. Les paramètres physico-chimiques seront mesurés in situ à l'aide d'une sonde multiparamétrique. La fraction cellulaire sera collectée par filtration sur membrane de 0,45 µm en triplicat. La fraction virale sera concentrée par floculation au chlorure ferrique. Les nutriments et la chlorophylle seront analysés via les plateformes du MIO.

Les extractions d'ADN et les PCR seront réalisées avec le soutien de la plateforme OMICS. Le métabarcoding 18S sera séquencé chez un prestataire. Les viromes feront l'objet d'un séquençage shotgun chez le meme prestataire. Les amplicons long-read spécifiques de Picochlorum seront générés sur les ADN de la fraction cellulaire et séquencés sur le séquenceur GridION du MIO.

### WP2 — Dynamique des communautés eucaryotes

Les séquences 18S seront traitées en ASV à l'aide du pipeline nf-core/ampli-seq, incluant filtrage qualité, correction d'erreurs, élimination des chimères et contrôle des contaminants. L'assignation taxonomique reposera sur la base PR2 mise à jour.

Les analyses comprendront :

- estimation de la diversité alpha (Shannon, richesse observée)
- analyses de diversité beta (Bray-Curtis, ordination NMDS ou PCoA)
- analyses de trajectoires temporelles des taxons dominants
- détection d'événements de bloom via seuils d'abondance relative

Les abondances seront transformées (CLR ou Hellinger) afin de tenir compte de la nature compositionnelle des données.

Les données long-read analysées avec AmpliconConsensus permettront d'identifier les génotypes et écotypes de Picochlorum à partir de clusters consensuels. Ces génotypes seront intégrés aux modèles additifs généralisés (GAM) afin d'évaluer leur réponse aux gradients environnementaux et leur dynamique spécifique au sein des blooms.

### WP3 — Dynamique virale

Les lectures des viromes seront filtrées (fastp), assemblées (MEGAHIT) et les contigs viraux identifiés à l'aide de VirSorter2 et VIBRANT. Seuls les contigs dépassant un seuil minimal de longueur (>2 kb) et présentant une couverture suffisante seront conservés pour les analyses.

L'abondance relative sera estimée par remappage des lectures (minimap2 ou bowtie2) sur les contigs validés.

Les analyses comprendront :

- estimation de diversité virale (richesse, Shannon)
- clustering des contigs en unités virales (vOTUs)
- annotation fonctionnelle (Prokka ou DRAM-v)
- recherche de gènes marqueurs associés aux virus d'algues (MCP, ADNP, packaging ATPase)

Une attention particulière sera portée aux contigs affiliés aux Phycodnaviridae et aux virus apparentés aux picochlorovirus isolés au laboratoire.

#### WP4 — Distinction causalité vs co-variation

L'intégration des données des WP2 et WP3 visera à distinguer co-variation et relations compatibles avec un contrôle viral. La résolution hebdomadaire de la série temporelle sur plusieurs cycles saisonniers permettra de modéliser explicitement l'effet des principaux forçages environnementaux (température, salinité, nutriments, chlorophylle) avant d'estimer les associations virus-hôtes. Afin de limiter les corrélations indirectes liées à des facteurs communs, les analyses d'association seront réalisées sur des modèles intégrant ces variables environnementales, ainsi qu'une composante temporelle permettant de tenir compte de l'autocorrélation saisonnière. Les associations résiduelles entre abondance virale et abondance des taxons phytoplanctoniques seront interprétées comme compatibles avec un effet biologique indépendant. La dimensionnalité des analyses sera contrôlée en se concentrant prioritairement sur les taxons dominants et les groupes viraux écologiquement plausibles, afin de préserver la puissance statistique et de limiter les faux positifs liés aux données compositionnelles issues du séquençage.

Trois approches complémentaires seront mises en œuvre :

Premièrement, des analyses de décalage temporel (cross-correlation functions) permettront d'identifier si les pics viraux succèdent systématiquement les pics d'abondance d'un hôte, conformément à un modèle de contrôle dépendant de la densité (kill-the-winner).

Deuxièmement, des modèles linéaires généralisés mixtes (package lme4) et des modèles additifs (fonction varpart, package vegan) seront utilisés dans R pour estimer la contribution relative des variables abiotiques et des variables virales à l'abondance des taxons phytoplanctoniques. Une partition de variance permettra de quantifier la fraction expliquée indépendamment par chaque groupe de facteurs.

Troisièmement, des réseaux d'association conditionnels seront construits à partir des abondances transformées (CLR) en utilisant SPIEC-EASI ou FlashWeave, afin d'identifier des liens virus-hôtes robustes après prise en compte des covariables environnementales. En plus de retrouver les couples Picochlorum-picochlorovirus connus en guise de validation de l'approche, cette étude visera à mettre en évidence des couples hôte-virus encore inconnus.

Le système Picochlorum-picochlorovirus servira de cas test. La disponibilité de souches virales isolées et séquencées permettra d'ancrer les signatures métagénomiques environnementales dans des entités biologiques caractérisées expérimentalement. Si les dynamiques observées pour ce système suivent les prédictions du modèle de contrôle viral, il sera possible d'inférer que des mécanismes analogues peuvent s'appliquer à d'autres taxons dominants.

#### Détail du Programme finançant la recherche\* :

Nos analyses spécifiques sur le genre *Picochlorum* et ses virus sont financées par les projets **TRANSIVIR** (ITEM, 2024-2026 ; PI G. Blanc, 35K€) et **VIROPICO** (EC2CO, 2025-2026 ; PI G. Blanc, 28K€). Le doctorant bénéficiera également des financements généraux associés aux projets de virologie marine **ANR BONUS** (2024-2027 ; PI Anne Claire Baudoux ; 75K€ pour fonctionnement G. Blanc ). Par ailleurs, une proposition de projet **ANR POLeNTa** (PI G. Blanc) a été soumise et est actuellement en évaluation au second tour de l'appel à projets générique **AAPG 2026**.

#### Directeur HDR proposé\*

Nom - Prénom : BLANC Guillaume

Corps : DR CNRS

Laboratoire (i.e. formation contractualisée de rattachement, éventuellement équipe au sein de cette formation) : MIO

Adresse mail : guillaume.blanc@mio.osupytheas.fr

Choix de cinq publications récentes (souligner éventuellement les étudiants dirigés co-signataires) :

En vert, les noms de mes précédents doctorants

**A high rate algal pond hosting a dynamic community of RNA viruses.**

Chase , Monteil-Bouchard , Gobet , Andrianjakarivony, Desnues\* and Blanc\*, Viruses. (2021) 13(2), 148 \*: corresponding author

**Diversity of Giant Viruses Infecting Vermamoeba vermiformis.**

Geballa-Koukoulas, Blanc, La Scola and Andreani, Front. Microbiol. (2022) 13:808499

**Integrated viral elements suggest the dual lifestyle of Tetraselmis spp. polinton-like viruses.**

Chase , Desnues and Blanc\*, Virus Evolution. (2022) 13(2), 148 \*: corresponding author

**Exploring the influence of fertilization on bacterial community fluctuations in Ulva cultivation.**

Estoup , Gernigon, Avouac, Blanc\*, Gobet\*. Algal Research. (2024) 82, 103688 \*: corresponding authors

**Viral dynamics in a high-rate algal pond reveals a burst of Phycodnaviridae diversity correlated with episodic algal mortality.**

Chase , Pitot, Bouchard, Triplet, Przybyla, Gobet, Desnues and Blanc\*, mBio. (2024) 11;15(12):e0280324

**Thèses encadrées ou co-encadrées au cours des quatre dernières années\***

Nom : Paul Estoup

Intitulé : Etude des composantes microbienne et virale au sein de l'holobionte Ulve dans un contexte d'aquaculture

Type d'allocation : Région SUD

Date de début de l'allocation de doctorat : 2022

Date de soutenance (si la thèse est soutenue) : 2025

Programme finançant la recherche : HOLOGREEN (REGION)

Situation actuelle du docteur (si la thèse est soutenue) : Postdoc Station Marine de Roscoff

Nom : Florian Thiriot

Intitulé : Metagenomic and transcriptomic study of diatom RNA viruses

Type d'allocation : ANR

Date de début de l'allocation de doctorat : 2024

Date de soutenance (si la thèse est soutenue) : 2027

Programme finançant la recherche : ANR BONUS

Situation actuelle du docteur (si la thèse est soutenue) :