

Programme et Équipement Prioritaire de Recherche (PEPR)

ATLASEa : « Un Atlas des génomes marins »

Appel à candidatures : projets doctoraux 2026

Ouverture de l'appel : 16 avril 2026

Clôture de l'appel : 19 mai 2026, 15h (CEST)

Contact : call-atlasea@bio.ens.psl.eu (cheffe de programme, Coraline Chapperon)

Préambule

Les technologies de séquençage se sont développées de manière significative ces deux dernières décennies, ouvrant un champ de recherche sans précédent pour étudier et mieux comprendre la diversité du vivant. Dans ce contexte, le Programme de recherche ATLASea¹, un des lauréats des PEPRs (Projets et Équipements Prioritaires de Recherche) exploratoires, financé par France 2030 sur 8 ans, a pour objectif de réaliser les génomes de références de 4500 espèces marines eucaryotes de la ZEE (Zone Economique Exclusive) française. Cet effort sera déterminant pour l'étude de la biodiversité marine, mal connue, et sous forte pression anthropique, et indispensable au maintien des équilibres physiques et biologiques des écosystèmes marins.

ATLASea fédère les communautés de la R&D française autour des thématiques de la génomique marine, favorise l'interdisciplinarité, accélère les collaborations entre les différents acteurs publics et privés, et vise à se positionner comme le chef de file international sur l'acquisition de milliers de génomes et de millions de gènes de la vie marine, en collaboration avec l'initiative européenne ERGA (European Reference Genome Atlas)² et l'initiative mondiale Earth BioGenome Project (EBP)³.

ATLASea a aussi pour vocation la formation de la nouvelle génération de scientifiques. Pour cela, en 2026, ATLASea financera deux contrats doctoraux environnés d'une durée de 3 ans (2026-2029) sur des projets de thèses autour de thématiques ciblées par le Programme.

¹ <https://www.atlasea.fr/>

² <https://www.erga-biodiversity.eu/>

³ <https://www.earthbiogenome.org/>



Sommaire

1.	ATLASEA : CONTEXTE	2
2.	APPEL A CANDIDATURES : PROJETS DOCTORAUX	2
A.	OBJECTIFS DE L'APPEL	2
B.	THEMATIQUES DES PROJETS DOCTORAUX	2
	<i>Projet doctoral 1 : Analyse génotype-phénotype à grande échelle chez les poissons.....</i>	<i>3</i>
	<i>Projet doctoral 2 : Génomique à grande échelle pour élucider et reconstituer les déterminants de la mise en culture des protistes marins.....</i>	<i>4</i>
3.	DEROULEMENT DE L'APPEL.....	6
A.	CALENDRIER.....	6
B.	PHASE DE CANDIDATURE	6
C.	PHASES DE PRE-SELECTION ET DE SELECTION	7
D.	PHASE D'ANNONCE DES LAUREAT.E.S.....	7
4.	CONTRACTUALISATION	7
A.	UTILISATION DES FONDS	7
B.	MODALITES CONTRACTUELLES	8
C.	ENGAGEMENTS.....	8

1. ATLASea : contexte

Le PEPR ATLASea financé dans le cadre du plan France 2030 (41,3 millions d'euros pendant 8 ans) est co-piloté par le CNRS et le CEA, et a pour but de **séquencer les génomes de 4500 espèces marines eucaryotes** de la Zone Économique Exclusive (ZEE) française, 2^{ème} mondiale, en métropole et sur quatre territoires ultramarins, à travers une couverture phylogénétique ciblée selon des critères visant à comprendre et analyser les écosystèmes particulièrement menacés, fragiles, biologiquement importants et économiquement stratégiques (dont mollusques, crustacés, annélides, cnidaires, ascidies, algues unicellulaires et macro-algues, éponges et poissons) soit environ un dixième des espèces marines connues de l'hexagone et des territoires ultramarins.

Cet inventaire de la biodiversité marine est rendu possible par la collaboration d'acteurs clés comme le CNRS, le CEA, le Muséum national d'Histoire naturelle (MNHN), l'Ifremer, des Universités avec Sorbonne Université, l'Université Aix-Marseille, Paris Sciences Lettres, qui incluent plusieurs stations marines.

Le Programme est actuellement structuré en trois projets ciblés :

- *DIVE-Sea⁴ en charge de la collecte, l'identification, l'échantillonnage et la mise en collection des spécimens*
- *SEQ-Sea⁵ en charge de l'extraction d'ADN, du séquençage, l'assemblage et l'annotation du génome*
- *BYTE-Sea⁶ en charge de l'implémentation d'une infrastructure informatique permettant l'interopérabilité, la sécurité, la publication, la visualisation, l'annotation et l'analyse comparative des données ATLASea*

Ces projets ciblés s'articulent avec pour ambition de produire massivement un socle de données génomiques de référence de haute qualité qui seront déposées dans une base de données en libre accès pour la communauté scientifique et compléteront ainsi les inventaires de biodiversité : sous l'égide du Earth Biogenome Project (EBP), il existe plus de 60 programmes internationaux qui ont pour but d'obtenir des génomes de référence.

2. Appel à candidatures : projets doctoraux

A. OBJECTIFS DE L'APPEL

Cet appel est organisé par le PEPR ATLASea, et est administré par le CNRS. Il a pour objectif la sélection de deux doctorant.e.s qui bénéficieront d'un encadrement de haut niveau par des experts scientifiques membres d'ATLASea.

Les lauréat.e.s participeront à l'exploitation des données de génomique marine, y compris produites dans le cadre du Programme ATLASea, dans un des projets de recherche décrits ci-après.

B. THEMATIQUES DES PROJETS DOCTORAUX

Chaque candidat.e devra se positionner sur un projet doctoral, parmi les deux sujets proposés dans le cadre de cet appel. Chaque candidat.e devra justifier ses motivations et ses qualifications au regard de ce choix. A l'issue de la sélection, deux contrats doctoraux, seront établis.

⁴ <https://www.atlasea.fr/projets/projet-dive-sea/>

⁵ <https://www.atlasea.fr/projets/projet-seq-sea/>

⁶ <https://www.atlasea.fr/projets/projet-byte-sea/>

Projet doctoral 1 : Analyse génotype-phénotype à grande échelle chez les poissons

Acronyme : EVOLFISH

Encadrant de la thèse : Hugues ROEST CROLLIUS

Contact : hrc@bio.ens.psl.eu

Laboratoire d'accueil : Dynamique et Organisation des Génomes (DYOGEN), Institut de Biologie de l'ENS (IBENS), UMR 8197, 46 rue d'Ulm, 75005 Paris

Ecole doctorale de rattachement : ED657 - Science du Vivant, Université PSL

Projet ciblé ATLASea impliqué : BYTE-Sea

Résumé du projet :

Un des grands enjeux de la génomique actuelle est de comprendre l'évolution des génomes, pour faire le lien entre le génotype et les phénotypes à travers le prisme de l'évolution et de l'adaptation des espèces. La génomique comparative bénéficie aujourd'hui d'un apport phénoménal de données nouvelles, grâce aux grands projets de séquençage de la biodiversité sous l'égide du Earth Biogenome Project, dont fait partie ATLASea. Ces données massives constituent un matériau idéal pour identifier des relations génotype-phénotype en mobilisant des approches de génomique « forward » ou « reverse », consistant à associer des signatures génomiques à des changements phénotypiques.

Depuis plusieurs années, l'équipe s'intéresse particulièrement aux génomes de poissons, qui ont subi une duplication complète du génome avant la grande radiation des Téléostéens, à l'origine d'environ 30 000 espèces actuelles. Le projet de thèse s'appuiera sur l'expertise de l'équipe en bioinformatique et en génomique comparative des poissons afin de développer et appliquer ces stratégies à des cas connus d'évolution convergente chez les Téléostéens. L'évolution convergente — où un même phénotype apparaît ou disparaît indépendamment dans plusieurs lignées — constitue un cadre particulièrement puissant pour identifier des relations génotype-phénotype, car elle repose sur des observations répliquées naturellement. De nombreux exemples sont documentés chez les poissons, notamment :

- *L'émergence du caractère amphibie,*
- *L'émergence de la viviparité,*
- *Des adaptations d'osmorégulation,*
- *L'émergence de l'endothermie,*
- *Des durées de vie extrêmement courtes ou longues,*
- *La perte de la vessie natatoire, de l'estomac, des écailles ou des nageoires.*

Une approche plus exploratoire sur l'évolution convergente de traits de vie ou de caractères morphologiques sera également testée, à l'aide de données collectées dans les bases de données FishBase et Encyclopedia of Life (EOL). L'approche consistera à construire des jeux de données de référence comprenant :

- *Des phylogénies de gènes codant pour des protéines,*
- *Des familles d'éléments non codants conservés (CNE).*

Plus de 600 génomes de poissons de haute qualité sont actuellement disponibles et fourniront les données nécessaires pour établir des sous-ensembles pertinents (familles de gènes, alignements multiples de génomes, etc.).

Lorsque aucun élément génomique spécifique (gène ou CNE) ne pourra être directement associé à un phénotype d'intérêt via des schémas discrets de rétention ou de perte, deux stratégies complémentaires seront mises en œuvre afin d'élargir le spectre des déterminants génétiques considérés :



- **Extension du contexte biologique.** Les annotations fonctionnelles (Gene Ontology, voies métaboliques, relations de paralogie) seront utilisées pour replacer les gènes dans un cadre fonctionnel élargi.
- **Analyse des variations continues des taux d'évolution moléculaire.** Plutôt que de se limiter à une logique binaire présence/absence, un signal continu de variation des taux d'évolution sera mesuré le long des phylogénies, afin de détecter des accélérations ou des contraintes évolutives associées aux phénotypes étudiés.

Ce projet offre une opportunité exceptionnelle de tirer parti de l'abondance croissante de génomes téléostéens de haute qualité produits ATLASa et d'autres programmes de séquençage de la biodiversité, afin d'explorer de manière intégrée les bases génétiques de l'innovation phénotypique chez les poissons.

Mots clés : Evolution, Génomique comparative, Bioinformatique, Phénotypes, Poissons téléostéens, Biologie marine

Ressources disponibles pour la thèse dans le laboratoire d'accueil : Le/la doctorant.e sera accueillie à l'Institut de Biologie de l'ENS, situé dans le centre de Paris (IBENS). L'IBENS comprends environ 30 équipes de recherche couvrant de nombreuses disciplines, plusieurs plateformes techniques de haut niveau dont un cluster de calcul (4000 CPU et 13 GPU). L'IBENS accueille une grande diversité de nationalités et comprend une association d'étudiants et post-doc dynamique.

Profil et compétences recherchées : Candidat.e. ayant des connaissances en évolution, des compétences en bioinformatique (capacité à programmer), une expérience en génomique comparative.

Projet doctoral 2 : Génomique à grande échelle pour élucider et reconstituer les déterminants de la mise en culture des protistes marins

Acronyme : PROTEUS

Encadrant de la thèse : Fabrice NOT

Contact : fabrice.not@sb-roscoff.fr

Co-encadrant de la thèse : Ian PROBERT

Contact : probert@sb-roscoff.fr

Co-encadrant de la thèse : Samuel CHAFFRON

Contact : samuel.chaffron@cns.fr

Laboratoire d'accueil : Station Biologique de Roscoff, Place Georges Teissier, 29682 Roscoff

Autre laboratoire d'accueil : Laboratoire des Sciences du Numérique de Nantes (LS2N), UMR 6004, 2, chemin de la Houssinière, 44322 Nantes

Ecole doctorale de rattachement : ED 227 - DIVERsités, Origines, Natures, MNHN-SU

Projets ciblés ATLASa impliqués : DIVE-Sea, SEQ-Sea

Résumé du projet :

Les protistes représentent la majorité de la diversité eucaryote et jouent un rôle clé dans les cycles biogéochimiques marins. Pourtant, une grande partie de cette diversité reste inaccessible expérimentalement, car la majorité des lignées ne sont pas cultivées. Même pour les espèces cultivées, les conditions sont souvent suboptimales et peu standardisées, limitant la

compréhension de leur physiologie, de leurs interactions et de leur rôle écologique. Dans ce contexte, le projet vise à exploiter les données génomiques produites dans le cadre du PEPR ATLASa afin de mieux comprendre et optimiser la physiologie des protistes en culture, tout en facilitant l'accès à de nouvelles lignées. Il propose de transformer ces données et annotations fonctionnelles en outils prédictifs pour guider la culture, levant ainsi un verrou méthodologique majeur identifié par ATLASa.

Questions scientifiques :

- *Quels déterminants génomiques et métaboliques conditionnent la croissance en culture ?*
- *Peut-on identifier des facteurs limitants dans les milieux actuels pour des espèces cultivées ?*
- *Dans quelle mesure les génomes et leurs potentiels fonctionnels/métaboliques permettent-ils de prédire des conditions de culture optimales (nutriments, cofacteurs, interactions) ?*
- *Ces signatures sont-elles transférables à des lignées non cultivées ?*

Objectifs :

- *Caractériser les bases génomiques de la croissance en culture des protistes marins à partir des données ATLASa ;*
- *Permettre l'exploration des voies métaboliques d'intérêt via le Marine Genome Portal ;*
- *Comparer les potentiels fonctionnels et réseaux métaboliques pour détecter auxotrophies et dépendances ;*
- *Développer des modèles prédictifs (machine learning-based) reliant génome, environnement, microbiome et culturabilité ;*
- *Valider expérimentalement des stratégies de culture guidées par les génomes.*

Méthodologie :

Le projet adoptera une approche intégrée basée sur les ressources ATLASa :

- *Génomique comparative pour identifier les déterminants de la performance en culture ;*
- *Reconstruction de réseaux métaboliques pour détecter besoins spécifiques et auxotrophies ;*
- *Analyse des conditions de culture existantes et mise en relation avec les capacités génomiques ;*
- *Modélisation statistique et apprentissage automatique pour prédire la croissance (ex. biais d'usage des codons) ;*
- *Validation expérimentale : axénisation, optimisation des milieux (nutriments, vitamines, cofacteurs), ajustement des paramètres, tests en co-cultures.*

Les données de génomique environnementale (ex. expéditions Tara) seront utilisées de façon ciblée pour contextualiser certains résultats.

Résultats attendus et impact :

Le projet devrait :

- *Identifier des déterminants génomiques de la performance en culture*
- *Proposer des milieux optimisés et rationalisés*
- *Développer des outils prédictifs transférables à d'autres lignées.*

A plus long terme, il contribuera à :

- *Améliorer l'efficacité et la reproductibilité de la culture ex situ des protistes ;*
- *Réduire le fossé entre données génomiques et expérimentation ;*
- *Faciliter l'étude fonctionnelle de la biodiversité marine ;*
- *Accroître l'accès ex situ à des lignées d'intérêt pour le séquençage au sein du projet ATLASa*
- *Stimuler des nouvelles applications biotechnologiques.*

En faisant de la culture un objet quantifiable et prédictible, ce projet ouvre la voie à une approche plus systématique et intégrée de la biologie des protistes.

Mots clés : Protistes marins ; génomique comparative ; réseaux métaboliques ; modélisation prédictive ; culturabilité microbienne.

Ressources disponibles pour la thèse dans le laboratoire d'accueil : Le/la doctorant.e sera accueilli.e en premier lieu à la Station Biologique de Roscoff (SBR), qui offre un environnement de recherche de premier plan en biologie marine, notamment pour l'étude et la culture des protistes. Il/elle bénéficiera d'un accès direct à des infrastructures spécialisées, en particulier la Roscoff Culture Collection, dédiée à la culture de micro-organismes marins, ainsi qu'à la plateforme ABIMS, co-coordonateur du projet ciblé SEQ-Sea, pour l'analyse de données génomiques. En complément, le/la doctorant.e sera affilié.e au LS2N (UMR 6004 CNRS / Université de Nantes), qui apporte une expertise reconnue en bioinformatique, modélisation et apprentissage automatique. Il.elle y disposera d'un poste de travail dédié, d'un ordinateur performant et d'un accès aux infrastructures de calcul nécessaires au traitement et à l'analyse de données à grande échelle.

Temps envisagé dans chaque laboratoire : 50% SBR / 50% LS2N

Profil et compétences recherchées : Profil hybride bioinformatique / microbiologie

3. Déroulement de l'appel

A. CALENDRIER

L'appel se constitue de plusieurs phases :

- Phase de candidature
- Phases de pré-sélection et de sélection
- Phase d'annonce des lauréat.e.s

Le calendrier prévisionnel est le suivant :

10 avril 2026	Pré-annonce
16 avril 2026	Lancement officiel de l'appel
16 avril 2026 – 18 mai 2026	Prise de contact obligatoire des candidat.e.s avec (à minima) l'encadrant principal de thèse
19 mai 2026, 15h (CEST)	Clôture de l'appel - Fin de dépôt des candidatures
20 mai 2026 – 26 mai 2026	Phase de pré-sélection des dossiers de candidature
27 mai 2026	Annonce des résultats de la pré-sélection
4 juin 2026	Audition des pré-sélectionné.e.s
9 juin 2026	Validation des lauréat.e.s par le comité institutionnel ATLASea
Mi - juin 2026	Communication des résultats
Dès fin juin 2026	Contractualisation
Septembre à octobre 2026	Début de la thèse
Août à octobre 2029	Fin de thèse

B. PHASE DE CANDIDATURE

L'appel à candidatures est publié sur le site internet ATLASea.

Nous acceptons les candidatures d'étudiant.e.s de toutes nationalités.

Le dossier de candidature complet, doit être obligatoirement rédigé en langue anglaise et déposé sur le site dédié de l'appel au plus tard le 19 Mai 2026 à 15h, CEST (heure de Paris). L'adresse du site de dépôt sera communiquée sur la page dédié à cet appel sur le site internet ATLASea. **Tout**

dossier déposé après la date et l'heure de clôture de l'appel sera systématiquement rejeté.
Aucun élément supplémentaire ne sera accepté au-delà de la date et l'heure de clôture de l'appel.

Le dossier de candidature complet (en anglais) comprend :

- **Le formulaire administratif rempli sur la plateforme de dépôt** dans lequel vous préciserez les adresses email institutionnelles (pas d'adresse gmail, hotmail, free, orange, yahoo, etc) de deux professeurs ou encadrant.e de stage connaissant bien le.la candidat.e
- **Trois documents en format PDF** (à télécharger sur le site de dépôt) comprenant :
 - *Curriculum vitae (2 pages maximum),*
 - *Lettre de motivations pour entreprendre une thèse et pour le choix du sujet de thèse (2 pages maximum),*
 - *Copie scannée du diplôme le plus élevé et attestation des notes et du classement en Licence et éventuellement Master, accompagnés d'une traduction en français ou en anglais, si les diplômes ont été obtenus à l'étranger.*

Points d'attention :

- *Les candidat.e.s doivent obligatoirement prendre contact avec l'encadrant principal (à minima) du projet de thèse en amont du dépôt de la candidature.*
- *Le candidat doit être titulaire de, ou préparer durant l'année universitaire en cours (2025-2026), un Master (M2) ou diplôme équivalent donnant droit à s'inscrire dans une université française en doctorat avant le début de la thèse, en écologie marine, génomique marine, bio-informatique, génomique évolutive, ou disciplines connexes.*

C. PHASES DE PRE-SELECTION ET DE SELECTION

- Une pré-sélection des dossiers de candidatures complets et déposés avant la date de clôture de l'appel sera conduite par les encadrants des projets de thèse.
- Une convocation à une audition en vidéo-conférence par un comité de recrutement sera envoyée aux candidat.e.s pré-sélectionné.e.s pour chaque projet de thèse. Les modalités d'audition seront communiquées aux candidat.e.s en amont de l'audition.
- A l'issue de l'audition, une liste finale et ordonnée de candidat.e.s sélectionné.e.s sera établie par le comité de recrutement.
- Les candidatures (dossier puis audition) seront évaluées sur la base de la qualité académique du parcours, le potentiel pour faire de la recherche de haut niveau, la qualité des discussions au cours de l'entretien.

D. PHASE D'ANNONCE DES LAUREAT.E.S

La liste des lauréat.e.s sera actée par le comité institutionnel du PEPR ATLASea.

Les résultats seront annoncés officiellement sur le site internet ATLASea et individuellement aux lauréat.e.s. Les lauréat.e.s auront 14 jours pour accepter ou refuser ce financement.

Le processus de contractualisation sera engagé avec l'établissement de tutelle (gestionnaire du contrat) après acceptation du financement et confirmation du grade de Master.

4. Contractualisation

A. UTILISATION DES FONDS

Ce programme assure le soutien financier à la réalisation de deux projets doctoraux.

Les fonds, d'un montant maximal de 150 k€ par contrat doctoral, pour une durée de 3 ans (*hors frais de gestion*) doivent obligatoirement être utilisés pour couvrir :

- **la rémunération d'un.e doctorant.e sélectionné.e** dans le cadre de cet appel, selon les grilles de financement en vigueur,
- **les frais de fonctionnement, d'un montant maximal de 20k€** directement alloués au projet de recherche.

Une annexe financière détaillée sera annexée au contrat de financement et établie en respect du Règlement Financier relatif aux modalités d'attribution des aides de l'action PEPR⁷.

B. MODALITES CONTRACTUELLES

- Chaque projet doctoral bénéficiera d'un contrat d'une durée de 3 ans en équivalent temps plein, conformément aux dispositions légales en vigueur en France, avec pour mission unique ou principale celle de mener à bien son projet doctoral.
- Le contrat doit commencer entre le 1er septembre et le 31 Octobre 2026, au plus tard.
- Chaque doctorant.e aura un statut de salarié.e, et sera recruté.e par un établissement d'enseignement supérieur ou de recherche française accrédité par le ministère chargé de l'enseignement supérieur et de la recherche pour décerner le diplôme national de doctorat. L'établissement, partenaire d'ATLASEa sera gestionnaire du financement alloué.
- Chaque doctorant.e recruté.e sera rattaché.e à l'unité de recherche de l'encadrant du projet de thèse. Les conditions d'inscription en doctorat sont définies par l'arrêté du 25 Mai 2016⁸. Une inscription en école doctorale française est obligatoire, et sera définie en fonction de la thématique et du rattachement de l'unité de recherche de l'encadrant. Un suivi de la thèse sera opéré selon les règles en vigueur dans l'école doctorale de rattachement.
- Point particulier : Le Fonctionnaire Sécurité Défense de l'établissement d'accueil sera sollicité pour obtenir la validation du recrutement du doctorant.e.

Cas particulier de co-tutelles (applicable au projet doctoral 2 - PROTEUS) : les conditions susmentionnées s'appliquent. En supplément, une convention de co-tutelle devra être établie entre l'établissement gestionnaire de la thèse partenaire d'ATLASEa et l'établissement d'accueil de co-tutelle. La convention de co-tutelle devra prévoir les modalités opérationnelles et organisationnelles du co-encadrement du/de la doctorant.e, et devra inclure un calendrier explicitant la répartition des périodes de recherche et d'accueil entre les deux laboratoires.

C. ENGAGEMENTS

Dans le cadre du projet doctoral financé par le PEPR ATLASEa, les doctorant.e.s et encadrants de thèse s'engagent à :

- *Publier les résultats du projet de thèse en accès ouvert conformément à la politique de Science Ouverte de l'Agence Nationale de la Recherche (ANR)⁹.*
- *Respecter les principes de la charte de déontologie et d'intégrité scientifique de l'ANR10. Les encadrants de thèse veillent au respect de l'ensemble de ces principes dans le cadre des activités de recherche menées sous leur responsabilité dans le cadre du projet de thèse.*
- *Se conformer aux exigences de suivi et participer aux enseignements et séminaires destinés à conforter sa culture scientifique de l'école doctorale de rattachement.*
- *Accepter la diffusion, le partage et la communication d'informations sur le projet de thèse par ATLASEa sur son site internet, réseaux sociaux, newsletters, et tout autre support et moyen, ou lors d'événements, séminaires, formations. Ces informations comprennent, à titre non exhaustif, : noms et prénoms du doctorant.e., encadrant, affiliations, titre, acronyme, résumé public du projet.*

⁷ [règlement financier relatif aux modalités d'attribution des aides de l'action PEPR](#)

⁸ <https://www.legifrance.gouv.fr/loda/id/JORFTEXT000032587086>

⁹ <https://anr.fr/fr/lanr/engagements/la-science-ouverte/>

¹⁰ <https://anr.fr/fileadmin/documents/2025/Charte-deontologie-et-integrite-scientifique-ANR-2024.pdf>