

> **Virginie MARQUES**

# Nécessité, potentiel et limitations de l'approche en unités taxonomiques moléculaires pour analyser la biodiversité de l'ADN environnemental des poissons

## Soutenance de thèse

**Jeudi 26 novembre 2020 à 14h**

**En distanciel**

Université des Sciences de Montpellier  
Place Eugène Bataillon  
Montpellier



### JURY

**Louis BERNATCHEZ**

Professeur, Université de Laval  
Département de Biologie, Québec, Canada  
Rapporteur

**Marie-José FORTIN**

Professeure, Université de Toronto, Canada  
Rapporteuse

**Jérôme MURIENNE**

Chargé de recherche, CNRS, UMR 5174, Toulouse  
Examineur

**Emmanuel PARADIS**

Directeur de recherche, IRD, UMR ISEM, Montpellier  
Examineur

**Claude MIAUD**

Directeur d'études, EPHE, UMR CEFE/CNRS, Montpellier  
Examineur

**David MOUILLOT**

Professeur, Université de Montpellier, UMR MARBEC  
Directeur de thèse

**Stéphanie MANEL**

Directrice d'études, EPHE, UMR CEFE/CNRS, Montpellier  
Invitée

**Tony DEJEAN**

Directeur SPYGEN, Le Bourget-du-Lac  
Invité

### Résumé

La vitesse et l'intensité des changements globaux nécessitent de nouveaux moyens d'observations de la biodiversité qui soient rapides, non-destructifs, standardisés, déployables à large échelle et dans les écosystèmes les plus reculés comme l'océan profond. Les méthodes de recensement classiques reposent sur l'identification morphologique ou sonore des espèces, mais celles-ci sont coûteuses en temps et en expertise. Au-delà de ces signaux, les animaux laissent aussi des traces d'ADN dans leur environnement sous la forme de cellules dermiques, de mucus ou de fèces. Le metabarcoding de cet ADN environnemental (ADNe) consiste à le collecter, l'amplifier et le séquencer pour identifier les espèces présentes grâce à des bases de séquences génétiques de référence. Or, ces bases de référence sont incomplètes, ce qui limite fortement le potentiel de l'ADNe pour révéler la biodiversité présente. Cette thèse a pour but de développer une approche alternative basée sur des unités taxonomiques moléculaires (MOTUs) pour analyser la biodiversité des macro-organismes aquatiques, et plus particulièrement celle des poissons osseux. J'ai tout d'abord réalisé une synthèse globale et spatialisée de la couverture taxonomique des bases de référence de séquences génétiques pour tous les poissons osseux, qui montre une sous-représentation des espèces de la zone tropicale, ainsi que des lacunes concernant les espèces menacées et non-indigènes. Seules 13 % des espèces de poisson sont séquencées pour le marqueur le plus commun, ce qui exclut toute ambition d'analyse exhaustive de la biodiversité par assignation aux espèces à court et moyen terme. En conséquence, j'ai développé un pipeline bio-informatique pour générer des estimations de la diversité en unités taxonomiques moléculaires (MOTUs) par famille de poissons. Les résultats démontrent que cette diversité en MOTUs représente un excellent proxy de la diversité en espèces à différentes échelles spatiales. Ensuite une application du metabarcoding de l'ADNe et de l'approche en MOTUs a permis d'estimer la diversité fonctionnelle, basée sur les traits des espèces, et la diversité phylogénétique, basée sur l'histoire évolutive des espèces, des poissons tropicaux de manière plus exhaustive que des méthodes traditionnelles (vidéos, plongées). Enfin, dans une première analyse globale de la diversité des récifs coralliens en ADNe, qui rassemble 251 échantillons récoltés depuis l'océan Indien jusque dans les Caraïbes, l'approche en MOTUs permet de reconstruire les gradients biogéographiques des poissons, mais aussi de révéler une hétérogénéité spatiale locale jusqu'alors sous-estimée. Alors qu'il est aujourd'hui crucial de mettre en place des méthodes de suivi efficaces, non dépendantes de spécialistes et à haute fréquence temporelle pour mieux comprendre les effets des changements globaux sur la biodiversité, ces travaux démontrent tout le potentiel de l'ADNe avec approche en MOTUs pour construire des indicateurs robustes de plusieurs facettes de la biodiversité à plusieurs échelles, mais aussi pour tester les hypothèses théoriques sous-jacentes à la distribution de cette biodiversité.

### Mots-clés

ADNe, Biodiversité, Communauté, Récifs coralliens, Clustering, MOTU

Soutenance à suivre sur ZOOM  
<https://umontpellier-fr.zoom.us/j/84341450653>