

Sujet / Espèces non-indigènes et processus d'introductions biologiques en milieu marin : que peut nous apprendre l'ADN environnemental ?

Structure (UMR) : UMR 7144 Adaptation et Diversité en Milieu Marin

Directeur de thèse : Frédérique Viard / viard@sb-roscoff.fr

Co-directeur de thèse : Thierry Comtet / comtet@sb-roscoff.fr

Equipe : DIVCO (Diversité & Connectivité en Milieu Marin Côtier)

Le thème de recherche central de DIVCO est l'étude de la dispersion, naturelle ou d'origine anthropique, et ses conséquences sur la diversité des populations et des communautés, en milieu marin côtier. Les espèces non-indigènes (syn. espèces introduites, espèces invasives) sont des modèles d'étude importants dans cette équipe. Parmi les différentes approches/techniques utilisées (écologie expérimentale, modélisation, outils moléculaires), l'équipe a développé au cours de ces dernières années une expertise dans le domaine de la génomique des populations et de l'utilisation des approches dites "omics" pour l'étude de processus éco-évolutifs. L'équipe est constituée de 5 chercheurs et enseignants-chercheurs, dont 2 HDR.

Profil du candidat recherché :

Ce projet est ancré dans des problématiques scientifiques relevant du domaine de l'écologie et de la biologie de l'évolution. Le candidat devra montrer par son parcours académique et ses stages un intérêt et une expérience pour l'un ou l'autre de ces domaines de recherche. Idéalement, le candidat devra présenter une double compétence en biologie et bioinformatique. Néanmoins, ses compétences en bioinformatique pourront être acquises auprès de la Plateforme de bioinformatique ABIMS, collaborateur local au projet. ABIMS est un centre de référence en biologie marine pour l'Institut français de Bioinformatique (et a déjà une expertise avérée du traitement de données en génomique environnementale). Une formation en biologie marine n'est pas requise.

Extrait du descriptif du sujet de thèse:

Les introductions biologiques, nombreuses en milieu marin, sont de véritables laboratoires naturels pour l'étude de processus fondamentaux en écologie et biologie évolutive. Or notre capacité à les étudier dépend de la possibilité d'identifier et quantifier les espèces non-indigènes (introduites) (ENI) de façon précise et robuste, préalable a priori simple mais pourtant un enjeu de taille. En effet beaucoup d'ENI marines sont non détectables (du fait de la difficulté d'échantillonner en milieu marin) ou non reconnues (ex. membres de complexes d'espèces cryptiques). Dans ce contexte, l'utilisation d'ADN environnemental (ADNe) et de metabarcoding par séquençage haut-débit (HTS) apparaît comme une méthodologie prometteuse. Ce sujet de thèse a pour objectif d'acquérir de nouvelles connaissances sur des questions de recherche fondamentale relatives aux processus d'introductions biologiques en milieu marin, tout en explorant le potentiel d'utilisation de l'ADNe et du metabarcoding, comme alternative aux méthodes traditionnelles de suivi et d'étude des espèces introduites/invasives en milieu marin.