



Maïlys Gauthier (2016 - 2019)

Structure des communautés dans les têtes de bassins versants : une approche moléculaire

Encadrants : DATRY Thibault, DOUADY Christophe

Ecole Doctorale: E2M2

Améliorer la compréhension de la structure des têtes de bassins versants (1) en développant un outil d'identification moléculaire adapté à l'étude des communautés, (2) en étudiant la structure spatiale des communautés de différentes têtes de bassins versants avec une approche morphologique classique et une approche moléculaire et (3) en étudiant la structure spatio-temporelle des communautés d'une tête de bassin versant.

Dans la dernière décennie, l'étude de la structuration des communautés est passée d'une vision centrée sur le concept de niche à une vision plus globale où le déplacement des individus est aussi pris en compte (Leibold et al, 2004). Ainsi, les communautés sont structurées non seulement par des processus locaux mais aussi par la dispersion, processus agissant à l'échelle régionale. Les réseaux hydrographiques correspondent à des systèmes contraints spatialement du fait du dendritisme du réseau (Campbell et al, 2007), du flux unidirectionnel du courant de l'amont vers l'aval (Benda et al, 2004) et du dynamisme du régime hydrologique comme les assèchements (Datry et al, 2016) et les crues. Ainsi, la dispersion est considérée comme un processus influençant fortement la structure des communautés dans ces milieux. Les communautés des têtes de bassins versants (TBVs) sont d'autant plus influencées par ces contraintes spatiales de par leur position amont dans le réseau et le fort dynamisme observé dans les TBVs. Les TBVs jouent un rôle majeur dans le fonctionnement d'un réseau hydrographique (e.g. apports de sédiments, sites de ponte) (Meyer et al, 2007) et subissent des pressions anthropiques qui perturbent leur cycle hydrologique naturel. Il est important de comprendre comment se structure les communautés des TBVs dans le temps et dans l'espace pour guider les pratiques de restauration ou de conservation de ces milieux vulnérables et essentiels au bon fonctionnement des réseaux hydrographiques.

Le projet de thèse a pour objectif d'étudier la dynamique spatiale et temporelle des métacommunautés des TBVs afin d'améliorer notre compréhension de ces systèmes. Pour cela, nous nous sommes intéressés aux communautés de macroinvertébrés benthiques, organismes clés dans les TBVs (Wallace & Webster, 1996). Une limite de ce modèle biologique est l'identification morphologique des spécimens qui lui est associée qui ne permet pas toujours une identification à l'espèce, ce qui peut masquer certains patrons de structuration des communautés (Martin et al, 2016). Identifier les spécimens grâce à leur ADN permet de mieux discriminer les espèces et, dans le cadre de l'étude des métacommunautés, d'améliorer la compréhension des processus les structurant.

Dans un premier temps, un outil moléculaire a été développé afin de permettre une identification au niveau spécifique des spécimens et de répondre à certaines limites du métabarcoding. En effet, les méthodes de métabarcoding utilisées actuellement nécessitent de sortir un à un les spécimens des échantillons, étape chronophage, et induisent des biais qualitatif et quantitatif dans la caractérisation des communautés. La comparaison de la méthode classique et la méthode que nous avons développée a montré que notre méthode donne une représentation plus juste et précise des communautés par rapport à la méthode classique, ceci sans nécessairement devoir sortir les spécimens (Gauthier et al, in review). La méthode développée est donc un outil d'identification moléculaire efficace prometteur pour l'étude des communautés.

Dans un second temps, les communautés de macroinvertébrés benthiques de 10 TBVs situés dans les massifs du Quercy et du Jura et subissant des degrés variables d'altérations hydrologiques ont été échantillonnées avant et après étiage. Ces communautés ont été identifiées sur critères morphologiques et avec la méthode moléculaire développée en première partie de thèse. La structure des métacommunautés a été analysée avec les deux approches d'identification afin de mettre en évidence les apports et complémentarités de ces deux approches pour l'étude des métacommunautés.

Dans un troisième temps, un suivi temporel de la structure des communautés de TBVs a été entrepris avec l'échantillonnage des communautés d'une TBV dans les Deux-Sèvres tous les mois pendant 10 mois. La proportion des processus structurant les milieux dynamiques tels que les TBVs sont susceptibles de varier au cours du temps et pouvoir quantifier ces variations permettra de mieux comprendre comment se structure les communautés de TBVs dans le temps et dans l'espace.

Références

Campbell Grant, E. H., Lowe, W. H., & Fagan, W. F. (2007). Living in the branches: Population dynamics and ecological processes in dendritic networks. *Ecology Letters*, 10(2), 165–175.

Datry, T., Bonada, N., & Heino, J. (2016). Towards understanding the organisation of metacommunities in highly dynamic ecological systems. *Oikos*, 125(2), 149–159.

Leibold, M. A., Holyoak, M., Mouquet, N., Amarasekare, P., Chase, J. M., Hoopes, M. F., ... Gonzalez, A. (2004). The metacommunity concept: A framework for multi-scale community ecology. *Ecology Letters*, 7(7), 601–613.

Martin, G. K., Adamowicz, S. J., & Cottenie, K. (2016). Taxonomic resolution based on DNA 736 barcoding affects environmental signal in metacommunity structure. *Freshwater Science*, 35, 737–751. doi:10.1086/686260.

Meyer, J. L., Strayer, D. L., Wallace, J. B., Eggert, S. L., Helfman, G. S., & Leonard, N. E. (2007). The contribution of headwater streams to biodiversity in river networks. *Journal of the American Water Resources Association*, 43(1), 86–103.

Wallace, J. B., & Webster, J. R. (1996). The Role of Macroinvertebrates in Stream Ecosystem Function. *Annual Review of Entomology*, 41(1), 115–139.

Publications et communications :

Publications :

M. Gauthier, L. Konecny-Dupré, A. Nguyen, V. Elbrecht, T. Datry, C.J. Douady, T. Lefébure. *Enhancing DNA metabarcoding performance and applicability with bait capture enrichment and DNA from conservative ethanol. (In review)*. Preprint disponible: <https://doi.org/10.1101/580464>

Communications :

Metacommunity organization in spatially constrained, dynamic systems: a molecular perspective. Présentation orale. Congrès SEFS10 Symposium for european freshwater sciences (Juillet 2017).

Development of bait capture for DNA enrichment for metabarcoding purposes: a robust alternative to PCR-based methods. Présentation orale. Congrès Limnologia2018 (Juin 2018).

Structure of benthic macroinvertebrate metacommunities in IRES: comparison of DNA metabarcoding and morphological approaches. Congrès SEFS11 Symposium for european freshwater sciences (Juillet 2019).