

PROPOSITION DE SUJET DE M2

L'ADN digestif pour décrypter la diversité des proies de la perche commune au Léman

Laboratoire d'accueil : UMR CARRETEL, Thonon-les-Bains

Responsable : Stéphan JACQUET (stephan.jacquet@inrae.fr)

Durée et période : 5 mois d'aout à décembre 2023

Quelques éléments de contexte

Pour mieux comprendre et protéger le fonctionnement des écosystèmes aquatiques et les services associés, il faut notamment étudier les réseaux d'interactions trophiques entre espèces qui régulent les flux de nutriments et d'énergie au sein des communautés écologiques (Blois *et al.* 2013).

La structuration des réseaux trophiques en terme de longueur de chaîne et de niveau de connectance détermine le niveau de résilience des communautés aux pressions anthropiques (Colares *et al.* 2022, Valiente-Banuet *et al.* 2015), et il est critique d'évaluer l'étendue des niches alimentaires des espèces (i.e. spécialisation/opportunisme).

Décrypter les interactions trophiques et le rôle fonctionnel des espèces au sein des grands lacs périalpins reste un enjeu important bien qu'il existe déjà de nombreuses données issues d'observations directes (plongée, vidéo) ou indirectes (acoustique), d'analyse de contenus stomacaux ou isotopiques permettent d'identifier certaines catégories trophiques.

Pour rendre compte de la complexité des comportements alimentaires et de la diversité des proies utilisées, l'analyse de l'ADN digestif par l'approche de « métabarcoding ADN » (Pompanon *et al.* 2012, Casey *et al.* 2019, Quéméré *et al.* 2021) apporte aujourd'hui une solution originale et nouvelle.

Travail proposé

- Revue de la littérature sur l'identification de proies de poissons de la perche commune et plus généralement via l'approche ADN digestif ;
- Analyse du contenu digestif des perches via l'utilisation d'une approche de métabarcoding multi-marqueurs ;
- Analyse des données de séquençage ;
- Identification des ressources importantes pour la perche et quantification de l'intensité de l'interaction trophique en estimant par exemple le pourcentage d'occurrence de chacune des proies ;
- Valorisation des résultats.

NB : Ce travail s'intègre dans le projet MYSILAC-3 (ECLA 2023) visant à suivre la dynamique temporelle d'*Hemimysis anomala* en milieu lacustre via l'approche ADNe et de ses interactions avec la perche

Stratégie

- Les poissons ont été recueillis auprès d'un pêcheur thononais chaque semaine de fin février à fin avril 2023 et de fin mai à début juillet 2023. 20 individus souvent encore vivants ont été récupérés au petit matin à chaque fois et congelés directement.
- L'ADN digestif sera analysé à l'aide d'une approche de métabarcoding ADN multi-marqueurs permettant d'identifier taxonomiquement les proies animales (de manière « grossière » et plus spécifique - marqueurs 18S, COI et *Hemimysis*). L'ensemble des analyses moléculaires (extraction d'ADN, préparatoire des librairies) seront réalisées au sein de l'UMR. Un séquençage type Illumina Miseq sera effectué.
- Les données de séquençage *Illumina* seront analysées via des pipelines d'outils d'analyse bio-informatique dédiés au métabarcoding ADN.
- Les résultats seront valorisés sous forme d'un rapport diplômant mais aussi d'une publication scientifique.

Stagiaire M2 recherché-e

- ayant une formation en biologie moléculaire et analyse bio-informatique de données de séquençage haut-débit ;
- ayant une bonne maîtrise de la communication orale et écrite, en français et en anglais.

Encadrement et expertise

Stéphan JACQUET (DR INRAE) – Cécile CHARDON (TR INRAE) – Valentin VASSEMON (CM SCIMABIO)

Bibliographie citée

- Blois, J. L., Zarnetske, P. L., Fitzpatrick, M. C., & Finnegan, S. (2013). Climate change and the past, present, and future of biotic interactions. *Science*, 341(6145), 499–504.
- Casey, J. M., Meyer, C. P., Morat, F., Brandl, S. J., Planes, S., & Parravicini, V. (2019). Reconstructing hyperdiverse food webs: Gut content metabarcoding as a tool to disentangle trophic interactions on coral reefs. *Methods in Ecology and Evolution*, 10(8), 1157–1170.
- Colares, L. F., Lobato, C. M. C., Montag, L. F. de A., & Dunck, B. (2022). Extinction of rare fish predicts an abrupt loss of ecological function in the future of Amazonian streams. *Freshwater Biology*, 67(2), 263–274.
- Pompanon, F., Deagle, B. E., Symondson, W. O., Brown, D. S., Jarman, S. N., & Taberlet, P. (2012). Who is eating what: Diet assessment using next generation sequencing. *Molecular Ecology*, 21(8), 1931–1950.
- Quéméré, E., Aucourd, M., Troispoux, V., Brosse, S., Murienne, J., Covain, R., ... Galan, M. (2021). Unraveling the dietary diversity of Neotropical top predators using scat DNA metabarcoding: A case study on the elusive Giant Otter. *Environmental DNA*, 3(5), 889–900.
- Valiente-Banuet, A., Aizen, M. A., Alcántara, J. M., Arroyo, J., Cocucci, A., Galetti, M., ... Jordano, P. (2015). Beyond species loss: The extinction of ecological interactions in a changing world. *Functional Ecology*, 29(3), 299–307.