

# Sujet de stage Master M2 - Année 2026

Laboratoire "Ecologie et Biologie des Interactions"

Equipe "Ecologie Evolution Symbiose"



**Titre du stage :** (en français et en anglais)

[FR] Développement de la méthodologie ADN environnemental, pour la détection d'une nouvelle écrevisse envahissante en Bourgogne, *Procambarus zonangulus*.

[EN] Development of eDNA-based methodology, to detect the newly discovered invasive crayfish, *Procambarus zonangulus*, in Bourgogne (France).

**Encadrant(s) :** (nom, prénom, qualité, adresse, tel, e-mail)

1) GRANDJEAN Frédéric, PR, équipe EES/laboratoire EBI, frederic.grandjean@univ-poitiers.fr

2) BAUDRY Thomas, MCF, équipe EES/laboratoire EBI, thomas.baudry01@univ-poitiers.fr

**Mots clés :** (1 ligne maximum)

ADN environnemental, Espèce invasive, Ecrevisse, Ecologie aquatique, biologie moléculaire.

**Résumé :** (renseigner obligatoirement les deux rubriques; environ 15 lignes au total)

**Contexte scientifique :**

Les écrevisses figurent parmi les taxons les plus préoccupants en matière d'invasions biologiques en Europe. Introduites pour l'aquaculture ou via le commerce d'ornement, elles colonisent aujourd'hui de nombreux cours d'eau français, où elles exercent une forte pression sur les écosystèmes : compétition et prédation sur la faune locale, dégradation des habitats par bioturbation et transmission de pathogènes. Ces invasions, rapides et difficilement réversibles, renforcent la nécessité d'une détection précoce pour orienter la gestion.

L'ADN environnemental (ADNe) offre une alternative sensible et non invasive aux méthodes traditionnelles, permettant un suivi rapide, à large échelle et adapté aux programmes d'"early-monitoring".

Dans ce contexte, la découverte en octobre 2024 de *Procambarus zonangulus* en Bourgogne constitue un enjeu majeur : déjà signalée aux Pays-Bas et en Grande-Bretagne, cette espèce n'avait jamais été confirmée en France. Or, aucun outil moléculaire basé sur l'ADNe n'existe à ce jour pour évaluer sa distribution et son potentiel d'expansion.

**Objectifs du stage :**

Le stage a pour objectif principal de développer et valider une méthodologie ADNe spécifique à *Procambarus zonangulus* afin de permettre son suivi. Les principales étapes seront :

1. **Conception et validation d'amorces et d'une sonde spécifique** à *P. zonangulus* à partir des séquences génétiques déjà obtenues (tests *in silico*, *in vitro* et *in vivo*),
2. **Application en conditions naturelles** afin d'établir une première cartographie de la distribution de l'espèce en Bourgogne.

Ce projet permettra de mettre à disposition un outil opérationnel pour le suivi précoce d'une nouvelle espèce potentiellement envahissante et contribuera directement aux actions de gestion et de conservation des milieux aquatiques en France et en Europe.

**Techniques, méthodologies mises en œuvre :** (environ 5 lignes)

Extraction ADN/ADNe, qPCR pour analyse ADNe. Analyses bio-statistiques (statistiques appliquées et modélisation)

**Références bibliographiques :** (3 références au maximum)

1. Baudry T., Laffitte M., Noizat C., Delaunay C., Ricou G., Vasselon V., Grandjean F. (2023). Influence of distance from source population and seasonality in eDNA detection of white-clawed crayfish, through qPCR and ddPCR assays. *Environmental DNA*. <https://doi.org/10.1002/edn3.435>
2. Baudry T., Vasselon V., Delaunay C., Sweet M., Grandjean F. (2024). When Methodological Innovation Changes the Game: A 10-Year Review of Environmental DNA (eDNA) Applied to Crayfish. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*. <https://doi.org/10.1002/aqc.4245>
3. Baudry T., Mauvisseau Q., Gout JP., Arqué A., Delaunay C., Smith-Ravin J., Sweet M., Grandjean F. (2021). Mapping a super-invader in a biodiversity hotspot, an eDNA-based success story. *Ecological Indicators* 126. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2021.107637>

**Compétences particulières souhaitées :** *(optionnel; ATTENTION : l'ensemble de la fiche complétée ne doit pas dépasser une page)*

Des compétences en biologie moléculaire, ainsi qu'une maîtrise de R seraient appréciées.