

Sujet de M2
2024-2025

Construction d'un arbre phylogénétique de référence pour l'assignation de données de métabarcoding chez les métazoaires

Encadrants: Tristan Lefébure, David Eme, Johan Pansu
Lieux: LEHNA, Université Lyon 1, Villeurbanne

Les approches de séquençage de nouvelle génération permettent la description haut-débit de la biodiversité (métabarcoding ou métagénomique). Une étape essentielle dans l'inventaire de biodiversité par des approches moléculaires est l'assignation de séquences à des taxons. Cette assignation présuppose l'existence de base de données moléculaires exhaustives et vérifiées pour l'ensemble des espèces ciblées, ce qui n'est pas le cas pour de nombreux groupes de métazoaires. Pour pallier ce problème, une approche alternative consiste à utiliser des phylogénies de référence sur lesquelles les séquences à identifier sont placées. Si un taxon n'est pas présent dans la phylogénie de référence, il sera néanmoins possible d'assigner une séquence issue de ce taxon à un clade apportant ainsi une première information phylogénétique et potentiellement en déduire une information taxonomique. Malheureusement, les phylogénies de référence pour les gènes utilisés couramment en métabarcoding sont rares ou obsolètes.

L'objectif de ce stage est de construire une phylogénie de référence mitochondriale pour les métazoaires à partir des génomes mitochondriaux disponibles dans les bases de données. Cette reconstruction devra s'appuyer sur un pipeline ré-utilisable et documenté. Des approches de placement des barcodes mitochondriaux sur cette phylogénie de référence seront testées à partir de divers jeux de données de métabarcoding existants.

Ce stage s'inscrit dans le cadre du Projet ALIQUOT au sein du programme OneWater - Eau Bien Commun (PEPR, France 2030).

Contact : tristan.lefebure@univ-lyon1.fr, david.eme@inrae.fr, johan.pansu@univ-lyon1.fr

