



HAL
open science

L'ADN environnemental : un outil de suivi pour la biodiversité d'un Observatoire environnemental

Axel Flinck

► **To cite this version:**

Axel Flinck. L'ADN environnemental : un outil de suivi pour la biodiversité d'un Observatoire environnemental. Sciences de l'environnement. 2018. hal-04178914

HAL Id: hal-04178914

<https://hal.inrae.fr/hal-04178914v1>

Submitted on 8 Aug 2023

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

PARCOURS RECHERCHE

Septembre 2018

MEMOIRE DE STAGE DE MASTER

Axel FLINCK

**L'ADN environnemental : un outil de suivi pour la biodiversité
d'un Observatoire environnemental**

*Stage effectué dans l'organisme : **IRSTEA** Institut national de Recherches
en Sciences et Technologies pour l'Environnement et l'Agriculture*

Présentation du mémoire le 26 septembre 2018 à l'Ecole des Ponts

Maîtres de stage : Evelyne Tales, Gaëlle Tallec

Confidentialité :

Non

Résumé

L'objectif de mon stage, était de voir si la méthode metabarcoding, nouvelle méthode de détection de l'ADN présent dans le milieu, pouvait être utilisée comme outil de monitoring d'un observatoire de l'environnement.

Pour répondre à cette question, dans un premier temps, j'ai étudié les variations temporelles du signal ADN obtenu à partir de prélèvements effectués à la station du Theil. Ces variations temporelles ont été tout d'abord filtrées selon : le pourcentage d'occurrence des espèces et la probabilité de détection de celles-ci, afin d'approcher au mieux la nature de la population. L'ADN présent dans un milieu, d'après la littérature, est conditionné par les variations des facteurs environnementaux, qui influent sur sa persistance.

C'est pourquoi, dans un deuxième temps, analyser l'évolution de la richesse spécifique en fonction de la température ou encore du débit va être primordial pour comprendre comment évolue le signal ADN dans le temps. Il s'est avéré, dans le cadre de cette étude, que ces deux facteurs n'ont pas montré de corrélations significatives permettant d'expliquer les changements dans le signal ADN, notamment, avec la présence de points « singuliers » difficiles à expliciter.

Finalement, les données obtenues par les pêches électriques ont été comparées avec celles de la méthode metabarcoding. Elles ont confirmé la pertinence de la méthode pour la détectabilité de la richesse spécifique du bassin étudié. Ce qui est prometteur dans le sens où on pourrait l'utiliser comme outil de monitoring.

Calibrer cette méthode en affinant les lieux et les périodes d'échantillonnage serait une piste à évaluer dans l'avenir.

Abstract

The objective of my internship was to see whether the Metabarcoding method, a new method of detecting DNA in the environment, could be used as a monitoring tool for an environmental observatory.

To answer this question, it was initially necessary to study the temporal variations of the DNA signal obtained from samples taken at the Theil station. These temporal variations were first filtered according to: the percentage of species occurrence and the probability of detection, in order to better approximate the nature of the population. The DNA present in the environment, according to the literature, is conditioned by changes in environmental factors that influence its persistence.

That is why, in a second step, analyzing the evolution of the specific richness according to temperature or even flow is going to be crucial to understand how the DNA signal evolves over time. In this study, it was found that these two factors did not show significant correlations to explain the changes in the DNA signal, particularly with the presence of "singular" points, difficult to explain.

Finally, the data obtained by electrofishing were compared with those of the metabarcoding method. They confirmed the relevance of the method for detectability of the specific richness of the basin studied. This is promising in the sense that it could be used as a monitoring tool.

Calibrating this method by refining the locations and sampling periods would be a track to be evaluated in the future.