

Master en Biologie orientation Biodiversité & Systématique

Barcode ADN des foraminifères arctiques

Laboratoire d'évolution moléculaire et écologie des protistes

Prof. Jan Pawlowski jan.pawlowski@unige.ch T: +41 22 379 30 69

Les foraminifères sont des organismes aquatiques unicellulaires caractérisés par une paroi souple ou une coquille solide et des extensions filamenteuses de cytoplasme formant un réseau de réticulopodes. Les foraminifères représentent le principal groupe d'organismes benthiques avec plus de 10'000 espèces modernes décrites. Cependant, la plupart de ces espèces appartiennent aux groupes bien connus des foraminifères calcaires ou agglutinées, décrites selon des critères morphologiques. Nos connaissances sont très limitées en ce qui concerne la diversité génétique de ces espèces, en particulier celles qui sont caractérisées par un test organique ou souple et qui sont mal conservées dans les sédiments fossiles. Le barcode ADN permet l'identification de ces espèces par le séquençage d'un petit fragment du gène codant pour l'ARN de la petite sous-unité ribosomale.

Le projet consiste en l'obtention du barcode ADN (ou "barcodage") des espèces de foraminifères présentes dans une grande collection d'échantillons provenant des régions côtières de l'Arctique, contenant de nombreuses espèces non encore décrites. Les données de barcode ADN en combinaison avec les caractéristiques morphologiques permettront la description de nouvelles espèces. De plus, les données moléculaires seront utilisées pour inférer les relations phylogénétiques entre les foraminifères de l'Arctique et celles des régions polaires et subpolaires de l'hémisphère Sud.

Le candidat devra avoir de bonnes connaissances en systématique et un intérêt dans l'utilisation des informations génétiques pour l'identification des espèces et pour l'analyse de l'origine des espèces ainsi que de leur distribution géographique. Elle/il apprendra différentes techniques moléculaires appliquées en systématique moléculaire, en particulier la PCR, le clonage, le séquençage Sanger et le séquençage à haut débit (high-throughput sequencing, HTS). Elle/il apprendra à utiliser différents programmes d'analyse de séquence d'ADN, en particulier pour l'analyse de données de screening HTS de cellules.