

OFFRE DE THESE



Identification des réservoirs de biodiversité : approche multi-métriques des inventaires ADNe en lac

Référence de l'offre

Contrat doctoral

Durée : 3 ans

Contactez le laboratoire pour déposer le dossier de candidature avant le 24 mai

Audition du candidat les 15-16 juin au Campus du Bourget – 73376 Bourget du lac

Démarrage : 01/09/2026

Lieu de travail : UMR Carrtel, Thonon les Bains, France

<https://carrtel.lyon-grenoble.hub.inrae.fr/unit>

Présentation INRAE

L'Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement (INRAE) est un établissement public de recherche rassemblant une communauté de travail de 12 000 personnes, avec 272 unités de recherche, de service et expérimentales, implantées dans 18 centres sur toute la France. INRAE se positionne parmi les tout premiers leaders mondiaux en sciences agricoles et alimentaires, en sciences du végétal et de l'animal. Ses recherches visent à construire des solutions pour des agricultures multi-performantes, une alimentation de qualité et une gestion durable des ressources et des écosystèmes.

Environnement de travail, missions et activités

Résumé

La biodiversité est fortement altérée par les activités humaines, particulièrement dans les lacs, où les pertes sont plus marquées que dans les écosystèmes terrestres et marins. La biodiversité des lacs joue pourtant un rôle majeur de par les services socio-économiques rendus aux populations (ex. eau potable, pêche). Le concept de réservoirs de biodiversité permet d'identifier des zones prioritaires à protéger, qui permettent d'alimenter en biodiversité les zones dégradées. Ils sont caractérisés par une biodiversité remarquable, qui peut être caractérisées par la mesure de sa singularité.

Même si habituellement la biodiversité est mesurée aux travers de la diversité taxonomique, elle ne peut pas se limiter à cela. Elle inclut d'autres facettes comme la diversité fonctionnelle, phylogénétique et, plus rarement topologique (structure des réseaux écologiques). Cette dernière est pourtant essentielle pour comprendre le fonctionnement des écosystèmes. Par ailleurs, les différences de communautés entre sites (c.à-d. la diversité bêta) s'expliquent par des processus comme la sélection environnementale, la dispersion et la stochasticité. Mais les processus expliquant pourquoi certains sites, potentiellement réservoirs de biodiversité, contribuent davantage à ces différences restent mal compris.

L'objectif de cette thèse est de caractériser la biodiversité et la singularité écologique des communautés lacustres en France. Cette étude s'appuiera sur 599 échantillons de phytoplancton, analysés en métabarcoding, auxquelles sont associés un ensemble de données environnementales complémentaires (ex. paramètres physico-chimiques, occupation des sols).

Trois objectifs structureront ce travail : 1) Identifier les patrons de biodiversité et de singularité à l'échelle nationale, en supposant une concordance entre les différentes facettes de la biodiversité (taxonomique, fonctionnelle, phylogénétique, topologique). 2) Déterminer les facteurs environnementaux expliquant ces patrons, avec l'hypothèse qu'ils varient selon les facettes considérées. 3) Évaluer si l'intégration des mesures de singularité de ces facettes de biodiversité permettent d'identifier des réservoirs de biodiversité. Un lien étroit avec les gestionnaires des lacs est attendu pour ce dernier objectif.

Contexte

L'altération de la diversité biologique sous l'effet des activités anthropiques a franchi un point critique, compromettant durablement la stabilité et la résilience des milieux naturels (Richardson et al. 2023). C'est dans les écosystèmes d'eau douce que cette perte est la plus forte (Reid et al. 2019 ; Albert et al. 2021). Malgré ce constat, les mesures de conservation pour protéger la biodiversité de ces écosystèmes et en particulier des lacs, sont insuffisantes (Tickner et al. 2020). Pourtant, les lacs, de par leur biodiversité, jouent un rôle essentiel dans la régulation du climat, les cycles biogéochimiques (ex. Cole et al. 2007 ; Wang et al. 2026), et fournissent de nombreux services socio-économiques tels que l'eau potable, les ressources piscicoles et le tourisme.

Le concept de **réservoirs de biodiversité**, est une approche clé pour identifier les zones prioritaires en matière de **conservation** (Myers et al. 2000), qui permettent alors d'**alimenter** en biodiversité des zones dégradées. Ces réservoirs sont définis comme abritant une biodiversité remarquable à l'échelle régionale (Marchese 2015). La mesure de ce caractère remarquable peut se faire via la mesure de singularité écologique (Legendre and De Cáceres 2013), qui met notamment en évidence le rôle des espèces rares. De plus, ces réservoirs sont souvent confrontés à de nombreuses menaces notamment en raison des activités humaines.

Dans ce concept, le terme de biodiversité était à l'origine utilisé pour désigner la **diversité taxonomique**. Mais ce n'est pas suffisant pour décrire les communautés et le fonctionnement des écosystèmes (Hooper et al. 2002). A la diversité taxonomique s'ajoute la diversité liée à l'histoire évolutive des taxons (**diversité phylogénétique**) et à leurs fonctions écologiques (**diversité fonctionnelle**). Alors que ces facettes de la biodiversité occupent une place centrale dans de nombreuses études (Schweiger et al. 2018), la diversité des interactions écologiques qui sous-tendent la structure des réseaux écologiques (**diversité topologique**) est rarement considérée (Gaüzère et al. 2022). Cette omission contraste avec son rôle clé dans la productivité et le fonctionnement des écosystèmes (Schneider et al. 2016 ; Luo et al. 2023). La notion de réservoir de biodiversité fait également référence à des concepts fondamentaux d'écologie : la diversité bêta et les méta-communautés. Théorie et observations empiriques suggèrent que les changements spatiaux de composition des communautés résultent principalement de trois processus : la sélection environnementale, la stochasticité démographique et la dispersion (Vellend 2016 ; Leibold & Chase 2018).

Toutefois, bien que la diversité bêta soit déterminée par ces processus, une question demeure : pourquoi les communautés de certains sites et certains taxons contribuent-ils davantage à la diversité bêta que d'autres ? Mieux comprendre les mécanismes expliquant la biodiversité et le caractère singulier des communautés de certains sites, ainsi que les taxons le composant est nécessaire à la gestion et la conservation des milieux. Il apparaît également essentiel, de considérer l'ensemble des facettes de la biodiversité pour mieux identifier les réservoirs de biodiversité et comprendre leur fonctionnement.

Objectifs

Ce projet vise à caractériser la biodiversité et la singularité des communautés d'un grand nombre de lacs en France, en s'appuyant sur une analyse multi-facette de la biodiversité. L'identification de réservoirs de biodiversité pour les lacs n'a jamais été réalisé à l'échelle nationale. Pour cela, des données massives d'ADN environnemental (ADNe) seront utilisées pour produire une vision multi-facette de la biodiversité, considérant la diversité taxonomique, fonctionnelle, phylogénétique et topologique (diversité des réseaux écologiques).

Le travail de thèse s'articulera autour de 3 objectifs :

1. Quels sont les patrons de biodiversité et de singularité écologique des lacs à l'échelle nationale ? L'hypothèse de travail est qu'il y a une concordance des patrons de biodiversité et de singularité entre diversité taxonomique, fonctionnelle, phylogénétique et topologique. Pour la diversité topologique (réseaux écologiques), des indicateurs sont proposés (Alric et al. 2026) mais de nouveaux développements pourront être menés.
2. Quelles combinaisons de facteurs environnementaux (isolement géographique, spécificités géologiques, pressions humaines) permettent d'expliquer les patrons de biodiversité et de singularité écologique ?

L'hypothèse de travail est que les facteurs prépondérants les expliquant diffèrent selon les facettes de la biodiversité considérés.

3. Dans quelle mesure l'intégration des différentes facettes de la biodiversité et de la notion de singularité, peut être utilisée pour identifier des réservoirs de biodiversité pour les lacs en France ?
Peuvent-elles aider à prendre des décisions pour leur gestion ?

Méthodologie

Ce projet s'appuiera sur une base de données regroupant 599 échantillons prélevés dans 186 lacs français qui sont suivis dans le cadre de la Directive Européenne Cadre sur l'Eau (DCE). Ces lacs sont répartis dans les différents bassins des Agences de l'Eau couvrant le territoire. Cette base de données contient des données d'**ADNe** ciblant le **phytoplancton** et des données environnementales (ex. : physico-chimie, profondeur, surface, altitude). Le phytoplancton est un bioindicateur requis pour l'évaluation des lacs dans le cadre de la DCE (Directive Cadre Européenne sur l'Eau). Cette base sera complétée par des données relatives à l'occupation des sols sur les bassins versant des lacs (CORINE Land Cover).

Pour le 1er objectif du projet, outre la diversité alpha qui est une mesure de la biodiversité, il sera utilisé des métriques dérivées du concept de diversité bêta. Selon les travaux de Legendre & De Cáceres (2013), la diversité bêta peut être décomposée comme i) la contribution locale de chaque site à la diversité bêta totale (LCBD), qui indique dans quelle mesure chaque site est singulier par rapport aux autres dans une méta-communauté, et ii) la contribution des espèces à la diversité bêta (SCBD). Ainsi, un LCBD élevé montre qu'un site abrite une **communauté singulière** au sein de la méta-communauté, alors qu'un SCBD élevé indique les taxons dont les variations d'abondance expliquent une grande part des différences entre sites (**taxons singuliers**). Ces indicateurs seront calculés pour les différentes facettes de la biodiversité phytoplanctonique. La diversité taxonomique sera estimée à partir des données d'ADNe, en utilisant l'abondance relative des variants de séquence d'amplicon (ASV). La diversité fonctionnelle, c'est-à-dire la diversité de traits biologiques, sera évaluée par une approche que nous avons développée (Tapolczai et al. 2025). La diversité phylogénétique sera estimée en construisant un arbre phylogénétique suivant l'approche proposée par Callahan et al. (2016), afin de prendre en compte les relations évolutives entre taxons. Enfin, la diversité topologique sera analysée avec la méthode de Alric et al. (2026). L'originalité de cette méthode repose sur l'identification de motifs récurrents dans les réseaux écologiques (appelés graphlets ; Pržulj et al. 2004 ; Yaveroglu et al. 2014), qui permettent de comparer leurs caractéristiques topologiques. D'autres méthodes d'analyses des réseaux pourront être explorées.

Pour le 2ème objectif, concernant les relations entre biodiversité, singularités et les conditions environnementales, il sera possible d'utiliser un cadre d'analyse combinant de la modélisation statistique et des méthodes d'ordination. En complément des indicateurs de singularités écologique, la singularité environnementale des sites sera estimée à partir des données physico-chimiques et d'occupation des sols. Ces données permettront i) d'examiner si les singularités écologiques dépendent des singularités environnementales et ii) d'identifier les seuils des facteurs environnementaux au-delà desquels des changements significatifs sont observés dans les communautés biologiques.

Le 3ème objectif, se replacera dans contexte d'aide aux gestionnaires des lacs. i) Il s'agira d'évaluer la complémentarité de ces nouveaux résultats avec les indicateurs d'état écologique utilisés en routine (IPLAC ; Laplace-Treytoure & Feret 2016). ii) Ensuite une synthèse opérationnelle de ces résultats sera réalisée, incluant la production de cartographies issues des résultats obtenus. Les cartographies et synthèses s'appuieront sur les valeurs de biodiversité et singularité pour les différentes facettes étudiées (taxonomique, fonctionnelle, phylogénétique, topologique), mais pourront proposer une intégration de ces différentes facettes en une seule métrique. Des modèles d'apprentissage automatique (IA) pourront être utilisées. Ces cartographies pourront permettre d'identifier des réservoirs biologiques. Enfin, iii) il s'agira de poser les bases pour transposer ces approches pour l'analyse d'inventaires de diversité plus large (ex. incluant les micro-eucaryotes, les insectes, et les poissons).

Résultats attendus

Les résultats attendus dans ce projet de thèse concernent :

- Des aspects fondamentaux visant à promouvoir la prise en compte de la singularité des écosystèmes dans leur caractérisation, et la démarche multi-facette pour évaluer la biodiversité, et en particulier l'intégration de la topologie des réseaux écologiques.
- Des aspects appliqués visant à identifier les lacs présentant des biodiversité et communautés singulières, ainsi que d'identifier les taxons portant cette singularité. Des cartographies associées à ces résultats (niveau national) seront produites. Ces résultats serviront de base pour identifier des réservoirs de biodiversité dans une démarche de gestion et de préservation de la biodiversité.

Ce travail de thèse sera valorisé sous forme écrite par au moins deux articles scientifiques et sous forme orale par la présentation des résultats lors de congrès (nationaux, internationaux). Il permettra également i) de mettre à disposition des scripts d'analyses réutilisables, ii) de produire des cartographies basées sur les métriques de biodiversité et singularité et du potentiel des lacs en tant que réservoirs de biodiversité, et iii) de fournir un support de communication destiné à sensibiliser les gestionnaires et le grand public aux différentes facettes de la biodiversité.

Encadrement et collaborations

Basé.e sur le site de Thonon-les-Bains de l'UMR CARTELE, le/la doctorant.e sera encadré.e par Frédéric Rimet et Benjamin Alric. Un suivi régulier sera prévue, avec un rythme de réunions à définir avec l'étudiant.e et à adapter selon les besoins. Le projet bénéficiera des réseaux national/internationaux de la direction pour les aspects autour des métriques de diversité bêta, des réseaux écologiques et des analyses spatiales. Une collaboration se fera également avec des membres du pôle R&D ECLA (<https://poleecla.fr/>) pour les données associées à l'occupation des sols des bassins versant des lacs. L'implication forte de l'équipe d'encadrement dans les réseaux internationaux sur l'ADNe permettra une intégration du/de la doctorant.e à ceux-ci.

Les compétences visées en fin de thèse seront une expertise en écologie fondamentale et en gestion des milieux naturels. L'étudiant.e aura acquis une bonne expertise en données moléculaires de type métabarcoding ADNe, en analyse de données statistique et en communication de ses résultats (orale et écrite). Ce sujet permettra d'orienter l'étudiant, soit vers une carrière en écologie fondamentale si l'étudiant.e choisi d'approfondir des développements méthodologique pour l'analyse des communautés (ex. développement autour de l'analyse des réseaux écologiques), soit vers une carrière plus appliquée en gestion des milieux naturels si l'étudiant.e choisi d'approfondir son travail dans la transfert de ses résultats pour les gestionnaires des milieux.

Formations et compétences recherchées :

Master/Ingénieur (Bac+5) en écologie

Mener à bien ces travaux de doctorat reposera sur l'analyse d'une grande base de données déjà disponible à l'aide de concepts, d'approches et d'outils statistiques relativement avancés. En plus d'un intérêt et d'une connaissance pour l'écosystème et le groupe biologique étudiés et des connaissances solides en écologie des communautés (et concepts associés) et en écologie quantitative, le/la doctorant.e devra apprécier (et maîtriser) la manipulation et l'analyse de données écologiques complexes (aucune campagne de terrain n'étant nécessaire à la réalisation de la thèse).

Compétences techniques et scientifiques souhaitées

- Maîtrise de manipulation de grands jeux de données avec le logiciel R.
- Connaissance (et utilisation) d'outils statistiques avancés (ex. : méthodes d'ordination, modèles d'apprentissage automatique).
- Curiosité et motivation pour la théorie des graphes et l'analyse de réseaux.
- Expérience en analyses bioinformatiques de données issues de séquençage à haut-débit par une approche de métabarcoding (ex. DADA2 sous le logiciel R).
- Rigueur, sens de l'organisation et autonomie.
- Esprit d'équipe et capacité à collaborer efficacement.
- Capacité à diffuser les connaissances (orale, écrite).

Votre qualité de vie à INRAE

En rejoignant INRAE, vous bénéficiez (selon le type de contrat et sa durée) :

- jusqu'à 30 jours de congés + 15 RTT par an (pour un temps plein)
- [d'un soutien à la parentalité](#) : CESU garde d'enfants, prestations pour les loisirs ;
- de dispositifs de développement des compétences : [formation, conseil en orientation professionnelle](#) ;
- [d'un accompagnement social](#) : conseil et écoute, aides et prêts sociaux ;
- [de prestations vacances et loisirs](#) : chèque-vacances, hébergements à tarif préférentiel ;
- [d'activités sportives et culturelles](#) ;
- d'une restauration collective.

Modalités pour postuler

CV + relevé de notes avant le 24/05/2026

e-mail: frederic.rimet@inrae.fr ; benjamin.alric@inrae.fr