

## DIPLÔME NATIONAL DE DOCTORAT

(Arrêté du 25 mai 2016)

Date de la soutenance : 12 octobre 2020

Nom de famille et prénom de l'auteur : Madame GAUTHIER Maïlys

Titre de la thèse : « Dynamique des métacommunautés dans les têtes de bassin versant

fragmentées : une perspective moléculaire »

## Résumé



Le concept de métacommunautés a permis d'intégrer explicitement le rôle de la dispersion dans la structure des communautés locales à de multiples échelles spatiales et temporelles. Dans les réseaux hydrographiques, systèmes très structurés spatialement où les conditions hydrologiques et environnementales varient dans le temps et l'espace, la prise en compte de la dispersion a permis d'améliorer nos connaissances sur l'organisation de leur biodiversité. Cependant, nos connaissances concernant la dynamique des métacommunautés dans les têtes de bassin versant, parties les plus amont des réseaux, restent parcellaires. Elles représentent pourtant une majorité des cours d'eau et jouent un rôle clé dans leur fonctionnement. Du fait de leur position amont qui les isolent au sein des réseaux hydrographiques et de la fragmentation forte qu'elles subissent, naturelle et artificielle, une approche métacommunauté semble la plus pertinente pour comprendre l'organisation spatio-temporelle de leur biodiversité.

L'objectif de cette thèse est d'améliorer la compréhension de la dynamique des métacommunautés de têtes de bassin versant (i) en déterminant les processus à l'œuvre dans dix têtes de bassins subissant différents degrés de fragmentation, (ii) en caractérisant la dynamique temporelle de ces processus dans un bassin versant fragmenté par des structures anthropiques et des assèchements et (iii) en développant une méthode d'identification moléculaire pour affiner la différenciation des communautés d'invertébrés et mieux caractériser leur dynamique.

Dans un premier temps, nos résultats ont montré que la diversité alpha était plus faible dans les tronçons intermittents que dans les tronçons pérennes et que les communautés de tronçons intermittents étaient des sous-ensembles de celles des tronçons pérennes. A l'échelle du réseau, les métacommunautés étaient structurées par les distances spatiales, notamment celles associées à la fragmentation. Ces résultats suggèrent que le processus de dispersion est majoritairement à l'œuvre dans les têtes de bassin versant dynamiques et fragmentées à travers des événements d'extinction et de recolonisation des tronçons intermittents par des zones refuges pérennes et par la limitation de la dispersion due à la fragmentation et au dendritisme du réseau. Dans un deuxième temps, nous avons montré que les processus structurant les métacommunautés d'une tête de bassin versant dynamique et fragmentée variaient dans le temps. Ce résultat, couplé au fait que la dispersion est le processus dominant, reflète la réponse des communautés au dynamisme des cycles hydrologiques caractérisant ces écosystèmes. Dans ce contexte de forte fragmentation par les structures anthropiques, les réponses à l'assèchement étaient indécelables suggérant que le rôle de la

fragmentation dans la structure des métacommunautés dépend de la nature et du contexte de fragmentation. Enfin, la méthode d'identification moléculaire développée s'est montrée efficace et fiable pour obtenir des informations qualitatives, voire quantitatives, pour les études de métacommunautés par rapport à celle d'identification morphologique classique. L'application de la méthode sur des échantillons prélevés in situ a permis de montrer son potentiel pour étudier les patrons de distribution de groupes d'invertébrés pour lesquels les analyses en identification morphologique ne sont pas possibles dû à une résolution grossière. Ce travail de thèse laisse entrevoir de nombreux axes d'améliorations que ce soit dans la compréhension de la structure des métacommunautés ou dans le développement de la méthode moléculaire. Ce travail peut déjà servir à guider les programmes de gestion et de conservation des têtes de bassin versant en mettant en avant certaines priorités liées à la dispersion, à la variabilité temporelle et au contexte de fragmentation rencontrés dans ces écosystèmes. Cette thèse propose aussi des pistes d'optimisation pour la méthode d'identification moléculaire.