



**AIX-MARSEILLE UNIVERSITÉ**  
ECOLE DOCTORALE 251 Sciences de l'Environnement  
Institut Méditerranéen de Biodiversité et d'Ecologie

Thèse présentée pour obtenir le grade universitaire de docteur

Discipline : Sciences de l'environnement  
Spécialité : Ecologie

**Aurélien DE JODE**

**Etude de la biodiversité des habitats coralligènes et de  
l'influence des facteurs environnementaux par des  
approches génétiques : des populations d'espèces  
ingénieuses aux communautés.**

**Thesis: A study of coralligenous habitats biodiversity and of the  
influence of environmental factors using genetic tools : from engineer  
species populations to communities.**

Soutenue le 30/11/2018 devant le jury composé de :

O. E. GAGGIOTTI	Professeur, University of Saint Andrews	Rapporteur
V. PARRAVICINI	Maître de Conférences, EPHE Criobe	Rapporteur
E. MEGLECZ	Maître de Conférences, AMU IMBE	Examineur
S. ARNAUD-HAOND	Chargée de Recherches, IFREMER MARBEC	Examineur
D. AURELLE	Maître de Conférences, AMU MIO	Examineur
K. GUIZIEN	Directrice de Recherches, CNRS LECOB	Examineur
E. POULIN	Professeur, Universidad de Chile	Examineur
A. CHENUIL	Directrice de Recherches, CNRS IMBE	Directrice de thèse

Numéro national de thèse/suffixe local : 2018AIXM0571/051ED251



Cette oeuvre est mise à disposition selon les termes de la [Licence Creative Commons Attribution - Pas d'Utilisation Commerciale - Pas de Modification 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/).

# Résumé

La biodiversité englobe toute la diversité des éléments du vivant des molécules à la biosphère. Cette biodiversité est dynamique et engendrée par les processus évolutifs. On peut distinguer différents niveaux de biodiversité notamment celui des espèces au sein d'une communauté et celui des allèles au sein d'une population. Ces deux niveaux de diversité sont affectés par les paramètres environnementaux du milieu et interagissent l'un avec l'autre. Sous certaines conditions, par exemple lorsque certains paramètres environnementaux affectent de la même façon les deux niveaux de diversité, les diversités génétique et spécifique peuvent être corrélées entre elles. Les habitats coralligènes sont des constructions biogènes calcaires emblématiques de la mer Méditerranée qui se développent en conditions sciaphiles. Ces habitats sont principalement construits par des espèces d'algues rouges calcaires de la famille des Corallinacées et des Peysonnéliacées puis consolidés par les squelettes calcaires formés par différents invertébrés marins comme les Bryozoaires ou les Polychètes serpulidés. D'autres organismes comme certains Porifères, des Mollusques ou les Siponcles ont une action de bioérosion sur les concrétionnements. Enfin, de nombreux invertébrés marins sessiles non calcaires ajoutent un dernier niveau de complexité structurale. La structure tridimensionnelle complexe ainsi formée constitue un refuge pour de très nombreuses espèces, ainsi les habitats coralligènes constituent un point chaud de biodiversité en mer Méditerranée. Afin d'étudier les diversités génétique et spécifique de ces habitats et l'influence des facteurs environnementaux sur ces différents niveaux de diversité nous avons utilisé deux approches faisant appel aux nouvelles technologies de séquençage. L'étude de la diversité spécifique a été réalisée par une approche de métabarcoding. Elle a révélé la forte diversité présente au sein des habitats coralligènes (plus de 3000 mOTUs) ainsi qu'une forte influence des variables environnementales sur la structure de la diversité spécifique de ces habitats. La profondeur, la pente de la paroi ainsi que la localité d'échantillonnage influencent la composition des communautés de coralligène dans la région de Marseille. L'étude de la diversité génétique chez une algue rouge calcaire ingénieuse, *Lithophyllum stictiforme/cabiochia*, par enrichissement par capture suivi de séquençage nouvelle génération, a révélé la présence d'espèces cryptiques dont les abondances relatives varient en fonction de la localité et de la profondeur. L'approche de génomique des populations a aussi montré que la diversité génétique chez l'espèce cryptique la plus abondante, *Lithophyllum stictiforme*, est principalement structurée par des processus neutres de dérive et de migration eux-mêmes influencés par la courantologie dans la Baie de Marseille. Cette approche nous a aussi permis de détecter des loci potentiellement impliqués dans l'adaptation locale de cette espèce à la profondeur. La comparaison des deux niveaux de diversité aux mêmes sites révèle que la

diversité génétique et la diversité spécifique sont positivement corrélées pour la composante alpha (ou locale) et non corrélées pour la composante bêta (qui caractérise les différences entre localités). Ces résultats suggèrent que certains facteurs environnementaux ainsi que l'action facilitatrice de l'espèce ingénieure *Lithophyllum stictiforme* engendrent une corrélation positive pour la composante alpha de la diversité. En revanche, les différences écologiques entre *Lithophyllum stictiforme* et les autres espèces du coralligène en termes de capacité de dispersion ou des niches écologiques engendrent des variations indépendantes de la diversité génétique et spécifique pour sa composante bêta. Cette thèse participe à améliorer nos connaissances de la biodiversité et du fonctionnement écologique des habitats coralligènes et a aussi permis le développement de certaines méthodes potentiellement applicables au monitoring de ces habitats.

Mots clés : coralligène, métabarcoding, écologie des communautés, génétique des populations, biodiversité, courants marins

# Abstract

Biodiversity encompasses the diversities of all the living elements from the molecules to the biosphere. Biodiversity has its own dynamics and is generated by evolutionary processes. There are several levels of biodiversity in particular the diversity of species in communities and the diversity of alleles in populations. Both levels are affected by environmental conditions and interacts with each other. Under a specific set of conditions, for instance when environmental factors affects both levels of diversity in the same direction, genetic diversity and species diversity can become correlated. Coralligenous habitats are emblematic calcareous biogenic constructions of the Mediterranean Sea found in dim light conditions. These habitats are mainly built by calcareous red algae from the *Corallinaceae* and *Peyssonneliaceae* families and consolidated by calcareous skeletons built by several invertebrates such as bryozoans and serpulid polychaetes. Other organisms like some sponges, molluscs, sipunculids are bioeroders of the concretions. At last, numerous marine non calcareous sessile invertebrates add another layer of structural complexity. The complex three-dimensional structure shelters a huge variety of species, and coralligenous habitats are considered to be one of the biodiversity hotspot of the Mediterranean Sea. To study coralligenous habitats genetic and species diversity as well as the influence of environmental factors on these diversity levels we used approaches base don the Next Generations Sequencing techniques. We studied the genetic diversity of a engineering calcareous red algae, *Lithophyllum* spp., using genotyping by capture sequencing . It revealed that this nominal species is actually composed of eight cryptic species which relative abundances vary among localities and depth. This population genomic approach showed that genetic diversity in the most abundant cryptic species, *Lithophyllum stictiforme*, is shaped by neutral processes of drift and migration strongly influenced by oceanic currents in Marseilles area. Also, it allowed us to detect several loci potentially implicated in local adaptation of this species to depth. Species diversity was studied using a metabarcoding approach. It revealed the high diversity found in these habitats (more than 3000 mOTUs) and the important effect of environmental variables on the structure of species diversity. Depth, slope of the wall and sampling locality affects the species composition of coralligenous assemblages in the Marseilles area. The comparison between both level of diversities on the same sites established that that genetic diversity and species diversity are positively correlated for the alpha component (local diversity) of diversity and uncorrelated for the beta component (composition differences among localities). On one hand, our results imply that some environmental factors and the facilitation action of the engineering species *Lithophyllum stictiforme* create positive correlations for the alpha component of biodiversity. On the other hand, ecological differences among *Lithophyllum stic-*

*tiforme* and the other species in coralligenous communities with regard to dispersal capacities or ecological niches give rise to independent variations of genetic diversity and species diversity beta components. These work contribute to improve our knowledge of the biodiversity and ecological functioning of these habitats. Some of the methods developments and tuning implemented during this study could be used in monitoring applications of these habitats.

Keywords: coralligenous, metabarcoding, community ecology, population genetics, biodiversity, marine currents

# Remerciements

Je tiens tout d'abord à remercier ma directrice de thèse Anne Chenuil pour m'avoir embauché sur ce projet un peu fou et m'avoir fait confiance. Je te remercie aussi pour ta sympathie, ta disponibilité et la qualité scientifique de nos discussions; ainsi que ta réactivité notamment pendant la période de rédaction de ce manuscrit.

Je souhaite également mentionner ici les financeurs de ce travail : le Labex OT-MED ([Site du Labex OT-MED](#)) pour la bourse et les projets CIGESMED ([Site du projet CIGESMED](#)) et DEVOTES ([Site du projet DEVOTES](#)) pour le financement des échantillonnages, des séquençages et des différentes formations et participations à des congrès.

Je tiens aussi à remercier les stagiaires ayant initié les parties de génétique des populations de ce projet : Sophie Dubois pour *Myriapora truncata* et Zinovia Erga pour *Lithophyllum spp.*.

Un grand merci aussi à tous les plongeurs et échantillonneurs en tout genre qui sont à la base de la chaîne de production de ce travail. En essayant de n'oublier personne : Frédéric Zubérer, Christian Marschal, Pascal Mirleau, Romain David, Dorian Guillemain, Zinovia Erga, Anne Haguenaer, Laurent Vanbostale, Sandrine Chenesseau ...

Au second maillon de cette chaîne on retrouve tous ceux qui ont trié, étiqueté, extrait les ADNs et polymérisé. Parmi eux, les drôles de dames du service de Biologie moléculaire : Caroline Rocher, Marjorie Selva et Anne Haguenaer. Mais aussi les stagiaires Jacky Dubar, Aurélien Baud et Julie Rostan qui ont travaillé avec moi et qui ont fait preuve de beaucoup d'entrain et ont fortement contribué à la réalisation des étapes en laboratoire. Christophe Carpentieri, de la société Macherey Nagel, qui a participé à la mise au point du protocole d'extraction d'ADN pour le métabarcoding. Vincent Dubut et Emese Meglecz pour leur conseil sur la partie métabarcoding à la fois en biologie moléculaire et pour la partie bio-informatique.

J'adresse aussi tous mes remerciements aux personnes m'ayant conseillé au travers des comités de thèse ou à d'autres occasions : Nicolas Galtier, Nicolas Bierne, Bastien Mérigot, Sophie Gachet, Marc Verlaque, Line Le Gall, Andrey Ostrovsky.

Merci aussi à tous les membres de l'équipe IDEA puis OEB, pour leur accueil, leur sympathie et la bonne ambiance qui règne au sein de notre petite équipe.

Je tiens aussi à remercier les personnes avec qui j'ai passé de bons moments pendant et en dehors des horaires de travail. Tout d'abord, ma co-bureau Marine, avec qui j'ai eu des conversations très stimulantes sur des problèmes aussi diversifiés que la bio-info, l'évolution ou de savoir quel est le meilleur des Star Wars. Je te remercie aussi pour avoir organisé (le mot est lâché) de mémorables

week-end à Banyuls (même si tu penses qu'on était à Llança). Merci à toi aussi Mathouloulou, d'être si doux, d'aimer le poulay autant que moi et pour ce pied gauche magique qui "fait du sale". Laure, je ne compte plus les baignades en eaux trop froides et les randos en air trop chaud ou les conversations totalement dénuées de sens et pour tout cela un grand merci!!! Dorian dit "do..", pour ta sympathie, pour toutes ses soirées Halloween endiablées et un peu moins pour ta ramasse. Abby, merci pour cette collaboration scientifique très enrichissante et aussi pour tous les bons moments passés à Marseille ou à Edimbourg autour d'une pinte, d'un apéro ou d'un bon repas. Je tiens aussi à remercier Nicolas, Alexandra, Marie, Amélie, Bautisse et plein d'autres pour tous les petits moments de détente passés à la SME. Même si certains auraient du mal à y croire je suis parfois sorti de ma grotte et donc je profite de l'occasion pour remercier les fouteux, les grimpeux de Dynamu ou d'ailleurs, les randonneurs, les pmteurs, les canyoneurs du dimanche, les boulistes plus ou moins professionnels et tous ceux avec qui j'ai passé un moment agréable. Je tiens aussi à remercier mes camarades non humains vivant dans les eaux de #icicpasendoumecomalmousque qui m'ont permis de me changer les idées de très nombreuses fois : doris, dondice, zoanthus, feu la langouste, les castagnoles, les poulpes et monsieur thon. Les copains de plus loin Clément d'Aix en Provence, Rémi dit le "ptit corbière" et Lilian aka Lil' pour les moments de décompression passés ensemble dans le sud ou à la capitale (Alala). Les membres du G4B (devenu G3B) toujours fidèles au poste et aux bons moments passés en direct ou sur whatsapp.

Enfin, tous mes remerciements vont à ma famille pour leur soutien pendant ces quatre années.



# Table des matières

<b>Résumé</b>	<b>4</b>
<b>Abstract</b>	<b>6</b>
<b>Remerciements</b>	<b>8</b>
<b>Liste des figures</b>	<b>14</b>
<b>Liste des tableaux</b>	<b>16</b>
<b>Introduction</b>	<b>19</b>
0.1 Biodiversité : définition et histoire du concept	19
0.1.1 Petit historique du concept de biodiversité	19
0.1.2 Définition et mesure de la biodiversité	22
0.1.3 Les niveaux de biodiversité	24
0.1.4 Propriétés et processus	26
0.2 L'étude de la diversité génétique : la génétique des populations	28
0.2.1 Petit historique	28
0.2.2 Les forces évolutives	28
0.2.3 Apport des NGS	32
0.3 L'étude de la diversité spécifique : l'écologie des communautés	34
0.3.1 Bref historique et développement théorique en écologie des communautés	34
0.3.2 Vers une unification des théories en écologie des communautés	36
0.3.3 Apport des NGS à l'écologie des communautés	37
0.3.4 Définitions utilisées dans cette thèse et futures directions	38
0.4 Apport de l'étude concomitante des deux niveaux de diversité	39
0.4.1 Des questions communes aux deux niveaux de diversité	39
0.4.2 L'étude des corrélations entre la diversité génétique et la diversité spécifique	40
0.5 Les habitats coralligènes : un point chaud de biodiversité en Mer Méditerranée	45
0.6 Objectifs de la thèse	50
<b>1 Diversité spécifique des habitats coralligènes par une approche métabarcoding</b>	<b>53</b>
1.1 Introduction	53
1.2 Matériels et méthodes	54
1.2.1 Echantillonnage	54

1.2.2	Conditionnement des échantillons	56
1.2.3	Biologie moléculaire	56
1.2.4	Formation de mOTUs, affiliation taxonomique et filtration du jeu de données	59
1.2.5	Analyses d'écologie des communautés	62
1.3	Résultats	67
1.3.1	Extraction, PCR, Séquençage	67
1.3.2	Nombre de mOTUs dans le jeu de données global, dans les témoins négatifs et dans les MOCKs	70
1.3.3	Groupes taxonomiques présents dans les communautés de coralligène.	75
1.3.4	Décomposition de la diversité spécifique à différents niveaux hiérarchiques	76
1.3.5	Composante alpha de la diversité spécifique	77
1.3.6	Composante bêta de la diversité	80
1.4	Discussion	85
1.4.1	Analyses des MOCK	85
1.4.2	Biais liés à l'approche de métabarcoding	85
1.4.3	Diversité spécifique des habitats coralligènes	87
1.4.4	Influence des facteurs environnementaux sur la diversité des habitats coralligènes	88
1.4.5	Comparaison avec d'autres méthodes d'études des communautés de coralligène	89
1.4.6	Perspectives	91
<b>2</b>	<b>Distribution géographique et écologique des espèces cryptiques ingénieuses du genre <i>Lithophyllum</i></b>	<b>92</b>
2.1	Points importants de l'article	92
2.2	Résumé de l'article	92
2.3	Résumé Graphique	94
2.4	Article soumis à Molecular Phylogenetics and Evolution	95
<b>3</b>	<b>Diversité génétique chez une espèce ingénieuse du coralligène : <i>Lithophyllum stictiforme</i></b>	<b>134</b>
3.1	Introduction	134
3.2	Matériels et méthodes	136
3.2.1	Echantillonnage	136
3.2.2	Biologie moléculaire et séquençage	136
3.2.3	Analyse bioinformatique	136
3.2.4	Détermination des espèces et structure neutre	136
3.2.5	Fst outliers	137
3.3	Résultats	139
3.3.1	Génotypage par Capture-séquençage, tri des espèces	139

3.3.2	Diversité et structure génétique	140
3.3.3	Détection de l'adaptation locale	145
3.4	Discussion	149
3.4.1	Diversité génétique neutre	149
3.4.2	Structure génétique neutre	149
3.4.3	Adaptation locale	152
3.4.4	Perspectives	153
<b>4</b>	<b>Corrélations entre les différents niveaux de biodiversité</b>	<b>155</b>
4.1	Introduction	155
4.2	Matériels et méthodes	156
4.2.1	Sites et objets d'étude	156
4.2.2	Diversité génétique des ingénieurs	156
4.2.3	Diversité spécifique	157
4.2.4	Point sur les partitions de diversité à différents niveaux hiérarchiques	157
4.2.5	Corrélations entre les différents niveaux de diversité	158
4.3	Résultats	158
4.3.1	Diversité génétique	158
4.3.2	Diversité spécifique	161
4.3.3	Corrélations entre la diversité génétique et la diversité spécifique	163
4.3.3.1	Composante alpha de la diversité	163
4.3.3.2	Composante bêta de la diversité	165
4.4	Discussion	166
4.4.1	Partition de la diversité	166
4.4.2	Corrélations entre diversité génétique et diversité spécifique pour la composante alpha	166
4.4.3	Corrélation entre la diversité génétique et la diversité spécifique pour la composante bêta	167
4.4.4	Synthèse et perspectives	168
<b>5</b>	<b>Discussion générale</b>	<b>170</b>
5.1	Résumé des principaux résultats	170
5.1.1	Diversité inter et intra spécifique des espèces ingénieuses	170
5.1.2	Diversité spécifique des communautés de coralligène	171
5.1.3	Corrélations entre les niveaux de diversité	171
5.2	Influence des facteurs environnementaux	172
5.2.1	Processus neutres structurant la diversité	172
5.2.1.1	Migration et courants marins	172
5.2.1.2	Importance de la dérive	173
5.2.2	Sélection naturelle et diversité au sein des habitats coralligènes	173

5.3	Conservation et monitoring des habitats coralligènes	174
5.3.1	Diversité intraspécifique et interspécifique des espèces ingénieuses	174
5.3.2	Potentiel adaptatif de ces habitats et changement climatique	175
5.3.3	Apport de cette thèse pour le monitoring de ces habitats	176
5.4	Perspectives	177
<b>Bibliographie</b>		<b>178</b>
<b>ANNEXES</b>		<b>195</b>
A	Annexe de l'introduction	195
B	Annexe du chapitre 1 : Diversité spécifique des habitats coralligènes par une approche meta barcoding	199
B.1	PCR	199
B.2	Distance entre les répliquats de PCR du run pilote	200
B.3	Masse des échantillons, concentration d'ADN et séquençage	200
B.3.1	Masse des grattages	200
B.3.2	Concentrations d'ADN mesurées au Qbit	200
B.3.3	Corrélation entre la masse des grattages et la concentration d'ADN mesurée au Qbit	201
B.3.4	Nombre de paires de reads	204
B.3.5	Pourcentage de paires de reads assemblées	205
B.3.6	Lien entre paires de reads bruts, paires de reads assemblés et quantité d'ADN dans la PCR	205
B.3.7	Nombre de reads contenant les amorces de COI.	205
B.4	Listes des affiliations taxonomique	205
B.5	Structure d'échantillonnage	302
B.6	Influence des facteurs environnementaux sur la composante alpha de la diversité spécifique des habitats coralligènes	302
B.6.1	Tables détaillées des PERMANOVAs	303
B.6.2	Contrôle de la dispersion de variables avec la procédure PermDisp	305
B.6.3	DistLM et procédure BEST	305
B.6.4	Tables détaillées des CAPs	305
C	Annexes du chapitre 2	307
C.1	Sites d'échantillonnage	307
C.2	Amorces et programmes PCR	307
C.3	Protocole d'extraction d'ADN	310
C.4	Réseaux d'haplotypes	311
C.5	Tables des PERMANOVAs	316
C.6	Distances inter et intra espèces basées sur les génotypes multiloci	329

	C.7	$F_{ST}$ par paires	329
D		Annexes du chapitre 3	330
	D.1	Sites d'échantillonnage	330
	D.2	Distribution du nombre de paires de reads bruts obtenus après séquençage	331
	D.3	Fréquences alléliques pour les loci "outliers"	332
E		Annexes du chapitre 4	344
F		Génomique des populations du Bryozoaire <i>Myriapora truncata</i>	345
	F.1	Brève introduction	345
	F.2	Matériel et Méthodes	345
	F.3	Premiers résultats	347
	F.4	Discussion et perspectives	352

# Liste des figures

0.1	Diagramme de Darwin	21
0.2	Schéma de représentation des différents niveaux de la biodiversité.	25
0.3	Schéma de représentation de la biodiversité	27
0.4	Forces évolutives	31
0.5	Recombinaison	32
0.6	Théorie neutre de Hubbell	36
0.7	Metabarcoding	39
0.8	SGDC	42
0.9	Facteurs influençant les SGDCs	44
0.10	Structure du coralligène	46
0.11	Photos de la structure tridimensionnelle des habitats coralligènes	47
0.12	Carte de la répartition des habitats coralligènes en Méditerranée	47
0.13	Diversité des habitats coralligènes	48
1.1	Carte échantillonnage	55
1.2	Echantillonnage aspirateur sous-marin	55
1.3	Identification visuelle grattage	56
1.4	Tamisage	57
1.5	Broyage	57
1.6	Représentation schématique du pipeline d'analyse bioinformatique pour le metabarcoding.	60
1.7	Représentation schématique de SWARM.	61
1.8	Représentation schématique du pipeline de construction de la base de données.	62
1.9	Représentation schématique du pipeline d'assignation taxonomique.	63
1.10	Distribution du nombre de paires de reads	68
1.11	Distribution du pourcentage de paires de reads assemblées	68
1.12	Distribution du nombre de reads avec les amorces COI	69
1.13	Proportion de mOTUs assignés aux différents groupes taxonomiques dans les communautés de coralligène	75
1.14	Diversité alpha des communautés de coralligène par site.	78
1.15	Boîte à moustaches représentant le nombre de mOTUs en fonction de la classe de profondeur.	79
1.16	Analyse en coordonnées principales (PCO) des communautés de coralligènes.	81
1.17	Analyse canonique en Coordonnées Principales (CAP) avec la profondeur en variable environnementale.	83
1.18	Analyse canonique en Coordonnées Principales (CAP) avec la localité en variable environnementale.	84

1.19	Analyse canonique en Coordonnées Principales (CAP) avec la pente en variable environnementale.	84
3.1	Cycle de vie des Corallines.	135
3.2	Carte des populations de France	143
3.3	ACP C1 France	143
3.4	Carte des populations de Marseille	144
3.5	ACP C1 Marseille	144
3.6	Diagramme en barre représentant les proportions des génomes de chaque individu appartenant à différents groupes génétiques.	145
3.7	Représentation des flux de gènes entre les populations sous forme de réseau	146
3.8	Représentation des flux de gènes asymétriques sous forme de réseau	147
3.9	Diagramme de Venn	148
3.10	Fréquence allélique aux différentes profondeurs.	148
3.11	Courants de la Baie de Marseille	151
4.1	Carte des populations de Marseille	157
4.2	Diagramme représentant la structure hiérarchique des données de diversité génétique de <i>Lithophyllum stictiforme</i> .	159
4.3	Diversité allélique dans les populations de <i>Lithophyllum stictiforme</i> .	160
4.4	Diagramme représentant la structure hiérarchique des données de diversité spécifique des habitats coralligènes.	161
4.5	Diversité de mOTUs dans les communautés de coralligène.	162
4.6	Diversité allélique dans les populations de <i>Lithophyllum stictiforme</i> .	163
4.7	Richesse allélique dans les populations de <i>Lithophyllum stictiforme</i> en fonction de la richesse spécifique dans les communauté de coralligènes.	164
4.8	Diversité allélique dans les populations de <i>Lithophyllum stictiforme</i> .	164
.1	Protocole de séquençage par capture	195
.2	Positionnement des transects	196
.3	Figure transect	196
.4	Catégories de pente	197
.5	Catégories de rugosité	198
.6	Estimation abondance des espèces	198
.7	Dendrogramme représentant la classification des communautés du run pilote.	200
.8	Distribution de la masse des grattages	201
.9	Distribution de la concentration d'ADN	202
.10	Graphique masse concentration d'ADN	203
.11	Reads bruts en fonction de la concentration d'ADN	205
.12	Reads assembles en fonction de la concentration d'ADN	206

.13	Diagramme représentant la structure hiérarchique des données de diversité spécifique des habitats coralligènes	302
.19	Distribution du nombre de paires de reads bruts	331
.20	Carte de la zone d'échantillonnage de <i>Myriapora truncata</i> .	346
.21	Arbre phylogénétique du COI de <i>Myriapora truncata</i> réalisée avec la méthode du Neighbor-Joinning.	347
.22	ACP sur les génotypes multiloci de tous les individus de <i>Myriapora truncata</i>	348
.23	ACP sur les génotypes multiloci des individus de <i>Myriapora truncata</i> du bassin ouest de la Méditerranée.	349
.24	ACP sur les génotypes multiloci des individus de <i>Myriapora truncata</i> de Marseille et de Corse.	350
.25	ACP sur les génotypes multiloci des individus de <i>Myriapora truncata</i> des deux populations de Marseille.	351
.26	ACP sur les génotypes multiloci des individus de <i>Myriapora truncata</i> des deux populations de Marseille.	351

## Liste des tableaux

0.1	Effet des forces évolutives sur les différentes composantes de la diversité	30
1.1	Conditions environnementales pour chaque site échantillonnés pour la diversité spécifique estimée par métabarcoding.	66
1.2	Tableau nombre de paires de reads	69
1.3	Nombre de mOTUs par témoin.	71
1.4	Liste des espèces utilisées pour préparer les MOCK.	71
1.5	Affiliation taxonomique des mOTUs détectés du MOCK 1.	72
1.6	Affiliation taxonomique des mOTUs détectés du MOCK 2.	73
1.7	Affiliation taxonomique des mOTUs détectés du MOCK 3.	74
1.8	Tableau représentant le nombre de mOTUs attribués à différents groupes taxonomiques.	76
1.9	Décomposition d'ordre 1 de la diversité spécifique et mesures de la différenciation pour les communautés de coralligène.	77
1.10	Table d'analyse de la variance de l'effet des variables environnementales sur la richesse des mOTUs.	80
1.11	Table d'analyse de la variance de la PERMANOVA.	82
1.12	Estimations des composantes de la variance pour la PERMANOVA du Tableau .13.	82
1.13	Validation croisée de la classification obtenue par CAP.	82
1.14	Validation croisée de la classification obtenue par CAP.	82



3.1	Diversité génétique clade C1	140
3.2	$F_{ST}$ par paires	142
4.1	Décomposition d'ordre 1 de la diversité génétique et mesures de la différenciation entre les populations de <i>Lithophyllum stictiforme</i> .	159
4.2	Décomposition d'ordre 1 de la diversité spécifique et mesures de la différenciation entre les communautés de coralligènes.	162
4.3	Corrélations entre les composantes bêta de la diversité génétique et de la diversité spécifique.	165
.1	Amorces utilisées en metabarcoding	199
.2	Tableau masse des grattages	200
.3	Tableau masse des grattages	200
.4	Table d'analyse de la variance masse-ADN	201
.5	Tableau nombre de paires de reads	204
.6	Tableau du pourcentage de paires de reads assemblées	205
.7	Table d'analyse de la variance reads bruts concentration d'ADN	207
.8	Table d'analyse de la variance pourcentage de reads assemblés en fonction de la concentration d'ADN	207
.9	Tableau nombre de reads COI	207
.10	Affiliation taxonomique de mOTUs obtenus par l'approche de metabarcoding sur les habitats coralligènes.	301
.11	Table d'analyse de la variance de l'effet des variables environnementales sur le nombre effectif de mOTUs communs.	302
.12	Table d'analyse de la variance de l'effet des variables environnementales sur le nombre effectif de mOTUs dominants.	303
.13	Table d'analyse de la variance de la PERMANOVA.	303
.14	Validation croisée de la classification obtenue par CAP.	304
.15	Dispersion	305
.16	Les dix meilleurs modèles de DistLM d'après leur AIC.	305
.17	Corrélation canonique de la CAP effectuée pour la profondeur .	306
.18	Corrélation canonique de la CAP effectuée pour la localité.	306
.19	Sites d'échantillonnage	307
.20	Sites d'échantillonnages Corse	308
.21	Programmes PCR	309
.22	Amorces barcoding <i>Lithophyllum</i>	310
.23	Mean Kimura distances between individuals from the different haplogroups for the psbA marker 744base pairs.	314
.24	Mean Kimura distances between individuals from the same haplogroup for the psbA marker 744 base pairs.	314
.25	Mean Kimura distances between individuals from the different haplogroups for the 28S marker 802 base pairs.	315

.26	Mean Kimura distances between individuals from the same haplo-group for the 28S marker 802 base pairs. n/c : not calculated	315
.27	Mean Kimura distances between individuals from the different haplo-groups for the COI marker 594 base pairs.	315
.28	Mean Kimura distances between individuals from the same haplo-groups for the COI marker base pairs. n/c : not calculated	315
.29	distance multiloci chap2	329
.30	fst par paires chap2	329
.31	Sites d'échantillonnage	330
.32	Sites d'échantillonnages Corse	330
.33	Fréquences alléliques des "outliers" détectés avec Bayenv	336
.34	Fréquences alléliques des "outliers" détectés avec BayeScenv	338
.35	Fréquences alléliques des "outliers" détectés avec LFMM	339
.36	Fréquences alléliques des "outliers" détectés avec PCAdapt	343

# Introduction

Cette thèse, intitulée *Etude de la biodiversité des habitats coralligènes et de l'influence des facteurs environnementaux par des approches génétiques : des populations d'espèces ingénieuses aux communautés*, aborde plusieurs concepts appartenant à différentes disciplines telles que l'écologie des communautés, la génétique des populations et l'océanographie physique pour étudier la biodiversité d'habitats emblématiques de la Mer Méditerranée : les habitats coralligènes.

Nous commencerons par faire un point sur le concept de biodiversité, et ses origines tout en précisant quels aspects de ce concept multidimensionnel seront étudiés dans ce travail. En particulier, nous nous pencherons sur deux disciplines d'étude de la biodiversité : la génétique des populations et l'écologie des communautés. La première se consacre à l'étude de la diversité du matériel génétique au sein d'une espèce, on parle de diversité génétique intra-spécifique ou plus simplement de diversité génétique ou encore de niveau génétique de la biodiversité. La seconde, porte sur l'étude de la diversité des espèces au sein des communautés, on utilise alors les termes de diversité spécifique ou de niveau spécifique de la biodiversité. Pour chacune de ses disciplines nous ferons un petit historique de leur développement et nous soulignerons certains de leurs points communs et différences. Ensuite nous verrons ce que peut apporter l'étude conjointe des deux niveaux de diversité pour la quantification des facteurs influençant la biodiversité. Enfin, nous préciserons les caractéristiques des habitats coralligènes et les objectifs de cette thèse.

## 0.1. Biodiversité : définition et histoire du concept

Le concept de biodiversité ("biodiversity" en anglais) est très utilisé aujourd'hui tant par les scientifiques que par les journalistes ou les hommes politiques. Cependant il n'est pas si aisé d'en donner une définition concise et admise par l'ensemble des personnes l'utilisant. Nous commencerons donc par faire un bref historique du concept avant de donner la définition qui sera utilisée dans cette thèse.

Ce paragraphe est en grande partie basé sur le livre de Virginie Maris intitulé *Philosophie de la biodiversité* paru en 2010.

### 0.1.1. Petit historique du concept de biodiversité

Avant de parler de biodiversité on utilisait le terme de diversité biologique. En effet une des propriétés les plus remarquables du monde vivant est qu'il contient une très grande diversité de formes. Dès l'Antiquité les hommes ont été frappés

par cette diversité et se sont posé des questions comme : pourquoi trouve-t-on tant d'espèces différentes ? La diversité biologique était alors considérée comme un témoignage de la perfection du monde et on trouve chez Platon la notion de responsabilité envers le monde naturel. Aristote a fait de nombreuses descriptions d'espèces devenant ainsi un des précurseurs de la taxonomie. Il avait déjà noté la double valorisation que l'homme pouvait tirer de cette diversité biologique : le plaisir de la contemplation et celui de la compréhension.

Bien que l'Homme ait eu des impacts négatifs sur la diversité biologique bien avant l'ère industrielle, la nécessité de protéger cette dernière n'apparaît que tardivement dans l'histoire de l'humanité en grande partie à cause de deux idées. La première, est que les espèces sont éternelles et immuables et la seconde que la nature demeure dans un état d'équilibre permanent. Si on tient ces deux assertions pour vraies, la diversité biologique est alors totalement fixe et il n'y a en effet rien que l'Homme puisse faire pour protéger la nature. L'idée selon laquelle les espèces sont immortelles et immuables remonte à l'Antiquité, on parle de modèle fixiste. Ce modèle est remis en cause dès le premier siècle av. J-C. par Lucrèce qui affirme que les espèces les moins bien dotées ont disparu. Au XVI siècle Bernard Palissy, puis Voltaire et Diderot soutiennent non seulement que les espèces peuvent s'éteindre mais que l'Homme peut être à l'origine de cette extinction. Cependant ces intuitions n'ont été reconnues que lorsque Cuvier (1769-1832) montra que les espèces peuvent disparaître en s'intéressant à l'anatomie comparée des fossiles. Cuvier, s'il a établi que certaines espèces ont disparu, rejetait en revanche l'idée que les espèces puissent se transformer. Lamarck proposa lui dans *Philosophie zoologique* paru en 1809, que les individus puissent acquérir de nouveaux caractères durant leur existence et les transmettre à leurs descendants ce qui, au fil des générations va transformer les espèces. Le catastrophisme de Cuvier, qui stipule que les espèces peuvent disparaître mais pas se transformer, et le transformisme de Lamarck qui affirme que les espèces ne disparaissent pas mais qu'elles se transforment vont s'affronter jusqu'à la fin du XIX<sup>e</sup> siècle.

Il faut attendre Darwin et Wallace, avec notamment la parution de *L'Origine des espèces* en 1859, pour avoir une théorie qui décrit à la fois l'évolution des espèces et leur possible disparition. Cette théorie considère qu'il existe des différences entre les individus au sein d'une espèce, que ces différences sont transmises aux descendants et que la sélection naturelle favorise les individus ayant les caractéristiques les plus adaptées à leur environnement. Ainsi les espèces peuvent évoluer et disparaître si les conditions environnementales ne permettent à aucun individu de cette espèce de se reproduire. C'est d'ailleurs l'objet du diagramme (Figure 0.1) présent dans *L'Origine des espèces*, qui représente comment 8 variétés vont se séparer en différentes lignées par accumulation de petites différences au cours des générations, certaines disparaissant et d'autres divergeant plus ou moins les unes des autres pour aboutir après un certain temps à 13 variétés ou espèces. On voit donc que pour Darwin les espèces évoluent au fil des

génération et qu'un grand nombre d'entre elles disparaissent.

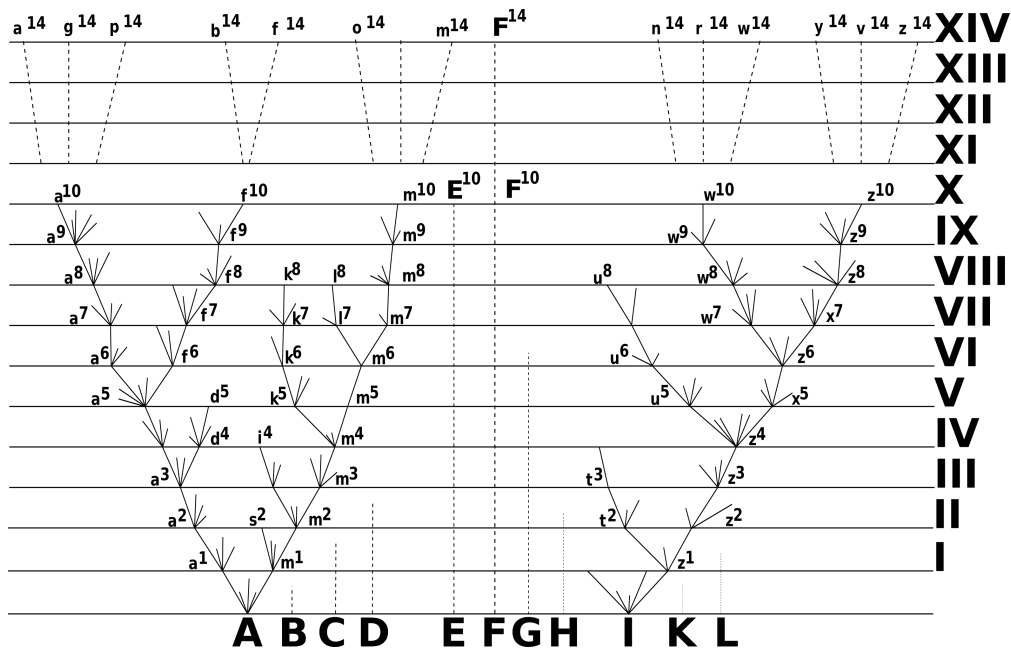


Figure 0.1. – Diagramme dessiné par Darwin dans *L'Origine des espèces*. Il représente l'évolution de 11 variétés (représentées par les lettres majuscules) au fil des générations. L'écart entre deux lignes horizontales représente un nombre fixe de générations. Les lettres minuscules représentent des formes (espèces ou variétés) identifiables de façon claire. Les nombres en exposant indique la mesure temporelle. Reproduit à partir de diagramme dessiné dans *L'Origine des espèces* (Darwin 1859).

L'idée selon laquelle la nature demeure dans un état d'équilibre permanent prend aussi racine dans l'Antiquité mais atteint son apogée chez Carl Von Linné (1707-1778) qui considère que la nature a été créée par Dieu lors de la Genèse et est de fait parfaitement ordonnée. Darwin pense lui aussi que le nombre total d'espèces présentes sur Terre est fixe. Aujourd'hui cette idée existe encore sous des formes plus élaborées comme celle du concept de résilience des écosystèmes mais le déclin du nombre d'espèces est admis par l'ensemble de la communauté scientifique. A partir des années 1950, les cris d'alerte dénonçant l'augmentation du taux d'extinction des espèces se multiplient et pointent le développement économique et technologique comme étant la cause majeure de cette extinction. Le terme "Biodiversity" apparaît pour la première fois en 1986 lors du National Forum on Biodiversity. Le but était plus d'alerter les politiques et le grand public que de décrire les phénomènes d'un point de vue scientifique. Lors d'une des conférences de ce congrès, le collectif baptisé "Club of Earth" déclare : "la crise d'extinction d'espèces est une menace pour la civilisation, qui vient juste

derrière la menace d'une guerre nucléaire". A la même période, une nouvelle discipline scientifique émerge : la biologie de la conservation. En effet c'est en 1985, à la suite de la seconde conférence sur la biologie de la conservation que vont être créées une société internationale de biologie de la conservation et une revue scientifique spécialisée : "Conservation Biology". Soulé donna la définition suivante de la biologie de la conservation : "La biologie de la conservation, qui représente une nouvelle étape dans l'application de la science à des problèmes de conservation, s'intéresse à la biologie des espèces, des communautés et des écosystèmes directement ou indirectement perturbés par les activités humaines ou par d'autres facteurs. Son objectif est de fournir les principes et les outils qui permettront de protéger la diversité biologique." (MARIS 2010, p. 36).

On est donc passé de diversité du vivant, à diversité biologique, à biodiversité : concept multidimensionnel qui inclut tous les niveaux de diversité du vivant et évoque aussi la crise actuelle traversée par la diversité biologique. A la vue de ce bref historique, il apparaît donc que le concept de biodiversité est à la fois un terme scientifique cherchant une certaine exhaustivité dans la description de la diversité biologique (et des processus qui la sous-tendent et qu'elle engendre, voir [sous-section 0.1.4](#)), mais aussi un terme de communication à large échelle créé dans le but de faire prendre conscience au plus grand nombre de la nécessité de protéger cette diversité. Il est aujourd'hui admis par l'ensemble de la communauté scientifique que nous sommes entrés dans une sixième extinction de masse causée par les activités humaines et qu'il est irresponsable de ne pas agir pour enrayer ce processus (CEBALLOS et EHRLICH 2018).

### **0.1.2. Définition et mesure de la biodiversité**

On peut donc définir la biodiversité comme la diversité du vivant à ses différents niveaux d'organisation. Le terme diversité renvoie à une propriété d'un ensemble d'éléments. On peut donc dire qu'un ensemble est plus ou moins diversifié qu'un autre selon le nombre et la nature des éléments qu'il contient. La biodiversité est donc une propriété du monde vivant qui contient énormément d'éléments hétérogènes qui peuvent être regroupés en différents niveaux plus ou moins imbriqués les uns dans les autres. Pour bien comprendre la notion de biodiversité nous allons commencer par expliquer la notion de diversité.

Pour comparer deux ensembles il nous faut définir sur quels éléments de base on va les comparer, puis compter ses éléments, les comparer et pondérer leur importance. Pour prendre un exemple de la vie quotidienne on pourrait s'intéresser à des collections de voitures. Une collection est un ensemble qui contient différents objets, ici des voitures. Comme critère d'évaluation nous allons prendre le modèle de voiture considérée. On peut donc trouver dans notre collection toutes les voitures disponibles sur le marché, on peut regrouper les différents modèles par gamme (e.g. berline, monospace, 4x4, citadine) et compter le nombre de modèles différents présents dans une collection. Nous allons maintenant faire

trois comparaisons de deux collections pour aborder différentes notions impliquées dans la mesure de la diversité. Première comparaison : la collection 1 contient trois Renault Twingo, deux Citroën DS4, et une Ferrari F430. La collection 2 contient trois Renaults Twingo et trois Citroën DS4. Les deux collections contiennent le même nombre de véhicules mais il y a trois modèles différents dans la collection 1 et seulement deux dans la collection 2. On dira donc que la collection 1 est plus diversifiée que la collection 2 car elle comporte une plus grande richesse de modèles. Seconde comparaison : la collection 1 contient trois Renault Twingo, deux Citroën DS4, et une Ferrari F430. La collection 2 contient deux Renault Twingo, deux Citroën DS4 et deux Ferrari F430. Les deux collections contiennent le même nombre de véhicules et le même nombre de modèles différents. Mais dans la collection 2 les proportions des différents modèles sont égales. Tous les modèles sont équitablement représentés dans cette collection, on considère donc que la collection 2 est plus diversifiée que la collection 1. Troisième comparaison : la collection 1 contient deux Renault Twingo, deux Citroën DS4, et deux Ferrari F430. La collection 2 contient deux Renault Twingo, deux véhicules tout terrain (4x4) et deux Ferrari F430. Les deux collections contiennent le même nombre de véhicules et le même nombre de modèles différents dans les mêmes proportions. Mais la ressemblance moyenne entre les voitures dans la collection 1 est plus élevée que dans la collection 2 : les Renault Twingo et les Citroën DS4 sont des voitures assez semblables d'un point de vue mécanique alors que les Ferrari et les 4x4 présentent des différences importantes avec ces deux modèles. Donc en prenant en compte le degré de différenciation entre nos objets on peut dire que la collection 2 est plus diversifiée que la collection 1.

Pour la biodiversité on utilise exactement les mêmes notions pour comparer deux ensembles d'éléments appartenant au règne du vivant. On va évaluer la richesse de l'ensemble (le nombre d'éléments différents), son équitabilité (similarité entre la distribution observée et une distribution uniforme des éléments dans chaque catégorie) et la différenciation entre les éléments le composant.

Toutes ces mesures peuvent être faites sur plusieurs ensembles répartis sur une zone géographique plus ou moins étendue ou bien le long d'un gradient environnemental. Ces ensembles peuvent aussi présenter une structure hiérarchique d'imbrication les uns dans les autres. Par exemple, on peut mesurer la diversité sur plusieurs sites répartis sur deux zones ayant des conditions environnementales contrastées. On peut alors décomposer la biodiversité en trois composantes : alpha, bêta, gamma. La diversité alpha correspond à la diversité locale au sein de chaque ensemble, la diversité bêta correspond à un taux de remplacement des objets entre deux ensembles et la diversité gamma représente la diversité totale sur l'ensemble des objets. Une des particularités de la biodiversité est que le vivant comprend de nombreux niveaux d'organisation et l'étude de sa diversité peut se faire à chacun de ses niveaux.

### 0.1.3. Les niveaux de biodiversité

Les différents niveaux d'étude du vivant vont des molécules jusqu'aux écosystèmes voire jusqu'à l'ensemble de la biosphère (Figure 0.2). En ce qui concerne la biodiversité, les niveaux les plus étudiés sont les niveaux génétique, spécifique et écosystémique. Mais d'autres niveaux d'organisation peuvent aussi être étudiés comme ceux de la population ou de la communauté. Ce travail se penche sur l'étude de la diversité aux niveaux génétique et spécifique, je vais donc approfondir ces deux niveaux ci-après.

La diversité génétique est la diversité des allèles présents dans une population d'une espèce donnée. Pour étudier la diversité génétique il faut échantillonner des individus dans différentes populations et séquencer les mêmes marqueurs génétiques chez tous les individus. Pour reprendre notre analogie avec la collection de voitures, on peut dire que la population correspond à la collection, que le gène (ou autre marqueur génétique) correspond à l'objet "voiture" et que l'allèle correspond au modèle. Cette diversité génétique est générée par l'action de forces évolutives (sous-section 0.2.2) et a une importance majeure en biologie de la conservation car elle représente un réservoir de solutions potentielles d'adaptation aux changements environnementaux futurs. La diversité génétique est inversement corrélée à la probabilité d'extinction de l'espèce (FRANKHAM 2005 ; SCHWARTZ, LUIKART et WAPLES 2007).

La diversité spécifique est la diversité des espèces présentes dans une communauté. Pour l'étudier on va identifier, et compter des organismes sur une zone délimitée et éventuellement faire des comparaisons entre différentes communautés observées dans différents milieux. C'est le niveau de biodiversité le plus connu et qui vient le plus spontanément à l'esprit bien que le concept d'espèces demeure problématique (DE QUEIROZ 2007 ; WILKINS 2011). Pour reprendre notre analogie avec la collection de voitures, on peut dire que la communauté correspond à la collection, que l'organisme correspond à la voiture et que l'espèce correspond au modèle.



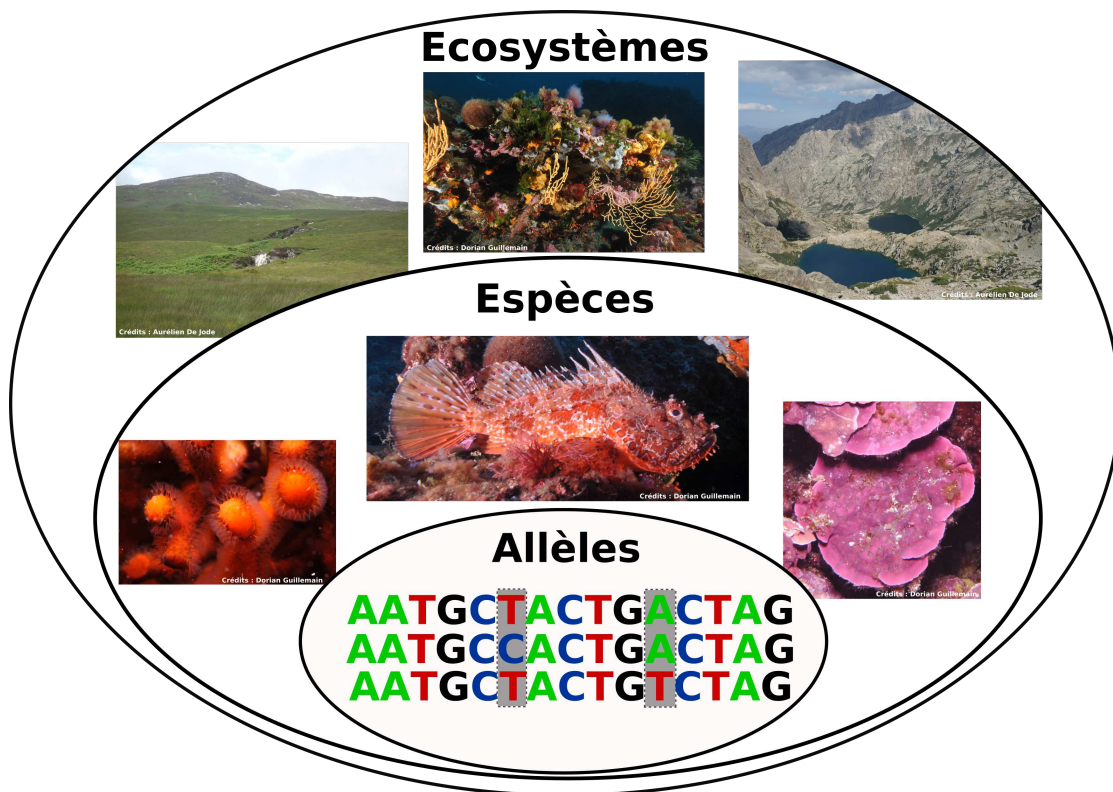


Figure 0.2. – Ce schéma propose une représentation des différents niveaux de biodiversité. Le niveau écosystémique avec de gauche à droite : une prairie en Ecosse ; du coralligène à Marseille ; deux lacs de montagne en Corse. Le niveau spécifique avec de gauche à droite : un invertébré marin, le bryzoaire *Myriapora truncata* ; un chapon (*Scorpaena scrofa*) ; une algue rouge calcaire du genre *Lithophyllum* spp.. Le niveau génétique avec trois séquences d'ADN présentant deux sites variables surlignés en gris.

#### 0.1.4. Propriétés et processus

La définition que nous avons donnée de la biodiversité relève d'une approche compositionnaliste : on compte et on compare les différents éléments d'un système. Or cela ne rend pas compte de la dynamique de la biodiversité. On pourrait aussi prendre une approche fonctionnaliste en étudiant par exemple l'ensemble des fonctions écologiques produites par un écosystème. On pourrait aussi s'intéresser aux processus évolutifs qui sont à l'origine de la biodiversité compositionnelle. On voit donc que ce concept de biodiversité regroupe à la fois des propriétés et les processus qui ont engendré ou qui sont le résultat de ces propriétés. Pour concilier cette *biodiversité-comme-propriétés* et cette *biodiversité-comme-processus* certains auteurs donnent une définition plus intégrative de la biodiversité : "La diversité de tous les organismes vivants sur Terre et dans chaque niveau d'organisation. Cela comprend les êtres vivants de tous les endroits du globe, incluant les systèmes terrestres, marins et d'eau douce. Cela regroupe l'ensemble des formes de vies - bactéries, virus, plantes, champignons, animaux invertébrés, animaux vertébrés - et pas seulement les choses que l'on peut voir ou chasser. Pour autant la biodiversité comprend plus que les organismes eux-mêmes. Sa définition y incorpore la diversité du matériel génétique contenu au sein de chaque espèce et la diversité des écosystèmes formés par ces espèces ainsi que les processus écologiques et évolutifs qui leur permettent de continuer à fonctionner et à s'adapter (se transformer). La biodiversité est donc bien plus qu'une liste d'espèces, elle englobe les fonctionnements écologiques et évolutifs qui maintiennent la dynamique du monde vivant, mettant en lumière l'interdépendance des éléments naturels." (MORTON, SHEPPARD et LONSDALE 2014) (Figure 0.3). Que l'on inclue ou pas les processus dans la définition de la diversité n'est pas le point le plus important, en revanche il faut toujours garder à l'esprit l'idée de la dynamique. Comme on l'a vu précédemment les espèces ne sont ni éternelles ni immuables (Figure 0.1) et il en va de même pour les éléments des autres niveaux de diversité, ils évoluent aussi. Enfin on ne peut pas réduire les assemblages produits par les processus évolutifs à un ensemble d'éléments inertes, il faut considérer la multitude d'interactions entre eux et l'ensemble des fonctions écologiques qu'ils produisent.

Il n'est évidemment pas faisable d'étudier tous les niveaux et tous les processus à l'œuvre dans un milieu donné dans le temps imparti à ce travail. Cette thèse porte donc sur l'étude de la biodiversité aux niveaux génétique et spécifique dans le but de faire des inférences sur les processus évolutifs façonnant la biodiversité des habitats coralligènes.

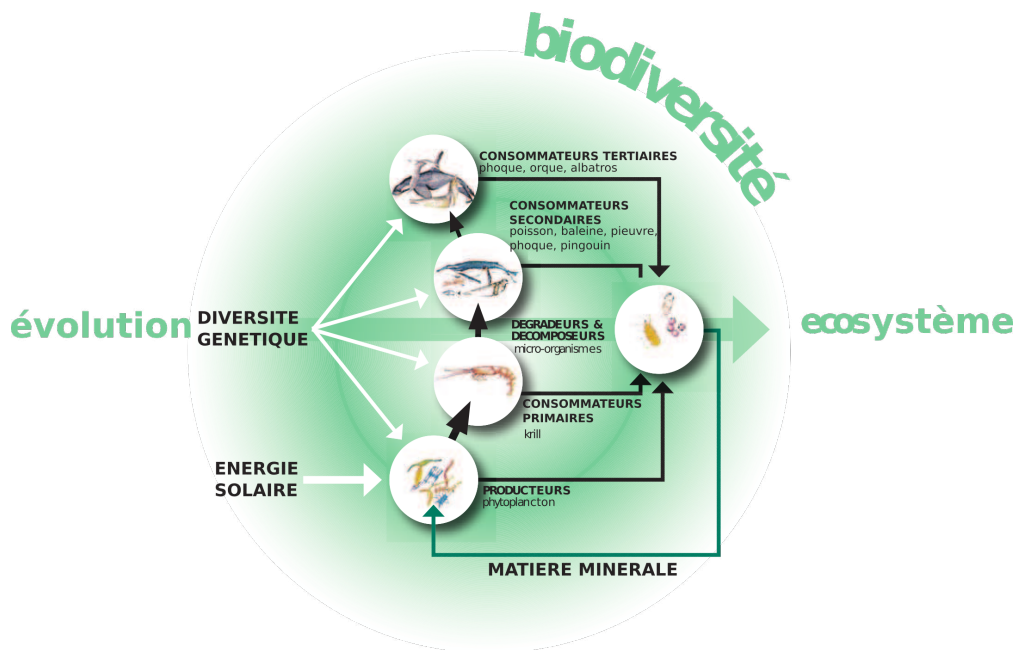


Figure 0.3. – Ce schéma propose une représentation de la biodiversité. La partie gauche représente les processus évolutifs qui produisent la diversité génétique au sein de chaque espèce présente au sein des différents niveaux de la chaîne alimentaire. Des producteurs aux consommateurs en passant par les décomposeurs qui forment l'écosystème. Modifié à partir de Biodiversity : Science and Solutions for Australia (Morton, Sheppard et Lonsdale 2014)

## 0.2. L'étude de la diversité génétique : la génétique des populations

L'étude de la diversité génétique au sein d'une espèce est l'apanage de la génétique des populations. Il s'agit d'étudier les variations des fréquences alléliques au sein des populations d'une même espèce pour inférer les processus évolutifs qui ont conduit à l'émergence de ces patrons.

### 0.2.1. Petit historique

La théorie de l'évolution (de Darwin et Wallace) stipule que des micro-variations apparaissent du fait du hasard chez les individus, que ces variations sont transmises à la génération suivante et que la sélection naturelle va agir sur cette variabilité comme un filtre en favorisant les individus les mieux adaptés. Cependant les lois de l'hérédité des caractères découvertes par Mendel en 1865 ne seront confrontées à cette théorie qu'au début des années 1900. Les lois de Mendel sont alors très contestées par les Biométriciens qui argumentent que les facteurs ségrégeant discrets postulés par Mendel ne peuvent pas expliquer la nature continue des traits observés en population naturelle et encore moins la ressemblance qu'il existe entre ces traits chez des individus apparentés. Le désaccord entre les Mendéliens et les Biométriciens fut résolu par un mathématicien, R. A. Fisher en 1920. Il montre que l'on peut expliquer la distribution continue de traits phénotypiques par la variation discrète de plusieurs facteurs influençant ce phénotype. C'est le début de la génétique des populations. Par la suite J.B.S. Haldane et S. Wright, deux biologistes, et R. A. Fisher vont poursuivre leurs travaux en construisant des modèles mathématiques décrivant l'évolution des populations. Si la découverte que l'ADN constitue le support de l'hérédité date de 1944 (AVERY, MACLEOD et MACCARTY 1944) et que sa structure a été décrite en 1953 par Watson et Crick, les premières séquences d'ADN au niveau populationnel permettant de confronter la théorie mathématique à des données empiriques ne sont obtenues que dans les années 1970. Par la suite les technologies de séquençage vont s'améliorer et se diversifier ce qui va permettre d'obtenir des jeux de données suffisamment importants pour tester les prédictions des modèles (sous-section 0.2.3).

Jusque dans les années 1970 la génétique des populations a donc été une science principalement théorique, basée sur les mathématiques.

### 0.2.2. Les forces évolutives

Le cadre théorique en génétique des populations est clairement établi. On distingue 5 forces évolutives qui vont faire varier la fréquence des allèles et des génotypes au sein des populations. Ces forces vont agir de différentes façons sur les

composantes alpha et bêta ( [Tableau 0.1](#)) de la biodiversité ([sous-section 0.1.2](#)).

Tout d'abord la mutation qui est la source de la diversité dans les séquences d'ADN. On peut la définir comme "toute modification héritable du matériel génétique" (HARTL et CLARK [2007](#)). Cela comprend des modifications plus ou moins importantes allant d'un changement d'une paire de bases dans la molécule jusqu'aux phénomènes de réarrangement chromosomique tel que les inversions ou les translocations. Notons bien ici que seules les mutations héritables, donc se produisant dans la lignée germinale sont importantes du point de vue de la génétique des populations. Même si les taux de mutation dans les gènes sont assez faibles (entre 1 mutation sur 10 000 à 1 000 000 par gène par génération), à l'échelle d'une population comprenant des nombreux individus ayant chacun de nombreux gènes la mutation est un phénomène courant. Enfin notons que les taux de mutation varient selon les régions du génome. La mutation a un effet positif sur les différentes composantes de la diversité.

La sélection naturelle agit en fonction des phénotypes des individus et filtre la variabilité existante. Le phénotype d'un individu est le résultat de l'expression de son génotype, de l'environnement dans lequel il s'est développé et de l'interaction entre ces deux facteurs. L'importance du facteur génétique est plus ou moins grande selon le trait étudié et l'espèce chez laquelle on l'étudie. Par exemple le déterminisme du sexe (mâle ou femelle) chez les animaux gonochoriques est entièrement déterminé génétiquement chez les mammifères, alors que chez les reptiles c'est la température d'incubation des œufs qui détermine le sexe des petits. La sélection naturelle en filtrant la variabilité phénotypique va donc filtrer la variabilité génétique qui la sous-tend. Certains allèles, qui procurent à l'individu qui les porte un avantage sélectif, augmenteront en fréquence tandis que d'autres ayant des effets délétères disparaîtront. On distingue trois grandes formes de sélection (THOMAS, LEFÈVRE et RAYMOND [2010](#), Chapitre 3, p. 57) : (i) la sélection stabilisante, correspond au cas où le phénotype intermédiaire est avantageux, (ii) la sélection directionnelle, lorsque le même phénotype est toujours avantageux, (iii) la sélection disruptive, quand la relation entre le phénotype et la valeur sélective n'est pas unimodale, par exemple si on a deux optimums phénotypiques. Les sélections stabilisante et directionnelle ont un effet négatif sur la composante alpha de la diversité tandis que la sélection disruptive a un effet positif. Les effets des différents types de sélection sur la composante bêta sont variables et dépendent notamment des variations des optima phénotypiques entre les populations.

La dérive génétique est la variation aléatoire (indépendamment de leur valeur sélective) des fréquences alléliques dans une population d'une génération à l'autre. Cette variation est due à l'échantillonnage aléatoire des allèles notamment lors de la reproduction. La dérive génétique est une force évolutive qui s'applique directement à l'ensemble du génome et dont l'intensité est liée à la taille des populations : plus les populations sont grandes moins la dérive est forte. La dérive va donc causer des disparitions d'allèles de façon aléatoire et a

donc un effet négatif sur la composante alpha de la diversité. Comme ce processus aléatoire se produit indépendamment dans chaque population il conduit à une augmentation de la composante bêta, c'est-à-dire une augmentation de la différenciation entre les populations.

La migration correspond au déplacement des individus entre différentes populations plus ou moins éloignées. Ces populations sont plus ou moins isolées les unes des autres et la migration d'individus (transportant leurs allèles) entre ces populations influence les fréquences alléliques dans les populations sources et puits mais aussi la diversité génétique totale dans l'espèce. Plus la migration entre populations est importante plus les fréquences alléliques seront homogènes entre les différentes populations. La migration va donc avoir un effet inverse de celui de la dérive sur les composantes de la diversité : la migration augmente la diversité alpha et diminue la diversité bêta.

Enfin à l'échelle des génomes, la recombinaison (inter et intra-chromosomique), qui se produit lors de la méiose va casser les associations entre allèles. La recombinaison inter-chromosomique correspond à la ségrégation aléatoire des chromosomes paternels et maternels constituant ainsi un premier brassage génétique générateur de diversité à l'échelle du génome. La recombinaison intra-chromosomique est un mécanisme par lequel deux chromosomes homologues vont échanger des segments d'ADN homologues. Les nouvelles combinaisons d'allèles (ou haplotype) ainsi formées sont uniques et ce mécanisme participe donc à la création de diversité à l'échelle des chromosomes (Figure 0.5).

Les interactions entre toutes ces forces évolutives tout au long de l'histoire évolutive d'une espèce sont à l'origine des patrons de diversité génétique qu'on peut observer actuellement.

	Mutation	Sélection	Dérive	Migration
Alpha	+	-/+	-	+
bêta	+	-/+	+	-

Tableau 0.1. – Effet des forces évolutives sur les différentes composantes de la diversité. La "+" et le "-" indiquent respectivement un effet positif et négatif sur la composante de la biodiversité. Un "+/-" indique que l'effet dépend du type de sélection.

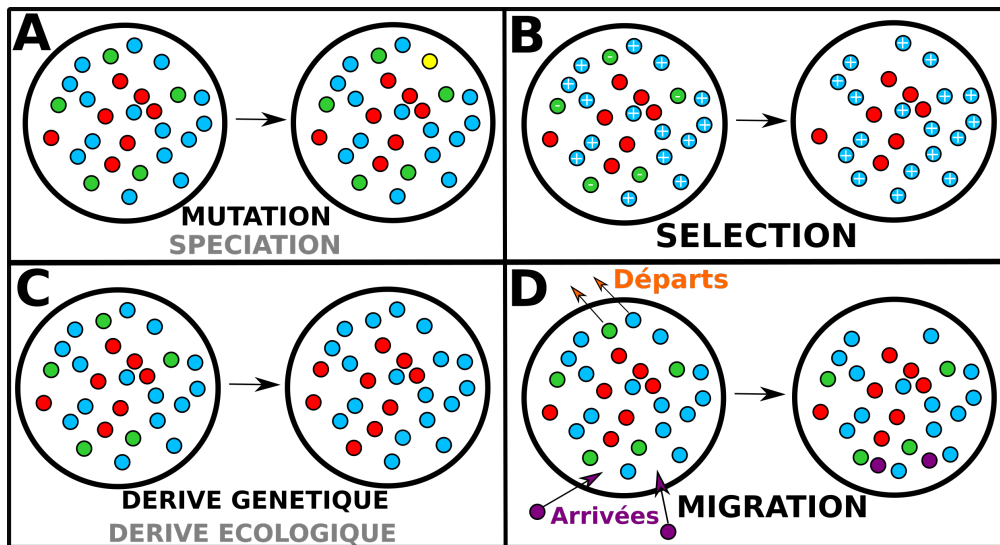


Figure 0.4. – Les forces évolutives influençant la fréquence des allèles dans les populations ou les abondances relatives des espèces dans les communautés. A : La mutation ou la spéciation. B : La sélection naturelle agissant sur les allèles ou les espèces. Les "+" indiquent les allèles ou espèces ayant une valeur sélective supérieure à la moyenne et les "-" ceux ayant une valeur sélective inférieure à la moyenne. C : La dérive génétique ou écologique. La flèche jaune pointe une différence de composition en allèles ou en espèces dû à l'échantillonnage aléatoire entre deux pas de temps. D : La migration, les arrivées et départs d'allèles ou d'espèces au sein des populations ou des communautés.

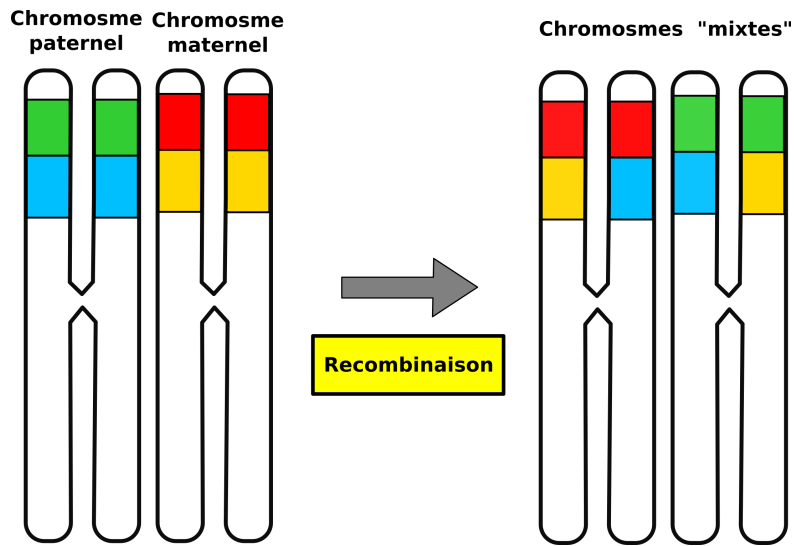


Figure 0.5. – Schéma représentant le phénomène de recombinaison intra-chromosomique.

### 0.2.3. Apport des NGS

Jusqu'à récemment il était encore très difficile d'obtenir des séquences d'ADN ou des informations génotypiques à de nombreux loci pour de nombreux individus du fait des coûts de séquençage. La révolution des *Next Generation Sequencing* (NGS) nous permet de pouvoir étudier des espèces non modèles de façon approfondie. La première génération de technologie de séquençage est apparue à la fin des années 1970, et la méthode la plus connue qui est encore utilisée aujourd'hui est le séquençage de type Sanger. (SANGER, NICKLEN et COULSON 1977). L'automatisation de cette méthode basée sur l'arrêt de la polymérisation de l'ADN et la mesure de la longueur des fragments obtenus a permis de séquencer le premier génome humain en 2004. En 2005 la première technologie de NGS est mise sur le marché, puis un an plus tard deux autres technologies sont mises en service. Les principaux avantages des NGS sont : (i) la préparation des échantillons ne nécessite pas de clonage, (ii) plusieurs millions de réactions de séquençage se produisent en parallèle (seulement quelques centaines pour la méthode Sanger), (iii) le processus se déroule sans étape d'électrophorèse (VAN DIJK et al. 2014). En revanche, le taux d'erreur par paires de bases est plus élevé et la taille de fragments séquencés est beaucoup plus faible ce qui va engendrer le développement de nouvelles méthodes d'assemblage. Enfin la troisième génération de séquenceurs apparaît en 2010. Ces nouvelles technologies permettent de séquencer des fragments de quelques dizaines de milliers de bases sans nécessiter d'étape de PCR en amont ce qui permet de faciliter et d'améliorer les assemblages. La baisse des coûts de séquençage liée à l'apparition de ces nouvelles technologies (VAN



DIJK et al. 2014), permet de tenter de répondre à certaines grandes questions de la biologie évolutive concernant l'adaptation (STAPLEY et al. 2010), la spéciation (SEEHAUSEN et al. 2014) ou encore les déterminants de la diversité génétique (ROMIGUIER et al. 2014); en étudiant notamment des organismes non-modèles (EKBLUM et J. GALINDO 2011). Chez les organismes non modèles, malgré la diminution importante des coûts, le séquençage de génomes complets pour de nombreux individus n'est pas toujours possible (encore trop coûteux), et pas non plus pertinent selon les objectifs de l'étude. Pour séquencer un grand nombre de marqueurs (quelques milliers à quelques centaines de milliers) sur des espèces pour lesquelles on n'a aucune donnée génétique, différentes méthodes d'échantillonnage du génome ont été développées. On peut citer deux grandes classes de méthodes (DAVEY et al. 2011) : les méthodes dites ciblées qui séquencent une partie choisie d'un génome et celles non ciblées utilisant des enzymes de restriction. Les méthodes utilisant des enzymes de restriction commencent toutes par une étape de digestion de l'ADN par une enzyme de restriction. Ensuite différents protocoles sont appliqués selon les méthodes. On peut notamment citer la méthode RAD-seq dans laquelle la digestion est suivie d'une fragmentation mécanique de l'ADN, puis d'une PCR n'amplifiant que les fragments contenant un site de restriction. Les amplicons ainsi produits sont ensuite séquencés. En ce qui concerne les méthodes "ciblées", on peut citer le séquençage du transcriptome ou les méthodes combinant une étape de capture (voir plus bas) et une étape de séquençage. La capture consiste à fragmenter l'ADN génomique, puis à ajouter des sondes de capture (courts fragments d'ARN simple brin d'une centaine de paires de bases) complémentaires des séquences d'intérêt. Les sondes vont se lier aux séquences d'intérêt. Ensuite les fragments d'ADN non liés aux sondes de capture sont retirés de l'échantillon et les fragments d'ADN ciblés sont séparés des sondes. Enfin les fragments ciblés sont séquencés (Figure .1).

Pour l'étude de la génomique des populations des espèces ingénieuses nous avons séquencé des marqueurs génétiques en utilisant une méthode de capture séquençage. Pour concevoir les sondes de capture nous avons séquencé puis assemblé de novo des transcriptomes de référence. La méthode de capture présente différents avantages (JONES et GOOD 2016) : (i) obtention de marqueurs dans des zones codantes nous permettant ainsi d'augmenter nos chances de détecter des marqueurs sous sélection, (ii) efficace même sur des ADN faiblement concentrés et dégradés, ce qui est adapté à nos espèces calcaires dont l'ADN est parfois difficile à extraire, (iii) fonctionne avec des pourcentages de divergence importants entre les sondes et les séquences cibles, ce qui a été très utile pour l'étude des différentes espèces cryptiques (chapitre 2, chapitre 3).

## 0.3. L'étude de la diversité spécifique : l'écologie des communautés

Contrairement à la génétique des populations, l'écologie des communautés a disposé très tôt de données empiriques qui ont pu être confrontées aux développements théoriques. En effet les espèces ont été identifiées et classées selon des critères morphologiques, beaucoup plus tôt que les marqueurs génétiques, cependant les méthodes d'identification d'espèce basées uniquement sur la morphologie peuvent être sources d'erreurs d'identification notamment en cas de présence d'espèces cryptiques ([chapitre 2](#)).

### 0.3.1. Bref historique et développement théorique en écologie des communautés

Les premiers modèles développés pour modéliser les abondances d'espèces étaient purement statistiques et inductifs. Leur but était de reproduire certaines distributions statistiques observées mais ils ne modélisaient pas de processus démographiques (HUBBELL 2001). On peut notamment citer les séries logarithmiques de Fisher (1943) et la distribution log-normale de Preston (1948). En 1957 Mac-Arthur proposa un modèle déductif dit "broken-stick" pour expliquer les abondances d'espèces. Dans ce modèle on a une quantité limitée de ressource. La première espèce introduite utilise une proportion, tirée au hasard, de la ressource. Pour la seconde espèce on recommence le processus à partir de la fraction de ressource restante (CHAVE 2004). D'autres théories de ce type suivront mais leur principal défaut est qu'elles ne font pas intervenir de processus démographiques (CHAVE 2004). De plus, aucun de ces modèles ne permet d'expliquer la forte proportion d'espèces rares observée dans les études empiriques (HUBBELL 2001). Les premiers modèles intégrant des processus de naissance-mort et de migration sont proposées par Caswell en 1976. Cependant ces modèles, inspirés de la théorie neutre de la génétique des populations, produisent des distributions d'abondance d'espèces très différentes des distributions observées. Un des principaux problèmes de cette théorie est que la taille de la communauté augmente sans limite dans le temps, or toutes les données empiriques montrent qu'on ne peut avoir qu'un nombre maximal d'individus sur une surface donnée (HUBBELL 2001).

En 2001, Hubbell publie *The Unified Neutral Theory of Biodiversity and Biogeography*. Cette théorie s'applique aux communautés horizontales, c'est-à-dire un ensemble d'organismes de même niveau trophique. La méta-communauté est constituée par un ensemble de communautés horizontales locales. De plus, ce modèle est dit neutre car chaque individu a la même valeur sélective indépendamment de son espèce. Dans sa version originale, ce modèle comprend une communauté locale avec  $J$  individus (ROSINDELL, HUBBELL et ETIENNE 2011).

Un individu tiré au sort meurt et est remplacé à chaque pas de temps. Il peut être remplacé par un descendant d'un individu choisi au hasard dans la communauté locale (avec une probabilité de  $1-m$ ) ou d'un descendant provenant d'un individu tiré au hasard dans la méta-communauté (avec une probabilité de  $m$ ). Le paramètre  $m$  est une mesure de la limite à la dispersion. La méta-communauté contient  $J_M$  individus et la distribution des abondances d'espèces ne varie pas au sein de cette méta-communauté aux échelles de temps de la communauté locale. Dans la méta-communauté la distribution des abondances d'espèces est déterminée par un processus similaire à celui ayant lieu dans la communauté locale sauf que les individus de remplacement sont des descendants d'individus de la méta-communauté tirés au hasard. Il y a toutefois une exception en cas de spéciation, qui se produit avec une probabilité  $\nu$ . Dans ce cas le nouvel individu forme une nouvelle espèce. La distribution des abondances d'espèces dans la méta-communauté est entièrement caractérisée par un paramètre composite sans dimension :

$$\theta = J_M \times \frac{\nu}{1 - \nu} \quad (0.1)$$

$\theta$  est appelé nombre fondamentale de diversité. Cette expression est approximée par  $\theta \simeq 2 \times J_M \times \nu$  pour de faibles taux de spéciation.

Depuis 2001, les modèles neutres ont été déclinés en plusieurs versions et permettent de faire de nombreuses prédictions. Notamment, ils permettent de prédire avec une très bonne précision les patrons de distribution des abondances d'espèces. Des modèles plus sophistiqués incorporant explicitement la structure spatiale permettent aussi de prédire les relations entre surface et richesse spécifique. La théorie neutre et ses extensions constituent une importante avancée dans la théorie de l'écologie des communautés et de nombreuses recherches sont encore en cours pour améliorer ses modèles en modifiant la façon dont est modélisée la spéciation ou encore en modélisant des variations de taille de la communauté.

Une des hypothèses les plus controversées de cette théorie est celle de l'équivalence écologique : tous les individus ont la même fitness, indépendante de l'espèce à laquelle ils appartiennent. Il est cependant évident pour tous les écologues que même au sein d'un même niveau trophique les espèces ont des caractéristiques différentes se traduisant en termes de fitness. D'ailleurs de nombreux modèles déterministes en écologie expliquent la coexistence entre espèces par des différences de niches.

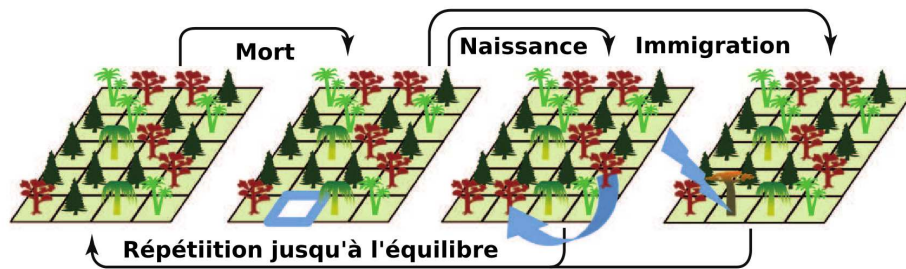


Figure 0.6. – Schéma représentant la mécanique de la théorie neutre de Hubbell au sein de la communauté locale. Adapté de Rosindell, Hubbell et Etienne 2011. Dans cet exemple  $J=20$ , donc pour chaque individu la probabilité de mourir est de  $1/20$ . On part du rectangle de gauche dans lequel chaque individu a une probabilité de mourir de  $1/20$ . Dans le rectangle suivant l'individu qui est mort est symbolisé par un carré vide dont les contours sont en bleu. Cet espace peut alors être occupé par la naissance d'un individu issu de la communauté locale (rectangle suivant et symbolisé par un flèche bleue) ou par un individu issu de la meta-communauté (dernier rectangle de droite et symbolisé par un éclair bleu).

### 0.3.2. Vers une unification des théories en écologie des communautés

Cette partie est basée sur le livre de Mark Vellend *The Theory of Ecological Communities* (VELLEND 2016) qui présente un cadre théorique global de l'évolution des communautés au cours du temps. La communauté est ici définie comme dans la théorie de Hubbell : une communauté écologique est un ensemble d'individus de même niveau trophique (communauté horizontale). Cette théorie des communautés écologiques est semblable à la théorie que nous avons vue pour la génétique des populations (sous-section 0.2.2). La théorie incorpore le modèle neutre stochastique de Hubbell (et ses variantes) et une part déterministe de sélection provenant des modèles de niche. Vellend y distingue quatre processus de "haut rang" pouvant faire varier les abondances des différentes espèces au sein des communautés : la spéciation, la dérive écologique, la migration et la sélection. Si on reprend la figure (Figure 0.4) on peut remplacer la mutation par la spéciation et on a alors les mêmes processus à l'œuvre. Les processus de "haut rang" comprennent donc chacun un grand nombre de processus de "bas rang", qui étaient modélisés chacun dans un modèle différent donnant l'impression que l'écologie des communautés était un ensemble de théories de cas particuliers sans généralisation possible. Nous allons reprendre ci-dessous les quatre

processus de "haut rang" et les expliciter. La dérive écologique a lieu lorsque les événements démographiques se produisent au hasard par rapport à l'identité d'espèce des individus. Cela comprend les processus de naissance et de mort des individus. La dérive écologique diminue la diversité alpha et augmente la différenciation entre communautés. La migration correspond aux mouvements des individus d'un endroit de résidence à un autre. Elle augmente la diversité alpha et couple les dynamiques entre communauté locale et méta-communauté ce qui diminue la diversité bêta. La spéciation peut être négligée dans de nombreux modèles mais si on veut faire un modèle sur de grandes échelles de temps et d'espace alors il devient nécessaire de l'intégrer. La spéciation est un processus très étudié en biologie évolutive et il peut se produire de différentes façons et selon des histoires évolutives plus ou moins complexes. Il est donc assez difficile à modéliser et a été intégré de différentes façons dans les modèles. Dans la première version de la théorie, la spéciation est modélisée par un mécanisme de "fission aléatoire" : lorsqu'un individu donne un descendant ce dernier sera d'une nouvelle espèce avec une probabilité  $\nu$ . Par la suite d'autres mécanismes de spéciation plus réalistes seront incorporés aux modèles. La spéciation est la source originelle de diversité dans la communauté, elle augmente la richesse spécifique et la diversité bêta. La sélection produit des changements dans la communauté dans le sens que les fréquences des espèces varient en fonction de leur valeur sélective relative. On peut définir la valeur sélective absolue comme étant la quantité attendue de descendants produits par unité de temps, incluant la survie de l'organisme lui-même. La valeur sélective relative correspond à la valeur sélective absolue standardisée entre espèces (plusieurs méthodes possibles) (ORR 2009). La sélection se décline sous différentes formes et peut selon les cas augmenter ou diminuer les différentes composantes de la diversité spécifique. La forme la plus simple de sélection est la suivante : une différence de valeur sélective relative entre une des deux espèces sans lien avec l'état de la communauté conduit à la dominance de l'espèce ayant la plus haute valeur sélective relative. Les différents types de sélection correspondent à différents processus de "bas rang" dont les effets sur la diversité des communautés ont été étudiés dans plusieurs modèles différents. On peut notamment citer les formes de sélections suivantes : la sélection constante, la sélection fréquence-dépendante (positive ou négative), la sélection variable dans le temps et/ou l'espace. Chacune de ces formes de sélection a été implémentée dans divers modèles d'écologie des communautés explicitant un ou plusieurs processus de "bas rang" (VELLEND 2016, p. 63 à 66).

### **0.3.3. Apport des NGS à l'écologie des communautés**

Les nouvelles générations de séquençage ont aussi permis l'essor de nouvelles méthodes d'étude de la composition et du fonctionnement des communautés. Ces méthodes utilisant du séquençage haut débit permettent notamment de s'af-

franchir des limites des approches classiques d'évaluation de la biodiversité (e.g. identification manuelle des espèces longue et peu efficace, car réclamant une expertise taxonomique pointue et nécessitant de réduire la variété taxonomique des espèces ciblées)(LAWSON HANDLEY 2015)

On peut citer trois types d'approches : la métagénomique, la métatranscriptomique et le métabarcoding (CREER et al. 2016). La métagénomique consiste à extraire puis à séquencer tout l'ADN environnemental d'un échantillon, ce qui permet de faire des analyses de diversité et aussi d'évaluer le potentiel fonctionnel présent dans la communauté. La métatranscriptomique repose sur l'extraction et le séquençage de tous les ARN messagers présents dans un échantillon à un moment donné ce qui donne une vue d'ensemble des gènes exprimés dans une communauté et permet une étude fonctionnelle pointue. Enfin le métabarcoding (Figure 0.7), débute comme la métagénomique par l'extraction de l'ADN environnemental suivi d'un enrichissement de cet ADN en séquences barcodes, puis du séquençage de ces barcodes. Après analyse bio-informatique, on obtient des mOTUs (molecular Operational Taxonomic Units (BLAXTER 2004)). Ces mOTUs correspondent à des groupes de séquences rassemblées en fonction de leur distance génétique. Ces mOTUs constituent les unités de base de l'analyse d'écologie des communautés.

Dans notre étude nous avons utilisé une approche de métabarcoding pour caractériser la composition en espèces des communautés de coralligène. Nous avons utilisé un jeu d'amorces ciblant une portion de 313 paires de bases du gène mitochondrial COI. Ces amorces ont été conçues pour amplifier l'ensemble des métazoaires et encadrer une zone particulièrement informative de ce gène. Cela nous a permis d'échantillonner l'ensemble de la structure tridimensionnelle de ces habitats et de nous affranchir d'une identification manuelle longue et complexe au vue de l'importante diversité de phyla présents dans le coralligène.

#### **0.3.4. Définitions utilisées dans cette thèse et futures directions**

Comme nous l'avons vu, la théorie décrite par Hubbell s'applique aux communautés horizontales. Des synthèses existent déjà pour d'autres types de communautés : réseaux trophiques (MCCANN 2011), modules d'interaction (MURDOCH, BRIGGS et NISBET 2013), et réseaux mutualistes (BASCOMPTE et JORDANO 2013). Est-il possible d'étendre la théorie décrite dans la partie précédente à une communauté comprenant d'autres niveaux trophiques? Cette question n'est pas tranchée et l'évaluation du champ d'application de cette théorie constitue une des pistes de recherche en écologie des communautés.

A priori les communautés de coralligène comportent de nombreux organismes de différents niveaux trophiques. Ces communautés ne constituent donc pas des communautés horizontales au sens strict car elles comportent des algues autotrophes, des invertébrés filtreurs, des suspensivores et des brouteurs qui repré-

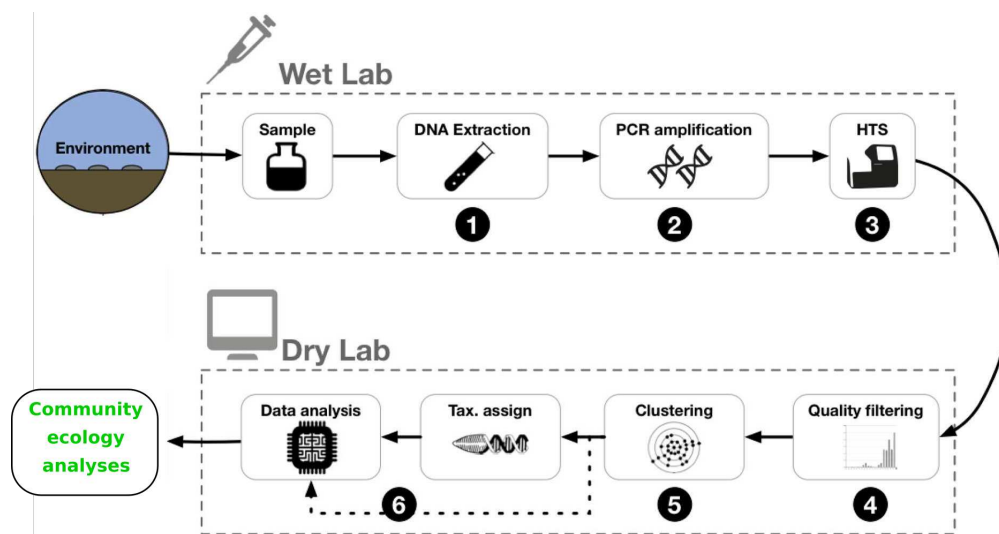


Figure 0.7. – Schéma représentant les différentes étapes d'un protocole d'étude d'écologie des communautés par métabarcoding. Adapté de Pawlowski et al. 2018

sentent des niveaux trophiques différents. Notons toutefois que, une part importante de la biomasse de ces habitats est constituée d'algues calcaires et de suspensivores pour lesquels l'interaction dominante est la compétition spatiale et non la prédation (BALLESTEROS 2006). On pourrait donc se ramener à la théorie des communautés horizontales en ne considérant que les algues calcaires ou que les suspensivores.

Le but de cette thèse n'étant pas de tester la théorie des communautés écologiques, on prendra donc la définition de la communauté suivante : un groupe d'organismes représentant différentes espèces vivant dans un espace-temps donné (VELLEND 2010). On s'intéressera aux facteurs environnementaux qui structurent les communautés d'espèces en essayant de distinguer les processus sélectifs déterministes des effets neutres de dispersion et de dérive écologique.

## 0.4. Apport de l'étude concomitante des deux niveaux de diversité

### 0.4.1. Des questions communes aux deux niveaux de diversité

Comme nous l'avons vu plus haut l'écologie des communautés et la génétique des populations se sont développées de façon distincte mais il y a eu des échanges entre les deux disciplines. On peut notamment citer l'utilisation d'un cadre théo-

rique de la génétique des populations dans l'écologie des communautés par Caswell *et al.* en 1976. Cette même année, Antonovics souligne qu'un génotype haploïde est fonctionnellement équivalent à une espèce d'un point de vue théorique (VELLEND 2005). Enfin Hubbell en 2001, puis Vellend en 2016 ont synthétisé le cadre théorique pour les communautés horizontales, en s'inspirant de celui de la génétique des populations. Notons ici que ce cadre théorique dépasse la biologie et qu'il peut s'appliquer à tous les objets auto répliquants (NOWAK 2006). De plus, ces deux disciplines sont passées par des périodes durant lesquelles les processus sélectifs étaient considérés comme prépondérants dans le façonnement de la biodiversité (KREITMAN 1996 ; CHAVE 2004), pour arriver aujourd'hui à une vue moins biaisée dans laquelle les processus neutres de dérive et de migration sont pleinement considérés pour expliquer les patrons observés. Cependant, il est encore difficile de déterminer l'importance relative des processus neutres et sélectifs dans les patrons de biodiversité observés en écologie des communautés (VELLEND 2016, Chapitre 11) et en génétique des populations (voir par exemple les défis posés par la détection des traces de sélection dans les génomes HOBAN *et al.* 2016). Une des pistes pour essayer de résoudre ce problème est d'intégrer l'étude d'un second niveau de biodiversité dans une étude centrée sur l'autre niveau (VELLEND, LAJOIE *et al.* 2014). Par exemple si on observe une différenciation significative entre deux communautés échantillonnées sur deux sites différents on peut faire (au moins) deux hypothèses pour expliquer cette différenciation : (i) une hypothèse ne faisant intervenir que des processus neutres dans laquelle une faible migration engendre une connectivité réduite entre les deux sites causant ainsi une différenciation de la composition en espèces par un effet de dérive écologique ou (ii) une hypothèse avec des processus sélectifs dans laquelle des conditions environnementales différentes entre les deux sites sélectionnent des compositions en espèces différentes. Si on dispose de données de génétique des populations sur les mêmes sites on peut alors avoir une idée de la connectivité entre ces sites et pencher pour une des deux hypothèses : une différenciation génétique non significative montrant que les deux sites sont connectés nous fera pencher pour la seconde hypothèse alors qu'une différenciation génétique significative nous confirmera l'hypothèse neutre (e.g. DEXTER, TERBORGH *et* CUNNINGHAM 2012 ; *et* chapitre 2).

Une autre façon d'essayer de démêler les effets sélectifs des effets neutres est d'étudier les corrélations entre la diversité génétique et la diversité spécifique mesurées sur des sites communs.

#### **0.4.2. L'étude des corrélations entre la diversité génétique et la diversité spécifique**

Le terme génétique des communautés désigne "l'étude des interactions entre les gènes au sein d'une espèce et les populations d'autres espèces dans une communauté" (AGRAWAL 2003).



Des relations entre diversité spécifique et diversité génétique peuvent émerger principalement de trois façons (VELLEND et GEBER 2005) : (i) les caractéristiques de la localité peuvent influencer de façon parallèle les deux niveaux de diversité et ainsi engendrer une corrélation positive. (ii) La diversité génétique influence la diversité spécifique par deux mécanismes : en déterminant la performance démographique ou la viabilité de chaque population permettant ainsi la survie de chacune des espèces ou encore la diversité génétique chez une espèce dominante se traduisant par une diversité phénotypique représentant une hétérogénéité environnementale influençant la diversité spécifique de la communauté par le biais de processus sélectifs. Et inversement, (iii) la diversité spécifique de la communauté constituant une variabilité environnementale influençant les pressions de sélection subies par les différentes populations peut agir sur la diversité génétique d'une (ou plusieurs) espèce(s) (Figure 0.8). Par exemple, la diversité spécifique peut agir comme de la sélection divergente favorisant ainsi la diversité génétique. Les premières études résumant les facteurs influençant les corrélations entre la diversité génétique et la diversité spécifique (SGDCs : "Species Genetics Diversity Correlations") (VELLEND et GEBER 2005 ; KAHILAINEN, PUURTINEN et KOTIAHO 2014) portaient sur l'ensemble de la diversité génétique et prédisaient des SGDCs positifs dans la plupart des cas du fait des processus neutres affectant parallèlement la diversité génétique et la diversité spécifique et que des corrélations négatives peuvent apparaître lorsque des processus sélectifs sont à l'œuvre. Laroche *et al.* (2015), intègrent l'étude des SGDCs dans le cadre de la théorie neutre de la biodiversité et montrent notamment que de forts taux de mutation (par rapport au taux de migration) peuvent conduire à l'apparition de SGDCs négatifs en absence des processus sélectifs.

Enfin, Lamy *et al.* (2016), en reprenant et complétant les méta-analyses précédentes (KAHILAINEN, PUURTINEN et KOTIAHO 2014 ; VELLEND, LAJOIE et al. 2014 ; R. WHITLOCK 2014) montrent que dans la plupart des cas les SGDCs mesurés ne sont pas différents de zéro, et que parmi les SGDCs significativement différents de zéro 11 % sont positifs et 6 % sont négatifs.

Les auteurs proposent aussi un cadre pour étudier les différents facteurs influençant les SGDCs et essayer de quantifier leurs effets. La façon dont un facteur influence les SGDCs dépend du degré de similarité écologique entre l'espèce focale et les espèces de la communauté vis-à-vis de ce facteur. Deux types de facteurs peuvent influencer les SGDCs : des facteurs de site et des facteurs d'interaction entre les différentes espèces de la communauté (Figure 0.9).

Si l'espèce focale et les espèces de la communauté sont qualitativement équivalentes pour un facteur de site, on peut alors distinguer trois mécanismes. Premièrement, le facteur affecte la capacité de charge du site ou la proportion d'immigrants à chaque génération mais pas les deux, par exemple un site avec une surface d'habitat importante présentera une plus grande diversité génétique et une plus grande diversité spécifique par rapport à un site de plus petite surface, ce qui engendre des SGDCs positifs. Deuxièmement, le facteur affecte de la même

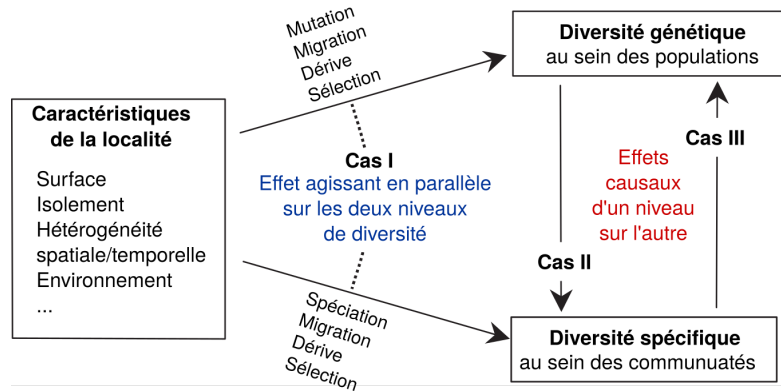


Figure 0.8. – Schéma représentant les interactions possibles entre la diversité génétique et la diversité spécifique. Cas I : Les caractéristiques de la localité telles que sa surface, sa connectivité ou son hétérogénéité environnementale influencent les deux niveaux de diversité de façon similaires. Cas II : la diversité génétique au sein des populations influence la diversité spécifique soit par des effets sur la viabilité de chaque population soit en créant une hétérogénéité environnementale biotique pour les autres espèces de la communauté. Cas III : la diversité spécifique constitue de la variabilité environnementale et influence ainsi les pressions de sélection subies par chaque population. Adapté de Vellend et Geber 2005

façon la capacité de charge du site et la proportion d'immigrants à chaque génération. Par exemple un site présentant une capacité de charge importante et une forte immigration présentera une diversité génétique et une diversité spécifique plus élevées qu'un site ayant une capacité de charge et un taux d'immigration plus faibles. Troisièmement, le facteur affecte de façon différente la capacité de charge du site ou la proportion d'immigrants à chaque génération. Par exemple un site avec une forte capacité de charge (ce qui a un effet positif sur les deux niveaux de diversité) mais isolé des autres sites (ce qui a un effet négatif sur les deux niveaux de diversité). Dans ce cas, le signe des SGDCs va dépendre de l'importance relative de la capacité de charge et du taux d'immigration sur chaque niveau de diversité. On peut alors obtenir des SGDCs négatifs (LAROCHE et al. 2015) si par exemple la diversité spécifique est principalement dépendante du taux d'immigration alors que la diversité génétique est principalement dépendante de la taille de la population ( $N^*_F$ ). Notons que les conditions d'apparition de SGDCs négatifs décrites pour ce troisième cas, n'ont été reportées dans aucune étude de la méta-analyse (LAMY et al. 2016). En revanche, si l'espèce focale n'est pas écologiquement équivalente aux espèces de la communauté pour un facteur de site donné, dans ce cas ce facteur générera des SGDCs nuls ou négatifs. Par exemple si l'espèce focale diffère fortement des espèces de la communauté par sa capacité de dispersion, cela va atténuer l'apparition de SGDCs positifs due à des différences de connectivité entre les sites et on observera alors des SGDCs nuls.

Les facteurs d'interactions entre l'espèce focale et les espèces de la communauté peuvent générer des SGDCs positifs ou négatifs. Dans le cas d'interactions directes entre l'espèce focale et les autres espèces de la communauté on s'attend à observer des SGDCs négatifs si l'espèce focale et les autres espèces de la communauté sont en compétition ou des SGDCs positifs si l'espèce focale a une action facilitatrice comme celle des espèces ingénieuses. Enfin, la présence d'une espèce non focale interagissant avec l'espèce focale et les autres espèces de la communauté va affecter les SGDCs en fonction de l'équivalence écologique entre l'espèce focale et les autres espèces de la communauté vis-à-vis de cette espèce non focale. Par exemple, si cette espèce est facilitatrice pour l'espèce focale et les autres espèces de la communauté on observera des SGDCs positifs.

Enfin, les corrélations entre les deux niveaux de diversité peuvent être utilisées en biologie de la conservation (KAHILAINEN, PUURTINEN et KOTIAHO 2014). En effet lorsque la corrélation est positive pour la composante alpha de la diversité, il suffit de mesurer la diversité pour un des deux niveaux pour avoir une idée de la diversité dans l'autre niveau. De plus, la corrélation entre les composantes bêta des deux niveaux de diversité est utile de la même façon pour la mise en place de réseaux d'aires de protection.

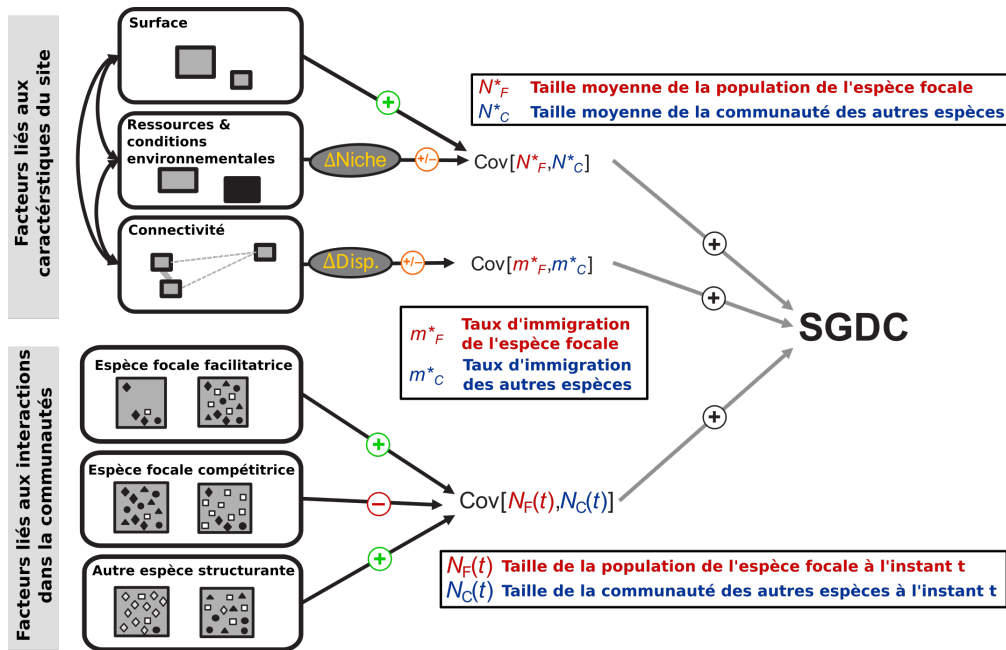


Figure 0.9. – Schéma représentant les facteurs influençant les SGDCs. Les facteurs de site, comme la surface, les conditions environnementales ou la connectivité, résultent de la variabilité spatiale des caractéristiques de chaque site. Ces variations sont à l'origine de la covariation entre la taille de la population de l'espèce focale ( $N^*_F$ ) et la taille de la communauté des autres espèces ( $N^*_C$ ) ou entre le taux d'immigration de l'espèce focale ( $m^*_F$ ) et le taux d'immigration des autres espèces de la communauté ( $m^*_C$ ). Les facteurs liés aux interactions entre l'espèce focale et les autres espèces de la communauté influencent aussi les corrélations entre diversité génétique et diversité spécifique. Adapté de Lamy et al. 2016

## 0.5. Les habitats coralligènes : un point chaud de biodiversité en Mer Méditerranée

La mer Méditerranée constitue un point chaud de biodiversité marine abritant 17 000 espèces appartenant à l'ensemble des domaines du vivant d'après des estimations récentes (COLL et al. 2010). Elle comporte notamment, plusieurs habitats biogènes uniques et menacés parmi lesquels les herbiers de Posidonie, les récifs à vermet, et les habitats coralligènes (COLL et al. 2010).

Les habitats coralligènes sont des constructions biogènes calcaires emblématiques de la mer Méditerranée qui se développent en conditions sciaphiles. Ils sont majoritairement édifiés par des algues rouges calcaires de la famille des Corallinacées et des Peyssonneliacées, puis consolidés par les squelettes calcaires formés par différents invertébrés marins : les Bryozoaires, Polychètes serpulidés, Sclérentinaires, Foraminifères, par ordre d'importance dans la construction de ces habitats (BALLESTEROS 2006). Parmi les animaux constructeurs on distingue trois groupes : le premier est constitué de constructeurs majeurs qui sont associés aux algues calcaires et ont une activité de construction importante soit par une consolidation des structures déjà établies soit par la formation de "piliers" sur lesquels vont se développer d'autres organismes ; le second comprend des animaux qui produisent aussi du calcaire mais dont l'activité de concrétionnement est faible ; le troisième groupe est composé d'espèces agglomérantes qui ne sont pas nécessairement calcifiées mais qui ont la capacité de cimenter des débris divers (HONG, JAE-SANG 1980). D'autres organismes, comme certaines espèces d'éponges, des mollusques, des siponcles, des polychètes ou les dattes de mer ont une action érodante. Enfin de nombreux organismes marins sessiles non calcaires viennent ajouter un dernier niveau de complexité à la structure. La structure formée par la dynamique de bioconstruction et de bioérosion présente de très nombreuses cavités de tailles variables qui reçoivent des quantités de lumière variables en fonction de leur taille et de leur orientation. De plus ces cavités piègent une plus ou moins grande quantité de sédiments et des particules qui par accumulation constituent des habitats pour des espèces de substrats meubles. Enfin les organismes épibiotiques et endobiotiques ajoutent encore un niveau de complexité structurale supplémentaire faisant des concrétionnements coralligènes un des principaux points chauds de biodiversité en mer Méditerranée (C.-F. BOUDOURESQUE 2004) avec au moins 1600 espèces recensées (BALLESTEROS 2006).

Le coralligène se développe dans des conditions de faible luminosité permettant le développement des algues rouges calcaires. On trouve donc du coralligène à différentes profondeurs en fonction des niveaux locaux d'irradiance qui sont notamment déterminés par la turbidité de l'eau, la topographie du substrat et la profondeur. De façon générale, la limite supérieure des habitats coralligènes se situe entre 12 et 50 mètres de profondeur et leur limite inférieure entre 40



Figure 0.10. – Dessin représentant la structure tridimensionnelle du coralligène de banc, montrant l'importante hétérogénéité environnementale à très petite échelle. Dessin de J. Corbera recopié depuis Ballesteros [2006](#)

et 120 mètres. A Marseille, on trouve du coralligène à des profondeurs relativement faibles car l'eau est assez turbide : dès 12 mètres de profondeur, mais plutôt autour de 35 mètres de profondeur en général. On trouve du coralligène dans toute la mer Méditerranée ([Figure 0.12](#)). On estime la surface de couverture par les habitats coralligènes cartographiés à environ 2763 km<sup>2</sup> d'aire à la surface sur l'ensemble de la Méditerranée (C. S. MARTIN et al. [2014](#)). En France, la cartographie des habitats marins réalisée depuis 2014 (CARTHAM), estime la surface des habitats coralligènes à environ 2932 hectares ([HOLON 2015](#)).

On distingue deux morphologies de coralligène ([Figure 0.13](#)) qui constituent les deux pôles d'un continuum dans lequel les algues calcifiées ont plus ou moins d'importance dans la bioconstruction ([LABOREL 1961](#)). Tout d'abord le coralligène de "paroi" que l'on trouve sur les tombants. Dans cette morphologie on trouve des algues calcaires mais elles n'ont pas une importance prépondérante dans la structure qui est principalement édifiée par des invertébrés comme les spongiaires, les cnidaires ou les bryozoaires. Au sein du coralligène de paroi on distingue plusieurs faciès, comportant une espèce dominante, et plusieurs associations comportant plusieurs espèces dominantes ([CLAIR et al. 2017](#)). La seconde morphologie est celle en banc ou affleurements. Elle se développe sur des fonds horizontaux ou de faible pente et les algues rouges calcaires y jouent un rôle prépondérant dans le développement de la structure. L'épaisseur du bioconcrétionnement est généralement plus importante, jusqu'à 4 mètres d'épaisseur.

Le foisonnement de biodiversité des habitats coralligènes produit de nom-

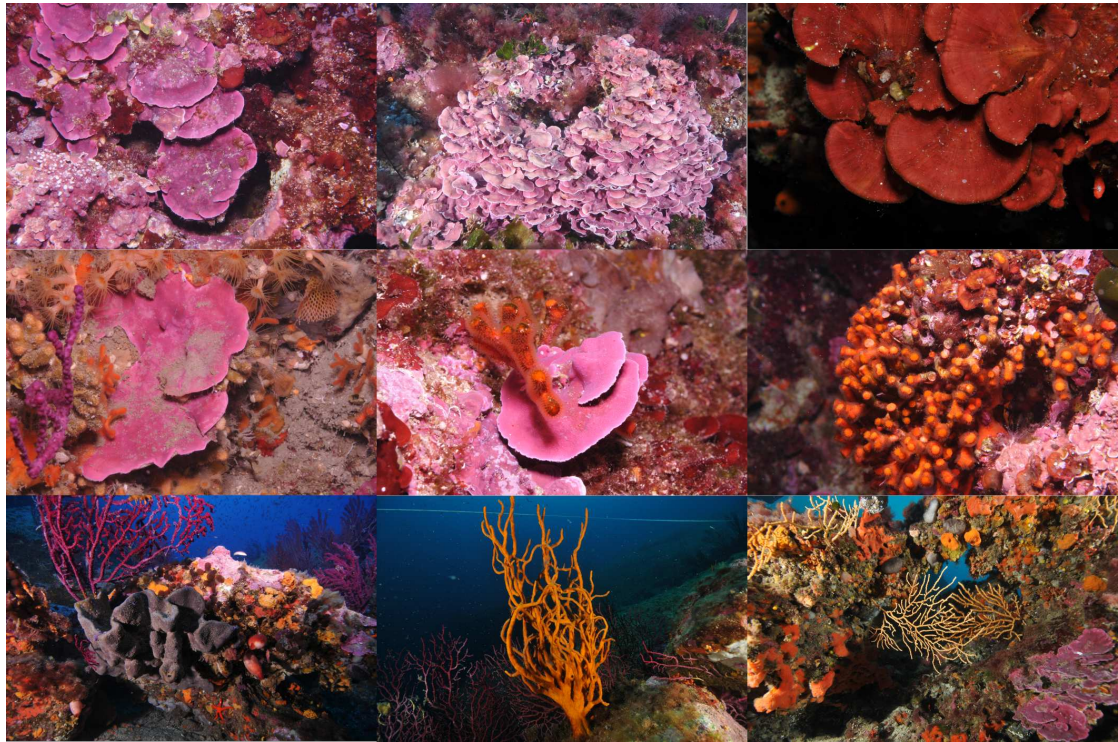


Figure 0.11. – Structure tridimensionnelle résultante de l'action des bioconstructeurs. Première ligne en partant du haut : structure construite par les algues rouges calcaires seules. Seconde ligne : structures formées par l'association d'algues rouges calcaires et d'invertébrés marins. Troisième ligne : structures formées par des invertébrés marins non calcaires. Crédit photos Dorian Guillemain

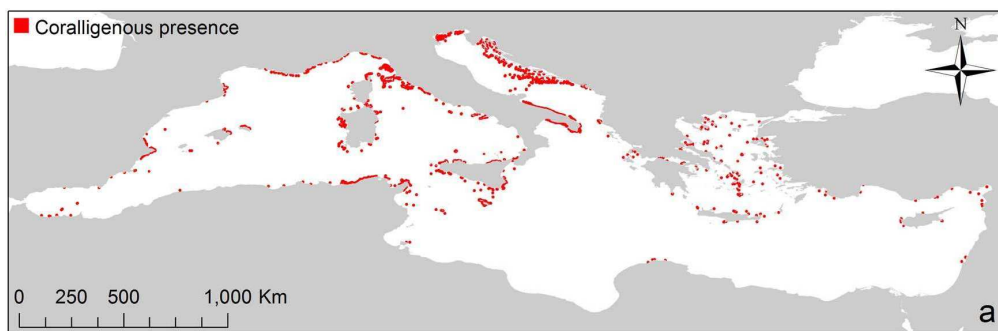


Figure 0.12. – Carte de la répartition des habitats coralligènes en Méditerranée. Adapté de C. S. Martin et al. 2014

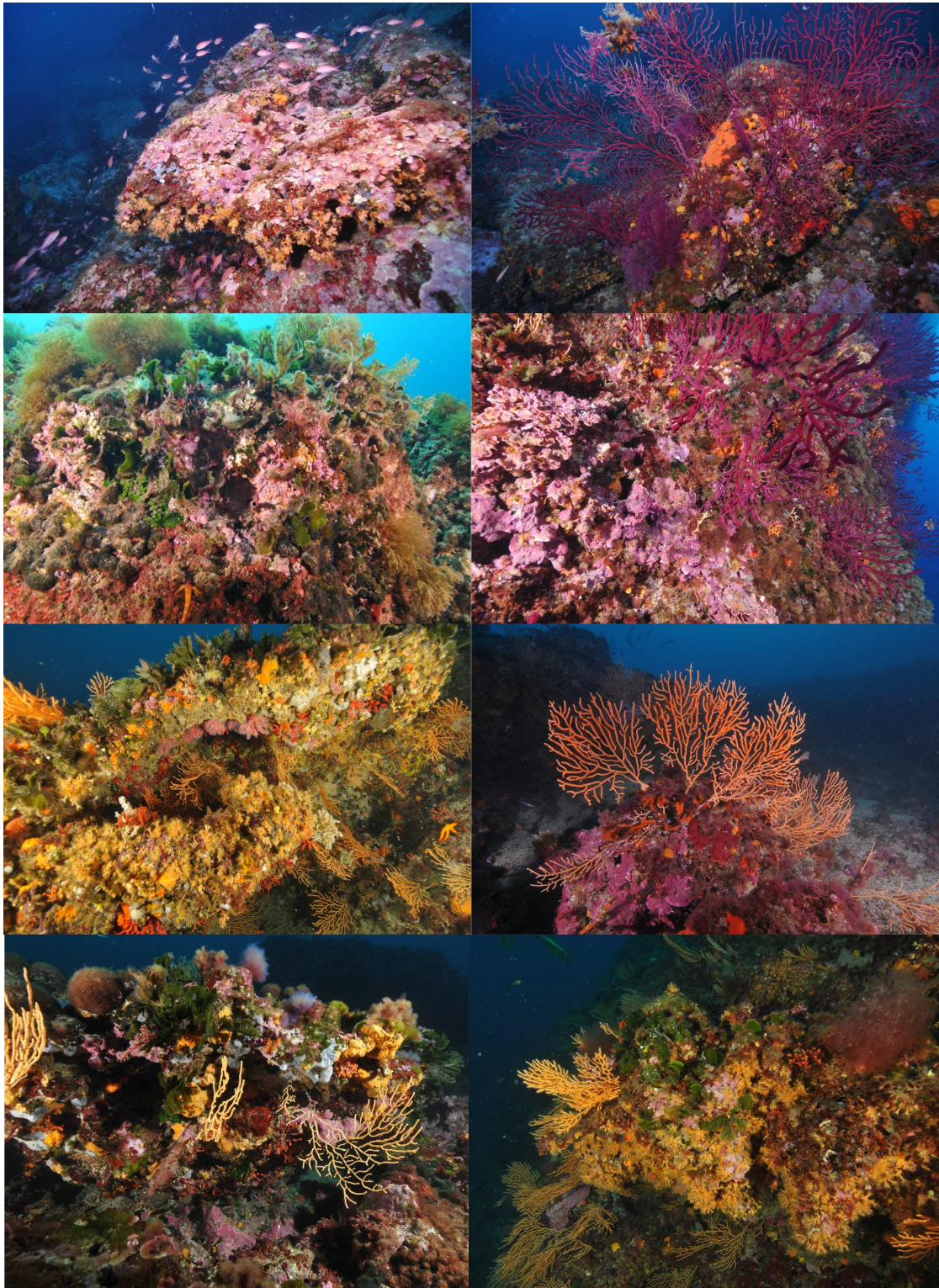


Figure 0.13. – Différents habitats coralligènes de la région de Marseille. Crédit photos Dorian Guillemain



breux services écosystémiques comme l'approvisionnement en ressources alimentaires, l'approvisionnement en corail rouge, la fourniture de sites de plongée de loisir, un potentiel de découverte pour la recherche, le maintien d'espèces endémiques de Méditerranée, ou encore une source d'inspiration (BALLESTEROS 2006; THIERRY DE VILLE D'AVRAY 2018).

Cependant ces habitats subissent de nombreuses pressions globales et locales. Le phénomène global de réchauffement et d'acidification des eaux océaniques constitue une menace directe pour les espèces bio constructrices comme les algues rouges calcaires et les invertébrés marins à squelette calcaire (S. MARTIN et GATTUSO 2009; S. MARTIN, COHU et al. 2012; RODOLFO-METALPA et al. 2010; LOMBARDI et al. 2011; LINARES et al. 2015; NASH, S. MARTIN et GATTUSO 2016; RODRÍGUEZ-PRIETO 2016). Certaines espèces, notamment les gorgones et les éponges, ont subi des événements de mortalité importants lors d'anomalies thermiques prolongées. Ces événements ont été reportés par plusieurs auteurs notamment en 1999 et 2003 (DURRIEU DE MADRON et al. 2011). En outre, l'introduction d'espèces non méditerranéennes par le trafic maritime, l'aquaculture ou les rejets d'aquarium constitue une menace potentielle pour ces habitats. Dans le coralligène on trouve notamment certaines algues introduites par l'Homme en Méditerranée comme *Womersleyella setacea* qui forment des tapis réduisant ainsi la disponibilité de la lumière pour les algues rouges calcaires bioconstructrices (PIAZZI, GENNARO et BALATA 2012). De plus les pollutions locales (chimiques ou l'apport important de matière organique) ont un fort impact sur la composition des communautés d'espèces du coralligène (HONG, JAE-SANG 1980; BALATA, PIAZZI, CECCHI et al. 2005; BALATA, PIAZZI et CINELLI 2007; BALLESTEROS 2006). Ces habitats subissent aussi des dommages physiques directs dus aux activités de pêche et de plongée loisirs (BALLESTEROS 2006). La vitesse de croissance des habitats coralligènes est faible : entre 0,006 et 0,83 mm par an et varie selon la profondeur et la période considérées (Stephane SARTORETTO, VERLAQUE et Jacques LABOREL 1996). Du reste, les espèces ingénieures majeures comme les algues rouges calcaires encroûtantes croissent lentement elles aussi : de 1,5 à 4,0 mm pour *Mesophyllum alternans* et entre 1,3 et 2,5 mm par an pour *Lithophyllum frondosum* dans leur milieu naturel (GARRABOU et BALLESTEROS 2000). En conséquence, le temps de retour à l'état initial après une destruction partielle ou totale de l'habitat est très élevé.

Les habitats coralligènes sont reconnus d'intérêt communautaire et sont de fait inscrits dans la directive "Habitats/Faune/Flore"92/43/CEE. Les états signataires de la convention de Barcelone se sont engagés à le protéger mais la méconnaissance du fonctionnement écologique de ces habitats reste un frein majeur à la mise en place de mesures de protection efficaces (ATHENS 2017). Malgré leur importance écologique (et économique), le réseau actuel d'aires marines protégées ne couvre qu'une faible proportion de ces habitats.

L'étude de ces habitats est tout d'abord nécessaire pour la mise en place de mesures de protection spécifiques et efficaces. D'un point de vue théorique, ces

habitats présentent une distribution discontinue due à la distribution en patch de différentes tailles des fonds rocheux ce qui est propice à l'étude des SGDCs car des localités présentant des surfaces différentes constituent un contexte favorable à la détection de SGDCs significatifs. L'étude combinée de la diversité génétique des espèces ingénieures, donc facilitatrices, et des communautés associées permet de tester les effets d'interaction entre espèce focale et espèces de la communauté sur les SGDCs.

## 0.6. Objectifs de la thèse

Cette thèse a pour but de combler une partie de notre déficit de connaissances sur le fonctionnement écologique et la capacité de résilience des habitats coralligènes en établissant les patrons de biodiversité et de connectivité entre différentes localités et conditions environnementales en Baie de Marseille. Ces informations sont nécessaires pour concevoir des réseaux d'aires marines protégées efficaces et des méthodes de monitoring pour ces habitats emblématiques de la Méditerranée. Pour cela nous utiliserons une approche pluridisciplinaire combinant génétique des populations, écologie des communautés et océanographie physique dans le but d'estimer la part des processus neutres et sélectifs structurant la biodiversité de ces habitats. Dans cette optique, pour chaque échantillonnage effectué dans cette étude, plusieurs variables environnementales physiques simples ayant potentiellement une influence sur la biodiversité de ces habitats ont été relevées in situ permettant de définir un profil. Ces variables ont été également utilisées dans le programme CIGESMED (Coralligenous based Indicators to evaluate and monitor the "Good Environmental Status" of the MEDiterranean coastal waters) :

- La localité : coordonnées GPS du site d'échantillonnage (Figure .2).
- La profondeur : comprenant principalement trois classes : D0 entre 17 et 23 mètres de profondeur, D1 de 28 à 32 mètres et D2 à environ 40 mètres. Indique notamment la quantité de lumière et la température (Figure .2).
- L'orientation : indique la quantité de lumière reçue (en interaction avec la profondeur et la pente) et aussi l'exposition aux courants dominants (relevée à l'aide d'une boussole) (Figure .2).
- La pente : découpée en quatre catégories : verticale, inclinée, horizontale et surplomb. Indique la quantité de lumière reçue en combinaison avec l'orientation et la profondeur et aussi l'importance du dépôt sédimentaire' (Figure .4).
- La rugosité : taille des crevasses et des anfractuosités (Figure .5).
- La couverture ou l'abondance des espèces dominantes (Figure .6).

Notons que pour les échantillonnages d'individus pour la génétique des populations (diversité génétique), ces variables sont relevées pour chaque transect

(Figure .2, Figure .3) et que pour les échantillonnages d'écologie des communautés (diversité spécifique) elles sont relevées pour chaque site (chapitre 1).

On peut notamment distinguer trois points clés de déficit de connaissances sur ces habitats. Premièrement, la taxonomie des principales algues rouges calcaires ingénieuses de ces habitats est encore floue. Les méthodes classiques d'étude morphologique ne permettent pas d'identifier facilement les différentes espèces présentes. Nous allons donc délimiter les espèces présentes en baie de Marseille en combinant une approche de barcoding et de génomique des populations, puis nous analyserons la distribution géographique des différentes espèces identifiées. Enfin, nous déterminerons si la composition des communautés des algues rouges calcaires varie en fonction des facteurs environnementaux.

Deuxièmement, la diversité des espèces vivant au sein de ces habitats est encore méconnue ce qui restreint nos estimations de biodiversité du coralligène. Nous utiliserons une méthode de métabarcoding pour établir les patrons de diversité spécifique de ces habitats et estimer l'influence des facteurs environnementaux sur la structure de la biodiversité spécifique.

Troisièmement, les capacités de dispersion des espèces ingénieuses, sont méconnues ce qui empêche de comprendre le fonctionnement écologique de ces habitats et d'estimer leur capacité de résilience. Nous avons donc développé des marqueurs génétiques pour deux espèces bio constructrices majeures de ces habitats : une algue rouge calcaire du genre *Lithophyllum* et le bryozoaire *Myriapora truncata*. L'étude de la diversité et de la structure génétique dans différentes populations vivant dans des conditions environnementales contrastées nous renseigne sur les capacités de dispersion des espèces ingénieuses et sur leurs capacités d'adaptation.

Enfin, la comparaison des résultats obtenus aux niveaux interspécifique et intraspécifique nous permettra de mieux distinguer les effets dus à la connectivité, à la démographie locale, et aux facteurs écologiques en comparant les structures de biodiversité avec les courants dans la baie de Marseille. L'ensemble de ces travaux participe à la mise au point de méthodes innovantes, peu coûteuses, précises et basées sur des outils génétiques pour caractériser et monitorer la biodiversité de ces habitats. De plus les résultats, obtenus dans cette thèse, constituent un socle d'informations très utile à la mise en place de mesures efficaces de protection de ces habitats.

Nous allons donc tenter de remplir ces objectifs dans quatre chapitres.

Dans une première partie nous caractériserons la biodiversité spécifique des communautés de coralligène par une approche de métabarcoding. 240 échantillons représentant 60 profils écologiques (4 réplicats par profil) répartis sur 19 localités ont été prélevés en Baie de Marseille. Cet échantillonnage conséquent nous permet d'évaluer la diversité spécifique de ces habitats et d'étudier les liens potentiels avec les variables environnementales recueillies in situ et les courants majoritaires dans la baie.

Dans une seconde partie, nous mettrons en évidence la présence d'espèces

cryptiques au sein d'un complexe d'espèces d'algues rouges calcaires ingénieuses majeures du coralligène. En combinant génomique des populations, barcoding et d'écologie des communautés nous établirons la distribution géographique de ces espèces cryptiques le long des côtes Méditerranéennes françaises. Nous montrerons aussi que l'abondance relative de ces espèces ingénieuses varie en fonction de la profondeur et du rayonnement photosynthétiquement actif.

La troisième partie portera sur l'étude de la diversité génétique de l'algue rouge calcaire la plus abondante en baie de Marseille. Nous avons obtenu plus de 3000 SNPs par une méthode de génotypage par capture d'exons pour environ 270 individus répartis dans 6 localités dont 4 avec des populations échantillonnées à deux profondeurs (30 et 40 mètres). Nous nous attacherons à établir la structure génétique neutre en la mettant en relation avec la connaissance des courants majoritaires en baie de Marseille puis tenterons de détecter des SNPs sous sélection par différentes types d'approches : ordination, génétique du paysage, approche bayésienne. Nous montrerons que cette espèce ingénieuse présente une forte structure génétique même à faible distance principalement due à des effets neutres de connectivité et de dérive. De plus, nous verrons que la fréquence de certains allèles est corrélée avec la profondeur indiquant potentiellement des processus d'adaptation locale.

Enfin la dernière partie de la thèse portera sur la comparaison des patrons de biodiversité : les communautés d'algues calcaires, les communautés d'invertébrés et les communautés d'allèles au sein d'une espèce d'algue rouge calcaire ingénieuse *Lithophyllum stictiforme*. Pour cela nous utiliserons les méthodes de mesures et de partition de la biodiversité communes aux deux niveaux. Cette comparaison sera faite sur 6 sites dont 4 présentant des échantillonnages effectués à des profondeurs contrastées (30 et 40 mètres), et nous permettra d'analyser encore plus finement les rôles respectifs des processus neutres et sélectifs dans la mise en place des patrons de biodiversité observés. Nous montrerons ici une corrélation entre la diversité génétique et la diversité spécifique pour la composante alpha et une absence de corrélation pour la composante bêta. Ces résultats suggèrent que la diversité spécifique est principalement structurée par des facteurs environnementaux tandis que la diversité génétique de l'espèce ingénieuse est principalement influencée par les courants dans la zone d'études.

# 1. Diversité spécifique des habitats coralligènes par une approche métabarcoding

## 1.1. Introduction

Les habitats coralligènes sont des habitats présentant une grande diversité spécifique et des communautés d'espèces assez diversifiées. Les principaux facteurs environnementaux affectant la composition du coralligène sont la lumière, la température et l'importance des dépôts sédimentaires (C. F. BOUDOURESQUE et al. 2015). La lumière doit être à un niveau permettant le développement des algues rouges calcaires, typiquement à des niveaux d'irradiance entre 0,05 % et 3% de l'irradiance de surface (BALLESTEROS 1992). La température des eaux permettant le développement de ces habitats est comprise entre 12 et 20° C (LAUBIER 1966 ; BALLESTEROS 2006).

Les méthodes traditionnelles d'études de la diversité spécifique des habitats coralligènes sont : (i) les prélèvements d'un échantillon de bio concrétions suivi d'une analyse de la diversité en laboratoire (HONG, JAE-SANG 1980), (ii) l'analyse de quadrats photo, (iii) l'évaluation in situ de la diversité de façon visuelle. La méthode de prélèvement est une méthode destructrice du milieu, et l'analyse taxonomique basée sur la morphologie qui s'en suit est très chronophage. En revanche cette méthode permet d'échantillonner l'ensemble de la structure complexe de ces habitats. Les deux dernières méthodes ne sont pas destructives mais ne donnent accès qu'à la diversité présente en surface de ces habitats ce qui a pour conséquence de manquer les espèces cachées dans les anfractuosités ou les individus de petites tailles. Ces deux types de méthodes nécessitent des connaissances taxonomiques assez pointues sur les différents phyla présents dans le coralligène. Or, ces habitats sont très riches et il est presque impossible pour une seule personne d'avoir une expertise taxonomique sur l'ensemble des groupes présents. Enfin toute identification d'espèce basée uniquement sur la morphologie est sujette à erreur. En effet deux individus de morphologie (a priori) identique peuvent appartenir à des espèces différentes, on parle alors d'espèces cryptiques. A l'inverse, des individus ayant des morphologies différentes n'appartiennent pas toujours à des espèces différentes pour diverses raisons : plasticité phénotypique, dimorphisme sexuel, variations morphologiques au cours du cycle de vie. Dans cette étude nous avons combiné le prélèvement avec une approche de métabarcoding. Il s'agit ici d'extraire l'ADN environnemental présent dans les prélèvements, d'amplifier un fragment du gène COI avec des amorces dites universelles permettant d'amplifier ce fragment chez une large gamme de

phyla puis de séquencer les amplicons obtenus par une méthode de séquençage au débit. On obtient ainsi des séquences d'un même marqueur représentant une grande diversité d'organismes présents dans la communauté. Ces séquences nous permettent de construire ce qu'on appelle des mOTUS : molecular Operational Taxonomic Units. Ce sont des groupes de séquences formés par un algorithme qui servent d'unité taxonomique de base. Selon les phyla elles peuvent représenter des espèces différentes, de la diversité génétique intraspécifique ou des niveaux taxonomiques supérieurs à l'espèce. Les avantages de cette méthode sont : la détection des taxons de toutes tailles et des espèces cryptiques, et l'absence de besoin d'une expertise taxonomique pointue. En revanche, cette méthode reste destructrice, et nécessite des bases de données bien renseignées en séquences de référence pour exprimer tout son potentiel.

Cette étude est la première à employer une approche de métabarcoding pour étudier la diversité spécifique de ces habitats. Nous montrerons tout d'abord que cet outil est très puissant pour détecter une large gamme de taxa. Et nous verrons ensuite quels sont les liens entre les différentes composantes de la diversité spécifique et les variables environnementales. Enfin, nous comparerons brièvement l'approche de métabarcoding avec les autres méthodes d'études de la diversité spécifique de ces habitats.

## 1.2. Matériels et méthodes

### 1.2.1. Echantillonnage

Au total 237 échantillons de coralligène, ont été prélevés sur 52 sites dans 19 localités situées entre le Cap Couronne et la Baie de Toulon ([Figure 1.1](#)). Chaque site correspond à un profil environnemental particulier décrit par sa localité, sa topographie (pente et exposition) et la profondeur d'échantillonnage ([Tableau 1.1](#)). Selon les localités, jusqu'à sept sites ont été échantillonnés représentant ainsi des conditions environnementales contrastées à petite distance géographique. L'échantillonnage est effectué en plongée à l'aide d'un piolet et d'un aspirateur sous-marin, sur chaque site on prélève quatre échantillons (surface carrée de 10 cm de côté) disposés sur le tracé d'un cercle d'un mètre de rayon ([Figure 1.2](#)). Ce protocole d'échantillonnage a été mis au point au cours du projet européen [CIGESMED](#). Les échantillons sont laissés dans l'eau de mer jusqu'à l'arrivée au laboratoire, puis égouttés et trempés dans l'alcool 95° pour 1 à 2 jours avant d'être placés dans de l'alcool 95° « neuf » pour le stockage en chambre froide à 4°C.

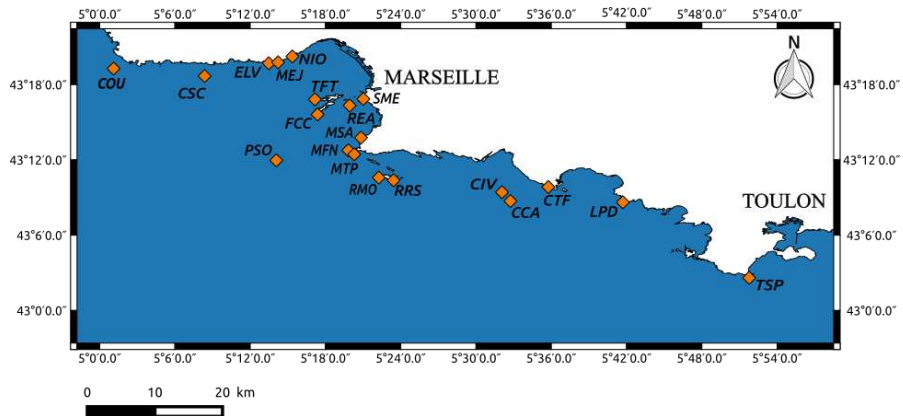


Figure 1.1. – Carte des différentes localités échantillonnées pour le métabarcdoing.



Figure 1.2. – Echantillonnage réalisé à l'aide d'un aspirateur sous-marin et d'un burin.

## 1.2.2. Conditionnement des échantillons

Chaque échantillon passe ensuite par la succession d'étapes brièvement décrites ci-après : égouttage de l'alcool, comptage des différentes espèces facilement reconnaissables par groupe taxonomique (Figure 1.3), pesée, mesure de volume, filtration successive sur trois filtres de mailles différentes : 2 mm (Figure 1.4), 500 $\mu$ m, 100 $\mu$ m. La fraction contenant les fragments supérieurs à 2mm est broyée à l'aide d'un mixeur (Figure 1.5), puis les 3 fractions ainsi obtenues sont stockées dans l'éthanol 95° à 4 °C. Enfin, pour chaque fraction on sépare la matière minérale de la matière organique par un tri hydraulique (sédimentation de la matière minérale plus dense), la matière organique est conservée dans l'éthanol 95° à 4°C.



Figure 1.3. – Identification rapide du nombre d'espèces différentes au sein des différents groupes taxonomiques.

## 1.2.3. Biologie moléculaire

Les extractions d'ADN sont réalisées, à partir d'au maximum un millilitre de matière organique, avec les kits d'extraction Macherey-Nagel, NucleoSpin®96 Soil sur robot epMotion®5075 d'Eppendorf en suivant le protocole du fabricant avec les spécificités suivantes : la lyse a été effectuée avec le mélange de tampon SL1 et d'enhancer de lyse SX, le mélange échantillon tampon est broyé à l'aide d'un Tissue Lyser à la fréquence de 30 Hz pendant deux cycles d'une minute cha-





Figure 1.4. – Tamisage d'un échantillon de coralligène.



Figure 1.5. – Broyage de la fraction supérieur à 2 mm d'un échantillon de coralligène.

cun. La concentration d'ADN obtenue est mesurée par méthode fluorométrique Qubit kit HS pour chaque échantillon. Pour chaque plaque PCR trois témoins négatifs et un témoin positif sont réalisés. Le témoin positif est appelé "MOCK" et contient un mélange équimolaire artificiel d'ADN constitué à partir d'ADNs extraits individuellement pour des espèces potentiellement présentes dans le coralligène (Tableau 1.4). Pour chaque plaque PCR un témoin positif (MOCK) est réalisé en utilisant le même mélange artificiel d'ADN. Le premier témoin négatif est appelé "témoin Aérosol" : un tube contenant de l'eau pure est laissé ouvert lors des étapes d'extraction et de PCR. Le second témoin est appelé "témoin extraction" : l'extraction d'ADN est réalisée sur de l'eau pure puis la PCR est réalisée sur cet extrait. Le troisième témoin négatif est appelé "témoin PCR" : la PCR est réalisée sur de l'eau Milli-Q®. Les témoins suivent le même protocole que les échantillons. Pour chaque échantillon trois PCR sont réalisées pour chacun des deux marqueurs (COI et 28S) (voir Annexes Tableau .1) dans un volume réactionnel total de 20µL.

Le milieu réactionnel contient : au maximum 20 ng d'ADN, 10 µL de Phusion High-Fidelity PCR Master Mix with HF Buffer, 0,4 µL d'amorces forward et reverse à 10µM, et de l'eau Milli-Q®.

Lors d'une analyse pilote, nous avons constaté que la distance entre les communautés issues de 3 réplicats de PCR pour un même extrait d'ADN était négligeable par rapport à la distance entre des communautés d'échantillons différents (voir Annexes Figure .7). Nous avons choisi de pooler les réplicats de PCR pour cette étude.

Avant l'envoi au séquençage les produits PCR pour les deux marqueurs sont poolés en tenant compte de la concentration en produits PCR et de la plus forte diversité attendue pour le marqueur COI, dans les proportions suivantes : 10 µL de chaque PCR de COI et 3 µL de chaque PCR de 28S. Les cycles de PCR sont les suivants pour les deux marqueurs : 3 minutes à 98°C, puis [10 secondes à 98°C - 30 secondes à 46°C - 45 secondes à 72°C] x 27, et 5 minutes à 72°C. Le séquençage est effectué sur un Miseq en 2x250pb PE à l'Institut du Cerveau et de la Moëlle épinière (ICM) Paris. Au total, 237 librairies réparties dans 3 plaques, ont été réalisées pour des échantillons de coralligène et 12 librairies pour les témoins négatifs et positifs.

#### 1.2.4. Formation de mOTUs, affiliation taxonomique et filtration du jeu de données

Les reads obtenus sont traités suivant un pipeline (Figure 1.6) adapté à partir de celui décrit par Frédéric Mahé ([Fred's metabarcoding pipeline](#)) et qui utilise trois outils : CUTADAPT (M. MARTIN 2011), VSEARCH (ROGNES et al. 2016) et SWARM (MAHÉ et al. 2014; MAHÉ et al. 2015). Brièvement, les étapes sont les suivantes : assemblage des reads Forward et Reverse (taille minimale du recouvrement : 10 paires de bases, nombre maximum de mismatches : 5, longueur minimum de la séquence assemblée : 300 paires de bases), recherche puis retrait des séquences d'amorces des reads assemblés et séparation des marqueurs, production d'un fichier contenant des scores de qualité des reads assemblés, mise en commun des tous les reads et suppression des doublons. L'étape de clustering en mOTUs est réalisée avec SWARM en mettant le paramètre  $d$  égal à 1 et avec l'option "fastidious". Cet algorithme permet de s'affranchir de deux biais importants partagés par de nombreuses autres méthodes de formation de mOTUs (molecular Operational Taxonomic Units) : le choix d'un seuil arbitraire de divergence entre séquences pour définir un mOTU et la dépendance de ces algorithmes à l'ordre de traitement des séquences. SWARM se déroule en deux phases une première phase de "croissance" et une seconde phase de "séparation" (Figure 1.7). Durant la phase de croissance, un amplicon est tiré au sort et devient la "graine". Ensuite on calcule la distance entre cette graine et tous les autres amplicons du jeu de données. On définit une distance seuil ( $d$ ) en dessous de laquelle les amplicons vont être regroupés en mOTUs : tous les amplicons ayant une différence inférieure ou égale à  $d$  avec la graine sont regroupés dans un mOTU. On répète l'opération en changeant de graine. Ensuite, lors de la phase de séparation, l'abondance des amplicons est prise en compte, lorsque l'on passe par une valeur minimale pour l'abondance d'un amplicon cela marque la limite entre deux mOTUs. Enfin, l'étape "fastidious" permet de rattacher des mOTUs de petites tailles à de plus gros mOTUs. Lors de la dernière étape du pipeline, les mOTUs passent par un algorithme permettant de détecter les séquences chimériques.

L'affiliation taxonomique est réalisée en trois étapes. Premièrement, les mOTUs sont assignés à l'aide du pipeline Stampa décrit par Frédéric Mahé ([stamp](#)). Pour cela une base de données est constituée de la façon suivante (Figure 1.8) : téléchargement des séquences de COI depuis Genbank, mise en forme des données pour stampa, puis les séquences sont sélectionnées et tronquées en utilisant l'outil CUTADAPT (M. MARTIN 2011) avec les amorces utilisées pour le metabarcoding (voir Annexes [Tableau .1](#)). Pour constituer une base de données la plus complète possible on a ajouté à la base de données décrite ci-dessus les séquences de BOLD ([BOLD website](#)). Ensuite les mOTUS sont alignés avec les séquences de la base de données avec VSEARCH (utilise un alignement global) (ROGNES et al. 2016). Les mOTUs ayant un pourcentage d'identité inférieur à 97% sont récupérés et comparés à la base de données NCBI (nucleotide collection nt/nr)

par BLAST et à BOLD en utilisant l'outil "Identification" disponible sur leur site ([BOLD Identification Tool](#)). Enfin, on utilise le Statistical Assignment Package (SAP) (MUNCH et al. 2008) pour assigner les mOTUs qui ont pas un pourcentage d'identité inférieur à 97% après ces deux premières étapes (Figure 1.9). Ce programme procède de la façon suivante : création d'un jeu de séquences homologues en utilisant NetBlast contre la base de données de Genbank, alignement des séquences homologues, échantillonnage (par Markov Chain Monte Carlo ou neighbour-joining et bootstrap) d'un grand nombre d'arbres phylogénétiques construits à partir du jeu de séquences homologues et de la séquence d'intérêt, calcul de statistiques d'assignation à partir de l'échantillonnage de phylogénies. En sortie on obtient la probabilité que le mOTU forme un groupe monophylétique avec chaque taxon de différents niveaux. Les mOTUs n'ayant pas été assignés par SAP et ayant un pourcentage d'identité avec la séquence de référence inférieur à 90% sont considérés comme indéterminés. Les mOTUs assignés de façon certaine à des espèces dont on est certain qu'elles ne font pas partie du coralligène (comme les contaminations par *Homo sapiens*) sont retirés. Les mOTUS ayant une longueur inférieure à 310 paires de bases ou supérieure à 316 paires de bases sont retirés du jeu de données. Pour un mOTU donné, si l'abondance dans un échantillon est inférieure à l'abondance maximale relevée dans les témoins négatifs alors cette abondance est ramenée à 0. Toutes les abondances égales à 1 (singletons) sont ramenées à 0. Une fois tous les filtres passés, si l'abondance d'un mOTU sur l'ensemble des échantillons est nulle ce mOTU est retiré du tableau.

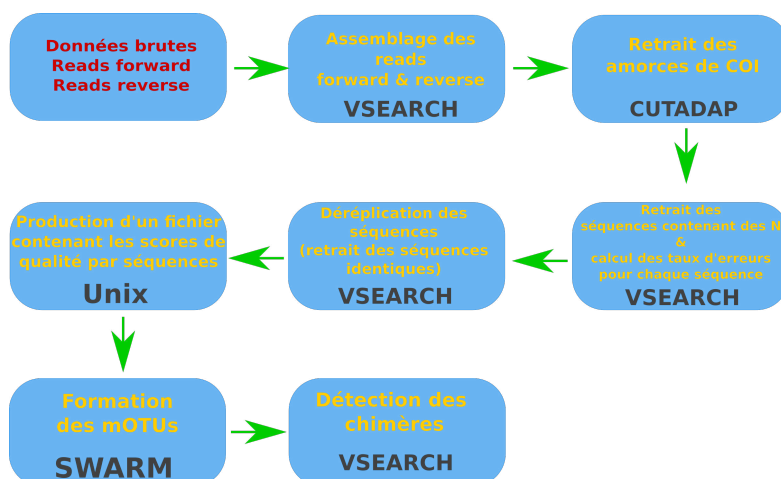


Figure 1.6. – Représentation schématique du pipeline d'analyse bioinformatique pour le métabarcoding.

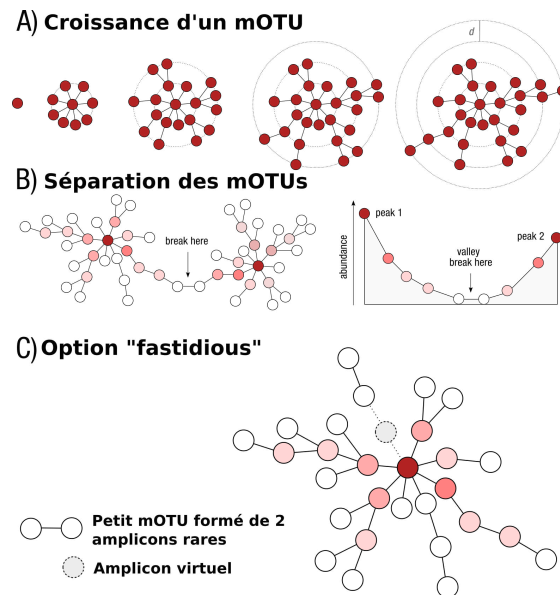


Figure 1.7. – Représentation schématique de SWARM. A. Phase de croissance, les amplicons sont regroupés de manière successive en se basant sur le seuil  $d$ . B. Phase de séparation : l'abondance des amplicons est utilisée pour raffiner les groupes formés. Plus le rouge est sombre plus l'amplicon est abondant. C. Etape "fastidious" qui permet d'éviter le "sous regroupement" en supposant l'existence de mOTUs virtuels reliant de petits mOTUs à des plus gros.

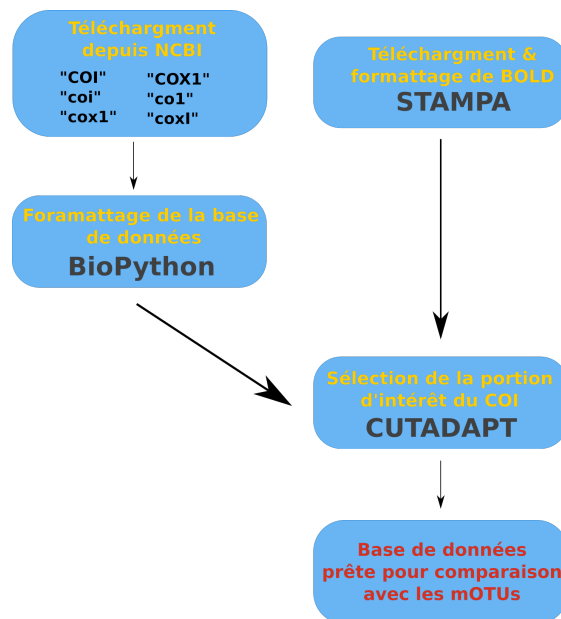


Figure 1.8. – Représentation schématique du pipeline de construction de la base de données.

### 1.2.5. Analyses d'écologie des communautés

La partition de la biodiversité entre les différents niveaux est réalisée à l'aide de la fonction `iDIP` dans R (GAGGIOTTI et al. 2018). Cette méthode décompose la biodiversité en composante alpha et bêta en se basant sur le nombre de Hill d'ordre 1 (exponentielle de l'entropie de Shannon). Quatre niveaux de structure ont été utilisés du plus haut au plus bas : la Baie de Marseille, la localité, le site et l'échantillon (ou réplicats) (voir Annexes Figure .13). Pour la suite des analyses, les abondances par site sont calculées en sommant les abondances des quatre échantillons (ou réplicats) obtenues pour ce site. L'analyse de la variance et les graphiques sont réalisés dans R à l'aide du package `ggplot2` (WICKHAM 2016). Les nombres de Hill pour chaque site ainsi que les mesures de similarité entre paires de communautés sont estimées avec les fonctions `Diversity` et `SimilarityMult` respectivement du package `SpadeR` (CHAO, MA et al. 2016) dans R. Les résultats de diversité bêta présentés sont basés sur la similarité d'ordre 0 de Sorensen qui quantifie la proportion moyenne de mOTUs dans une communauté qui sont partagés avec les autres communautés. Ici, les similarités sont calculées par paires de communautés donc cette similarité représente la proportion moyenne de mOTUs partagés entre les paires de communautés.

Cette matrice de similarité est utilisée pour toutes les analyses mentionnées ci-dessous. Les analyses portant sur la diversité bêta sont réalisées sous `PRIMER` (ANDERSON, GORLEY et CLARKE 2008 ; CLARKE, GORLEY et al. 2014 ; CLARKE et

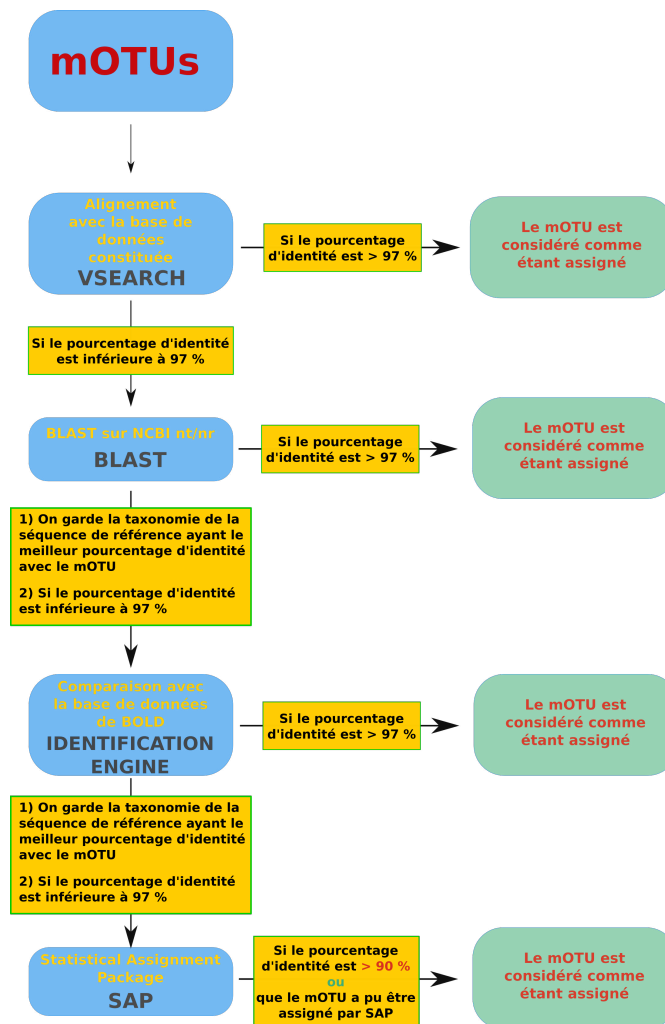


Figure 1.9. – Représentation schématique du pipeline d'assignation taxonomique.

GORLEY 2015). Les matrices de similarité sont importées dans PRIMER et multipliées par 100. Les analyses en coordonnées principales (PCO), les PERMANOVAs et l'analyse canonique en coordonnées principales (CAP) sont réalisées avec le logiciel PRIMER.

La PCO est une méthode d'ordination non contrainte qui peut être conduite à partir de n'importe quelle matrice de distance symétrique. Elle réalise une projection des points sur des axes de façon à minimiser la variance résiduelle dans l'espace défini par la mesure de ressemblance choisie pour calculer la matrice de distance. Le principe est donc semblable à celui de l'ACP (Analyse en composantes principales), mais la méthode est plus flexible car elle peut être réalisée à partir de n'importe quelle distance alors que l'ACP utilise une distance euclidienne.

La PERMANOVA est une méthode qui permet de tester l'influence d'une ou plusieurs variables qualitatives sur une ou un ensemble de variables réponses. Dans notre cas les variables explicatives sont les facteurs environnementaux de profondeur, topographie et localité et la variable à expliquer est la composition des communautés. Cette méthode reprend le principe de partition de variance de l'ANOVA, mais en utilisant n'importe quelle mesure de distance entre les observations et en utilisant une méthode de permutation pour faire les tests statistiques. Dans cette étude, nous avons réalisé une PERMANOVA avec comme variables explicatives : la localité, la pente, la profondeur et l'exposition (Tableau 1.1). Le facteur d'exposition est réduit à trois niveaux : Nord, Sud et Est-Ouest. Les expositions Nord, Nord-Ouest et Nord-Est sont regroupées dans le niveau Nord ; les expositions Sud, Sud-Ouest et Sud-Est sont regroupées dans le niveau Sud ; et les expositions Est et Ouest sont regroupées dans le niveau Est-Ouest (Tableau 1.1). Nous n'avons pas mis de terme d'interaction entre tous ces facteurs. Pour les PERMANOVAs, la dispersion des données a été vérifiée avec la fonction PERMDISP de PRIMER. PERMDISP est une méthode permettant de tester l'homogénéité de dispersion multivariée pour n'importe quelle mesure de distance. Elle est utile pour interpréter les résultats de la PERMANOVA. En effet, si pour un facteur donné, la dispersion est différente entre les différents niveaux de ce facteur et que ce facteur a un effet significatif sur la composition de la communauté (d'après la PERMANOVA), alors on ne peut pas distinguer si cet effet est dû à une différence de moyenne ou de dispersion.

La distLM, est une méthode permettant de modéliser la relation entre un nuage de point multivarié, décrite par une matrice de similarité, et une ou plusieurs variables numériques prédictives. Cette méthode réalise une partition de la variance selon un modèle de régression multiple. Dans notre cas, nous avons des variables qualitatives, nous les avons donc transformées en variables quantitatives de la façon suivante : chaque niveau de facteur est considéré une variable binaire et les variables correspondant à différents niveaux d'un même facteur qualitatif de départ sont liées par le biais d'indicateurs. Dans notre modèle de distLM nous avons inclus les variables explicatives suivantes : pente, localité,



profondeur et exposition. Nous avons utilisé la procédure BEST. Cette procédure va réaliser une distLM pour chaque combinaison possible des variables explicatives et calculer la valeur du critère de sélection pour chacune de ces distLM. Puis la procédure classe les différents modèles en fonction de la valeur du critère choisi. Ici, nous avons utilisé l'AIC pour comparer les modèles, qui sont classés par AIC croissant (les modèles ayant les AIC les plus bas sont considérés comme étant meilleurs que les autres). Comparé à la PERMANOVA, cette méthode permet de faire de la sélection de modèle, mais a l'inconvénient de ne pas permettre de prendre en compte la hiérarchie dans le design.

La CAP est une méthode d'ordination contrainte, dont le but est de trouver des axes permettant de discriminer le mieux possible les observations d'après des groupes définis a priori. Cette méthode peut être utilisée sur n'importe quelle matrice de distance symétrique et permet de visualiser certains patrons qui ne seraient pas identifiables sur une PCO (ou une autre ordination non contrainte). Dans cette étude nous avons réalisé trois CAP, une pour chaque facteur ayant un effet significatif sur la composition des communautés. Cela nous permet d'avoir pour chaque facteur une idée de sa fonction prédictive sur la composition des communautés.

Site	Pente	Loc	Profondeur	Exposition	Expo
CCA001	INCLINE	CCA	D1	sud_est	S
CCA002	INCLINE	CCA	D0	est	OE
FCC001	INCLINE	FCC	D1	sud	S
RMO001	INCLINE	RMO	D1	nord_ouest	N
RRS001	INCLINE	RRS	D0	sud	S
MEJ001	INCLINE	MEJ	D1	nord	N
MEJ002	INCLINE	MEJ	D0	sud	S
ELV001	INCLINE	ELV	D0	est	OE
RMO002	INCLINE	RMO	D1	nord_est	N
MFN001	INCLINE	MFN	D0	nord	N
FTF001	INCLINE	FTF	D1	nord_ouest	N
FTF002	INCLINE	FTF	D1	est	OE
FTF003	VERTICAL	FTF	D1	nord_ouest	N
PSO001	INCLINE	PSO	D1	nord_est	N
PSO002	VERTICAL	PSO	D1	nord_est	N
FTF004	INCLINE	FTF	D1	nord_ouest	N
FTF005	VERTICAL	FTF	D1	ouest	OE
FCC002	VERTICAL	FCC	D1	sud_est	S
MSA001	INCLINE	MSA	D0	nord	N
MTP001	VERTICAL	MTP	D1	sud_est	S
CSC001	INCLINE	CSC	D1	nord	N
CSC002	INCLINE	CSC	D1	sud	S
TSP001	VERTICAL	TSP	D1	sud_est	S
TSP002	INCLINE	TSP	D1	sud_est	S
MTP002	INCLINE	MTP	D1	sud_est	S
CCA003	VERTICAL	CCA	D1	sud_est	S
CCA004	INCLINE	CCA	D1	sud_est	S
MEJ003	VERTICAL	MEJ	D1	sud	S
MEJ004	VERTICAL	MEJ	D0	nord	N
COU001	INCLINE	COU	D1	sud_ouest	S
MEJ005	INCLINE	MEJ	D0	nord_ouest	N
CCA005	VERTICAL	CCA	D1	nord_ouest	N
RMO003	VERTICAL	RMO	D1	sud	S
LPD001	INCLINE	LPD	D2	nord_ouest	N
LPD002	VERTICAL	LPD	D0	ouest	OE
CTF001	VERTICAL	CTF	D1	sud	S
CTF002	INCLINE	CTF	D0	sud	S
FTF006	VERTICAL	FTF	D2	nord	N
CIV001	VERTICAL	CIV	D1	sud	S
CIV002	INCLINE	CIV	D1	nord_ouest	N
RMO004	INCLINE	RMO	D1	sud	S
NIO001	INCLINE	NIO	D0	sud_est	S
NIO002	VERTICAL	NIO	D0	sud_est	S
RMO005	VERTICAL	RMO	D1	nord_ouest	N
RMO006	INCLINE	RMO	D2	est	OE
CCA006	VERTICAL	CCA	D2	est	OE
TSP003	VERTICAL	TSP	D2	est	OE
RMO007	INCLINE	RMO	D2	est	OE
TSP004	INCLINE	TSP	D2	est	OE
CCA007	INCLINE	CCA	D2	est	OE
LPD003	INCLINE	LPD	D2	est	OE
LPD004	VERTICAL	LPD	D2	est	OE

Tableau 1.1. – Conditions environnementales pour chaque site échantillonné pour la diversité spécifique estimée par métabarcoding.

## 1.3. Résultats

### 1.3.1. Extraction, PCR, Séquençage

La masse moyenne des échantillons non conditionnés (après égouttage de l'alcool) est de 178,75 g, l'échantillon le plus léger pesant 12,04 g et le plus lourd pesant 872 g (voir annexes [Figure .8](#), [Tableau .2](#)). La concentration moyenne d'ADN obtenue est de 8 ng/ $\mu$ L. Les concentrations d'ADN mesurées au Qbit varient fortement d'un échantillon à l'autre : d'une concentration indétectable avec notre kit à une concentration maximale de 104 ng/ $\mu$ L (voir annexes [Figure .9](#), [Tableau .3](#)). Le nombre de paires de reads bruts après séquençage par échantillon varie entre 14 750 et 116 264 avec une moyenne à 33956 paires de reads ([Figure 1.10](#), voir annexes [Tableau .5](#)). Le pourcentage de reads assemblés varie aussi de façon importante : de 1 % à 83,8 % avec une moyenne à 50,4 % ([Figure 1.11](#), voir annexes [Tableau .6](#)). Le nombre de paires de reads bruts par échantillon diminue avec la quantité d'ADN mise dans la PCR (voir annexes [Tableau .7](#), [Figure .11](#)). Par contre, le pourcentage de reads assemblés augmente avec la concentration initiale d'ADN dans la PCR (voir annexes [Tableau .8](#), [Figure .12](#)). Dans les témoins négatifs, le nombre de paires de reads est très variable : de 17931 pour le témoin Aérosol 1 à 119254 pour le témoin Extraction 2 ([Figure 1.10](#), voir annexes [Tableau 1.2](#)). De plus, le pourcentage de reads assemblés pour les témoins négatifs est très faible (inférieur à 3%) sauf pour deux témoins : l'Aérosol1 (60,1%) et l'Extraction1 (34 %) (voir annexes [Figure 1.11](#), [Tableau 1.2](#)). Dans les témoins de communauté artificielle (MOCK), le nombre de paires de reads est beaucoup moins variable : de 19445 à 32060 reads (voir annexes [Figure 1.10](#), [Tableau 1.2](#)). Le pourcentage de reads assemblés est aussi moins variable et plus élevé que dans les témoins négatifs : autour de 80% (voir annexes [Figure 1.11](#), [Tableau 1.2](#)).

Le nombre de reads contenant les amorces de COI est très variable selon les échantillons : de 137 reads à 27388 avec une moyenne de 6862 reads ([Figure 1.12](#), voir annexes [Tableau .9](#))

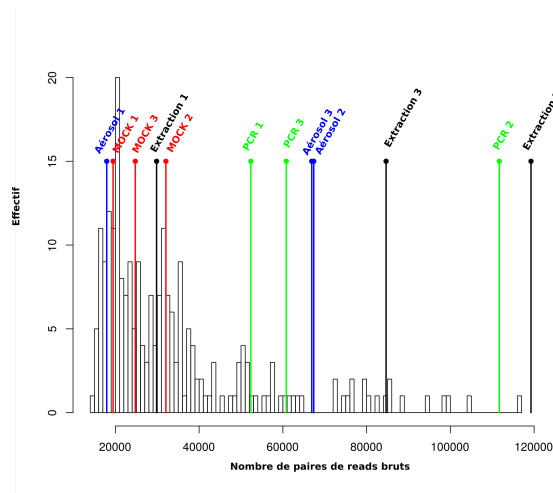


Figure 1.10. – Distribution du nombre de paires de reads bruts obtenues après séquençage. Les barres verticales représentent le nombre de paires de reads pour les différents témoins : en rouge les témoins de communautés artificielles, en bleu les témoins aérosol, en noir les témoins extraction et en vert les témoins PCR.

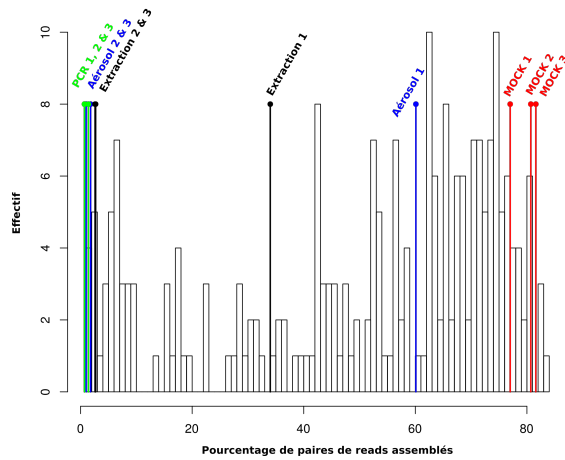


Figure 1.11. – Distribution du pourcentage de paires de reads assemblées lors de la première étape du pipeline. Les barres verticales représentent le pourcentage pour les différents témoins : en rouge les témoins de communautés artificielles, en bleu les témoins aérosol, en noir les témoins extraction et en vert les témoins PCR.

Témoin	Nombre de paires de reads bruts	Nombre de paires de reads assemblés	Nombre de reads avec les amorces COI
MOCK 1	19445	14972 (77%)	5823 (39%)
MOCK 2	32060	25888 (80.7%)	18111 (70%)
MOCK 3	24749	20185 (81.6%)	10263 (51%)
Aérosol 1	17931	10775 (60.1%)	2018 (19%)
Aérosol 2	67369	1212 (1.8%)	955 (79%)
Aérosol 3	66890	659 (1%)	83 (13%)
Extraction 1	29835	10157 (34%)	2162 (21%)
Extraction 2	119254	3136 (2.6%)	988 (32%)
Extraction 3	84643	2288 (2.7%)	1560 (68%)
PCR 1	52347	392 (0.7%)	167 (43%)
PCR 2	111675	1562 (1.4%)	67 (4%)
PCR 3	60808	415 (0.7%)	141 (34%)

Tableau 1.2. – Statistiques sur le nombre de paires de reads bruts obtenues après séquençage. NB : sur l'ensemble des reads assemblés il y a aussi des reads avec les amorces de 28S.

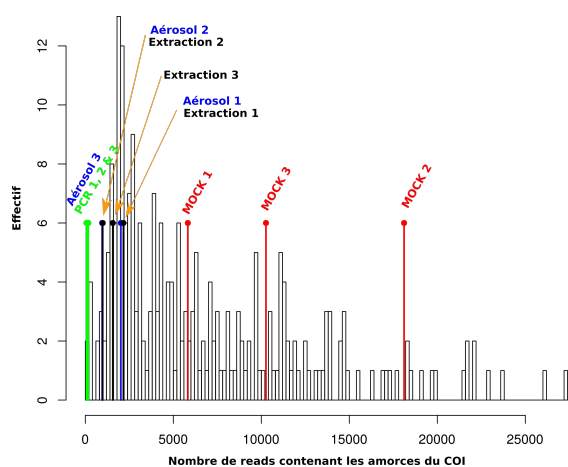


Figure 1.12. – Distribution du nombre de reads contenant les amorces du COI. Les barres verticales représentent le nombre de reads contenant les amorces du COI pour les différents témoins : en rouge les témoins de communautés artificielles, en bleu les témoins aérosol, en noir les témoins extraction et en vert les témoins PCR.

### 1.3.2. Nombre de mOTUs dans le jeu de données global, dans les témoins négatifs et dans les MOCKs

Pour le marqueur COI, un total de 183 875 mOTUS ont été identifiés sur l'ensemble des échantillons. Après filtration sur la qualité des séquences et le retrait des chimères il ne reste que 3519 mOTUs. Après l'étape de filtration qui prend en compte l'abondance dans les témoins négatifs et le retrait des singletons il reste 3029 mOTUs.

Le [Tableau 1.2](#), représente le nombre de mOTUs trouvés dans les témoins négatifs et positifs une fois tous les filtres passés excepté celui sur l'abondance dans les témoins négatifs. Les témoins négatifs contenant le moins de mOTUs sont les témoins PCR avec une moyenne de 18 mOTUs. Les témoins "Aérosol" et "Extraction" contiennent en moyenne plus de mOTUs avec 113 mOTUs et 73 mOTUs respectivement. Pour la plaque 1, les témoins "Aérosol1" et "Extraction1" contiennent un nombre très élevé de mOTUS : 308 et 152 respectivement. Dans le témoins "Aérosol1", près de 59 % des mOTUs ayant une abondance supérieure à 1 ont été assignés à l'un de groupes taxonomiques suivants : *Annelida*, *Rhodophyta* ou *Arthropoda*. Dans le témoins "Extraction1", près de 61 % des mOTUs ayant une abondance supérieure à 1 ont été assignés à l'un de groupes taxonomiques suivants : *Annelida*, *Rhodophyta* ou *Arthropoda*. Le nombre de mOTUs trouvés dans les témoins positifs est assez stables entre les différentes plaques avec en moyenne 47 mOTUs. Les tableaux [Tableau 1.5](#), [Tableau 1.6](#) et [Tableau 1.7](#) représentent les affiliations et le nombre de reads des mOTUs trouvés dans les MOCKs et le [Tableau 1.4](#) représente les ADN effectivement utilisés pour constituer les MOCK. Il y a environ trois fois plus de mOTUs dans les MOCKs que d'espèces dont l'ADN a effectivement servi à composer le MOCK. Parmi les mOTUs détectés certains correspondent à des taxa mis dans les MOCKs (en vert dans les tableaux), d'autres ont la même affiliation taxonomique que ces derniers (par exemple 4 mOTUs ont été assignés à *Paracentrotus lividus*) mais présentent une abondance plus faible et d'autres ne correspondent pas à des taxons mis dans le MOCK. Parmi les espèces effectivement mise dans le MOCK l'éponge *A. oroïdes*, n'est détectée dans aucun des MOCKs. Enfin, pour les taxons effectivement mis dans le MOCK et détectés ensuite on constate une grande variabilité du nombre de reads associés à chacun des mOTUs. Certains mOTUs sont représentés par quelques milliers de reads comme les mOTUs 12 et 19 qui correspondent respectivement à une espèce d'algue rouge calcaire du genre *Lithophyllum* et à l'oursin *Paracentrotus lividus* tandis que le mOTU 3182 correspondant à l'ophiure *Amphipholis squamata* n'est représenté que par quelques reads.

Témoins	Nombre de mOTUs
Aerosol1	308
Aerosol2	25
Aerosol3	7
Blanc_PCR1	19
Blanc_PCR2	15
Blanc_PCR3	21
Blanc_extraction1	152
Blanc_extraction2	47
Blanc_extraction3	20
MOCK 1	44
MOCK 2	49
MOCK 3	46

Tableau 1.3. – Nombre de mOTUs par témoin une fois tous les filtres passés excepté celui sur l’abondance dans les témoins négatifs. Les témoins négatifs sont en gris et les témoins positifs (MOCK) sont en blanc.

Espèce	Taxo	Détails
<i>Paracentrotus lividus</i>	Echinodermata	Oursin
<i>Caryophyllia inornata</i>	Cnidaria	Scléactiniaires
<i>Caryophyllia smithii</i>	Cnidaria	Scléactiniaires
<i>Oscarella tuberculata</i>	Porifera	Homoscléromorphes
<i>Axinella polypoides</i>	Porifera	Démosponges
<i>Agelas oroides</i>	Porifera	Démosponges
<i>Paramuricea clavata</i>	Cnidaria	Octocoralliaire
<i>Corallium rubrum</i>	Cnidaria	Octocoralliaire
<i>Alcyonium spp.</i>	Cnidaria	Octocoralliaire
<i>Amphipholis squamata</i>	Echinodermata	Ophiures
<i>Lithophyllum spp.</i>	Rhodophyta	Corallines
<i>Myriapora truncata</i>	Bryozoa	Cheilostomes
<i>Eunicella cavolinii</i>	Cnidaria	Octocoralliaire
<i>Eunicella cavolinii</i>	Cnidaria	Octocoralliaire

Tableau 1.4. – Liste des espèces utilisées pour préparer le MOCK. Pour témoin positif (MOCK) la PCR a été réalisée sur le mélange artificiel d’ADN contenant de l’ADN des espèces listées dans ce tableau. L’espèce surlignée en rouge n’a été identifiée dans aucun des témoins positifs.

mOTU	Abondance	Taxonomie
19	2716	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
12	1764	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Lithophyllum, NA
66	289	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
92	112	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Paramuriceidae, Paramuricea, Paramuricea clavata
283	92	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Echinozoa, Echinoidea, Euechinoidea, Echinacea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
190	71	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Coralliidae, Corallium, Corallium rubrum
117	61	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Gorgoniidae, Eunicella, NA
28	39	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
419	31	Cnidaria, Anthozoa, Scleractinia, Caryophylliidae, Caryophyllia, NA
730	11	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
822	11	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
956	10	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
1089	9	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Holaxonia, Gorgoniidae, Eunicella, Eunicella racemosa
400	7	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, NA
358	6	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Gorgoniidae, Eunicella, NA
1437	5	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Gorgoniidae, Eunicella, NA
1976	5	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
1670	4	Cnidaria, Anthozoa, Scleractinia, Caryophylliidae, Caryophyllia, NA
2157	4	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
2846	4	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
25	3	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Polycirrus, Polycirrus sp. BOLD :AAI2761
1	2	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
57	2	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Gammaridae, Gammarus, Gammarus monticellus
62	2	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Hesionidae, Oxydromus, Oxydromus pugettensis
104	2	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
1032	2	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Keratosa, Dictyoceratida, Dysideidae, unclassified
4051	2	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
2	1	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Bonnemaisoniales, Bonnemaisoniaceae, Asparagopsis, Asparagopsis armata
13	1	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, NA, NA
23	1	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, *, *
40	1	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
46	1	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Glyceridae, Glycera, Glycera tessellata
71	1	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Caprellidae, Caprella, Caprella sp. 4 MPC-2013
263	1	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, Clytia hemisphaerica
756	1	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Naviculales, Naviculaceae, Haslea, Haslea crucigera
958	1	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Laurencieae, Laurencia, Laurencia obtusa
1008	1	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Nereididae, Perinereis, Perinereis aibuhitensis
1070	1	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Paramuriceidae, Paramuricea, Paramuricea clavata
1176	1	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3038	1	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Alcyoniidae, Alcyonium, NA
3182	1	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Amphiuroidae, Amphipholis, Amphipholis squamata
3327	1	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Siphonophorae, Physonectae, Agalmatidae, Nanomia, Nanomia bijuga
3730	1	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
3980	1	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Alcyoniidae, Alcyonium, NA
4109	1	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA

Tableau 1.5. – Affiliation taxonomique des mOTUs détectés du MOCK 1 (plaque de séquençage numéro 1). Les mOTUs surlignés en vert correspondent à des mOTUs présents dans les 3 MOCKs, ayant une affiliation compatible avec les ADNs effectivement mis dans les MOCKs et ayant l'abondance la plus élevée pour cette affiliation.



mOTU	Abondance	Taxonomie
12	5907	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Lithophyllum, NA
19	5445	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
66	1564	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
92	489	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Paramuriceidae, Paramuricea, Paramuricea clavata
117	474	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Gorgoniidae, Eunicella, NA
190	361	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Coralliidae, Corallium, Corallium rubrum
283	212	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Echinozoa, Echinoidea, Euechinoidea, Echinacea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
419	148	Cnidaria, Anthozoa, Scleractinia, Caryophylliidae, Caryophyllia, NA
28	107	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
730	92	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
822	65	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
956	45	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
1089	40	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Holaxonia, Gorgoniidae, Eunicella, Eunicella racemosa
1437	33	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Gorgoniidae, Eunicella, NA
400	26	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, NA
358	25	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Gorgoniidae, Eunicella, NA
1670	25	Cnidaria, Anthozoa, Scleractinia, Caryophylliidae, Caryophyllia, NA
1976	23	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
1070	20	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Paramuriceidae, Paramuricea, Paramuricea clavata
2157	17	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
3450	12	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Holaxonia, Gorgoniidae, Eunicella, Eunicella albicans
4051	10	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
3980	9	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Alcyoniidae, Alcyonium, NA
2846	8	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
3038	8	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Alcyoniidae, Alcyonium, NA
4109	8	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
3182	7	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Amphiuroidae, Amphipholis, Amphipholis squamata
3327	7	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Siphonophorae, Physonectae, Agalmatidae, Nanomia, Nanomia bijuga
3633	7	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
1	6	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
3730	5	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
145	2	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia tertia
1032	2	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Keratosa, Dictyoceratida, Dysideidae, unclassified
4037	2	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Ichneumonoidea, Braconidae, Microgastrinae, unclassified
49	1	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Nereididae, NA, NA
121	1	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
155	1	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Archelosauria, Archosauria, Dinosauria, Saurischia, Theropoda, Coelurosauria, Aves, Neognathae, Charadriiformes, Laridae, Onychoprion, Onychoprion lunatus
194	1	Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, NA, NA, NA
197	1	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
1259	1	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, NA, NA, NA
1559	1	Arthropoda, Maxillopoda, Cyclopoida, Oithonidae, Oithona, Oithona similis
2148	1	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
3065	1	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Trichoptera, Integripalpia, Brevitentoria, Sericostomatoidea, Hydrosalpingidae, Hydrosalpinx, Hydrosalpinx sericea
3302	1	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
3379	1	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, NA, NA, NA

Tableau 1.6. – Affiliation taxonomique des mOTUs détectés du MOCK 2 (plaque de séquençage numéro 2). Les mOTUs surlignés en vert correspondent à des mOTUs présents dans les 3 MOCKs, ayant une affiliation compatible avec les ADNs effectivement mis dans les MOCKs et ayant l'abondance la plus élevée pour cette affiliation.

mOTU	Abondance	Taxonomie
19	3961	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
12	3239	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Lithophyllum, NA
66	676	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
117	218	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Gorgoniidae, Eunicella, NA
92	215	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Paramuriceidae, Paramuricea, Paramuricea clavata
190	155	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Coralliidae, Corallium, Corallium rubrum
283	126	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Echinozoa, Echinoidea, Euechinoidea, Echinacea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
419	73	Cnidaria, Anthozoa, Scleractinia, Caryophylliidae, Caryophyllia, NA
28	58	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
822	37	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
730	31	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
956	29	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
1070	15	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Paramuriceidae, Paramuricea, Paramuricea clavata
1089	15	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Holaxonia, Gorgoniidae, Eunicella, Eunicella racemosa
358	13	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Gorgoniidae, Eunicella, NA
1437	9	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Gorgoniidae, Eunicella, NA
400	8	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, NA
2157	7	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
3038	6	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Alcyoniidae, Alcyonium, NA
3730	6	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
1670	5	Cnidaria, Anthozoa, Scleractinia, Caryophylliidae, Caryophyllia, NA
1	4	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
1976	4	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
2846	4	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
3182	4	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Amphiuridae, Amphipholis, Amphipholis squamata
3633	4	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
1032	3	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Keratosa, Dictyoceratida, Dysideidae, unclassified
4084	3	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Holaxonia, Gorgoniidae, Antillogorgia, Antillogorgia bipinnata
35	2	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
1559	2	Arthropoda, Maxillopoda, Cyclopoida, Oithonidae, Oithona, Oithona similis
2016	2	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
3327	2	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Siphonophorae, Physonectae, Agalmatidae, Nanomia, Nanomia bijuga
3450	2	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Holaxonia, Gorgoniidae, Eunicella, Eunicella albicans
3980	2	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Alcyoniidae, Alcyonium, NA
4109	2	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
2	1	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Bonnemaisoniales, Bonnemaisoniaceae, Asparagopsis, Asparagopsis armata
3	1	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
5	1	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
6	1	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Clionaida, Clionaidae, Cliona, Cliona celata
118	1	Arthropoda, Maxillopoda, Pedunculata, Scalpellidae, Amigdoscalpellum, Amigdoscalpellum cf. elegans 2 HCL-2014
175	1	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Eunicidae, Eunice, Eunice cf. limosa JZ-2010
544	1	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1421	1	Arthropoda, Malacostraca, Cumacea, Lampropidae, Hemilamprops, Hemilamprops californicus
2190	1	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
3302	1	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata

Tableau 1.7. – Affiliation taxonomique des mOTUs détectés du MOCK 3 (plaque de séquençage numéro 3). Les mOTUs surlignés en vert correspondent à des mOTUs présents dans les 3 MOCKs, ayant une affiliation compatible avec les ADNs effectivement mis dans les MOCKs et ayant l'abondance la plus élevée pour cette affiliation.

### 1.3.3. Groupes taxonomiques présents dans les communautés de coralligène.

Sur l'ensemble des mOTUs, 13,4 % sont considérés comme non identifiés c'est-à-dire qu'ils n'ont pas été assignés à un groupe taxonomique donné par SAP et que le pourcentage d'identité le plus élevé avec une séquence des bases de données est inférieur à 90 %. Parmi les mOTUs identifiés, seuls 16 % sont identifiés au niveau de l'espèce, c'est-à-dire que le pourcentage d'identité entre le mOTU et la séquence de référence est d'au moins 97 %. Le [Tableau 1.8](#) présente le nombre de mOTUs assignés à différents groupes taxonomiques sur l'ensemble des communautés. Parmi les mOTUs identifiés 1914 appartiennent au règne des animaux (environ 63 %) et 690 au règne végétal (environ 23 %). Trois groupes taxonomiques sont majoritaires : les annélides, les crustacés et les rhodophytes et représentent respectivement 14,5%, 19,5 %, et 18,7 % des mOTUS détectés. Les cnidaires, les bryozoaires et les éponges représentent chacun plus de 5 % de mOTUs détectés. Les mollusques, les échinodermes et les straménopiles représentent chacun entre 2 et 5 % du total des mOTUS détectés. Les autres groupes représentent chacun moins de 2 % des mOTUs. La répartition des mOTUs dans les différents groupes taxonomiques est relativement constante entre les différents sites : la plupart des mOTUs correspondent aux rhodophytes, puis aux arthropodes et aux annélides ([Figure 1.13](#)). On note aussi des proportions relativement importantes pour les bryozoaires, les cnidaires et les éponges. La liste complète des assignations taxonomiques de chacun des mOTUs est disponible en Annexe ([sous-section B.4](#)).

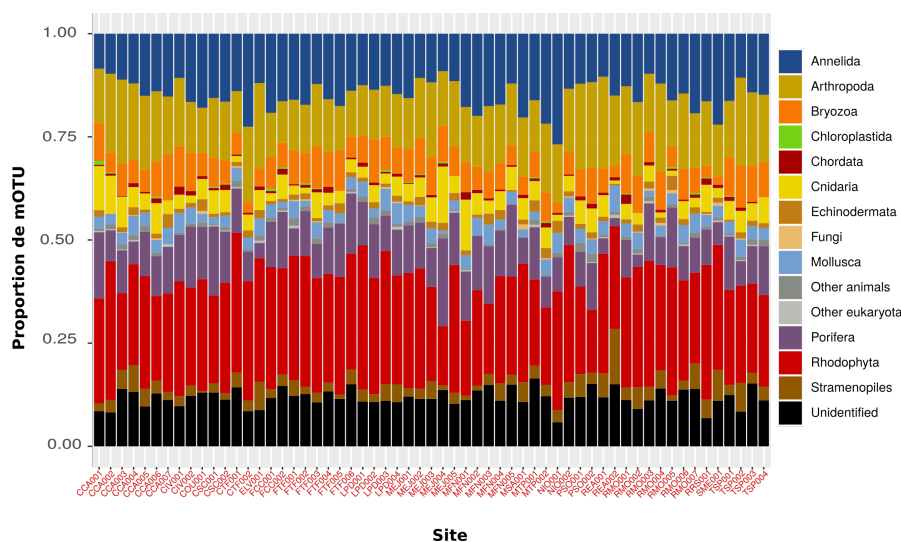


Figure 1.13. – Proportion de mOTUs assignés aux différents groupes taxonomiques dans les communautés de coralligène.

Groupe taxonomique	Nombre de mOTUs
<i>Annelida</i>	438
<i>Arthropoda</i>	591
<i>Bryozoa</i>	171
<i>Chloroplastida</i>	3
<i>Chordata</i>	32
<i>Cnidaria</i>	172
<i>Echinodermata</i>	75
<i>Fungi</i>	14
<i>Mollusca</i>	150
Autres animaux	52
Autres eucaryotes	6
<i>Porifera</i>	233
<i>Rhodophyta</i>	567
<i>Stramenopiles</i>	120
Non identifiés	405
<b>Total</b>	<b>3029</b>

Tableau 1.8. – Tableau représentant le nombre de mOTUs attribués à différents groupes taxonomiques.

### 1.3.4. Décomposition de la diversité spécifique à différents niveaux hiérarchiques

Le [Tableau 1.9](#) présente la décomposition de la diversité spécifique d'ordre 1 des communautés d'espèces du coralligène. Le nombre effectif de mOTUs communs dans l'ensemble des échantillons de coralligène est 155 ( $D_\gamma$ ). Dans une localité donnée ce nombre descend à 56, dans un site à 30 et dans un échantillon (ou réplicat) on n'a plus que 12 mOTUs effectifs communs. Le nombre équivalent de localités ( $D_\alpha^{(3)}$ ) dans notre étude est d'environ 2,8. Le nombre équivalent de sites par localité ( $D_\alpha^{(2)}$ ) est d'environ 1,9. Le nombre équivalent d'échantillons (ou réplicats) par site ( $D_\alpha^{(1)}$ ) est d'environ 2,5 (sachant qu'on a échantillonné 4 réplicats par site). La proportion moyenne de mOTUs non partagés entre localité ( $\Delta_D^{(3)}$ ) est d'environ 39%. La proportion moyenne de mOTUs non partagés entre site d'une même localité ( $\Delta_D^{(2)}$ ) est d'environ 58%. La proportion moyenne de mOTUs non partagés entre échantillons (ou réplicats) d'un même site ( $\Delta_D^{(1)}$ ) est d'environ 66%.

Niveau	Diversité
4 : Baie de Marseille	$D_\gamma = 155,595$
3 : Localité	$D_\alpha^{(3)} = 55,791$ ; $D_\beta^{(3)} = 2,789$
2 : Site	$D_\alpha^{(2)} = 29,637$ ; $D_\beta^{(2)} = 1,883$
1 : Echantillon	$D_\alpha^{(1)} = 11,852$ ; $D_\beta^{(1)} = 2,501$
Différenciation entre agrégats à chaque niveau	
3 : Localité	$\Delta_D^{(3)} = 0,387$
2 : Site	$\Delta_D^{(2)} = 0,575$
1 : Echantillon (ou réplikat)	$\Delta_D^{(1)} = 0,658$

Tableau 1.9. – Décomposition d'ordre 1 de la diversité spécifique et mesures de la différenciation pour les communautés de coralligène.

### 1.3.5. Composante alpha de la diversité spécifique

Après filtration on obtient un total de 3029 mOTUs répartis dans 59 sites d'échantillonnage (Tableau 1.8). Le nombre de mOTUs (ordre 0) par site varie de 151 à 678 avec une moyenne de 334 (Figure 1.14). Le nombre effectif de mOTUs communs (ordre 1) par site varie de 7 à 113 avec une moyenne à 39 (Figure 1.14). Le nombre effectif de mOTUs dominants (ordre 2) par site varie de 2 à 57 avec une moyenne à 14 (Figure 1.14).

La profondeur a un effet significatif sur le nombre de mOTUs (Tableau 1.10, Figure 1.15). La classe de profondeur D1 (environ 30 mètres) contient le nombre moyen de mOTUs par site le plus élevé avec 381 mOTUs. La classe de profondeur D2 (environ 40 mètres) contient le nombre moyen de mOTUs par site le plus bas avec 261 mOTUs. La classe de profondeur D0 (environ 20 mètres) contient un nombre moyen de mOTUs par site intermédiaire avec 319 mOTUs. Seule la différence de diversité moyenne entre D1 et D2 est statistiquement significative (Test de Student de différence de moyenne, p-value=0,0015). Les nombres efficaces de mOTUs communs et dominants ne sont influencés par aucun des facteurs environnementaux (e.g. profondeur, pente, exposition) (Tableau .11, Tableau .12).

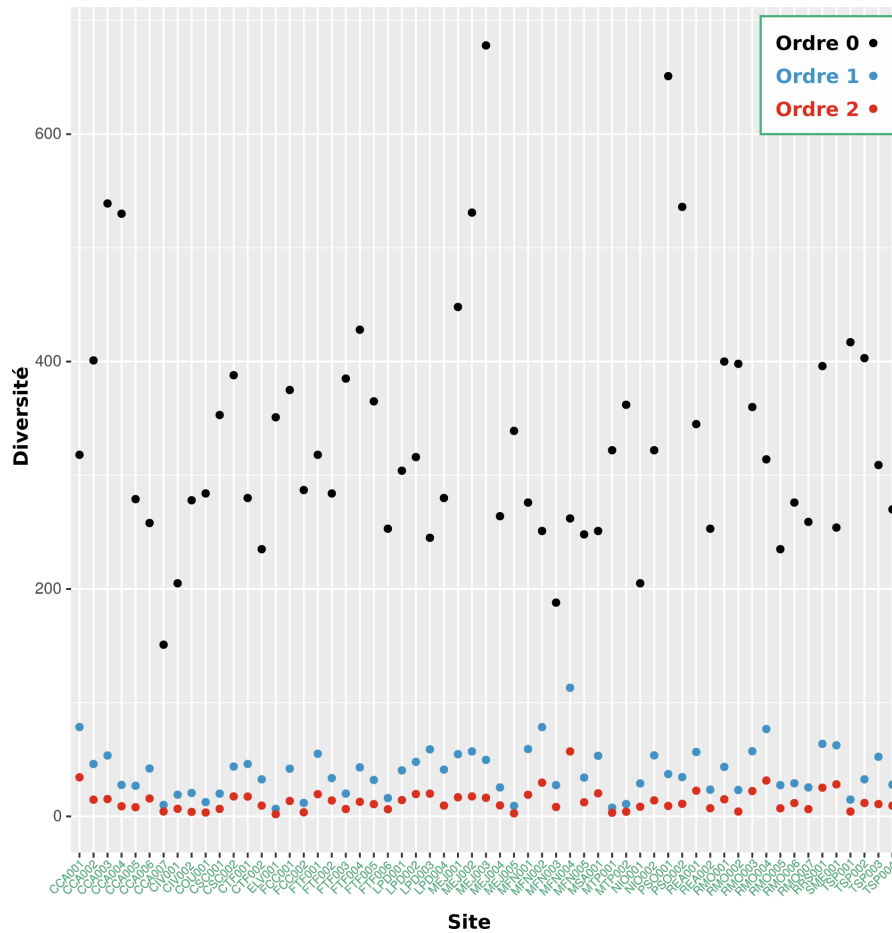


Figure 1.14. – Diversité alpha des communautés de coralligène par site. En noir, le nombre de Hill d'ordre 0 qui correspond à la diversité spécifique. En bleu, le nombre de Hill d'ordre 1 qui correspond à l'exponentiel de l'entropie de Shannon et qui est interprétable comme la diversité des éléments communs. En rouge, le nombre de Hill d'ordre 2 qui correspond à l'inverse de l'indice de Simpson et qui s'interprète comme la diversité des éléments dominants.

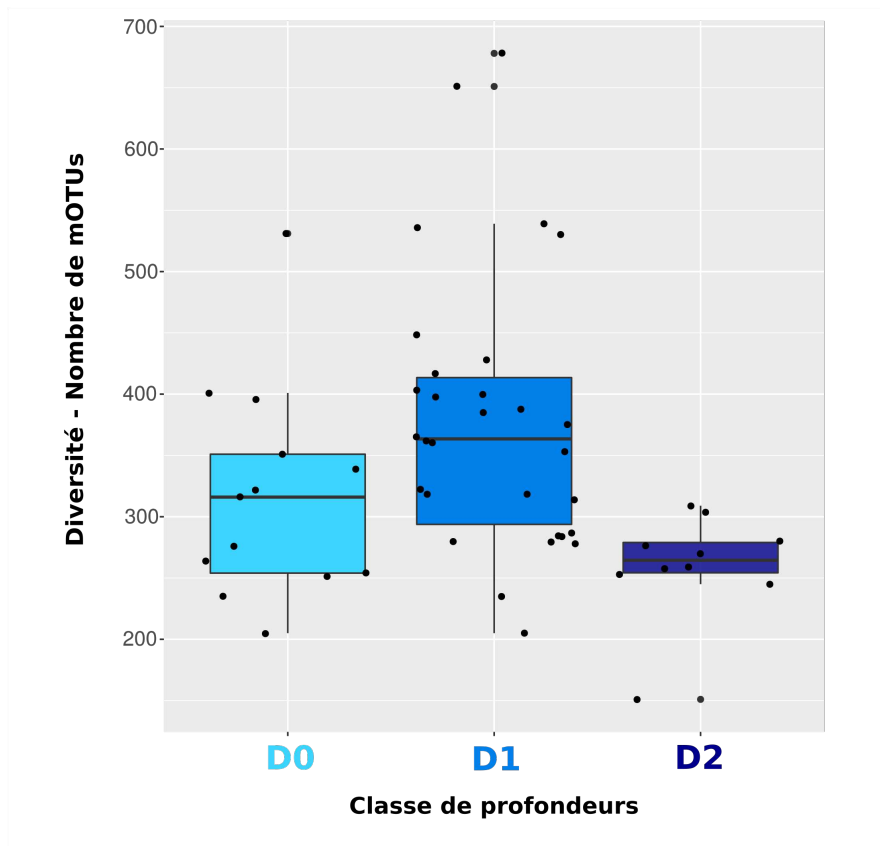


Figure 1.15. – Boîte à moustaches représentant le nombre de mOTUs en fonction de la classe de profondeur. Les trois classes de profondeurs sont : D0 (environ 20 mètres), D1 (environ 30 mètres) et D2 (environ 40 mètres).

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Profondeur	2	118401,41	59200,71	6,47	0,0036
Pente	1	262,35	262,35	0,03	0,8663
Exposition	7	95959,46	13708,49	1,50	0,1943
Residuals	42	384274,59	9149,40		

Tableau 1.10. – Table d’analyse de la variance de l’effet des variables environnementales sur la richesse des mOTUs. La profondeur est séparée en trois classes : D0 (environ 20 mètres), D1 (environ 30 mètres), D2 (environ 40 mètres). La pente comporte trois niveaux : verticale, inclinée et horizontale. L’exposition comporte 8 niveaux : Nord, Nord-Ouest, Ouest etc...

### 1.3.6. Composante bêta de la diversité

Sur la PCO basée sur la distance de Sorensen entre les communautés des différents sites, les communautés sont réparties entre deux groupes dont les limites sont assez floues (Figure 1.16) : un premier groupe situé dans le coin en bas à gauche de la PCO et un autre groupe allant du coin en bas à droite à la partie centrale en haut. De façon générale les communautés ne sont pas regroupées en fonction de leur origine géographique (Figure 1.16, A) : des communautés d’une même localité voire d’une même région sont trouvées dans les deux groupes. Notons toutefois que les communautés de certaines localités sont moins dispersées que d’autres : celles de FTF (sauf pour FTF001), celles de MEJ (sauf pour MEJ001) ou encore celles de CSC. En revanche, les communautés sont assez bien regroupées en fonction de leur profondeur d’échantillonnage (Figure 1.16, B). Le groupe de communauté en bas à gauche de la PCO contient majoritairement des communautés échantillonnées à D2 (environ 40 mètres). Le groupe de communautés allant du coin en bas à droite à la partie centrale du haut de la PCO contient majoritairement des communautés échantillonnées à D0 (environ 20 mètres) et D1 (environ 30 mètres) avec une majorité de communautés échantillonnées à D0 dans le coin en bas à droite.

Tous les facteurs ont une dispersion homogène, sauf le facteur localité (Tableau .15) : la dispersion des données multivariées autour de leur moyenne par groupe varie entre les différentes localités.

La localité d’échantillonnage, la profondeur et la pente ont un effet significatif sur la composition des communautés de coralligènes (Tableau 1.11). La localité et la profondeur expliquent une part importante de la variabilité totale observée : environ 21 % pour la localité et 20 % pour la profondeur. La pente explique une part moins importante de la variabilité totale : environ 9 %. Notons enfin que seule la différence de composition en D1 et D2 est significative ( $P(\text{perm})=0,001$ , nombre de permutation=9999). L’exposition n’a pas d’effet significatif sur la composition des communautés de coralligène (Tableau 1.11).



La CAP (Analyse canonique en Coordonnées Principales), permet de distinguer efficacement les communautés trouvées aux différentes profondeurs (Figure 1.17). La taux global de classification correcte est supérieur à 90% (Tableau 1.13) et les coefficients de corrélations canoniques sont supérieurs à 95 % (Tableau .17). La CAP, permet de distinguer les communautés trouvées sur les différentes pentes (Figure 1.19)). La taux global de classification correcte est supérieur à 70%. (Tableau 1.14) et le coefficient de corrélations canoniques est d'environ 66 %. La CAP, permet de distinguer les communautés en fonction de leur localité d'origine (Figure 1.18)). La taux global de classification correcte est supérieur à 90% (Tableau .14) et les coefficients de corrélations canoniques pour les deux premiers axes sont supérieurs à 95 % (Tableau .18).

La sélection de modèle proposée par la procédure BEST de la distLM montre que le meilleur modèle pour expliquer la variation de composition entre les sites est celui ne contenant que la variable profondeur (Tableau .16). Toutefois, toutes les variables ont un effet significatif sur la composition de communautés de coralligènes.

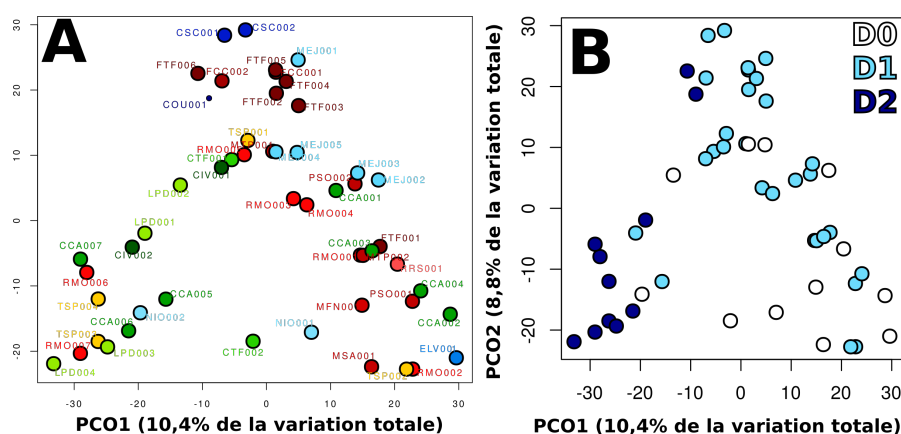


Figure 1.16. – Analyse en coordonnées principales des communautés de coralligènes basée sur la distance de Sorensen. A. Les communautés sont coloriées en fonction de leur localité. Les communautés de la Côte Bleue sont en dégradé de bleu, celles de la Baie de Marseille en dégradé de rouge, celles de la région de Cassis en dégradé de vert et celles de Toulon en jaune. B. Les communautés sont coloriées en fonction de leur profondeur.

Source	df	SS	MS	Pseudo-F	P(perm)	Unique perms
Localité	17	55292	3252,5	1,522	0,0001	9503
Pente	1	4033	4033	1,8872	0,0015	9858
Profondeur	2	7145,6	3572,8	1,6719	0,0011	9867
Exposition	2	4848	2424	1,1343	0,1991	9828
Res	29	61972	2137			
Total	51	1,4245E+05				

Tableau 1.11. – Table d’analyse de la variance de la PERMANOVA. L’indice de Sorensen est utilisé pour la calcul de la dissimilarité entre les paires de communautés. Les facteurs explicatifs sont : la classe de profondeur, la localité, l’exposition simplifiée et l’inclinaison.

Source	Estimate	Sq.root
S(Localité)	429,16	20,716
S(Pente)	89,113	9,4399
S(Profondeur)	385,32	19,63
V(Res)	2155,5	46,427

Tableau 1.12. – Estimations des composantes de la variance pour la PERMANOVA du [Tableau .13](#).

Profondeur d’origine	Profondeur obtenue par la CAP			Total	% correct
	D1	D0	D2		
D1	29	1	0	30	96,667
D0	2	9	1	12	75
D2	1	0	9	10	90

Tableau 1.13. – Validation croisée de la classification obtenue par CAP. Erreur de classification : 9,615%

Pente d’origine	Pente obtenue par la CAP		Total	% correct
	Inclinée	Verticale		
Inclinée	25	7	32	78.25
Verticale	8	12	20	60

Tableau 1.14. – Validation croisée de la classification obtenue par CAP. Erreur de classification : 28,846%

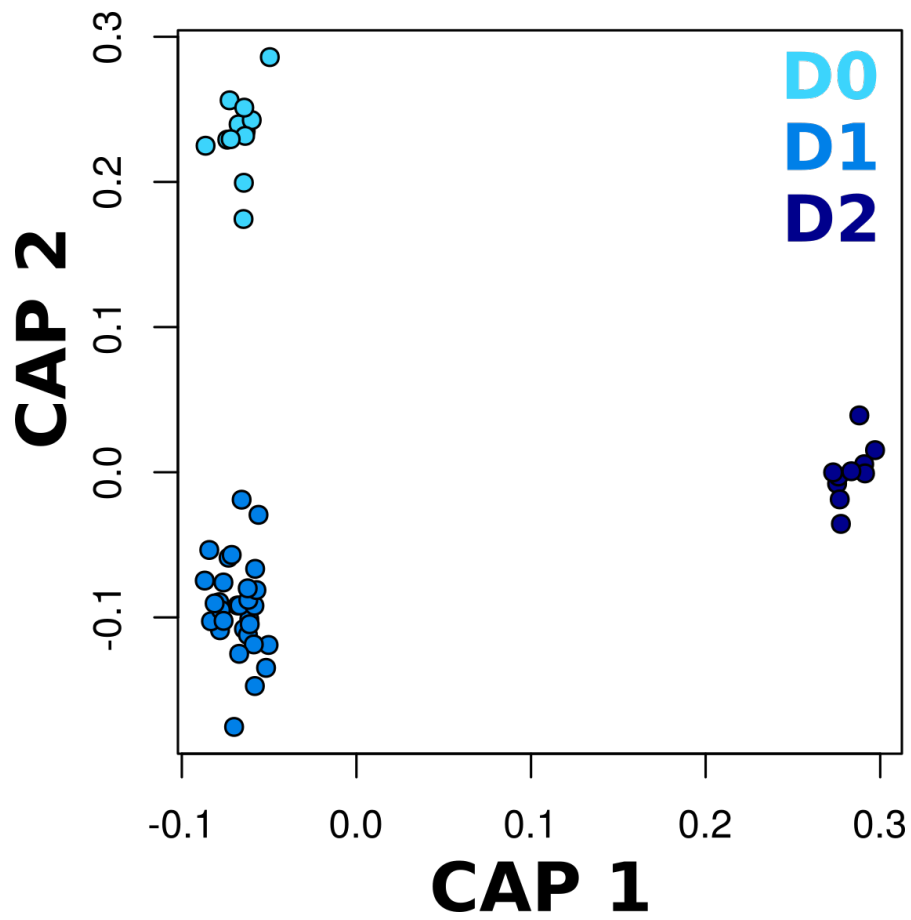


Figure 1.17. – Analyse canonique en Coordonnées Principales (CAP) avec la profondeur en variable environnementale. D0 : environ 20 mètres. D1 : environ 30 mètres. D2 : environ 40 mètres.

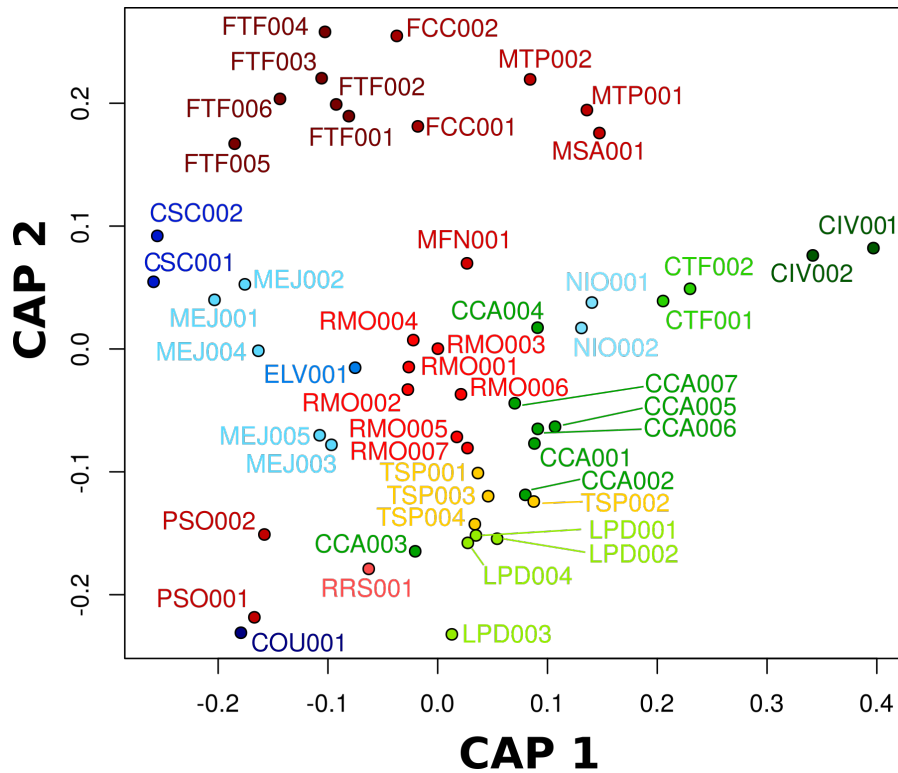


Figure 1.18. – Analyse canonique en Coordonnées Principales (CAP) avec la localité en variable environnementale. Les communautés sont coloriées en fonction de leur localité. Les communautés de la Côte Bleue sont en dégradé de bleu, celles de la Baie de Marseille en dégradé de rouges, celles de la région de Cassis en dégradé de vert et celles de Toulon en jaune.

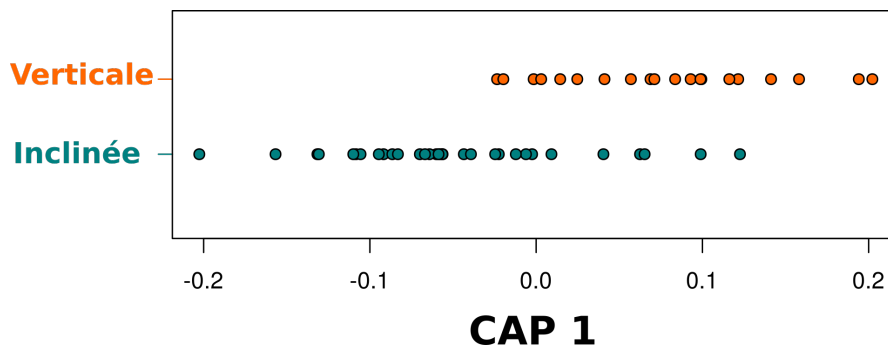


Figure 1.19. – Analyse canonique en Coordonnées Principales (CAP) avec la pente en variable environnementale.

## 1.4. Discussion

### 1.4.1. Analyses des MOCK

Au sein des MOCKs, certains mOTUs ont des affiliations semblables à des espèces effectivement utilisées dans le MOCK mais formant des mOTUs différents. Cette variabilité provient en grande partie des erreurs générées lors des étapes de PCR et de séquençage. Si on regarde l'ensemble des 3 MOCKs les mOTUs numéro 66, 9565, 1976, 3633 sont assignés à l'espèce *Alcyonium glomeratum*. Tout d'abord les assignations ne sont pas toujours fiables lorsque la base de données de référence ne contient pas de séquence assez proches du mOTU. Cette différence peut aussi correspondre à de la diversité intra-spécifique pour le COI ou à l'amplification de pseudo-gènes. Dans certains cas une délétion de quelques paires de base en début de séquence est la seule différence entre deux mOTUs affiliés à la même espèce. Dans ces cas là, il est possible que l'outil CUTADAPT utilisé pour retirer les amorces soit responsable de cette délétion, il faudrait éventuellement ajuster les paramètres. Un des problèmes de la première version de SWARM (l'outil utilisé pour former les mOTUs) était qu'il avait tendance à ne pas regrouper assez d'amplicons sous un même mOTU. Ce problème a été corrigé dans la seconde version avec l'option "fastidious" utilisée dans cette étude. Il se peut cependant que le problème de sous-regroupement persiste en partie ce qui expliquerait aussi en partie pourquoi certains de ces mOTUs ont la même assignation taxonomique.

Les mOTUs présents dans les MOCKs et qui n'ont pas été mis dans le MOCK initial peuvent être présents du fait d'une contamination initiale des ADN utilisés pour confectionner le MOCK ou d'une contamination ayant eu lieu pendant les différentes étapes de laboratoire.

Enfin, on constate une forte disparité des abondances de reads obtenues pour les mOTUs qui correspondent à des ADN d'espèces effectivement mis dans le MOCK initial. Le biais d'amplification des amorces utilisées en fonction des phyla est donc assez important et de ce fait il est difficile de baser des seuils de filtration des données brutes à partir des témoins positifs (MOCK).

Au vu de ces résultats, il semble qu'une évaluation plus poussée des différentes étapes du pipeline de bio-informatique et d'affiliation taxonomique soit nécessaire pour filtrer plus efficacement les données, et sera menée très prochainement.

### 1.4.2. Biais liés à l'approche de métabarcoding

Tout d'abord, de l'échantillonnage à l'extraction d'ADN chaque étape produit un sous échantillonnage de l'échantillonnage initial. Ces différentes étapes peuvent donc avoir pour effet de créer des différences de composition entre communautés de façon aléatoire et artificielle. L'étape d'extraction d'ADN a un impact fort

sur les résultats obtenus lors de l'évaluation de la diversité spécifique par métabarcoding (MAJANEVA et al. 2018). Dans notre étude, la quantité de matière utilisée pour l'extraction d'ADN ne représente qu'une fraction de la matière initialement présente dans l'échantillon et nous n'avons pas pu tester d'autres méthodes d'extraction d'ADN qui auraient pu se révéler plus efficaces sur ce milieu complexe.

Le nombre de paires de reads bruts diminue avec la quantité d'ADN présente dans la PCR alors que le pourcentage de paires de reads assemblés lui augmente. Cela peut être dû au fait que lorsqu'il y a très peu d'ADN la PCR fonctionne mal et seul des dimères d'amorces sont formés en grand nombre car leur amplification est rapide. Ces dimères sont séquencés et font augmenter le nombre de reads mais aucune de ces paires de dimères ne peut être assemblée ce qui explique le faible pourcentage de paires de reads assemblés. Au contraire, lorsque la quantité d'ADN initiale est assez importante la PCR va permettre d'amplifier des fragments d'intérêt qui sont plus difficiles à amplifier que des dimères mais qui pourront être assemblés en sortie de séquençage.

Une des contraintes du métabarcoding est la possibilité de contamination entre les échantillons lors des différentes étapes de conditionnement mais surtout de biologie moléculaire. Le fait de faire de témoins négatifs et positifs nous a permis de détecter en partie cette contamination et de filtrer notre table de mOTUs en conséquence. D'après nos témoins négatifs il semble que la plus grande part de contamination ait lieu lors de l'extraction d'ADN qui a été réalisée à l'aide d'un robot. Un des points cruciaux d'une étude de métabarcoding par PCR est le choix du marqueur et ensuite des amorces. Le marqueur COI utilisé dans cette étude, est celui utilisé dans le projet Barcode of life (BOLD) et présente de nombreux avantages (ANDÚJAR et al. 2018) : (i) c'est un des marqueurs les mieux représentés dans les bases de données, (ii) il présente une variabilité importante parfois même au sein d'une espèce, (iii) c'est un gène, il est donc plus facile d'éliminer des séquences parasites que pour un marqueur non codant. Chez les métazoaires marins (qui constituent la cible de nos amorces) la variabilité du COI permet de distinguer les espèces pour la plupart des phyla. Notons ici que ces amorces nous ont permis détecter de nombreuses algues rouges alors que les amorces n'étaient a priori pas conçues pour cela. Toutefois, le COI a aussi des défauts comme par exemple sa faible variabilité chez les Porifères et les Anthozoaires (BUCKLIN, STEINKE et BLANCO-BERCIAL 2010).

Enfin, un des points faibles du métabarcoding est la qualité de l'estimation de l'abondance relative des espèces présentes (FONSECA 2018). En effet, le nombre de reads obtenus pour un mOTU donné reflète assez mal le nombre d'individus portant ce mOTU et ce pour différentes raisons. Des raisons biologiques, comme la variabilité de la taille des organismes, les différences morphologiques entre différentes phases du cycle de vie de certains organismes ou encore la difficulté d'échantillonnage dans des habitats très hétérogènes. A ces raisons biologiques viennent s'ajouter de nombreuses raisons techniques comme le marqueur utilisé (e.g. nombre de copies dans le génome, variabilité inter et intra-spécifique), les

protocoles d'extraction d'ADN et de PCR, la taille des échantillons ou encore le pipeline bio-informatique utilisé. Dans notre étude on a constaté que le biais d'amplification des amorces est assez important en regardant les communautés artificielles (MOCK). En effet, dans ce mélange artificiel d'ADN les quantités d'ADN représentant les différentes espèces sont identiques. Or le nombre de reads obtenus varie très fortement : de quelques milliers de reads à quelques reads. Dans notre étude nous nous sommes donc concentrés sur la diversité d'ordre 0 qui correspond à la richesse de mOTUs ce qui permet d'éviter les effets des problèmes d'estimation d'abondance évoqués ci-dessus.

### 1.4.3. Diversité spécifique des habitats coralligènes

D'après Ballesteros 2006, le nombre d'espèces trouvées dans le coralligène serait d'au moins 1600-1700 espèces. Dans notre étude, nous avons détecté un peu plus de 3000 mOTUs. Ces mOTUs peuvent représenter des espèces différentes, des haplogroupes différents au sein d'une même espèce (diversité génétique intra-spécifique) ou des haplogroupes représentant plusieurs espèces. Dans cette étude nous avons utilisé le paramètre  $d=1$  pour SWARM (méthode de construction des mOTUS), qui est le plus haut niveau de sensibilité. Il est donc attendu qu'une partie de nos mOTUs représentent de la diversité intra-spécifique. A l'inverse cette sensibilité permet aussi de détecter des espèces différentes dans les groupes taxonomique où le COI évolue lentement. Il est impossible de dire facilement si ce nombre représente bien le nombre d'espèces. Dans tous les cas, cela montre une très forte diversité au sein de ces habitats dans la zone côtière allant du Cap Couronne à Toulon. Les habitats coralligènes étant présent dans l'ensemble de la Méditerranée ce nombre élevé de mOTUs trouvé sur une zone géographique restreinte, suggère que le nombre total d'espèces présentes dans le coralligène est encore largement sous-estimé, ce qui renforce leur statut de point chaud de biodiversité.

Enfin l'importante différence de diversité entre l'ordre 0 et les ordres 1 et 2 suggère que les communautés de coralligène comprennent de nombreuses d'espèces rares. De plus le fait que les diversité d'ordre 1 et 2 soient assez similaires suggèrent que les communautés de coralligène sont dominées par quelques espèces très abondantes (ou représentées par de gros individus) dans les différentes sites. Comme nous l'avons mentionné précédemment, les estimations d'abondance par métabarcoding sont assez peu fiables. Cependant, ce type de distribution d'abondance d'espèces (de nombreuses espèces rares et seulement quelques espèces très abondantes) est une distribution fréquemment obtenue dans de nombreuses études empiriques en écologie des communautés et prédite par la théorie neutre de la biodiversité de Hubbell (HUBBELL 2001).

Parmi ces mOTUs environ les deux tiers sont assignés à des métazoaires. Sur le tiers restant environ la moitié sont assignés à des algues (principalement des algues rouges) et l'autre moitié n'a pas pu être assignée, c'est-à-dire que ces

mOTUS ont un pourcentage d'identité avec les séquences des bases de données inférieur à 90 %. Notons aussi que parmi les mOTUs assignés environ 16 % avaient un pourcentage d'identité supérieur ou égal à 97 % avec une séquence de la base de données. Il est donc nécessaire de faire un effort pour compléter les bases de données de séquences pour ces habitats en combinant identification morphologique et moléculaire.

La partition de la diversité nous montre donc que la plus forte différenciation compositionnelle moyenne ( $\Delta_D^{(1)}$ ) est trouvée entre nos échantillons (ou répliquats) positionnés sur un cercle d'un mètre de rayon. Ces échantillons sont donc trouvés dans les mêmes conditions environnementales. Il semble que la forte différenciation observée soit principalement due à un effet d'échantillonnage car la surface échantillonnée est trop faible pour refléter l'ensemble de la diversité présente pour un jeu de conditions environnementales données.

La différenciation compositionnelle moyenne entre différents sites d'une même localité ( $\Delta_D^{(2)}$ ) est plus élevée qu'entre des localités différentes ( $\Delta_D^{(3)}$ ), ce qui suggère que la composition des communautés est plus fortement impactée par les facteurs environnementaux que par la connectivité entre les localités.

#### **1.4.4. Influence des facteurs environnementaux sur la diversité des habitats coralligènes**

La diversité diminue lorsque l'on passe de la classe de profondeur D1 (environ 30 mètres) à la classe de profondeur D2 (environ 40 mètres). La diminution de la luminosité avec la profondeur cause une baisse de la productivité des écosystèmes qui peut elle-même engendrer une baisse de la diversité par une baisse de la capacité de charge.

D'après les résultats des PERMANOVAs trois facteurs ont un effet significatif sur la composition des communautés : la localité, la profondeur et la pente. Or, les principaux facteurs influençant la composition des communautés de coralligènes sont la lumière, la température et l'importance de l'apport sédimentaire (BALATA, PIAZZI, CECCHI et al. 2005; BALLESTEROS 2006). De nombreux facteurs varient avec la profondeur et notamment la lumière et la température. Dans notre étude la différence de composition est significative entre la profondeur D1 (environ 30 mètres) et la profondeur D2 (environ 40 mètres). La thermocline (zone de transition thermique rapide entre les eaux de surface chaudes et celles plus en profondeur plus froides), qui se forme en été, se situe généralement autour de 20 mètres de profondeur (HARMELIN, JEAN-GEORGES 2004; HAGUE-NAUER et al. 2013), ce qui signifie que les communautés situées à 30 et 40 mètres de profondeur subissent des températures relativement similaires. En revanche, la quantité et la qualité de la lumière sont très dépendantes de la profondeur. Une différence de luminosité pourrait donc sélectionner pour des communautés différentes avec des organismes plus sciaphiles à 40 mètres qu'à 30 mètres. Un



effet indirect, de la diminution de la luminosité est la diminution de l'avantage des autotrophes dans la compétition pour l'espace ce qui permet aux animaux de se développer en plus grand nombres et ainsi produire une différenciation entre les communautés. Une autre différence entre les environnements plus profonds et les environnements plus proches de la surface est que les premiers sont plus stables d'un point de vue physico-chimique. Ce qui peut permettre à des organismes ayant une plus faible tolérance à la variabilité environnementale de se développer. La pente représente un proxy pour l'importance du dépôt sédimentaire : plus la paroi est verticale moins le dépôt sédimentaire est important. Le coralligène de paroi est ainsi caractérisé par une moindre dominance des algues rouges calcaires et par une plus forte dominance d'invertébrés marins érigés comme les gorgonaires. L'effet important de la localité sur la communauté peut être dû à la fois à la variation de paramètres physico-chimique entre les différentes localités échantillonnées mais aussi au degré de connexion entre la localité et les autres habitats coralligènes de la région. Par exemple certaines localités sont situées dans des aires marines protégées et d'autres non ce qui va avoir un impact sur la communauté de coralligène. Et de manière indépendante de leur statut de protection certaines localités sont mieux connectées au reste des autres communautés locales par les courants de la zone ce qui va influencer leur composition. Plus une localité sera connectée aux autres par les courants moins sa communauté sera différenciée des autres communautés de la meta-communauté.

#### **1.4.5. Comparaison avec d'autres méthodes d'études des communautés de coralligène**

La méthode choisie pour étudier les communautés des organismes benthiques influence fortement les estimations de la biodiversité (LEASI et al. 2018). L'approche par métabarcoding présente certains avantages par rapport aux méthodes plus traditionnelles notamment des coûts économique et temporel plus faibles (AYLAGAS et al. 2018).

Hong 1980 dans une étude utilisant aussi une méthode de prélèvement suivie d'une identification taxonomique basée sur la morphologie a répertorié 651 espèces animales dans 52 prélèvements. Les surfaces prélevées étaient des carrés de 20 cm de côté ce qui correspond en surface totale à la somme des 4 échantillons (ou répliqués) de notre étude. Dans l'étude de Hong 1980, la surface totale prélèvement est donc de 20 800 cm<sup>2</sup> tandis que dans notre étude la surface totale échantillonnée est plus élevée et s'élève à environ 25 900 cm<sup>2</sup>. Dans notre étude nous avons détecté 1914 mOTUs animaux. La différence de diversité entre les deux études peut s'expliquer par différents éléments. Tout d'abord nous avons échantillonné une plus grande surface au total (25 900 cm<sup>2</sup> contre 20 800 cm<sup>2</sup> dans l'étude de Hong). Les espèces morphologiques et les mOTUs ne sont pas équivalents donc ces deux études ne comptent pas exactement les

mêmes éléments (voir [sous-section 1.4.2](#) pour ce que représentent les mOTUs). Les deux études comportent le même nombre de prélèvements, mais ces prélèvements sont répartis de façon très différentes : l'étude de Hong se concentre sur le golfe du Fos avec une seule station en dehors de cette zone qui est Moyade (RMO dans notre étude) tandis que notre échantillonnage couvre une zone plus vaste allant du Cap Couronne à Toulon. Nous avons donc potentiellement échantillonné dans des conditions environnementales plus diversifiées et ainsi détecté plus de diversité. D'autant plus que la zone de Fos est une zone polluée et que cette pollution a notamment pour effet de réduire la diversité de communauté de coralligène. Enfin, l'identification morphologique dans l'étude de Hong a nécessité le travail d'au moins 17 spécialistes de différents groupes taxonomiques. Avec une approche de métabarcoding ce travail d'identification n'est à réaliser qu'une seule fois par espèce lors du dépôt de la séquence barcode dans une base de données.

Très souvent l'analyse de la composition des communautés de coralligène est réalisée par une approche de quadrats photographiques suivie d'une analyse informatique des photographies. Dans le cadre du projet CIGESMED, ce type d'approche a aussi été menée sur les sites pour lesquels nous avons réalisé du métabarcoding. Dans les analyses photographiques le nombre maximum d'espèces détectées est de 155 dans la localité du Frioul (FTF) (DAVID 2018). Avec l'approche de métabarcoding le nombre de mOTUs détectés pour les différents sites de cette localité varie de 253 à 428. Les premières analyses montrent que les groupes taxonomiques détectés par les deux approches sont sensiblement différents : avec l'approche photographique les groupes majoritaires sont les algues rouges, les éponges et les cnidaires (DAVID 2018), alors qu'avec l'approche de métabarcoding utilisé ici les groupes comportant le plus de mOTUs sont les arthropodes, les algues rouges et les annélides. Ces différences s'expliquent par le fait que la photographie ne permet de détecter que les espèces qui sont en surface alors que le prélèvement nous donne accès à toutes les espèces vivants dans les anfractuosités et aussi aux espèces de petites tailles. Doxa *et al.* 2016, ont utilisé une approche de quadrat photos pour étudier l'influence de la profondeur sur la diversité alpha et bêta des habitats coralligènes. Une partie des échantillonnages effectués dans cette étude, a été réalisée en baie de Marseille sur les mêmes localités ou sur des localités proches de celles que nous avons échantillonnées pour notre approche de métabarcoding. Leur étude montre que la diversité taxonomique alpha ne varie pas en fonction de la profondeur et qu'il n'y a pas de différenciation entre les communautés situées à différentes profondeurs en Baie de Marseille. Or, notre étude a montré que la profondeur a un effet sur la diversité alpha et sur la différenciation entre les communautés. L'écart entre ces deux études pourrait s'expliquer par le fait que notre approche de métabarcoding permet de détecter beaucoup plus d'espèces et dispose ainsi de plus de puissance permettant de mieux détecter les effets environnementaux.

### 1.4.6. Perspectives

Pour améliorer l'approche de métabarcoding développée ici plusieurs pistes sont envisageables. Premièrement, en ce qui concerne les étapes de laboratoire, il serait bénéfique d'améliorer le rendement de l'extraction d'ADN en utilisant une méthode différente (SELLERS et al. 2018). Le choix des amorces est aussi très important car comme nous l'avons constaté dans notre étude et dans d'autres études en milieu marin le biais d'estimation des abondances en fonction des phyla peut être très important (CAHILL, PEARMAN et al. 2018). Une des solutions pour pallier ce biais est de cibler différents marqueurs mais dans ce cas les abondances obtenues pour les différents marqueurs ne sont pas comparables mais les données peuvent être combinées en utilisant uniquement la présence/absence pour les espèces identifiées ce qui permet d'augmenter la puissance de détection (COWART et al. 2015). Ensuite pour l'analyse globale, l'utilisation de réplicats de PCR permet une filtration très fine des données brutes et une approche semi quantitative intéressante qui pourrait s'appliquer au coralligène (CORSE et al. 2017). Pour améliorer l'assignation taxonomique un effort de complétion de la base de données est nécessaire et a commencé dans le cadre du projet SEA-MOBB. Enfin, une approche prometteuse qui permettrait notamment de rendre les estimations d'abondances plus fiables est une approche de métabarcoding par capture (WILCOX et al. 2018; MARIAC et al. 2018).

## 2. Distribution géographique et écologique des espèces cryptiques ingénieuses du genre *Lithophyllum*

Ce chapitre correspond à un article soumis à *Molecular Phylogenetics and Evolution*. Il comporte une première partie avec un résumé de l'article en français, suivie d'une seconde partie avec l'article soumis à *Molecular Phylogenetics and Evolution*. Les matériels supplémentaires sont dans l'annexe du chapitre 2 (Tableau B.6.4).

### 2.1. Points importants de l'article

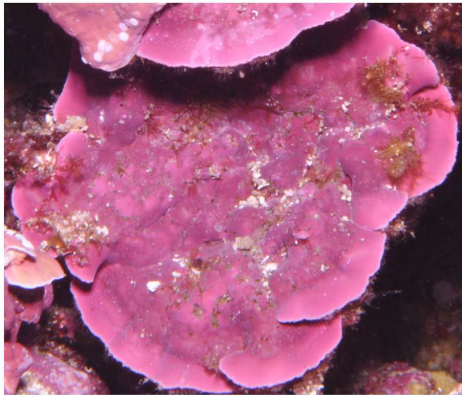
- Les espèces nominales *Lithophyllum stictiforme/cabiocchia*, ingénieuses essentielles des habitats coralligènes forment un complexe de huit espèces cryptiques.
- L'abondance relative de ces espèces cryptiques varie le long des côtes méditerranéennes françaises.
- Pour une localité donnée, l'abondance relative de ces espèces cryptiques varie selon la profondeur.
- Pour une localité donnée, les populations de l'espèce la plus abondante (notée C1) situées à des profondeurs différentes ne sont pas génétiquement différenciées.
- La composition des communautés de ces espèces cryptiques est influencée par la localité et la profondeur.

### 2.2. Résumé de l'article

Les espèces ingénieuses modifient la structure de leur environnement de façon importante et peuvent ainsi créer ou modifier des habitats. Les algues rouges encroûtantes sont des ingénieuses majeures des habitats coralligènes. Dans la région de Marseille, *Lithophyllum stictiforme* et *Lithophyllum cabiocchia* sont les principaux bioconstructeurs de ces habitats. Or, la taxonomie de ce genre est encore principalement basée sur des caractères morphologiques qui sont peu efficaces pour différencier les différentes espèces. Dans cet article nous avons

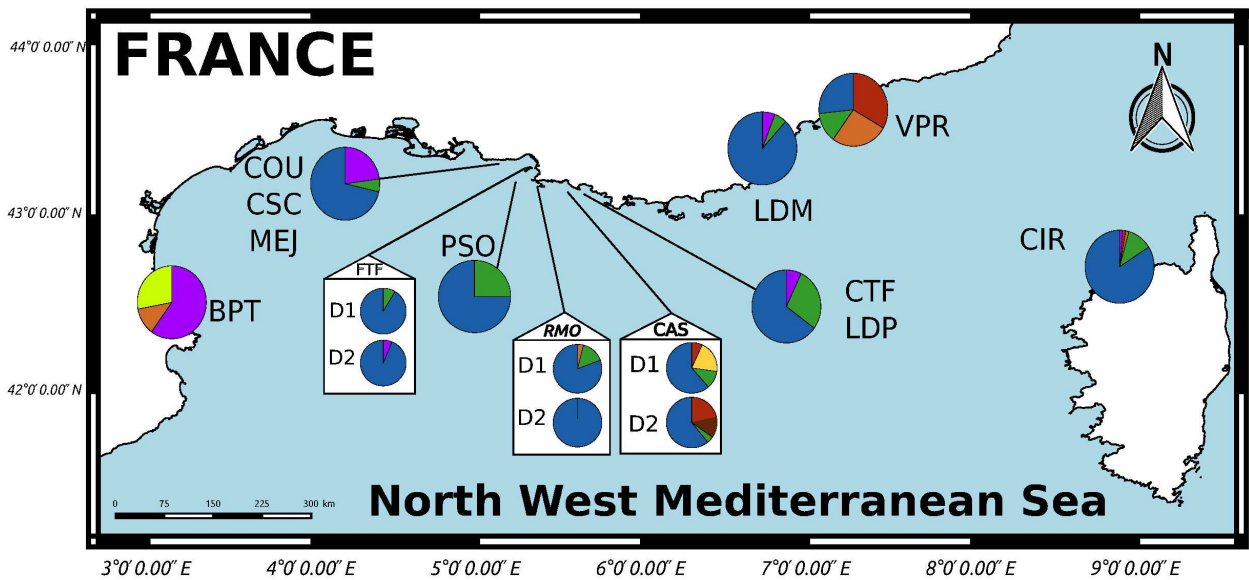
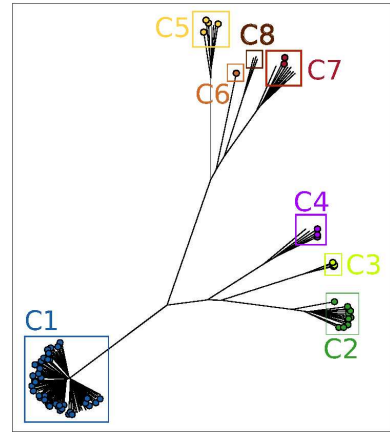
analysé la diversité génétique au sein de ces deux espèces morphologiques en combinant une approche de barcoding multi loci et une approche de génomique des populations de capture séquençage. Nous avons découvert que ces deux taxa forment en fait un complexe de huit espèces cryptiques identifiables par une approche de barcoding en utilisant un des trois marqueurs suivants : psbA, LSU ou COI. Trois facteurs ont un effet sur l'abondance relative des différentes espèces cryptiques : la localité le long de la côte Méditerranéenne française, la profondeur et le rayonnement photosynthétiquement actif. L'analyse de 5000 SNPs au sein de l'espèce la plus abondante (*Lithophyllum stictiforme*) a révélé une forte différenciation génétique entre les localités mais pas entre deux profondeurs d'une même localité. De ce fait l'effet de la profondeur sur la composition de la communauté d'espèces cryptique n'est pas dû à un manque de connectivité et est vraisemblablement dû à un effet sélectif probablement explicable par une différence de luminosité entre les deux profondeurs. Les patrons de différenciation génétique chez *Lithophyllum stictiforme* et de différenciation entre communauté d'espèces cryptiques sont cohérents avec la courantologie de la zone d'étude. La différenciation écologique entre ces espèces cryptiques, ingénieurs majeures du coralligènes et sensibles au réchauffement et à l'acidification des eaux océaniques, pourrait avoir d'importantes conséquences sur la diversité des communautés d'espèces des habitats coralligènes.

## 2.3. Résumé Graphique



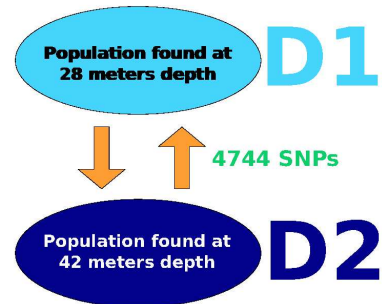
psbA, COI, 28S  
+  
7068 SNPs

8 cryptic species



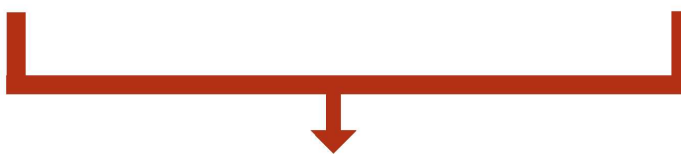
Different species found in different localities

Different species found at different depth



Lack of migration or selective effect ?

Gene flow between D1 & D2



Selective effect of the depth factor

## 2.4. Article soumis à Molecular Phylogenetics and Evolution

1 **Title:**

2 “From seascape ecology to population genomics and back. Spatial and ecological  
3 differentiation among cryptic species of the red algae *Lithophyllum stictiforme*/*L. cabiochiae*,  
4 main bioconstructors of coralligenous habitats.

5 **Running title:** Ecological differentiation among cryptic engineering species

6 **Authors :** Aurélien De Jode<sup>a</sup>, Romain David<sup>a</sup>, Anne Haguenaer<sup>a,b</sup>, Abigail E. Cahill<sup>a,c</sup>,  
7 Zinovia Erga<sup>a</sup>, Dorian Guillemain<sup>a,d</sup>, Stéphane Sartoretto<sup>e</sup>, Caroline Rocher<sup>a</sup>, Marjorie Selva<sup>a</sup>,  
8 Line Le Gall<sup>f</sup>, Jean-Pierre Féral<sup>a</sup> & Anne Chenuil<sup>a</sup>

9 **Adress :**

10 <sup>a</sup> Aix Marseille Univ, Univ Avignon, CNRS, IRD, IMBE, Marseille, France

11 <sup>b</sup> EPHE PSL Research University, USR 3278 CRIOBE CNRS-UPVD, BP 1013, Moorea,  
12 98729, French Polynesia

13 <sup>c</sup> Biology Department, Albion College, Michigan 49224, USA

14 <sup>d</sup> Institut Pythéas: Observatoire des Sciences de l'Univers

15 <sup>e</sup> IFREMER, Zone Portuaire de Brégaillon, 83500 La Seyne-sur-mer, France

16 <sup>f</sup> Institut Systématique Evolution Biodiversité (ISYEB), Muséum national d'Histoire naturelle,  
17 CNRS, Sorbonne Université, EPHE, 57 rue Cuvier, CP 39, 75005 Paris, France.

18 **Corresponding author :** Aurélien DE JODE

19 Email : [aurelien.dejode@imbe.fr](mailto:aurelien.dejode@imbe.fr)

20 Address: Station Marine d'Endoume, Chemin de la Batterie des Lions, 13007 Marseille, France

21

22

## 23 **Abstract**

24 Ecosystem engineering species alter the physical structure of their environment and can create  
25 or modify habitats, having a massive impact on local biodiversity. Coralligenous reefs are  
26 highly diverse habitats endemic to the Mediterranean Sea built by calcareous benthic  
27 organisms among which Crustose Coralline Algae are the main engineering species. We  
28 analyzed the diversity of *Lithophyllum stictiforme* or *L. cabiochiaie* in coralligenous habitats  
29 combining a multiple barcode and a population genomics approach with seascape features.  
30 Population genomics allowed disentangling pure spatial effects from environmental effects.  
31 We found that these taxa form a complex of eight highly divergent cryptic species that are  
32 easily identifiable using classic barcode markers (*psbA*, LSU, COI). Three factors have a  
33 significant effect on the relative abundances of these cryptic species: the location along the  
34 French Mediterranean coast, depth and Photosynthetic Active Radiation (PAR). The analysis  
35 of around 5000 SNPs for the most abundant species revealed genetic differentiation among  
36 localities in the Bay of Marseille but no differentiation between depths within locality. Thus,  
37 the effect of depth and PAR on cryptic species communities is not a consequence of restricted  
38 connectivity but rather due to differential settlement or survival among cryptic species. This  
39 differential is more likely driven by irradiance levels rather than by pressure or temperature.  
40 Both the genetic and species diversity patterns are congruent with the main patterns of  
41 currents in the Bay. Ecological differentiation among these engineering cryptic species,  
42 sensitive to ocean warming and acidification, could have important consequences on the  
43 diversity and structure of the coralligenous communities.

44

45 **Keywords:** engineering species, cryptic species, ecological niche, coralligenous habitats,  
46 ecological differentiation, Crustose Coralline Algae,



47

## 48 **Introduction**

49 Ecosystem engineers are organisms that alter their abiotic environment in such a way that  
50 they create or modify habitats, thereby having large effects on the associated species  
51 community (Jones *et al.* 1994; Crain & Bertness 2006). Thus, phenotypic variation among  
52 ecosystem engineering organisms potentially have important consequences on the species  
53 community and on the ecosystem (Whitham *et al.* 2003). The phenotypic variation can arise  
54 at the intra specific level by plasticity or genetic differentiation, as well as interspecifically  
55 when different engineering species have different ecological traits (Badano & Cavieres 2006;  
56 Lamit *et al.* 2011). In the marine realm, animal organisms acting as ecosystem engineers  
57 promote biodiversity of the associated communities (Romero *et al.* 2015). Algal engineer  
58 species also have tremendous impacts on marine biodiversity. Within seascapes, kelp forests  
59 are the most conspicuous three-dimensional habitats hosting a high diversity of species  
60 (Teagle *et al.* 2017). Crustose Coralline Algae (hereafter CCA) are also major engineering  
61 organisms and contribute to the three-dimensional structure of several habitats such as coral  
62 reefs, maërl beds and coralligenous habitats.

63 In the Mediterranean Sea, coralligenous habitats are emblematic calcareous biogenic  
64 constructions of the Mediterranean Sea built-up in dim light conditions mainly by calcareous  
65 algae (Corallinacea and Peyssonneliacea) and by reinforced calcareous invertebrates (e.g.  
66 bryozoans, serpulid polychaetes, scleractinians) (Ballesteros 2006). The resulting framework is  
67 complex and harbors various micro-habitats that shelter at least 1600 species (Ballesteros 2006),  
68 making coralligenous habitats an important biodiversity hot-spot in the Mediterranean Sea  
69 (Boudouresque 2004). These habitats provide various ecosystem services (e.g. food provisioning,  
70 recreational diving, research material) (Paoli *et al.* 2016; Thierry de Ville d'Avray *et al.*, submitted),

71 yet they are threatened by global ocean warming and acidification (Martin & Gattuso 2009; Lombardi  
72 *et al.* 2011; Martin *et al.* 2013; Linares *et al.* 2015; Rodríguez-Prieto 2016) and local human activities  
73 (e.g. fishing, anchoring or sewage outfalls) (Hong 1980; Ballesteros 2006; Balata *et al.* 2005; Balata *et*  
74 *al.* 2007). The lack of knowledge regarding the biodiversity of these habitats impedes our  
75 understanding of their ecological functioning and our capacity to protect them efficiently (SPA/RAC  
76 2017).

77 In the coralligenous habitats, CCA are considered to be the major engineering group (Laborel  
78 1961; Laubier 1966; Sartoretto *et al.* 1996); however, the phylogenetic affinities of these  
79 CCA among other Corallinales has not been tested yet with molecular systematic tools even  
80 though these tools have strongly modified the perception of coralline diversity (Bittner *et al.*  
81 2011, Pardo *et al.* 2014, Peña *et al.* 2015, Rösler *et al.* 2017). In the genus *Lithophyllum*, *L.*  
82 *stictiforme* (Areschoug) Hauck (1877) and *L. cabiochiaie* (Boudouresque & Verlaque)  
83 Athanasiadis (1999) are considered the main coralligenous builders below 20 m depth  
84 (Sartoretto *et al.* 1996). However, identification of these two nominal species based on macro-  
85 morphological characteristics or anatomical structures is uncertain. Moreover, recent studies  
86 using molecular systematic tools (Rindi *et al.* 2017) have revealed the presence of cryptic  
87 diversity rendering species delimitation within and between these two species unclear.  
88 Ignoring the presence of cryptic species within a nominal species may have important  
89 consequences for biodiversity management. In particular, when cryptic species are  
90 ecologically differentiated, environmental changes may result in higher risks of extinction  
91 (local or global) than expected for a single generalist species (Chenuil *et al.*, accepted with  
92 minor revisions). Furthermore, recent studies showed that “*L. stictiforme*” survival and  
93 reproduction were affected by irradiance levels and temperature (Rodríguez-Prieto 2016) and  
94 that “*L. cabiochiaie*” photosynthesis was reduced under elevated pCO<sub>2</sub> (Martin *et al.* 2013).

95 This highlights the need for studies of biodiversity at both inter- and intraspecific levels to  
96 evaluate the potential of adaptation to global change of these ecosystem engineering species.  
97 In this study, we combined barcoding and exon capture sequencing to reveal cryptic species  
98 among 438 individuals initially collected as *L. cabiochiae/stictiforme* found in sympatry in  
99 the along the French Mediterranean coasts, providing the opportunity to study the ecological  
100 determinants of their co-distribution. We used a fine scale, ecologically contextualized design  
101 in order to distinguish spatial effects (resulting from migration and connectivity) from  
102 ecological effects (fitness differences among cryptic species in distinct environments). Light  
103 is the most important environmental factor shaping coralligenous communities (Ballesteros  
104 2006), thus we recorded environmental variables affecting the irradiance levels received by  
105 the community on each site.

106 We analyzed community composition within the species complex in relation to ecological  
107 conditions (location, depth, orientation, slope) to determine if the different species were found  
108 in different niches. Population genetic analyses were then carried out in the most abundant of  
109 the cryptic species to determine the connectivity matrix among studied locations in order to  
110 disentangle pure spatial effects from environmental effects of depth.

111

## 112 **Materials and methods**

### 113 **2.1 Field sampling and DNA extraction**

114 Samples were collected by scuba diving in 13 different localities along the continental French  
115 Mediterranean coast and in Corsica (Figure 2 & 3, Supplementary Material I). In the  
116 Marseille and Toulon area, horizontal transect lines were divided into 5 m segments. For each  
117 segment, up to 4 fragments of *Lithophyllum* **spp.** of about 3 cm large were collected. To avoid  
118 sampling clones of the same specimen, we left a minimum of 1m between collected  
119 specimens. An average of 16 samples was collected at each sampling site. Moreover, 3  
120 physical parameters were recorded in situ: slope, orientation, and rugosity. Slope was divided  
121 in 4 levels: (i) Flat, when the angle formed by the substrate with the horizontal line was  
122 between 0° and 18.45°, (ii) Inclined, for angles between 18.45° and 71.69°, (iii) vertical, for  
123 angles between 71.69° and 90° and (iv) overhanging, when there is an overhang at least as  
124 large as a person above the observer and covers most of the segment. Orientation was  
125 measured with a compass handled by the diver and directed perpendicularly to the substrate  
126 wall (in the horizontal plane; it could not be defined for horizontal slopes). We considered 8  
127 modalities: North (N), South (S), East (E), West (W) and the four intermediate orientations  
128 (Northeast (NE), Northwest (NW), Southeast (SE), Southwest (SW)). Note that a North  
129 orientation in our dataset corresponds to a South exposition of the substrate. Rugosity  
130 characterizes the size of crevices, holes and faults observed in the segment and was  
131 characterized as follows: (i) "Tiny", when holes were smaller than a fist (about 10 cm wide);  
132 (ii) "Small", when holes were larger than a fist but smaller than a head; (iii) "Medium" (M):  
133 holes and crevices that were approximately head-sized (about 30 cm wide); (iv) "Large" (L):

134 crevices, holes and faults can contain at least the upper body (about 1 m wide with air tanks).  
135 Most transects were carried out at a depth of 24-31m (depth category D1), or 37-46m (depth  
136 category D2). In Banyuls-sur-mer, Villefranche-sur-mer and Corsica transects were not  
137 segmented and all individuals were sampled at the same depth category. All CCA were dried,  
138 and preserved in silica gel at room temperature in a dark place or in ethanol 96% at 4°C until  
139 DNA extraction. A piece of algal tissue was excised and cleaned of epiphytes by scraping the  
140 surface with a razor blade. The excised sample was disrupted using TissueLyser II system  
141 (Qiagen) with a 3 mm stainless steel bead. DNA was extracted using Chelex 100 chelating  
142 resin (Walsh *et al.* 1991). Around 20mg of tissue along with 500µl of Chelex 10% and 3µl of  
143 Proteinase K (20 mg/mL) were incubated at 60°C for 90min. Then sample was heated at 100  
144 C° for about 10min to deactivate the Proteinase K.

145

## 146 2.2 Sanger Sequencing

147 Three independent molecular markers were used to identify the species of *Lithophyllum*: the  
148 plastid marker *psbA*, (Yoon *et al.* 2002), a fragment of the nuclear 28S (or large subunit)  
149 rDNA marker (Harper & Saunders 2001) and the mitochondrial marker COI (Saunders 2005).  
150 PCR reaction mixes were the same for the three markers, and PCR programs were identical  
151 for *psbA* and 28S (Supplementary Material II). PCR products were verified by electrophoresis  
152 migration on 1.5 % agarose gel TBEx1 and then sent to Eurofins Genomics for Sanger  
153 sequencing using primers Gaz-R1, *psbA*-F1 and T04. Fragment sizes were approximately 700  
154 bp for COI and 1000 bp for *psbA* and 28S. Sequences were checked and aligned using  
155 BioEdit software (Hall 1999) before further analyses.

### 156 2.3 Miseq Sequencing

157

158 In a second step, to determine the lineages of additional individuals with lower sequencing  
159 costs, we designed shorter fragments within the *psbA* and 28S markers to allow high  
160 throughput sequencing (Illumina, Miseq paired end 2x 250 bp) (Supplementary Material II).  
161 PCR cycles and reactions mixes were the same for both markers (Supplementary Material II).  
162 Amplicons were sequenced, and Miseq Reads were processed as described in Cahill *et al.*  
163 (2017) with a few exceptions. For the plastid marker, *psbA*, sorting was done as in Cahill *et*  
164 *al.* (2017) for mitochondrial loci with slight modifications: sequences were retained if the  
165 total number of reads was  $\geq 20$  (i.e. 20X coverage) and the count ratio  $\leq 0.14$  (i.e. the most  
166 abundant read was at least 7 times abundant as the second most abundant read). For the 28S  
167 nuclear locus, the total number of reads was sufficient for all individuals (at least 66 reads for  
168 each). For both markers, forward and reverse reads did not overlap and were attached end to  
169 end.

### 170 2.4 Haplotype networks

171 For each marker, sequences from Sanger sequencing and Miseq sequencing were aligned  
172 visually with Bioedit (Hall 1999). Sequence positions found in both Sanger and Miseq  
173 sequencing were kept to build an alignment with all sequences of the same size. For each  
174 marker, we built haplotype networks from the longer sequence alignment obtained by Sanger  
175 sequencing and also, for *psbA* and 28S, from the shorter alignments including Miseq  
176 sequences. Haplotype networks were generated using the median-joining algorithm of the  
177 Network software, v.5.0.0.1 (Bandelt *et al.* 1999). The average proportion of differences and  
178 average Kimura distance (K2P, Kimura 1980) between haplogroups were computed from the  
179 long alignments (i.e. using MEGA v.4 (Tamura *et al.* 2007)).

180 **2.5 Transcriptomics**

181 Individuals were collected in 2015 at the CAS, MEJ, LPD, COU localities by scuba diving,  
182 and preserved in seawater during transportation to the lab. Around 2cm<sup>2</sup> of each individual  
183 was immediately cleaned of epiphytes with a razor blade, placed in in 1 ml QIAzol lysis  
184 reagent (Qiagen) and disrupted using TissueLyserII instrument (Qiagen). The rest was  
185 preserved in 96% ethanol at 4°C and used to determine the haplogroup of each individual  
186 following the protocol for Sanger sequencing described in this paper above.

187 Total RNA isolation was performed according to the manufacturer's instructions, except for  
188 overnight precipitation at -20 °C (1/10 volume sodium acetate 3M pH5.2, 2 volumes  
189 ethanol). Contaminants were eliminated by further cleaning using an RNeasy plus mini kit  
190 (Qiagen). RNA integrity was assessed using Agilent 2100 *Bioanalyzer* system, and  
191 concentration and purity using Nanodrop instrument (ThermoFisher). Residual DNA was  
192 digested using TurboDNase (Ambion) following the manufacturer's instructions.

193 RNA-Seq libraries were generated using the TruSeq Stranded mRNA Illumina kit according  
194 to the manufacturer's protocol. During this preparation, libraries were individually tagged to  
195 allow their pooling before sequencing. The size distributions of libraries' RNA fragments  
196 were controlled with a Fragment Analyzer™ Automated CE System from Advanced  
197 Analytical Technologies, Inc. (AATI).

198 The eight libraries were quantified by qPCR following the manufacturer's protocol. Libraries  
199 were pooled before sequencing on one lane on the Illumina HiSeq3000 (Illumina Inc., San  
200 Diego, CA) as paired-end reads of length 150 bp. Library preparation and sequencing were  
201 performed at the Genotoul platform (<http://get.genotoul.fr/>).

202 Three samples were highly contaminated with 30 %, 10 % and 7% of their reads mapping  
203 against the *E. coli* genome. Those reads were removed before the assembly step. Assembly of

204 each library was performed using the RunDrap Pipeline with default parameters as described  
205 by Cabau *et al.* (2017).

206 To build a reference transcriptome, one meta-assembly of the two individuals of the most  
207 abundant species (the C1 species) transcriptome was conducted, using the Run Meta Pipeline  
208 described in Cabau *et al.* (2017).

209 Sequences from each assembly and meta-assembly were blasted using the program blastn  
210 version 2.2.26 (Altschul *et al.* 1990; Camacho *et al.* 2009) against different databases  
211 available on the Genotoul Cluster: Bacteria

212 ([ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genomes/archive/old\\_refseq/Bacteria](ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genomes/archive/old_refseq/Bacteria)), H\_sapiens

213 ([ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genomes/H\\_sapiens](ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genomes/H_sapiens)), Drosophila\_melanogaster

214 ([ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genomes/archive/old\\_refseq/Drosophila\\_melanogaster](ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genomes/archive/old_refseq/Drosophila_melanogaster)), yeast

215 (<ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/db/FASTA/>), M\_musculus

216 ([ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genomes/M\\_musculus](ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genomes/M_musculus)) and contigs with a hit (e-value threshold 0.001)  
217 against any of them were removed from further analyses.

218 The meta-assembly of the two individuals of the C1 haplogroup was used as a reference in the  
219 following steps and contig names were modified using a custom script. For all individuals,  
220 reverse reads were renamed and pooled with forward reads in one file. All reads were mapped  
221 on the reference with Bwa mem (Li 2013) with default parameters. SNP calling was  
222 conducted using the Reads2snp v2.0 script from PopPhyl project (Tsagkogeorga *et al.* 2012;  
223 Gayral *et al.* 2013). Open reading frames (ORFs) were detected using Transdecoder 3.0.0  
224 (Haas *et al.* 2013) and the ORF output file was converted to get.ORF format using a custom  
225 script.

226 Biotinylated RNA probes were designed by and ordered from MYcroarray (Ann Arbor, MI,  
227 USA; now Arbor Biosciences). Based on the ORF sequences, 18757 candidate sequences



228 (total size 18.3Mb) were soft-masked for simple repeats and low-complexity DNA using  
229 RepeatMasker (Smit *et al.* 2013). Any strings of Ns between 1-10bp were replaced with Ts to  
230 facilitate probe design; larger strings of Ns were left alone. 120bp probes with 2x flexible  
231 tiling density were designed for all sequences, and dG, GC%, and % soft-masked were  
232 tabulated. Only probes with (i) dG greater than -9, (ii) 30-50% GC, (iii) 0 soft-masked bases  
233 were kept and divided in two subsets: the first one contained probes with 1 to 7 SNPs with the  
234 reference and the second one the probes with no SNP with the reference.

235 Among the first probe subset we randomly sampled one probe per ORF for a total of 14403  
236 probes. For each randomly selected probe we extracted the closest and the furthest probe  
237 when possible. Finally, we took 2000 probes in the closest, 2000 in the furthest and 1617 in  
238 the non-polymorphic probes for a total of 20020 probes.

239

## 240 2.5 Exon-Capture genotyping

241 For capture sequencing, total genomic DNA was extracted according a protocol derived from  
242 Sambrook *et al.* (1989), followed by one or two purifications using NucleoSpin® gDNA  
243 Clean-up (Macherey-Nagel) (see Supplementary Material III for a detailed protocol).

244 DNA was fragmented using The Bioruptor® Pico (diagenode) to obtain fragment size of  
245 around 250pb. Dual-indexed NGS Libraries were made using NEBNext® Ultra™ DNA  
246 Library Prep Kit for Illumina® kit following the manufacturer's protocol. Two conditions of  
247 in-solution target enrichment were performed according to manufacturer's recommendations  
248 following the MYbaits v3 protocol (<http://www.mycroarray.com/mybaits/manuals.html>).

249 The first condition was 32 libraries in 30 µL reactional volume, repeated 3 times for a total of  
250 128 enriched libraries, whereas the second condition was conducted in 15µL reactional  
251 volume with 16 libraries. Post-capture, libraries were amplified following Mybaits protocol

252 recommendations (Mix KAPA HiFi, PCR at 60°C, 14 cycles), post PCR purification using  
253 Ampure XP, and 1.6pM DNA was provided for sequencing on one MID flowcell of NextSeq  
254 Illumina System, Paired-end sequencing (2x150bp).

255 First, raw reads were split according to their sequencing lane using a custom python script and  
256 fastq files were converted to SAM files. We followed the GATK good practices (Van der  
257 Auwera *et al.* 2013) to call SNPs except for the BQSR and VQSR steps because of the lack of  
258 reference SNPs data sets. We used ORFs of the C1 haplogroup meta assembly as a reference  
259 in all the above steps and SNPs calling was restricted to an area starting 400 bp before the  
260 first base covered by the probe to 400 bp after the last base covered by the probe.

261 To study the inter haplogroup divergence the jointGenotyping step was conducted with all  
262 individuals from the Bay of Marseille, to study the intra C1 haplogroup diversity the  
263 jointGenotyping step was conducted with all individuals from the C1 haplogroup. In both  
264 cases, obtained SNPs were filtered based on GATK recommended parameters (QD < 2.0, FS  
265 > 60.0, MQ < 40.0, MQRankSum < -12.5, ReadPosRankSum < -8.0), then SNPs with minor  
266 allele frequency lower than 0.01 were removed. For the inter haplogroup study, SNPs with  
267 more than 10% missing value were removed from the dataset. For the intra C1 haplogroup  
268 dataset, SNPs with more than 25% missing values or failing HWE in one or more of the 7  
269 populations were removed using vcfTools (Danecek *et al.* 2011), with a p-value threshold of  
270 0.01. Finally, for both datasets one SNP per ORF was randomly extracted using a custom  
271 python script and individuals with more than 20% missing genotypes were excluded from the  
272 dataset.

## 273 **2.6 Population Genomics Analyses**

274 First, a neighbor joining tree on multilocus genotypes was built with individuals of the inter  
275 clade dataset using the APE package (Paradis *et al.* 2004) in R (R Core team 2017).

276 Individuals were colored according to their haplogroup determined by one of the three  
277 barcoding markers. Individuals with undetermined haplogroups were assigned to a species  
278 based on their positions in the tree, using the phytools (Revell 2012) package in R (R Core  
279 team 2017). Principal Component analyses (PCA) were conducted on individuals assigned to  
280 the C1 species using package the adegenet R package (Jombart 2008; Jombart & Ahmed  
281 2011). Calculation of F statistics, diversity indices, and tests of genetic differentiation were  
282 carried out with the GENEPOP R package (Rousset 2008).

283

## 284 2.7 Community analyses

285 All the community statistical analyses were conducted using the PRIMER software version7  
286 (Clarke *et al.* 2014 & 2015). Due to the different sampling procedure, the Banyuls-sur-mer,  
287 Villefranche-sur-mer and Corsica localities were not used in statistical analyses linking  
288 community composition to environmental factors (PERMANOVAs and PERMANCOVAs).  
289 However, all the localities were used in the non-metric Multi-Dimensional Scaling (nMDS)  
290 and for the estimation of diversity indices. The final community matrix used for the Marseille  
291 area contained 187 rows, corresponding to each segment of marine substrate, and for each  
292 row, the number of individuals of each of the 7 species present in this area (corresponding to  
293 7 columns). The final environmental matrix had the same row number and names as the final  
294 community matrix, and for each row, the level of each of the environmental variables (depth  
295 category, locality, orientation, slope, rugosity). Community data were standardized by the  
296 total number of individuals and square-root transformed before computing pairwise Bray-  
297 Curtis dissimilarity indices. To calculate diversity metrics for each locality, we summed the  
298 abundances of each segment (Table 1). The nMDS was produced using Bray-Curtis similarity  
299 indices on the table of abundances per locality.

300 Due to the lack of replication, the PERMANOVA designs only included 2 factors: locality as  
301 a random factor, one other environmental factors as a fixed factor and the interaction term  
302 between the two. The PERMANCOVAs designs included the locality factor and the depth (as  
303 a numeric variable) or the Photosynthetic Active Radiation (PAR) as covariable. The PAR  
304 was calculated for each depth by averaging the values obtained from the SOMLIT recorder in  
305 the Frioul locality between 2007 and 2017. Thus, PAR was not directly measured at each  
306 location but, according to its depth, each sampling segment was assigned an estimated PAR  
307 value. Since the effect of the ‘location’ factor was considered in the analysis using the PAR  
308 covariable, the variable PAR represents the effect that depth has on irradiance attenuation.

309

## 310 **Results**

311

### 312 **3.1 Haplotype networks**

313

314 Sanger (i.e. longer) sequence alignments were respectively 594 bp, 965 bp and 802 bp for the  
315 mitochondrial (COI), plastid (*psbA*) and the nuclear markers (28S rDNA), after primers and  
316 lower quality terminal regions were removed. Shorter alignments including Miseq sequences  
317 for the *psbA* and 28S markers were respectively 365 bp and 425bp. Figures in Supplementary  
318 Material IV display the networks built from subsets of individuals which had been sequenced  
319 for several markers (Fig. networks: 3 sanger, 2 Miseq). Seven haplogroups were identified in  
320 the haplotype network build from long *psbA* sequences: C1, C2, C3, C4, C5, C6 and C7. The  
321 individual compositions of these seven haplogroups perfectly matched with those of seven  
322 haplogroups formed by the other markers (with the exception of a single individual, likely a  
323 contamination or a labeling error), for both long and short alignments (273 individuals were

324 sequenced for both the 28S rDNA and *psbA* markers). The number of substitutions  
325 separating the distinct haplogroups varied (in long alignments) from 4 to 22 for the most  
326 conserved marker which is the 28S rDNA, from 14 to 48 for *psbA* and from 40 to 77 for COI,  
327 the most rapidly evolving marker (Supplementary Material IV). The minimum and maximum  
328 Kimura distances were respectively 0.003 (28S rDNA, C6-C7) and 0.105 (COI, C1-C6)  
329 (Supplementary Material IV). Since the haplogroups were congruent among markers and  
330 found in sympatry, their genetic isolation and their status of cryptic species was established  
331 (cf discussion) so in the following sections, they were considered as such.

332

### 333 **3.2 Capture sequencing**

334 For the inter species dataset, a total of 7068 SNPs were obtained for 122 individuals. Among  
335 these individuals, 69 were already classified in one of the 7 species using at least one of the  
336 three barcode markers. For all individuals from the Marseille area, species determination  
337 based on barcode marker or the multilocus genotype distances between individuals (in  
338 number of different alleles) gave the same results (Figure 1). Among the 53 remaining  
339 individuals, 3 clustered together forming the C8 species, and the others were assigned to one  
340 of the 7 species according to their position on the neighbor joining tree. The mean Euclidean  
341 distances based on genotypes between individuals of the different species ranged from 52.76  
342 between C7 and C8 to 115.42 between C2 and C5 (Supplementary Material VI). The C4  
343 species had the highest intra species mean distances: 24.10. Three clusters were distinguished  
344 on the tree: C1, C2 to C4, and all the C5 to C8 species (Figure 1).

345

346

### 347 3.3 Population genomics for the C1 species

348 For the individuals of the C1 species, a total of 4744 SNPs were obtained for 75 individuals.  
349 The expected heterozygosity by population ranged from 0.1090 in FTF\_D1 to 0.1603 in  
350 RMO. Significant  $F_{IS}$  values were found in 4 populations: FTF\_D1, FTF\_D2, CAS\_D1,  
351 CAS\_D2 ranging from -0.0096 in CAS\_D2 to 0.1260 FTF\_D1. The global  $F_{ST}$  value was  
352 0.0464 and  $F_{ST}$  values between pairs of populations ranged from 0.0077 between CAS\_D1  
353 and CAS\_D2 to 0.0911 between RMO and LPD. The genetic differentiation for the two pairs  
354 displaying contrasted depths was not significant. On the PCA plot (Figure 4), the individuals  
355 were clustered according to their localities. Individuals were spread in three different clusters  
356 from left to right on the first axis (5.71 % of the total variability). The second axis represented  
357 3.06% of the total variability and no clear cluster was formed along this axis. The third axis  
358 represented 2.67% of variability and separated LPD population from all the others (Figure 4  
359 B).

360

### 361 3.4 Cryptic species diversity and distribution

362

363 The species richness among localities ranged from 2 in the COU, CTF and PLN localities to 5  
364 in the CIR and CAS localities. Simpson diversity indices in localities ranged from 0.1498 at  
365 the FTF locality to 0.781 at the VPR locality (Table 1). *Lithophyllum* cryptic species  
366 communities were differentiated between localities at different spatial scales (Figure 2,3 &  
367 Table 2 & 3). At large spatial scale, the Banyuls-sur-mer locality was very distant from all  
368 other localities (Figure 2B) and was the only one where species C1 was absent and where  
369 species C5 was present. Then, the VPR locality was isolated from localities of the Marseille  
370 area on the nMDS (Figure 2B) and harbored a high proportion of the C6 and C7 cryptic

371 species as well as the highest species diversity (Table 1). The Corsica community was  
372 grouped with communities of the Marseille area (Figure 2B). At small spatial scale (from the  
373 COU locality to the LPD locality), species were not randomly distributed across localities (2  
374 factors PERMANOVA,  $p(\text{perm})=0.0001$ , Table 2 & Figure 3): the C1 species was ubiquitous  
375 and the C2 species was missing in a single locality (COU). Species C5, C7 and C8 were only  
376 found in the CAS locality and the C6 species only in the RMO locality. The C4 species was  
377 mainly found at the Côte Bleue (COU, MEJ, CSC) with few exceptions (Figure 3A). Based  
378 on the species relative abundances and the nMDS four groups of localities were discernible  
379 (Figure 3): (i) the Côte Bleue (COU, CSC, MEJ) and LPD, (ii) Marseille (FTF, RMO), (iii)  
380 the PSO and CTF localities and (iv) the CAS locality was highly distant from all the others.

### 381 3.5 Cryptic species ecology

382

383 In the two-way PERMANOVAs, the random locality factor was always significant, but the  
384 fixed environmental factor was never significant (Table 2). However, the interaction between  
385 locality and sampling depth category had a significant effect on the *Lithophyllum* cryptic  
386 species community composition (PERMANOVA,  $p(\text{perm})=0.014$ ). The community differed  
387 between the two depth categories in the RMO locality (PERMANOVA,  $p(\text{mc})=0.0439$ ) and  
388 the CAS locality (PERMANOVA,  $p(\text{perm})=0.0067$ ). In the RMO locality the C2 and C6  
389 species were found at depth 28 meters and the most abundant C1 species was found at all  
390 depths. In the CAS locality, the C5 species was only found in the D1 depth category, the C8  
391 species was only found in the D2 depth category (Figure 3A). In both PERMANOVAs, the  
392 random locality factor and the numeric covariable (i.e. depth, in meters, and PAR) were  
393 significant (Table 3).

## 394 Discussion

395

396

### 397 4.1 The *L. stictiforme/cabiochiaie* species complex encompasses at least eight cryptic species

#### 398 identifiable by barcoding

399 Mitochondrial, plastid and nuclear markers, which belong to different genomes and are thus  
400 transmitted independently during reproduction, gave consistent results to reveal distinct  
401 haplogroups. Those haplogroups were highly divergent for the markers COI and 28S (above  
402 10 % of divergence for COI) a level of variation which is generally recognized as interspecific  
403 variation for red algae (e.g. Saunders 2005; Le Gall & Saunders 2007) and more specifically  
404 for coralline algae (e.g. Pardo et al. 2017). Assigning the names *L. stictiforme* and *L.*  
405 *cabiochiaie* among the seven haplogroups would require either obtaining sequences from the  
406 type specimens or finding morphological characters that would allow to unambiguously  
407 separate the species (Le Gall *et al.* 2017). These tasks were outside the scope of this study.  
408 In addition, the analyses based on thousands of SNPs confirmed that these seven haplogroups  
409 are genetically isolated and highly differentiated even when found in sympatry and even  
410 within a single 5 m segment. There is thus no doubt that these haplogroups are reproductively  
411 isolated. One may argue that strong inbreeding may create such a pattern (when sexual  
412 reproduction events are rare), nevertheless, the relatively moderate intra populations  $F_{IS}$   
413 values in C1 (Table 4) rule out this hypothesis. We thus established that these haplogroups are  
414 separate biological species, i.e. cryptic species of the *Lithophyllum stictiforme/cabiochiaie*  
415 complex.

416 *Lithophyllum* is the most species diverse genus among the Corallinales with 130 species  
417 currently recognized (Guiry & Guiry 2018); however, the use of molecular systematics to



418 clarify relationships among species of the genus *Lithophyllum* highlighted our lack of  
419 knowledge on the diversity of this genus (Basso *et al.* 2015, Hernandez-Kantun *et al.* 2015 &  
420 2016, Peña *et al.* 2018). Previous studies (e.g. Bittner *et al.* 2011; Hernandez-Kantun *et al.*  
421 2015; Rosler *et al.* 2016) already underlined the necessity of a detailed molecular study of the  
422 *Lithophyllum* genus to unravel potential cryptic diversity. Recently, Pezolesi *et al.* (2017)  
423 unravelled cryptic diversity in another species of the genus: *Lithophyllum byssoides*. Our  
424 results underline the usefulness of molecular tools to delineate species in this genus, whereas  
425 determination of the species *in situ* or by observing classical macro morphological characters  
426 is seldom possible.

427

#### 428 **4.2 Community composition and genetic structure cannot wholly be explained by spatial distances** 429 **and current patterns.**

430

431 At the global scale of this study, the high difference in composition between the Banyuls-sur-  
432 mer (westernmost) cryptic species community and all other communities (Figure 2) is  
433 noteworthy. There are three non-exclusive explanations. (1) The scarcity of suitable habitats  
434 for these cryptic species (i.e. rocky substratum found in dim light condition) between the BPT  
435 and the COU localities (Martin *et al.* 2014) may impede the stepwise colonization across  
436 these areas, even considering several generations, and the high geographic distance separating  
437 Banyuls-sur-mer from the other study sites may impede the colonization in a single  
438 generation of propagules (mainly spores in CCA). (2) The Rhône flow at the west of the COU  
439 locality and the presence of vortex structures in the Lion Gulf may constitute barriers to  
440 dispersal. (3) The different environmental conditions found in Banyuls-sur-mer may select for  
441 different cryptic species: salinity and water temperature are highly variable and turbidity is

442 higher in Banyuls-sur-mer compared to any other sampling site (SOMLIT data:  
443 <http://somlit.epoc.u-bordeaux1.fr/fr/>). At the opposite Eastern end of the study, the VPR  
444 community position on the nMDS could be explained both by its eastern geographical origin  
445 and by the fact that it was sampled at shallower depth than the other localities (between 15  
446 and 20 m).

447 Finally, all other localities were clustered on the nMDS (Figure 2B) in a group gathering the  
448 Marseille Area (except the CAS locality), the CIR and the LDM localities, despite the  
449 important geographic distances between them. All together this pattern suggests that  
450 geographical distances alone do not provide a sufficient explanation of the distribution of  
451 these eight cryptic species at the regional scale. Thus, their abundances may be influenced by  
452 complicated current patterns and/or by changing environmental factors across the different  
453 sampling sites.

454

455 At a closer scale around the bay of Marseille, we better know the current patterns and we can  
456 benefit from comparative population genetics studies to investigate whether currents and  
457 distance can explain species composition (and genetic structure within species). Globally, the  
458 *Lithophyllum stictiforme* / *L. cabiochiaie* display a good concordance between cryptic species  
459 community and genetic structures in the Marseille Area. The frequencies of the eight cryptic  
460 species were highly differentiated among localities within the Bay of Marseille but three  
461 clusters were distinguishable based on community similarities (Figure 3): (i) the Côte Bleue  
462 (COU, CSC, MEJ) and LPD; (ii) Marseille (FTF & RMO), (iii) the PSO and CTF localities.  
463 The CAS locality community composition was highly distinct from all the others. The genetic  
464 diversity structure within cryptic species C1 presented similarities with the community  
465 structure pattern with the same 3 spatial clusters : the CAS population was highly

466 differentiated from all the other populations (Figure 4 & Supplementary Material VII), the LPD  
467 and COU populations on one hand, the FTF and RMO populations on the other hand clustered  
468 together on the PCA (Figure 4A).

469 Homogenization of species (or allele) frequencies among localities requires both (i) migration  
470 of the viable propagules among localities and (ii) successful settlement and growth in new  
471 localities (depending among other things on the availability of suitable habitats).

472 The first condition is mainly determined by the propagules' ability to disperse and the  
473 hydrodynamics of water masses in the area (Cowen & Sponaugle 2009, Weersing & Toonen  
474 2009). In CCA, propagules have low dispersal capacities and settle closely to their source of  
475 emission (Norton 1992, Opazo & Otaíza 2007) which can explain the differentiation among  
476 localities observed in this study at both the interspecific and the intraspecific levels.

477 Comparing  $F_{ST}$  value in this study ( $F_{ST}$  global 0.0464) with those obtained by Cahill *et al.*  
478 (2017) using data from several invertebrate species sampled in the same geographic area, the  
479 C1 species would correspond to the lecithotroph "larval type" species in terms of dispersal  
480 capacities. Both population genomics and cryptic species composition patterns showed a  
481 differentiation between the Côte Bleue, and the east part of the Bay of Marseille. This pattern  
482 has been identified in previous studies encompassing 9 animal taxa (Cahill *et al.* 2017), and a  
483 brown alga (Thibaut *et al.* 2016) and can be attributed to the main currents in the Bay of  
484 Marseille that prevent connectivity between these two areas (Pradal & Millet 2013) at least in  
485 sessile organisms with low dispersal-abilities (Cahill *et al.* 2017). The CAS locality presents  
486 the highest level of *L. stictiforme/cabiochiae* cryptic species diversity (Table 1) and is also  
487 very distinct from the other localities (Figure 3 B) in species composition. Moreover, within  
488 the C1 species, the CAS population is highly differentiated from the others (Figure 4 &  
489 Supplementary Material VII). This sampling locality is east of the head of the "Cassidaigne"

490 marine canyon and presents very different characteristics from other sampled sites, both in  
491 terms of currents and biogeochemical parameters. In particular, this locality is not subjected  
492 to upwellings as strong as in the area west of the canyon as in the RMO locality, is more  
493 influenced by the North current and often experiences deep eastward currents (Alb erola &  
494 Millot 2003, Pairaud *et al.* 2011).

495

496

#### 497 **4.3 Cryptic species community composition is influenced by environmental factors.**

498 Indeed, our combined results in community composition and population genomics established  
499 that environmental factors are influential in the composition in cryptic species. The cryptic  
500 species community in the RMO and CAS localities were different among depth categories.  
501 Especially, in the CAS locality where the C5 species was totally absent at the D2 depth  
502 category and replaced by the C8 species (Figure 2). At a higher taxonomic level, Sartoretto *et*  
503 *al.* (1996) also observed a shift in the frequencies of the main algal builders in coralligenous  
504 habitats in the Marseille area across depths: *L. cabiochiae* was reported as the dominant deep  
505 waters whereas *Mesophyllum alternans* was more restricted to shallower waters. Importantly,  
506 no significant genetic differentiation was found for the C1 species between the populations  
507 from the D1 and D2 depth categories in the CAS locality (Figure 4 & Supplementary Material  
508 VII), suggesting that gene flow between the two depths is not restricted and propagules can  
509 travel between the two depth categories. Thus, the differentiation of the communities between  
510 depths (found in the PERMANCOVA) should be explained by environmental factors varying  
511 across depths such as light or temperature. Light is known to have an influence on  
512 coralligenous assemblages (Ballesteros 2006), because CCA only develop at specific values  
513 of irradiance (Ballesteros 1992). Our study shows an influence of the PAR on the community

514 composition of the cryptic species. It could therefore be interesting to experimentally compare  
515 physiological parameters of the distinct cryptic species such as photosynthesis, growth rate,  
516 and carbonate precipitation under different level of irradiances. Differences in temperature  
517 (and particularly in temperature variability) may also have a role but our depth categories  
518 (30m and 40-45m) are not very contrasted relative to temperature, both being below the  
519 summer thermocline threshold (around 16-20 m) (Harmelin 2004, Haguenaer *et al.* 2013).  
520 Finally, experimental studies showed that the interaction between light and temperature  
521 impacted survival in *L. stictiforme* (Rodríguez-Prieto 2016).

522

523

#### 524 4.4 Ecological consequences and conservation implications of the cryptic diversity for coralligenous 525 habitats

526

527 Different engineering species harboring different ecological traits (Badano & Cavieres 2006;  
528 Lamit *et al.* 2011) or phenotypic variation among individuals of the same species (Whitham *et*  
529 *al.* 2003) influence the diversity and structure of the associated communities. Since the  
530 cryptic species of the *L. stictiforme/cabiochiae* complex are, together with other CCA of the  
531 genus *Mesophyllum*, the main engineers of the coralligenous habitats, the distribution of these  
532 cryptic engineering species as well as their intraspecific genetic structure potentially have  
533 important consequences on the composition of the benthic assemblages found on  
534 coralligenous habitats. CCA are also known to influence the settlement of other invertebrates  
535 by producing chemical cues inducing the recruitment of larvae in several habitats (e.g. coral  
536 reefs and vermetid reefs) (Diaz-Pulido *et al.* 2010; Spotorno-Oliveira *et al.* 2015, Quéré &  
537 Nugues 2015; Elmer *et al.* 2018). To our knowledge, these kinds of interactions between *L.*

538 *stictiforme/cabiochiaie* and invertebrate larvae (e.g. Anthozoa) have not been studied in  
539 coralligenous habitats.

540 Coralligenous habitats are a major marine biodiversity hotspot of the Mediterranean Sea, yet  
541 their protection is still pending mainly because there is still a large gap of knowledge about  
542 biodiversity and ecological functioning of these habitats (SPA/RAC 2017).

543 Engineer species are priority targets for conservation programs because their protection has a  
544 large impact in retaining community and ecosystems integrity and functions (Crain and  
545 Bertness 2006). The high structure found both at the species and the genetic diversity levels  
546 make these cryptic species particularly vulnerable to local threats such as water pollution or  
547 mechanical degradation. Protecting coralligenous habitats (or just evaluating their  
548 vulnerability) requires taking into account the geographic distribution of the eight cryptic  
549 species along the French Mediterranean coast and at smaller spatial scales. Due to the high *L.*  
550 *stictiforme/cabiochiaie* community composition differentiation between the biogeographic  
551 regions of Banyuls-sur-mer, Marseille and Villefranche-sur-mer, it is necessary to consider  
552 each of these areas as a unique protection unit. In the Marseille area, the CAS locality  
553 harbored the highest level of cryptic species diversity and is the only locality where the C5,  
554 C7 and C8 species are found; the C4 species is mainly found on Côte Bleue (Figure 3 and  
555 Table 1). Consequently, to have all the cryptic species under protection requires protecting at  
556 least the CAS locality and one locality on the Côte Bleue. Our study strongly suggests that  
557 these eight cryptic species have different biotope preferences potentially reflecting contrasted  
558 physiological abilities. The ocean acidification and warming components of the global change  
559 due to human activity are two of the major threats on coralligenous habitats (Ballesteros  
560 2006). Recent studies by Rodríguez-Prieto (2016) and Martin *et al.* (2013) showed that the  
561 metabolism, reproduction and survival of the *L. stictiforme/cabiochiaie* species complex are

562 affected by irradiance levels, temperature and pCO<sub>2</sub>. However, in these studies species  
563 identifications were carried out ignoring the presence of cryptic species and thus missing  
564 potential differences of responses of the cryptic species to warming and acidification. It  
565 emphasizes the need for more investigations to determine if these different species have  
566 different capacities to cope with global change.

567 Finally, genetic diversity and structure are both key pieces of information needed to design  
568 efficient species protection policy. This study is the first that gives an insight into the genetic  
569 diversity and structure at the genomic level for the bioengineer algae of coralligenous habitats  
570 (C1 species): genetic differentiation occurred at a very small spatial scale resulting from small  
571 dispersal capacities of propagules and particularities of the currents in the Marseille area  
572 (Figure 4, Supplementary Material VII). Yet neither the genetic structure at a larger  
573 geographical scale nor the impact of selective processes potentially shaping the differentiation  
574 between populations living in variable environmental conditions are known. Therefore,  
575 investigating genetic diversity and structure in these cryptic species can reveal different  
576 capacity (different level of genetic diversity for example) of adaptation to global change  
577 which should be considered in conservation policy of coralligenous habitats.

## 579 **Acknowledgments**

580 We are grateful to the Genotoul bioinformatics platform Toulouse Midi-Pyrenees (Bioinfo  
581 Genotoul) for providing help, computing and storage resources. This work benefited from  
582 equipment and services from the iGenSeq core facility, at ICM (Paris). We thank the  
583 Molecular biology service of the IMBE at the Station Marine d'Endoume (A. Haguenaer, C.  
584 Rocher, M. Selva), C. Carpentieri (molecular biologist at the Macherey-Nagel company) for  
585 helping with DNA purifications, and the Diving Service of the Pytheas Institute for providing  
586 samples.

587

588

## 589 **Funding**

590 This work is a contribution to the Labex OT-Med (no. ANR-11-LABX-0061) funded by the  
591 French Government 'Investissements d'Avenir' programme of the French National Research  
592 Agency (ANR) through the A\*MIDEX project (no. ANR-11-IDEX-0001-02).

593 Samples were obtained thanks to EraNet (SeasEra) CIGESMED—ANR convention no 12-  
594 SEAS-0001-01. Financial support was provided by the project DEVOTES (DEvelopment Of  
595 innovative Tools for understanding marine biodiversity and assessing good Environmental  
596 Status) funded by the European Union under the 7th Framework Programme, 'The Ocean for  
597 Tomorrow' Theme (grant agreement no. 308392), <http://www.devotes-project.eu>.



## References

- 599  
600 Albérola, C., & Millot, C. (2003). Circulation in the French mediterranean coastal zone near  
601 Marseilles: the influence of wind and the Northern Current. *Continental Shelf Research*,  
602 23(6), 587–610. doi:[10.1016/S0278-4343\(03\)00002-5](https://doi.org/10.1016/S0278-4343(03)00002-5)
- 603 Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic local  
604 alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215(3), 403–410.
- 605 Athanasiadis, A. (1999). The taxonomic status of *Lithophyllum strictaeforme* (Rhodophyta,  
606 Corallinales) and its generic position in light of phylogenetic considerations. *Nordic Journal*  
607 *of Botany*, 19(6), 735–745. doi:[10.1111/j.1756-1051.1999.tb00682.x](https://doi.org/10.1111/j.1756-1051.1999.tb00682.x)
- 608 Badano, E. I., & Cavieres, L. A. (2006). Impacts of ecosystem engineers on community  
609 attributes: effects of cushion plants at different elevations of the Chilean Andes. *Diversity and*  
610 *Distributions*, 12(4), 388–396. doi:[10.1111/j.1366-9516.2006.00248.x](https://doi.org/10.1111/j.1366-9516.2006.00248.x)
- 611 Balata, D., Piazzzi, L., Cecchi, E., & Cinelli, F. (2005). Variability of Mediterranean  
612 coralligenous assemblages subject to local variation in sediment deposition. *Marine*  
613 *Environmental Research*, 60(4), 403–421. doi:[10.1016/j.marenvres.2004.12.005](https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2004.12.005)
- 614 Balata, D., Piazzzi, L., & Cinelli, F. (2007). Increase of sedimentation in a subtidal system:  
615 Effects on the structure and diversity of macroalgal assemblages. *Journal of Experimental*  
616 *Marine Biology and Ecology*, 351(1–2), 73–82. doi:[10.1016/j.jembe.2007.06.019](https://doi.org/10.1016/j.jembe.2007.06.019)
- 617 Ballesteros, E. (1992). *Els vegetals i la zonació litoral: espècies, comunitats i factors que*  
618 *influeixen en la seva distribució*. Institut d'Estudis Catalans.
- 619 Ballesteros, E. (2006). Mediterranean coralligenous assemblages: a synthesis of present  
620 knowledge. *Oceanography and Marine Biology: An Annual Review*, 44, 123–195.
- 621 Bandelt, H. J., Forster, P., & Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring  
622 intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16(1), 37–48.  
623 doi:[10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036](https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036)
- 624 Basso, D., Caragnano, A., Gal, L. L., & Rodondi, G. (2015). The genus *Lithophyllum* in the  
625 north-western Indian Ocean, with description of *L. yemenense* sp. nov. , *L. socotraense* sp.  
626 nov. , *L. subplicatum* comb. et stat. nov. , and the resumed *L. affine* , *L. kaiseri* , and *L.*  
627 *subreduncum* (Rhodophyta, Corallinales). *Phytotaxa*, 208(3), 183–200.  
628 doi:[10.11646/phytotaxa.208.3.1](https://doi.org/10.11646/phytotaxa.208.3.1)
- 629 Bassi, D., Braga, J. C., & Iryu, Y. (2009). Palaeobiogeographic patterns of a persistent  
630 monophyletic lineage: *Lithophyllum pustulatum* species group (Corallinaceae, Corallinales,  
631 Rhodophyta). *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 284(3), 237–245.  
632 doi:[10.1016/j.palaeo.2009.10.003](https://doi.org/10.1016/j.palaeo.2009.10.003)
- 633 Bittner, L., Payri, C. E., Maneveldt, G. W., Couloux, A., Cruaud, C., de Reviers, B., & Le  
634 Gall, L. (2011). Evolutionary history of the Corallinales (Corallinophycidae, Rhodophyta)  
635 inferred from nuclear, plastidial and mitochondrial genomes. *Molecular Phylogenetics and*  
636 *Evolution*, 61(3), 697–713. doi:[10.1016/j.ympev.2011.07.019](https://doi.org/10.1016/j.ympev.2011.07.019)
- 637 Boudouresque, C.-F. (2004). Marine biodiversity in the mediterranean: status of species,  
638 populations and communities. *Scientific Reports of the Port-Cros National Park*, 20, 97–146.
- 639 Cabau, C., Escudié, F., Djari, A., Guiguen, Y., Bobe, J., & Klopp, C. (2017). Compacting and  
640 correcting Trinity and Oases RNA-Seq de novo assemblies. *PeerJ*, 5, e2988.  
641 doi:[10.7717/peerj.2988](https://doi.org/10.7717/peerj.2988)
- 642 Cahill, A. E., De Jode, A., Dubois, S., Bouzaza, Z., Aurelle, D., Boissin, E., ... Chenuil, A.  
643 (2017). A multispecies approach reveals hot spots and cold spots of diversity and connectivity

644 in invertebrate species with contrasting dispersal modes. *Molecular Ecology*, 26, 6563–6577.  
645 doi:10.1111/mec.14389

646 Camacho, C., Coulouris, G., Avagyan, V., Ma, N., Papadopoulos, J., Bealer, K., & Madden,  
647 T. L. (2009). BLAST+: architecture and applications. *BMC Bioinformatics*, 10, 421.  
648 doi:[10.1186/1471-2105-10-421](https://doi.org/10.1186/1471-2105-10-421)

649 Chenuil, A., Cahill, A., Delemontey, N., Du Salliant du Luc, E., & Fanton, H. (submitted).  
650 Problems and questions posed by cryptic species. A framework to guide future studies. *From*  
651 *Assessing to Conserving Biodiversity - Beyond the Species Approach*.

652 Clarke K.R., Gorley R.N., Somerfield P.J., Warwick R.M. (2014). Change in marine  
653 communities: an approach to statistical analysis and interpretation, 3rd edition. PRIMER-E,  
654 Plymouth, 260pp

655 Clarke, K.R., Gorley, R.N. (2015). PRIMER v7: User Manual/Tutorial. PRIMER-E,  
656 Plymouth, 296pp

657 Cowen, R. K., & Sponaugle, S. (2009). Larval Dispersal and Marine Population Connectivity.  
658 *Annual Review of Marine Science*, 1(1), 443–466.  
659 doi:[10.1146/annurev.marine.010908.163757](https://doi.org/10.1146/annurev.marine.010908.163757)

660 Crain, C. M., & Bertness, M. D. (2006). Ecosystem Engineering across Environmental  
661 Gradients: Implications for Conservation and Management. *BioScience*, 56(3), 211–218.  
662 doi:[10.1641/0006-3568\(2006\)056\[0211:EEAEGI\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1641/0006-3568(2006)056[0211:EEAEGI]2.0.CO;2)

663 Danecek, P., Auton, A., Abecasis, G., Albers, C. A., Banks, E., DePristo, M. A., ... Durbin,  
664 R. (2011). The variant call format and VCFtools. *Bioinformatics*, 27(15), 2156–2158.  
665 doi:[10.1093/bioinformatics/btr330](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr330)

666 Diaz-Pulido, G., Harii, S., McCook, L. J., & Hoegh-Guldberg, O. (2010). The impact of  
667 benthic algae on the settlement of a reef-building coral. *Coral Reefs*, 29(1), 203–208.  
668 doi:[10.1007/s00338-009-0573-x](https://doi.org/10.1007/s00338-009-0573-x)

669 Elmer, F., Bell, J. J., & Gardner, J. P. A. (2018). Coral larvae change their settlement  
670 preference for crustose coralline algae dependent on availability of bare space. *Coral Reefs*,  
671 37(2), 397–407. doi:10.1007/s00338-018-1665-2

672 Gayral, P., Melo-Ferreira, J., Glémin, S., Bierne, N., Carneiro, M., Nabholz, B., ... Galtier, N.  
673 (2013). Reference-Free Population Genomics from Next-Generation Transcriptome Data and  
674 the Vertebrate–Invertebrate Gap. *PLoS Genetics*, 9(4), e1003457.  
675 doi:[10.1371/journal.pgen.1003457](https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1003457)

676 Haas, B. J. (2013). Transdecoder v.3.0.0  
677 <https://github.com/TransDecoder/TransDecoder/releases/tag/v3.0.0>

678 Haguenaer, A., Zuberer, F., Ledoux, J.-B., & Aurelle, D. (2013). Adaptive abilities of the  
679 Mediterranean red coral *Corallium rubrum* in a heterogeneous and changing environment:  
680 from population to functional genetics. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*,  
681 449, 349–357. doi:[10.1016/j.jembe.2013.10.010](https://doi.org/10.1016/j.jembe.2013.10.010)

682 Hall, T. A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis  
683 program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41, 95–98.

684 Harmelin, J.-G.. (2004). Environnement thermique du benthos côtier de l'île de Port-Cros  
685 (parc national, France, Méditerranée nord-occidentale) et implications biogéographiques.  
686 *Scientific Reports of the Port-Cros National Park*, 20, 173–194.

687 Harper, J. T., & Saunders, G. W. (2001). The application of sequences of the ribosomal  
688 cistron to the systematics and classification of the florideophyte red algae (Florideophyceae,  
689 Rhodophyta). *Cahiers de Biologie Marine*, 42(1–2), 25–38.

690 Hernandez-Kantun, J. J., Rindi, F., Adey, W. H., Heesch, S., Peña, V., Le Gall, L., &  
691 Gabrielson, P. W. (2015). Sequencing type material resolves the identity and distribution of

692 the generitype *Lithophyllum incrustans*, and related European species *L. hibernicum* and  
693 *L. bathyporum* (Corallinales, Rhodophyta). *Journal of Phycology*, 51(4), 791–807.  
694 doi:[10.1111/jpy.12319](https://doi.org/10.1111/jpy.12319)

695 Guiry, M.D. & Guiry, G.M. 2018. *AlgaeBase*. World-wide electronic publication, National  
696 University of Ireland, Galway. <http://www.algaebase.org>

697 Hernandez-Kantun, J. J., Gabrielson, P., Hughey, J. R., Pezolesi, L., Rindi, F., Robinson, N.  
698 M., ... Adey, W. (2016). Reassessment of branched *Lithophyllum* spp. (Corallinales,  
699 Rhodophyta) in the Caribbean Sea with global implications. *Phycologia*, 55(6), 619–639.  
700 doi:[10.2216/16-7.1](https://doi.org/10.2216/16-7.1)

701 Hong, J.-S. (1980). *Etude faunistique d'un fond de concrétionnement de type coralligène*  
702 *soumis à un gradient de pollution en Méditerranée nord-occidentale (Golf de Fos)*. Faculté  
703 des Sciences, Aix-Marseille II.

704 Jombart, T. (2008). adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers.  
705 *Bioinformatics*, 24(11), 1403–1405. doi:[10.1093/bioinformatics/btn129](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn129)

706 Jombart, T., & Ahmed, I. (2011). adegenet 1.3-1: new tools for the analysis of genome-wide  
707 SNP data. *Bioinformatics*, 27(21), 3070–3071. doi:[10.1093/bioinformatics/btr521](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr521)

708 Jones, C. G., Lawton, J. H., & Shachak, M. (1994). Organisms as Ecosystem Engineers. In  
709 *Ecosystem Management* (pp. 130–147). Springer, New York, NY. doi:[10.1007/978-1-4612-4018-1\\_14](https://doi.org/10.1007/978-1-4612-4018-1_14)

710

711 Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions  
712 through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16(2),  
713 111–120. doi:[10.1007/BF01731581](https://doi.org/10.1007/BF01731581)

714 Laborel, J. 1961. Le concrétionnement algal "coralligène" et son importance  
715 géomorphologique en Méditerranée. Recueil Travaux Station Marine d'Endoume  
716 , 23: 37-60.

717 Lamit, L. J., Wojtowicz, T., Kovacs, Z., Wooley, S. C., Zinkgraf, M., Whitham, T. G., ...  
718 Gehring, C. A. (2011). Hybridization among foundation tree species influences the structure  
719 of associated understory plant communities. *Botany*, 89(3), 165–174. doi:[10.1139/b11-006](https://doi.org/10.1139/b11-006)

720 Laubier, L. (1966). *Le coralligène des Albères : monographie biocénotique*. (Vol. 137–316).  
721 Monaco: Annales de l'Institut océanographique.

722 Le Gall, L., & Saunders, G. W. (2007). A nuclear phylogeny of the Florideophyceae  
723 (Rhodophyta) inferred from combined EF2, small subunit and large subunit ribosomal DNA:  
724 Establishing the new red algal subclass Corallinophycidae. *Molecular Phylogenetics and*  
725 *Evolution*, 43(3), 1118–1130. doi:[10.1016/j.ympev.2006.11.012](https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.11.012)

726 Le Gall, L., Delsuc, F., Hourdez, S., Lecointre, G., & Rasplus, J.-Y. (2017). Toward the DNA  
727 Library of Life. *European Journal of Taxonomy*, (266). doi:[10.5852/ejt.2017.266](https://doi.org/10.5852/ejt.2017.266)

728 Li, H. (2013). Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-  
729 MEM. *ArXiv:1303.3997 [q-Bio]*. Retrieved from <http://arxiv.org/abs/1303.3997>

730 Linares, C., Vidal, M., Canals, M., Kersting, D. K., Amblas, D., Aspillaga, E., ... Ballesteros,  
731 E. (2015). Persistent natural acidification drives major distribution shifts in marine benthic  
732 ecosystems. *Proc. R. Soc. B*, 282(1818), 20150587. doi:[10.1098/rspb.2015.0587](https://doi.org/10.1098/rspb.2015.0587)

733 Lombardi, C., Gambi, M. C., Vasapollo, C., Taylor, P., & Cocito, S. (2011). Skeletal  
734 alterations and polymorphism in a Mediterranean bryozoan at natural CO<sub>2</sub> vents.  
735 *Zoomorphology*, 130(2), 135–145. doi:[10.1007/s00435-011-0127-y](https://doi.org/10.1007/s00435-011-0127-y)

736 Martin, C. S., Giannoulaki, M., Leo, F. D., Scardi, M., Salomidi, M., Knittweis, L., ...  
737 Frascetti, S. (2014). Coralligenous and maërl habitats: predictive modelling to identify their  
738 spatial distributions across the Mediterranean Sea. *Scientific Reports*, 4, 5073.  
739 doi:[10.1038/srep05073](https://doi.org/10.1038/srep05073)

740 Martin, S., & Gattuso, J.-P. (2009). Response of Mediterranean coralline algae to ocean  
741 acidification and elevated temperature. *Global Change Biology*, 15(8), 2089–2100.

742 Martin, S., Cohu, S., Vignot, C., Zimmerman, G., & Gattuso, J.-P. (2013). One-year  
743 experiment on the physiological response of the Mediterranean crustose coralline alga,  
744 *Lithophyllum cabiochae*, to elevated pCO<sub>2</sub> and temperature. *Ecology and Evolution*, 3(3),  
745 676–693. doi:[10.1002/ece3.475](https://doi.org/10.1002/ece3.475)

746 Norton, T. A. (1992). Dispersal by macroalgae. *British Phycological Journal*, 27(3), 293–301.  
747 doi:[10.1080/00071619200650271](https://doi.org/10.1080/00071619200650271)

748 Opazo, L. F., & Otaíza, R. D. (2007). Vertical distribution of spores of blade-forming  
749 *Sarcothalia crispata* (Gigartinaceae) and crustose corallines (Corallinaceae) in the water  
750 column. *Botanica Marina*, 50(2). doi:[10.1515/BOT.2007.011](https://doi.org/10.1515/BOT.2007.011)

751 Pairaud, I. L., Gatti, J., Bensoussan, N., Verney, R., & Garreau, P. (2011). Hydrology and  
752 circulation in a coastal area off Marseille: Validation of a nested 3D model with observations.  
753 *Journal of Marine Systems*, 88(1), 20–33. doi:[10.1016/j.jmarsys.2011.02.010](https://doi.org/10.1016/j.jmarsys.2011.02.010)

754 Paoli, C., Montefalcone, M., Morri, C., Vassallo, P., & Bianchi, C. N. (2016). Ecosystem  
755 Functions and Services of the Marine Animal Forests. In S. Rossi, L. Bramanti, A. Gori, & C.  
756 Orejas Saco del Valle (Eds.), *Marine Animal Forests* (pp. 1–42). Cham: Springer  
757 International Publishing. doi:[10.1007/978-3-319-17001-5\\_38-1](https://doi.org/10.1007/978-3-319-17001-5_38-1)

758 Paradis E., Claude J. & Strimmer K. 2004. APE: analyses of phylogenetics and evolution in R  
759 language. *Bioinformatics*. 20: 289-290.

760 Pardo C., Lopez L., Peña V., Hernández-Kantún J., Le Gall L., Bárbara I. & Barreiro R. 2014  
761 - A multilocus species delimitation reveals a striking number of species of coralline algae  
762 forming maerl in the OSPAR maritime area. *PLoS ONE* 9 (8) : e104073.

763 Pardo, C., Bárbara, I., Barreiro, R., & Peña, V. (2017). Insights into species diversity of  
764 associated crustose coralline algae ( Corallinophycidae, Rhodophyta ) with Atlantic European  
765 maerl beds using DNA barcoding. *Anales Del Jardín Botánico de Madrid*, 74(2), 059.

766 Peña V., De Clerck O., Afonso-Carrillo J., Ballesteros E., Bárbara I., Barreiro R. & Le Gall L.  
767 2015 - An integrative systematic approach to species diversity and distribution in the genus  
768 *Mesophyllum* (Corallinales, Rhodophyta) in Atlantic and Mediterranean Europe. *European*  
769 *Journal of Phycology* 50 (1) : 20–36.

770 Peña, V., Hernandez-Kantun, J. J., Adey, W. H., & Gall, L. L. (2018). Assessment of  
771 Coralline Species Diversity in the European Coasts Supported by Sequencing of Type  
772 Material: The Case Study of *Lithophyllum nitorum* (Corallinales, Rhodophyta). *Cryptogamie,*  
773 *Algologie*, 39(1), 123–137. doi:[10.7872/crya/v39.iss1.2018.123](https://doi.org/10.7872/crya/v39.iss1.2018.123)

774 Pezzolesi, L., Falace, A., Kaleb, S., Hernandez-Kantun, J. J., Cerrano, C., & Rindi, F. (2017).  
775 Genetic and morphological variation in an ecosystem engineer, *Lithophyllum byssoides*  
776 (Corallinales, Rhodophyta). *Journal of Phycology*, 53(1), 146–160. doi:[10.1111/jpy.12488](https://doi.org/10.1111/jpy.12488)

777 Pradal, M.-A., & Millet, B. (2013). Spatial Heterogeneity of Artificial Reefs Functioning  
778 according to Wind-Induced Lagrangian Circulation. *ISRN Oceanography*, 2013, 1–9.  
779 doi:[10.5402/2013/568487](https://doi.org/10.5402/2013/568487)

780 Quéré, G., & Nugues, M. M. (2015). Coralline algae disease reduces survival and settlement  
781 success of coral planulae in laboratory experiments. *Coral Reefs*, 34(3), 863–870.  
782 doi:[10.1007/s00338-015-1292-0](https://doi.org/10.1007/s00338-015-1292-0)

783 Revell, L. J. (2012) phytools: An R package for phylogenetic comparative biology (and other  
784 things). *Methods Ecol. Evol.* 3 217-223. doi:10.1111/j.2041-210X.2011.00169.x

785 Rindi, F., Peña, V., Le Gall L., Braga J. C., Falace A., Hernandez-Kantun, J. J., Pezzolesi, L.,  
786 Kaleb S. (2017). Evolutionary history and diversity of Mediterranean coralline algae: how  
787 much do we know?

788 August 2017, Conference: 11th International Phycological Congress. *Phycologia* 56(4)  
789 (Suppl.): 158-159

790 R Core Team (2017). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation  
791 for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.

792 Rodríguez-Prieto, C. (2016). Light and temperature requirements for survival, growth and  
793 reproduction of the crustose coralline *Lithophyllum stictaeforme* from the Mediterranean Sea.  
794 *Botanica Marina*, 59(2–3). doi:[10.1515/bot-2015-0070](https://doi.org/10.1515/bot-2015-0070)

795 Romero, G. Q., Gonçalves-Souza, T., Vieira, C., & Koricheva, J. (2015). Ecosystem  
796 engineering effects on species diversity across ecosystems: a meta-analysis: Ecosystem  
797 engineering effects across ecosystems. *Biological Reviews*, 90(3), 877–890.  
798 doi:[10.1111/brv.12138](https://doi.org/10.1111/brv.12138)

799 Rösler, A., Perfectti, F., Peña, V., & Braga, J. C. (2016). Phylogenetic relationships of  
800 corallinaceae (Corallinales, Rhodophyta): taxonomic implications for reef-building corallines.  
801 *Journal of Phycology*, 52(3), 412–431. doi:[10.1111/jpy.12404](https://doi.org/10.1111/jpy.12404)

802 Rousset, F. (2008). genepop'007: a complete re-implementation of the genepop software for  
803 Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources*, 8(1), 103–106. doi:[10.1111/j.1471-8286.2007.01931.x](https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01931.x)

804 Sambrook, J., Fritsch, E. F., & Maniatis, T. (1989). Molecular cloning: a laboratory manual.  
805 *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, (Ed. 2). Retrieved from  
806 <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/19901616061>

807 Sartoretto, S., Verlaque, M., & Laborel, J. (1996). Age of settlement and accumulation rate of  
808 submarine “coralligène”(- 10 to- 60 m) of the northwestern Mediterranean Sea; relation to  
809 Holocene rise in sea level. *Marine Geology*, 130(3–4), 317–331.

810 Saunders, G. W. (2005). Applying DNA barcoding to red macroalgae: a preliminary appraisal  
811 holds promise for future applications. *Philosophical Transactions of the Royal Society of  
812 London B: Biological Sciences*, 360(1462), 1879–1888. doi:[10.1098/rstb.2005.1719](https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1719)

813 Saunders, G. W., & Moore, T. E. (2013). Refinements for the amplification and sequencing of  
814 red algal DNA barcode and RedToL phylogenetic markers: a summary of current primers,  
815 profiles and strategies. *ALGAE*, 28(1), 31–43. doi:[10.4490/algae.2013.28.1.031](https://doi.org/10.4490/algae.2013.28.1.031)

816 Smit, A. F. A., Hubley, R. & Green, P. *RepeatMasker Open-4.0*. 2013-2015  
817 <<http://www.repeatmasker.org>>. unpublished data. Current Version: open-4.0.6 (RMLib:  
818 20160829 & Dfam: 2.0)

819 SPA/RAC (2017). Action Plan for the Conservation of the Coralligenous and Other  
820 Calcareous Bio-concretions in the Mediterranean Sea. UN Environment/MAP Athens. Greece  
821 2017. Retrieved from [http://www.rac-spa.org/sites/default/files/action\\_plans/pa\\_coral\\_en.pdf](http://www.rac-spa.org/sites/default/files/action_plans/pa_coral_en.pdf)

822 Spotorno-Oliveira, P., Figueiredo, M. A. O., & Tâmega, F. T. S. (2015). Coralline algae  
823 enhance the settlement of the vermetid gastropod *Dendropoma irregulare* (d'Orbigny, 1842)  
824 in the southwestern Atlantic. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 471,  
825 137–145. doi:[10.1016/j.jembe.2015.05.021](https://doi.org/10.1016/j.jembe.2015.05.021)

826 Tamura, K., Dudley, J., Nei, M., & Kumar, S. (2007). MEGA4: Molecular Evolutionary  
827 Genetics Analysis (MEGA) Software Version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24(8),  
828 1596–1599. doi:[10.1093/molbev/msm092](https://doi.org/10.1093/molbev/msm092)

829 Teagle, H., Hawkins, S. J., Moore, P. J., & Smale, D. A. (2017). The role of kelp species as  
830 biogenic habitat formers in coastal marine ecosystems. *Journal of Experimental Marine  
831 Biology and Ecology*, 492, 81–98. doi:[10.1016/j.jembe.2017.01.017](https://doi.org/10.1016/j.jembe.2017.01.017)

832 Thibaut, T., Bottin, L., Aurelle, D., Boudouresque, C.-F., Blanfuné, A., Verlaque, M., ...  
833 Millet, B. (2016). Connectivity of Populations of the Seaweed *Cystoseira amentacea* within

835 the Bay of Marseille (Mediterranean Sea): Genetic Structure and Hydrodynamic Connections.  
836 *Cryptogamie, Algologie*, 37(4), 233–255. doi:[10.7872/crya/v37.iss4.2016.233](https://doi.org/10.7872/crya/v37.iss4.2016.233)  
837 Thierry de Ville D 'Avray, L., Ami, D., Chenuil, A., David, R., Féral, J.-P. (submitted in  
838 *Marine Pollution Bulletin*). Application of the Ecosystem Service Concept to a Local-Scale:  
839 The Cases of Coralligenous Habitats in the North-Western Mediterranean Sea.  
840 Tsagkogeorga, G., Cahais, V., & Galtier, N. (2012). The Population Genomics of a Fast  
841 Evolver: High Levels of Diversity, Functional Constraint, and Molecular Adaptation in the  
842 Tunicate *Ciona intestinalis*. *Genome Biology and Evolution*, 4(8), 852–861.  
843 doi:[10.1093/gbe/evs054](https://doi.org/10.1093/gbe/evs054)  
844 Van der Auwera, G. A., Carneiro, M. O., Hartl, C., Poplin, R., del Angel, G., Levy-  
845 Moonshine, A., ... DePristo, M. A. (2013). From FastQ data to high confidence variant calls:  
846 the Genome Analysis Toolkit best practices pipeline. *Current Protocols in Bioinformatics /*  
847 *Editorial Board, Andreas D. Baxevanis ... [et Al.]*, 11(1110), 11.10.1-11.10.33.  
848 doi:[10.1002/0471250953.bi1110s43](https://doi.org/10.1002/0471250953.bi1110s43)  
849 Walsh, P. S., Metzger, D. A., & Higuchi, R. (1991). Chelex 100 as a medium for simple  
850 extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *BioTechniques*, 10(4), 506–  
851 513.  
852 Watt, C. A., & Scrosati, R. A. (2013). Bioengineer effects on understory species richness,  
853 diversity, and composition change along an environmental stress gradient: Experimental and  
854 mensurative evidence. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 123, 10–18.  
855 doi:[10.1016/j.ecss.2013.02.006](https://doi.org/10.1016/j.ecss.2013.02.006)  
856 Weersing, K., & Toonen, R. (2009). Population genetics, larval dispersal, and connectivity in  
857 marine systems. *Marine Ecology Progress Series*, 393, 1–12. doi:[10.3354/meps08287](https://doi.org/10.3354/meps08287)  
858 Whitham Thomas G., Young William P., Martinsen Gregory D., Gehring Catherine A.,  
859 Schweitzer Jennifer A., Shuster Stephen M., ... Kuske Cheryl R. (2003). Community and  
860 ecosystem genetics: a consequence of the extended phenotype. *Ecology*, 84(3), 559–573.  
861 doi:[10.1890/0012-9658\(2003\)084\[0559:CAEGAC\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1890/0012-9658(2003)084[0559:CAEGAC]2.0.CO;2)  
862 Yoon, H. S., Hackett, J. D., & Bhattacharya, D. (2002). A single origin of the peridinin-and  
863 fucoxanthin-containing plastids in dinoflagellates through tertiary endosymbiosis.  
864 *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99(18), 11724–11729.  
865  
866  
867  
868  
869  
870  
871  
872  
873  
874  
875  
876  
877

878 **Data statement**

879  
880 New sequences data generated for this project will be deposited in Genbank prior to  
881 publications. The raw data files from all the Illumina sequencing runs will be deposited at  
882 DataDryad prior to publication. Bioinformatics code for processing transcriptomics and  
883 capture sequencing data will be available on Github. Bioinformatics scripts for processing  
884 Miseq amplicon Sequencing are available in Github (<https://github.com/chaby/dana>).

885

886

887

888

889 **Author contributions**

890 AC, J-PF, RD and ADJ conceived the study.

891 ADJ, ZE, RD, AH, AEC, DG, SS, CR and MS produced the data.

892 ADJ and AC analyzed the data and wrote the paper.

893 ADJ, AEC, SS, LLG and AC contributed to manuscript editing and revisions.

894

895 **Tables**

896

897

*Table 1 Community diversity index for each locality. S: total number of species. N: total number of individuals. D: Margalef species richness index. J': Pielou evenness index. H': Shannon index, 1-Lambda': Simpson corrected for small samples. N1: Hill number of order one. N2: Hill number of order 2*

LOCALITY	S	N	D	J'	H'(LOGE)	1-LAMBDA'	N1	N2
BPT	3	25	0.6213	0.835	0.9174	0.57	2.503	2.208
CAS	5	67	0.9513	0.7326	1.179	0.592	3.252	2.399
CIR	5	69	0.9447	0.3603	0.5799	0.2835	1.786	1.388
COU	2	19	0.3396	0.9495	0.6581	0.4912	1.931	1.87
CSC	3	28	0.6002	0.6908	0.7589	0.455	2.136	1.782
CTF	2	37	0.2769	0.909	0.6301	0.4505	1.878	1.78
FTF	3	51	0.5087	0.2904	0.319	0.1498	1.376	1.172
LDM	3	34	0.5672	0.4039	0.4438	0.221	1.559	1.273
LPD	3	20	0.6676	0.865	0.9503	0.5895	2.586	2.273
MEJ	3	58	0.4926	0.6568	0.7216	0.4168	2.058	1.694
MOY	3	56	0.4969	0.3145	0.3456	0.1682	1.413	1.198
PLN	2	28	0.3001	0.8113	0.5623	0.3889	1.755	1.6
VPR	4	15	1.108	0.9665	1.34	0.781	3.818	3.689

898

899

*Table 2 Results of the different PERMANOVA designs. Details of the PERMANOVA tables are available in Supplementary Material V*

	DEPTH CATEGORY	SLOPE	ORIENTATION	RUGOSITY
<b>RANDOM LOCALITY FACTOR</b>	P(perm)=0.0001	P(perm)=0.0001	P(perm)=0.0001	P(perm)=0.0003
<b>FIXED ENVIRONMENTAL FACTOR</b>	P(perm)=0.2844	P(perm)=0.7645	P(perm)=0.7176	P(perm)=0.7969
<b>INTERACTION</b>	P(perm)=0.014	P(perm)=0.3684	P(perm)=0.3765	P(perm)=0.3407

900

901

902

903

904

905

906



Table 3 Results of the different PERMANCOVA designs. Details of the PERMANOVA tables are available in Supplementary Material V

	DEPTH	PAR
<b>RANDOM LOCALITY FACTOR</b>	P(perm)=0.0001	P(perm)=0.001
<b>NUMERICAL COVARIABLE</b>	P(perm)=0.0015	P(perm)=0.0019
<b>INTERACTION</b>	P(perm)=0.0582	P(perm)=0.0773

907

Table 4 Genetic diversity (expected heterozygosity) and  $F_{IS}$  of the CI species calculated in each population and each locality (in grey). Populations with a very low individual count (< 9) are colored in red. \*Significant results, \*\* highly significant results

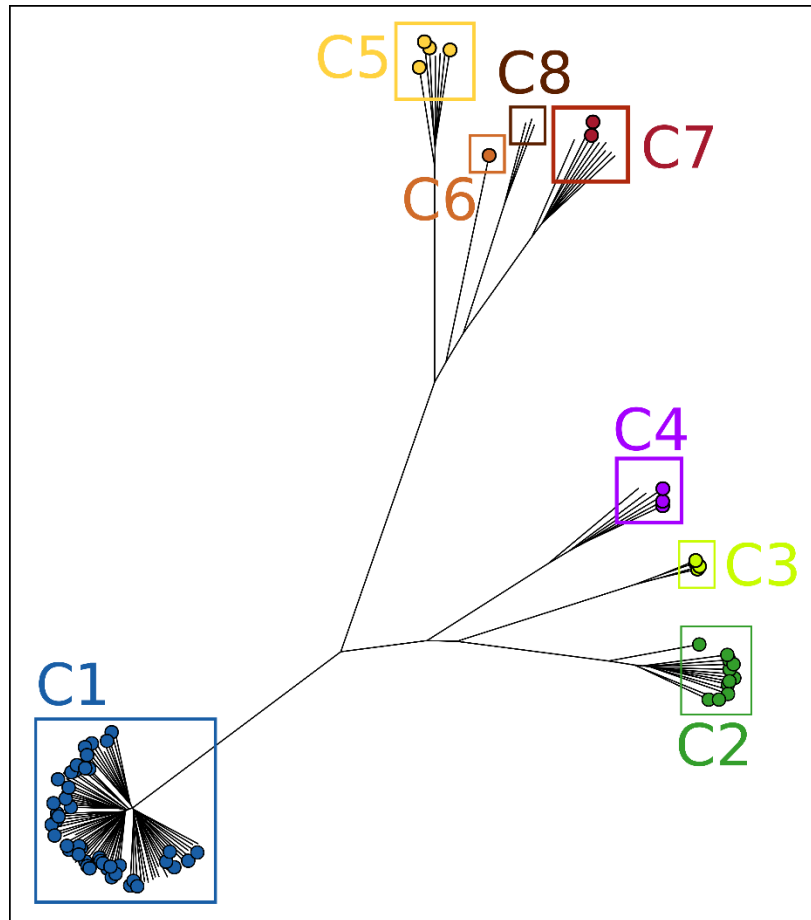
Pop	Number of individuals	Gene diversity	$F_{IS}$
CAS_D1	16	0.1267	0.0245**
CAS_D2	14	0.1226	-0.0096**
CAS	30	0.1249	0.0159**
COU	3	0.1112	-0.2431
FTF_D1	15	0.1172	0.1260**
FTF_D2	15	0.1204	0.0124**
FTF	30	0.1188	0.0696**
LPD	9	0.1090	-0.0477
RMO	3	0.1603	-0.1712

908

909

910

911



*Figure 1 Neighbour Joining tree based on euclidean distances between individual multiloci genotype obtained by capture sequencing (7068 SNPs). Individuals are colored according to their haplogroup determined using the *psbA* marker. Uncolored tips correspond to individuals with no barcoding sequence.*

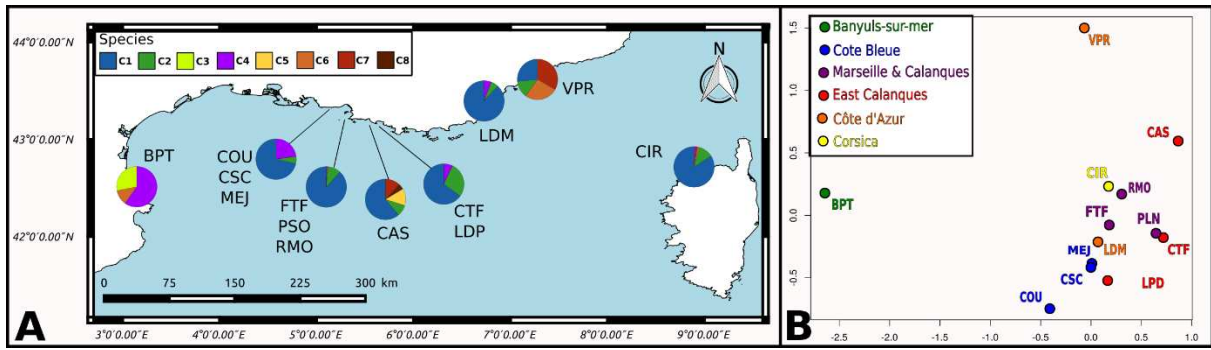


Figure 1 Distribution of the eight cryptic species along the French Mediterranean coastline. **A:** Map of the study area with pie chart representing the relative abundances of the cryptic species at the different localities. **B:** nMDS on Bray-Curtis distances between localities at large spatial scale: from Banyuls-sur-mer to Villefranche-sur-mer and including Corsica. Stress: 0.04

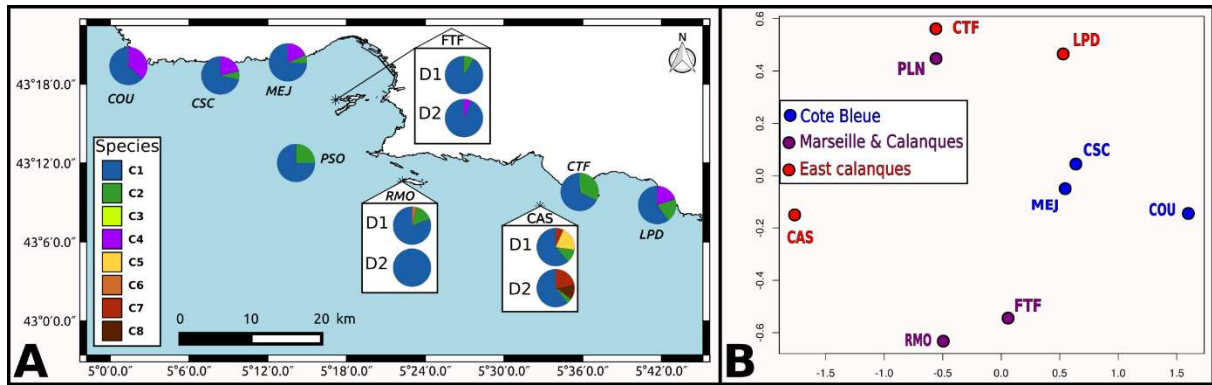


Figure 1 Distribution of the eight cryptic species around Marseille coastline. **A:** Map of the Marseille area with pie chart representing the relative abundances of the cryptic species at the different localities and different depth. D1: shallow depth category between 24 and 31 meters' depth. D2: deep depth category between 37-46 meters. **B:** nMDS on Bray-Curtis distances between localities at small spatial scale: from the COU locality to the LPD locality. Stress: 0.04

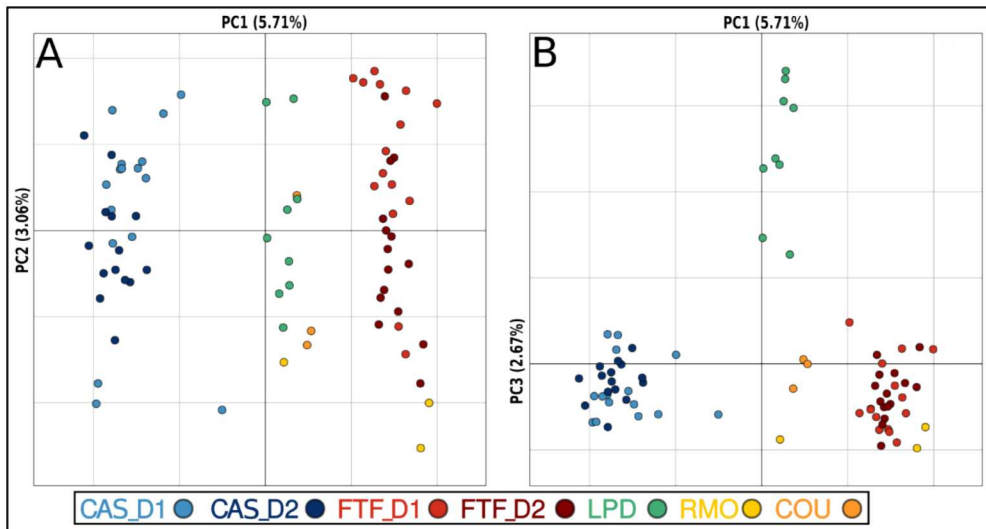


Figure 1 Principal Component Analysis (PCA) on the multilocus genotype for individuals of the C1 cryptic species. Individuals are colored according to their population, and D1 and D2 in species names correspond to depth categories. **A:** first and second axes are drawn. **B:** first and third axes are drawn.

# 3. Diversité génétique chez une espèce ingénieure du coralligène : *Lithophyllum stictiforme*

## 3.1. Introduction

Déterminer quels sont les facteurs environnementaux influençant la diversité et la structure génétique des populations naturelles et la contribution relative de ces différents facteurs constitue une question centrale en écologie et en évolution. L'avènement des nouvelles technologies de séquençage a permis de tenter de répondre à cette question, en permettant notamment le séquençage de nombreux marqueurs génétiques chez des espèces non modèles (DAVEY et al. 2011). La génomique du paysage utilise la composition et la configuration paysagère comme variables prédictrices des patrons de génomique des populations (CUSHMAN, STORFER et WAITS 2015). Lorsque les populations étudiées sont celles d'organismes marins on parle de génomique du paysage marin. En milieu marin, les courants constituent un facteur majeur influençant la structure génétique des populations (SELKOE, SCRIBNER et H. M. GALINDO 2015). En particulier pour les organismes sessiles pour lesquels la dispersion se produit par l'émission de propagules n'ayant pas la capacité de se déplacer contre les courants marins. Chez les animaux la phase de dispersion est principalement effectuée par les larves issues de la reproduction et chez les algues les propagules sont les spores issues de la méiose ou des fragments d'individus dérivants. De ce fait la capacité de dispersion de ces espèces est principalement déterminée par les caractéristiques des propagules (eg. temps de vie, comportement) et par les courants marins dans la zone d'émission des propagules (COWEN et SPONAUGLE 2009; WEERSING et TOONEN 2009). La configuration de l'habitat et les gradients environnementaux structurent aussi fortement les patrons de génomique des populations observés (RIGINOS et al. 2016). *Lithophyllum stictiforme* (Areschoug) Hauck 1877, est une algue rouge calcaire de la famille des *Corallinaceae* bioconstructrice majeure des habitats coralligènes dans la région de Marseille (Stephane SARTORETTO, VERLAQUE et Jacques LABOREL 1996). Les corallines calcaires présentent un cycle de vie trigénétique isomorphe (les tétrasporophytes et les gamétophytes ont la même morphologie) (JOHANSEN 1981) (Figure 3.1) avec un tétrasporophyte diploïde qui produit des spores par méiose, les spores se développant en deux types de gamétophytes haploïdes (un mâle et un femelle) produisant des gamètes par mitose. La fécondation a lieu dans le conceptacle du gamétophyte femelle, et

le carposporophyte issu de cette fécondation se développe dans le conceptacle du gamétophyte femelle. Le carposporophyte produit des spores par mitose qui vont disperser et se développer en tétrasporophyte. Notons que le tétrasporophyte peut aussi produire des spores diploïdes qui vont redonner un nouveau tétrasporophyte formant ainsi la partie asexuée de ce cycle de vie. La dispersion est donc principalement assurée par les deux types de spores et secondairement par les spermaties et est assez limitée (NORTON 1992 ; OPAZO et OTAÍZA 2007). Cette algue rouge est trouvée dans une gamme de profondeur allant de 18 à 50 mètres (VILLAS-BOAS et al. 2009) et expérimente donc des conditions de température et de luminosité assez variables ce qui nous a permis d'étudier comment la profondeur affecte les patrons de génomique des populations.

Dans ce chapitre, nous allons donc établir les patrons de génomique des populations de *Lithophyllum stictiforme*, le long de la côte Méditerranéenne française. Un échantillonnage plus important et pour des conditions environnementales (e.g. profondeur) plus variables est conduit dans la région de Marseille. Nous verrons ensuite que les patrons observés peuvent être expliqués en grande partie par notre connaissance des courants dans la zone. Enfin, nous étudierons l'adaptation locale de cette espèce à la profondeur en recherchant des loci "outliers" pour lesquels les fréquences alléliques sont corrélées avec la profondeur.

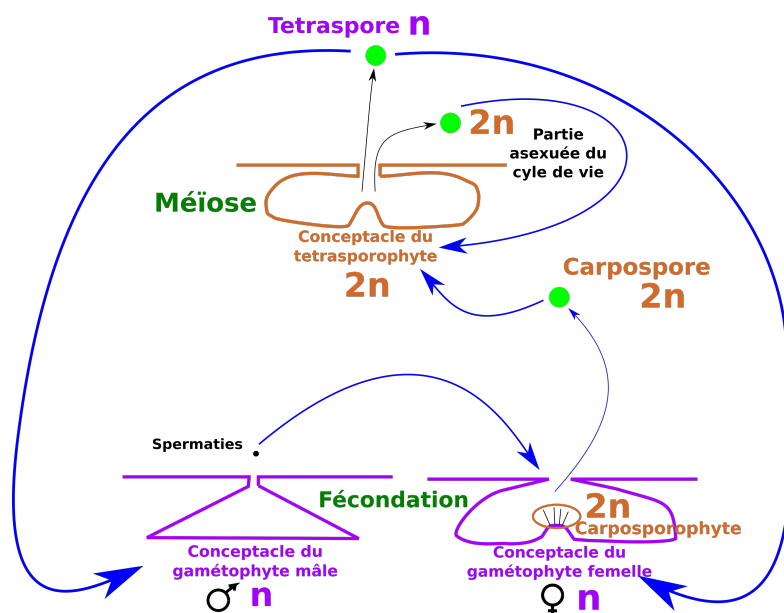


Figure 3.1. – Cycle de vie des corallines. Les niveaux de ploïdies sont indiqués en orange. Les flèches bleues correspondent aux phases mobiles du cycle de vie. Les gamétophytes mâles et femelles ainsi que le tétrasporophyte ont des morphologies similaires, on ne peut les distinguer que par l'étude de la morphologie des conceptacles.

## 3.2. Matériels et méthodes

### 3.2.1. Echantillonnage

Les échantillons sont prélevés en plongée selon le protocole CIGESMED : les individus sont prélevés le long d'un transect découpé en segments de 5 mètres de long et on laisse au moins un mètre entre deux individus prélevés (Figure .3 et chapitre 2). Pour chaque segment, différentes variables environnementales sont relevées : profondeur, pente, orientation, rugosité et peuplement majoritaire (section 0.6 et chapitre 2). Les échantillons sont collectés sur 10 localités le long des côtes Méditerranéennes françaises. Les algues sont ensuite séchées et préservées dans l'éthanol à 96 % à 4 °C ou dans du silicagel à température ambiante.

### 3.2.2. Biologie moléculaire et séquençage

Le protocole détaillé de la méthode d'extraction d'ADN est présenté dans l'annexe du chapitre 2 (sous-section C.3). Pour certains échantillons deux étapes de purification sur colonne ont été nécessaires. Le protocole de capture est le même que celui utilisé au chapitre 2 et le principe de la méthode est détaillé à la Figure .1.

### 3.2.3. Analyse bioinformatique

Les analyses bioinformatiques sont similaires à celles conduites dans le chapitre 2. Plusieurs étapes de JointGenotyping (dernière étape du pipeline de SNP calling qui prend en compte les informations de tous les individus pour déterminer les génotypes) ont été réalisées de façon variable selon le type d'analyses de génomique des populations réalisées par la suite. Pour distinguer les différentes espèces la première étape de JointGenotyping est réalisée sur l'ensemble des données. Pour les analyses de génomique des populations, seuls les individus appartenant à l'espèce C1 (*Lithophyllum stictiforme*) sont utilisés pour réaliser l'étape de JointGenotyping. Enfin, pour les analyses de recherche de locus sous sélection, l'étape de JointGenotyping est réalisée pour les individus provenant des localités où deux profondeurs ont été échantillonnées.

### 3.2.4. Détermination des espèces et structure neutre

A partir du jeu de données contenant tous les génotypes de tous les individus un arbre basé sur les distances euclidiennes multiloci est construit avec le méthode du neighbor joining à l'aide du package APE (PARADIS, CLAUDE et STRIMMER 2004) dans R (R CORE TEAM 2018). L'espèce de chaque individu est déterminée à partir de sa position dans l'arbre. A partir du jeu de données contenant



tous les génotypes de tous les individus de l'espèce C1 (*Lithophyllum stictiforme*), une analyse en composantes principales est réalisée à l'aide du package Adegenet (JOMBART 2008 ; JOMBART et AHMED 2011) dans R (R CORE TEAM 2018).

Les indices de différenciation ( $F_{IS}$  et  $F_{ST}$ ) et de diversité ( $H_e$ ) ont été calculés dans R avec le package genepop (ROUSSET 2008), de même que les tests de significativité.

L'inférence bayésienne de structure des populations est réalisée avec le programme fastSTRUCTURE (RAJ, STEPHENS et Jonathan K. PRITCHARD 2014). Cet algorithme permet de faire des inférences approximées pour les paramètres du modèle implémenté dans le programme STRUCTURE (Jonathan K PRITCHARD, STEPHENS et DONNELLY 2000). Pour un nombre de groupe génétique donné, ce programme va estimer la proportion du génome de chaque individu appartenant à chacun des groupes en minimisant l'écart à l'équilibre de Hardy-Weinberg et le déséquilibre de liaison entre loci au sein des groupes génétiques. Une différence majeure entre fastSTRUCTURE et STRUCTURE est que l'inférence de la distribution postérieure est basée sur l'utilisation de chaîne de Markov pour le programme STRUCTURE tandis que fastSTRUCTURE utilise une approche bayésienne variationnelle. Enfin, le nombre optimal de groupes génétiques est déterminé en utilisant la vraisemblance marginale du modèle : on conserve le nombre de groupes du modèle ayant la vraisemblance marginale la plus élevée.

L'analyse des flux de gènes entre les populations est effectuée avec le paramètre Nm (nombre de migrants par génération) (ALCALA, GOUDET et VUILLEUMIER 2014) de la fonction divMigrate (SUNDQVIST et al. 2016) du package diverSity (KEENAN et al. 2013) sous R. Brièvement, pour chaque paire de populations définies a priori, une population hypothétique ayant comme fréquences alléliques la moyenne géométrique normalisée des fréquences alléliques entre les deux populations est construite. La différenciation génétique entre chacune des deux (vraies) populations et la population hypothétique est calculée avec différents indices :  $F_{ST}$ ,  $G_{ST}$  ou D. La migration relative est ensuite estimée à partir de l'indice de différenciation sous l'hypothèse d'un modèle infini en île de Wright pour le  $F_{ST}$ , et le  $G_{ST}$  ou d'un modèle fini en île pour le D. Les valeurs de migration relative sont ensuite divisées par la valeur maximale pour obtenir des valeurs de migration relative directionnelle comprises entre 0 et 1. Pour tester l'asymétrie des flux de gènes une méthode de bootstrap avec 1000 itérations a été utilisée. Les réseaux présentés ont été produits avec la fonction qgraph dans R (EPSKAMP et al. 2012).

### 3.2.5. Fst outliers

Les analyses de détection de loci sous sélection sont réalisées sur le jeu de données contenant les génotypes multiloci des individus provenant de localités où deux profondeurs ont été échantillonnées : CAS, RMO, FTF et TSP.

Une première approche d'ordination appelée PCAdapt (LUU, BAZIN et BLUM

2016) a été utilisée. Cette méthode comporte deux étapes. La première étape consiste à réaliser une ACP (Analyse en composantes Principales) sur la matrice centrée et réduite des génotypes pour déterminer le nombre de composantes principales nécessaires permettant de représenter la structure génétique des populations. Dans la seconde étape, pour chaque SNP on fait une régression sur les composantes principales déterminées à l'étape précédente. Le test statistique pour détecter un SNP "outlier" est basé sur la distance de Mahalanobis qui permet de mesurer la distance entre un point et la moyenne dans le cas d'une approche multidimensionnelle. Moins la corrélation entre un SNP et les composantes principales choisies est forte plus il a de chance d'être un "outlier", car il ne reflète pas la structure génétique des populations. Dans notre étude nous avons conservé deux composantes principales pour tenir compte de la structure génétique neutre et un seuil de q-value de 1%. Ce qui signifie que parmi nos SNPs "outliers" moins de 1% sont des faux positifs. Dans une seconde approche, le programme BayeScenv (DE VILLEMEREUIL et GAGGIOTTI 2015) a été utilisé. Cette méthode basée sur le  $F_{ST}$  dans le cadre du F-modèle, identifie les loci pour lesquels il y a une relation entre la différenciation génétique et la différenciation environnementale. Brièvement, le F-modèle suppose que les différentes populations partagent un ensemble de migrants communs mais qu'elles peuvent varier par leur taille et leur taux d'immigration. La structure génétique est alors décrite par le  $F_{ST}$  entre chaque population et l'ensemble de migrants communs. La différenciation pour chaque locus est modélisée dans trois modèles différents : Un modèle neutre, qui correspond à l'hypothèse nulle, dans lequel la différenciation ne s'explique que par la démographie : immigration réduite, taille efficace plus faible ou structure spatiale. Un second modèle d'adaptation locale, dans lequel la différenciation pour un locus donné comporte un effet démographique et un effet environnemental dû à la population d'origine. Ce modèle permet de lier la différenciation génétique à la différenciation environnementale. Enfin le dernier modèle, explique la différenciation pour un locus donné par une composante démographique et une composante locus spécifique qui ne dépend que de la population d'origine. Dix runs indépendants ont été conduits avec les paramètres par défaut du programme. La convergence des chaînes de Markov a été évaluée à l'aide du package CODA (PLUMMER et al. 2006) dans R (R CORE TEAM 2018) en utilisant le test de Gelman et Rubins d'égalité des variances et les fonctions `gelman.plot` et `gelman.diag`. Les loci avec une q-value pour g (modèle incluant un effet dû à de l'adaptation locale) inférieure à 5 % sont conservés pour comparaison avec les loci obtenus par d'autres méthodes.

Dans une troisième approche, le programme Bayenv2 (GÜNTHER et COOP 2013) a été utilisé. Cette approche de génétique du paysage permet de détecter des loci dont les fréquences alléliques sont corrélées à une variable environnementale en tenant compte de la corrélation des fréquences alléliques entre les populations. Cette méthode bayésienne commence par une étape d'estimation de la covariance des fréquences alléliques entre les populations à partir des gé-

notypes. Une matrice de covariance génétique entre les populations prenant en compte tous les SNPs est ainsi calculée. Puis cette matrice est utilisée comme hypothèse nulle pour tester si un SNPs présente une corrélation significative avec une variable environnementale. Dix 10 runs indépendants du programme ont tourné. Les matrices de corrélations ont été comparées visuellement dans R (R CORE TEAM 2018) à l'aide de la fonction `image()`. Les SNPs avec un Bayes Factor supérieur à 10 sont conservés pour les comparaisons avec les autres méthodes.

Enfin, la dernière méthode utilisée est implémentée dans le package R `lfmm` (E. FRICHOT et al. 2013). Cette méthode détecte aussi des loci dont la fréquence est corrélée avec une variable environnementale en tenant compte de la structure génétique neutre mais utilise la méthode du maximum de vraisemblance. Cette méthode de modèle linéaire mixte recherche des loci ayant une corrélation avec des variables environnementales tout en estimant les effets de la structure génétique neutre à l'aide de facteurs latents. Le nombre de facteurs latents utilisés est déterminé en utilisant la décroissance des valeurs d'une ACP sur les génotypes. On utilise 2 facteurs latents en se basant sur l'ACP et la diminution des valeurs propres. L'estimation des paramètres a été faite avec deux méthodes différentes ridge et lasso. Les p-value obtenues sont converties en q-value à l'aide du package R `qvalue` (STOREY et TIBSHIRANI 2003). Les loci détectés avec une q-value inférieure à 25% sont conservés pour les analyses suivantes.

Le diagramme de Venn présentant les SNPs détectés communément par différentes méthodes est réalisé avec R (R CORE TEAM 2018) à l'aide du package `VennDiagram` (CHEN et BOUTROS 2011).

Pour chaque locus détecté par au moins une méthode, les fréquences alléliques dans les populations des deux profondeurs sont représentées de façon graphique.

### 3.3. Résultats

#### 3.3.1. Génotypage par Capture-séquençage, tri des espèces

Au total 480 librairies représentant 432 individus ont été construites. Le nombre moyen de paires de reads bruts obtenues par librairie est de 1 883 449 et varie de 1 023 à 6 143 408 avec un écart-type de 962 389 (Figure .19). Pour le jeu de données comprenant l'ensemble des individus, on obtient un total de 8564 SNPs pour 402 individus après toutes les étapes de filtration. Au total 268 individus sont assignés à l'espèce C1 (*Lithophyllum stictiforme*). Pour le jeu de données comprenant l'ensemble des individus de l'espèce C1, on obtient un total de 3360 SNPs pour 259 individus après toutes les étapes de filtration. Pour le jeu de données utilisé pour la recherche de locus sous sélection, on obtient un total de 3237 SNPs pour 170 individus après toutes les étapes de filtration.

### 3.3.2. Diversité et structure génétique

La diversité génétique (hétérozygotie attendue) varie entre les différentes populations de 0,908 dans la population de LPD à 0,1776 dans la population IRG. Seule la population de LDM a un  $F_{IS}$  significativement différent de zéro : -0,0048. Pour toutes les autres populations aucun écart à l'équilibre d'Hardy-Weinberg n'est détecté.

Population	Nombre d'individus	He	$F_{IS}$
CCAD1	15	0,1093	-0,0252
CCAD2	12	0,1036	-0,0362
CIB	8	0,1708	0,1082
COU	18	0,0950	-0,1292
FTFD1	8	0,1019	0,0289
FTFD2	15	0,1042	-0,0514
IRG	14	0,1776	0,0094
ISN	9	0,1733	0,0799
LDM	18	0,1302	-0,0048*
LPD	21	0,0908	-0,1418
RMOD1	26	0,1226	-0,0077
RMOD2	25	0,1180	-0,0260
TSPD1	24	0,0968	-0,1469
TSPD2	28	0,0944	-0,1718

Tableau 3.1. – Diversité génétique (He) et indice de fixation ( $F_{IS}$ ) au sein de chaque population. Les étoiles (\*) indique les déviations significatives à l'équilibre de Hardy-Weinberg

A l'échelle de la zone d'étude les populations de l'espèce C1 du genre *Lithophilum* se regroupent selon leur origine géographique : la Corse, Fréjus et Marseille (Figure 3.3). Sur l'ACP conduite uniquement sur les individus de la région de Marseille (Figure 3.5) on distingue trois groupes sur le premier axe (de gauche à droite) : les individus de la population FTF, puis ceux de RMO et ensuite les individus de toutes les autres populations. Le second axe sépare les populations de Cassidaigne (en bleu) des autres populations.

L'analyse de clustering bayésienne identifie 4 groupes permettant de représenter les données de façon optimale. Les individus de Corse d'une part et ceux de Fréjus (LDM) d'autre part forment deux groupes génétiques homogènes (Figure 3.6). Les génomes des individus de Marseille sont séparés entre deux groupes. Les génomes des individus des populations suivantes n'appartiennent qu'à un seul groupe génétique (en violet) : LPD, TSPD1, TSPD2, CCAD1, CCAD2. Les génomes des individus des populations RMOD1, RMOD2, FTFD1, FTFD2, et COU appartiennent à deux groupes génétiques différents (bleu et violet). Les indivi-

dus de RMOD1 et RMOD2 ayant la majorité de leur génome appartenant au groupe bleu, ceux de FTFD1 et FTFD2 ayant la majorité de leur génome appartenant au groupe violet et enfin les individus de COU ayant un génome presque entièrement assigné au groupe violet.

Le  $F_{ST}$  global sur l'ensemble des populations est de 0,2126. Les  $F_{ST}$  entre paires de populations sont tous significatifs sauf entre paires de populations de même localité mais de profondeurs différentes et entre la population RMOD1 et celles de FTFD1 et FTFD2. Les  $F_{ST}$  significatifs entre paires de populations varient de 0,0197 entre TSPD2 et LPD à 0,4598 entre CIB et TSPD2.

Dans l'analyse des flux de gènes entre les populations ([Figure 3.7](#)), on retrouve les deux groupes de populations identifiés sur l'ACP et dans l'analyse de clustering bayésienne : les populations de RMO et FTF forment un groupe relativement isolé de celui formé par les autres populations. Au sein de chacun de ces deux groupes, les populations des différentes profondeurs et de même localité sont situées proches l'une de l'autre. Les flux de gènes varient fortement entre populations du nombre maximal de migrants par génération de la population TSPD2 vers la population TSPD1 à 7,8% de ce nombre maximal de migrants par génération de la population RMOD2 vers la population LPD.

L'analyse directionnelle des flux de gènes montre que les populations de LPD, TSP et de COU ont un flux de gènes net négatif alors que les populations comme RMO et CCA ont un flux de gènes net positif. Les flux de gènes entre populations de même localité situées à des profondeurs différentes ne sont asymétriques pour aucune des quatre localités.

Pop	CCAD1	CCAD2	CIB	COU	FTFD1	FTFD2	IRG	ISN	LDM	LPD	RMOD1	RMOD2	TSPD1
CCAD2	0,0074												
CIB	0,4013*	0,4042*											
COU	0,0453*	0,0537*	0,4427*										
FTFD1	0,0416	0,0524*	0,4211*	0,0392*									
FTFD2	0,0443*	0,0518*	0,4194*	0,0331*	0,0103								
IRG	0,3605*	0,3618*	0,0645*	0,3981*	0,3782*	0,3777*							
ISN	0,3784*	0,3823*	0,0593*	0,4208*	0,3988*	0,3992*	0,0282						
LDM	0,3341*	0,3383*	0,3094*	0,3703*	0,3635*	0,3604*	0,2866*	0,3014*					
LPD	0,0368*	0,0547*	0,4553*	0,0418*	0,0360*	0,0345*	0,4077*	0,4332*	0,3845*				
RMOD1	0,0596*	0,0682*	0,4060*	0,0493*	0,0227	0,0256	0,3721*	0,3851*	0,3506*	0,0563*			
RMOD2	0,0814*	0,0859*	0,4161*	0,0656*	0,0372*	0,0382*	0,3819*	0,3966*	0,3643*	0,0754*	0,0078		
TSPD1	0,0367*	0,0481*	0,4523*	0,0337*	0,0501*	0,0439*	0,4084*	0,4316*	0,3753*	0,0225*	0,0622*	0,0826*	
TSPD2	0,0405*	0,0486*	0,4598*	0,0319*	0,0497*	0,0403*	0,4153*	0,4393*	0,3804*	0,0197*	0,0623*	0,0821*	0,0084

Tableau 3.2. –  $F_{ST}$  entre paires de populations. Les \* indiquent les valeurs significatives (p-value < 0,001). Les cases comprenant des  $F_{ST}$  entre populations de la même localité mais de profondeurs différentes sont coloriées en bleu. Les cases contenant des valeurs de  $F_{ST}$  non significatives entre des populations de localités différentes sont coloriées en vert.

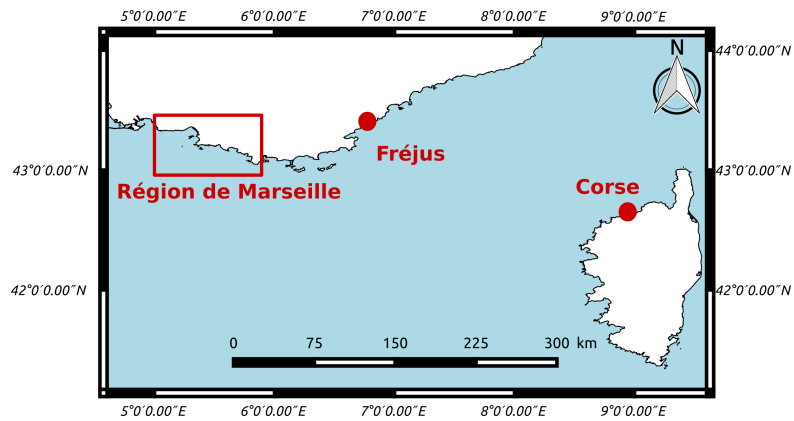


Figure 3.2. – Carte représentant les populations de *Lithophyllum stictiforme* échantillonnées le long des côtes méditerranéenne françaises.

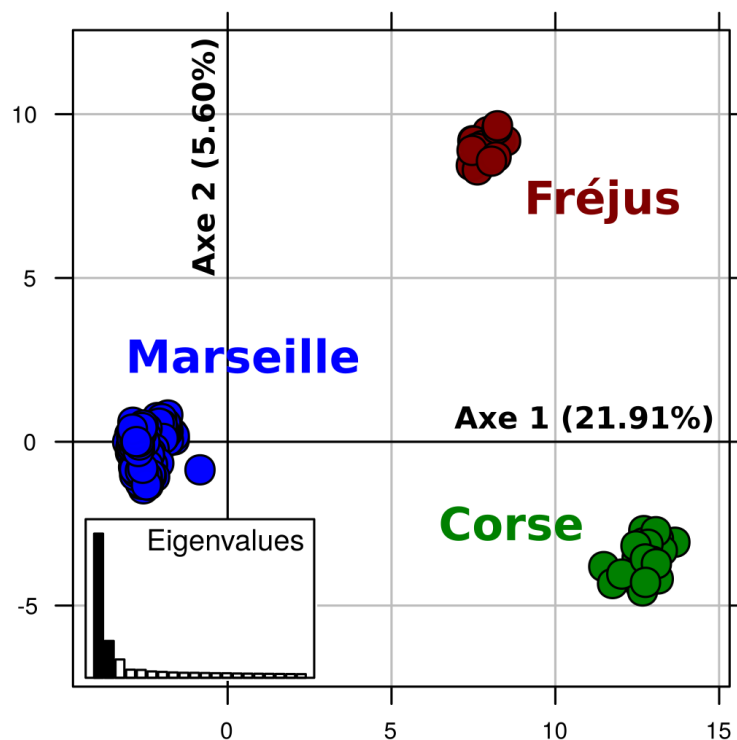


Figure 3.3. – Analyse en Composantes Principales sur les génotypes des individus de l'espèce C1 échantillonnés le long de la côte Méditerranéenne française

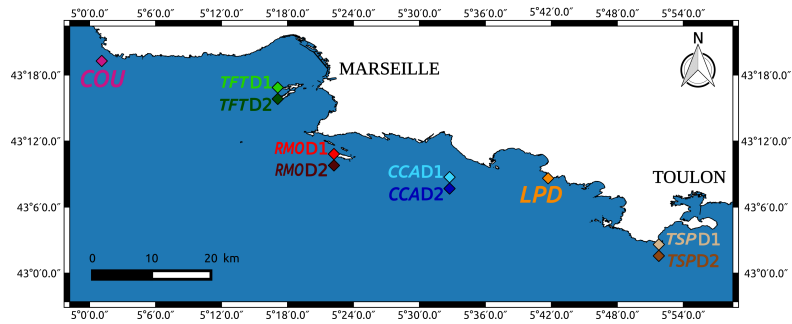


Figure 3.4. – Carte représentant les populations de *Lithophyllum stictiforme* échantillonnées dans la région de Marseille. D1 : entre 28 et 32 mètres de profondeur, D2 : 42 mètres de profondeur.

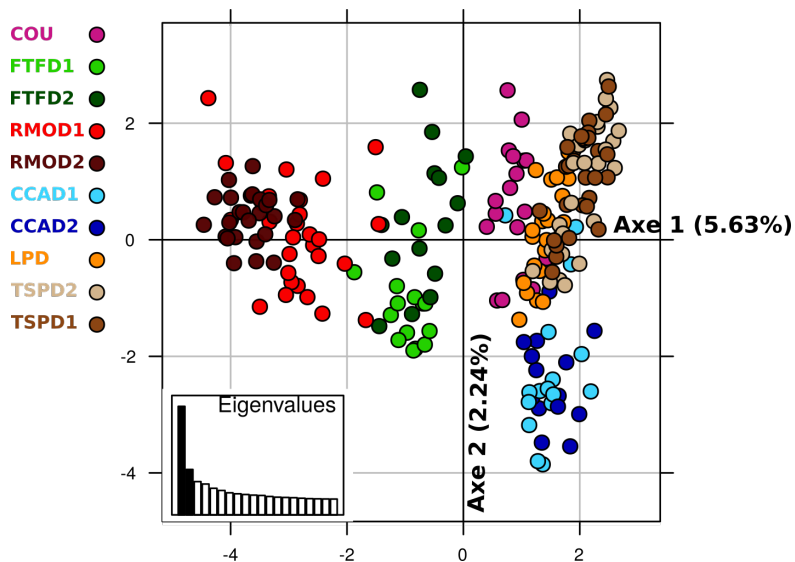


Figure 3.5. – Analyse en Composantes Principales sur les génotypes des individus de l'espèce C1 échantillonnés dans la région de Marseille.



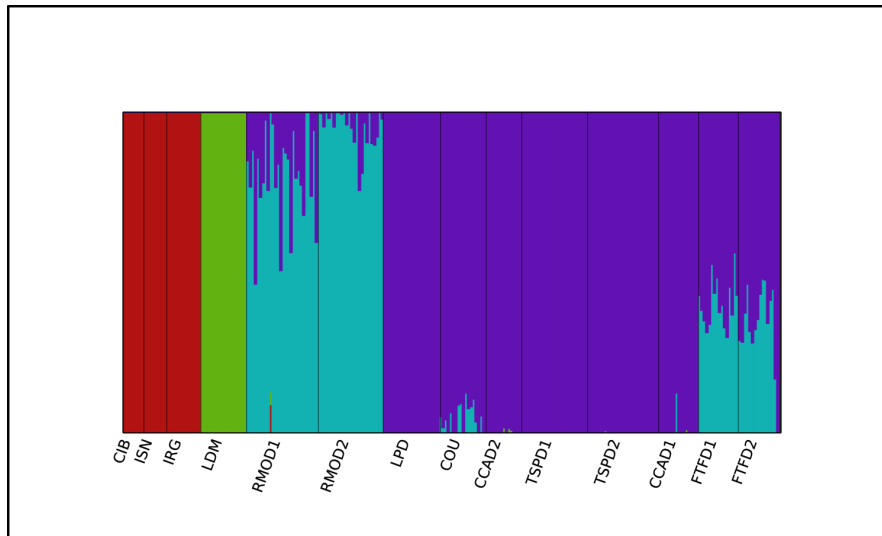


Figure 3.6. – Diagramme en barres représentant les proportions des génomes de chaque individu appartenant à différents groupes génétiques.

### 3.3.3. Détection de l'adaptation locale

Avec le programme PCAdapt, 50 loci outliers sont détectés avec le seuil de  $q$ -value de 1%. Avec le programme BayeScenv, 17 loci sont détectés sur l'ensemble des 10 runs. Avec le programme Bayenv2, 43 loci dont les fréquences alléliques sont corrélées avec la profondeur ont été détectés sur l'ensemble des 10 runs. Avec le programme LFMM, les 3 mêmes loci dont les fréquences alléliques sont corrélées avec la profondeur ont été détectés en utilisant les méthodes ridge et lasso avec un FDR de 25%. 11 SNPs ont été détectés parallèlement par PCAdapt et BayeScenv, 2 SNPs ont été détectés parallèlement par PCAdapt et Bayenv2 et 1 SNP a été détecté parallèlement par LFMM et Bayenv2 (Figure 3.9).

Huit loci détectés par Bayenv2 présentent le patron de fréquence allélique suivant : un des allèles est trouvé en fréquence supérieure dans la population la plus profonde (environ 40 mètres) par rapport à la population la moins profonde (environ 30 mètres) et ce pour toutes les localités (Figure 3.10).

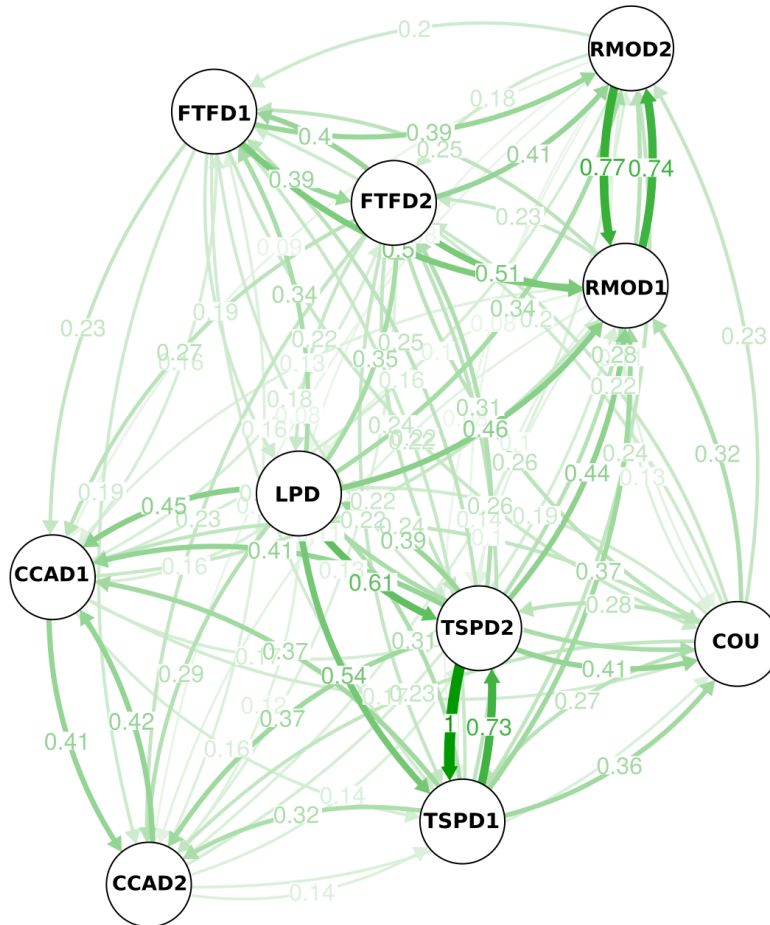


Figure 3.7. – Représentation des flux de gènes entre les populations sous forme de réseaux. Chaque population constitue un nœud, et est potentiellement connectée à toutes les autres par deux connexions. Ces connexions sont symbolisées par des flèches arrivant ou sortant des populations. La longueur, l'opacité, et l'épaisseur des flèches représentent l'intensité du flux de gènes. Plus des populations sont proches sur le réseau plus les flux de gènes entre elles sont importants.

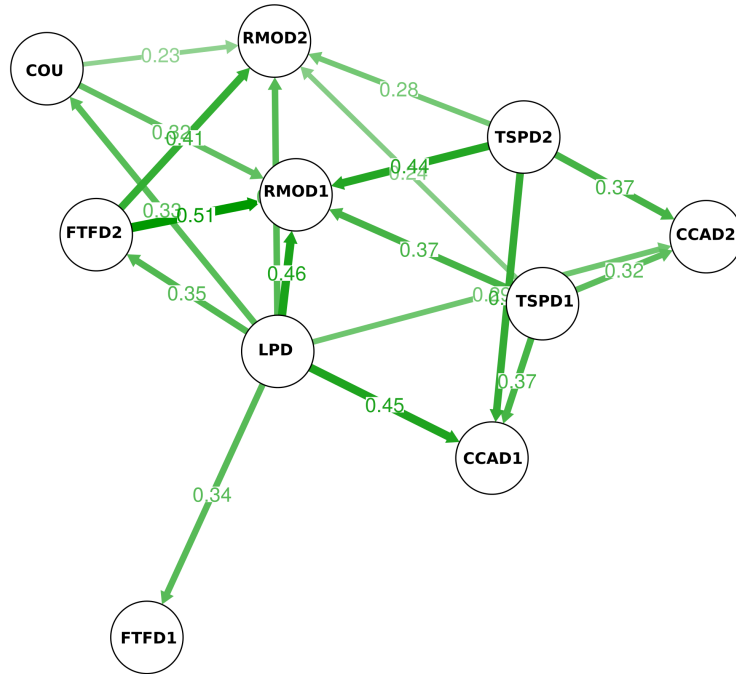


Figure 3.8. – Représentation des flux de gènes asymétriques sous forme de réseaux. Seuls les flux de gènes significativement asymétriques entre paires de populations sont représentés.

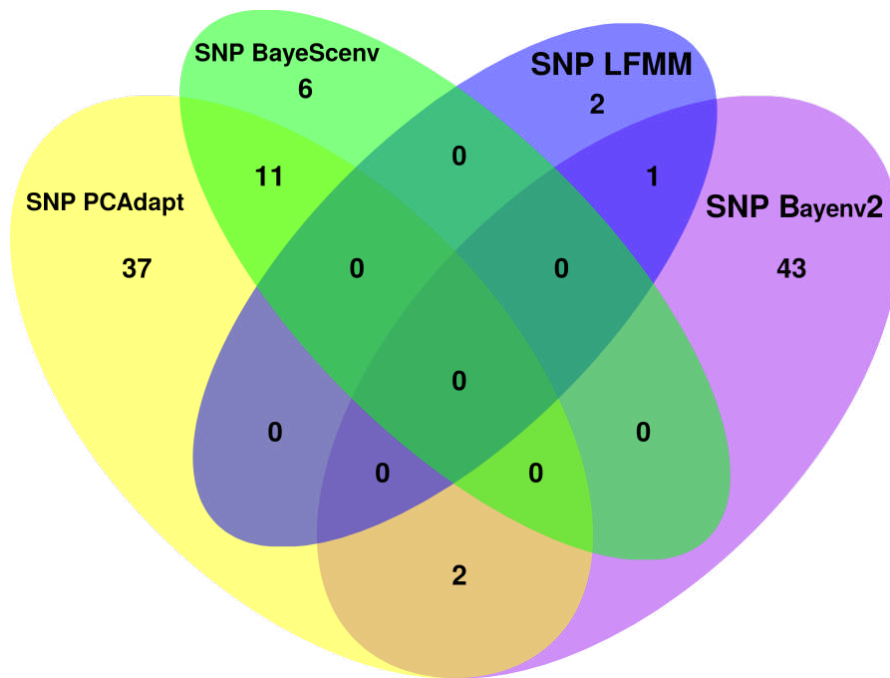


Figure 3.9. – Diagramme de Venn représentant le nombre de SNPs détectés communément par les différentes méthodes utilisées.

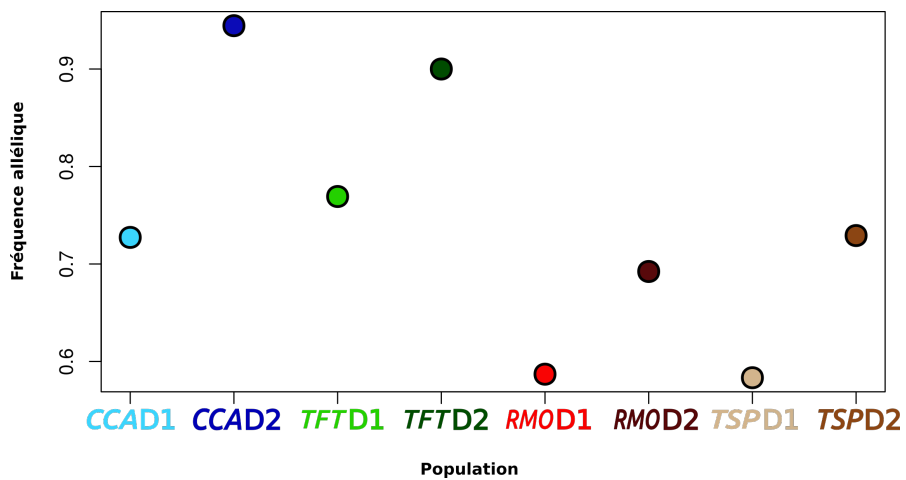


Figure 3.10. – Fréquences alléliques dans les populations de différentes profondeurs pour un des loci détectés par Bayenv2.

## 3.4. Discussion

### 3.4.1. Diversité génétique neutre

Les populations de Corse ont une diversité génétique plus élevée que toutes les autres populations situées dans les eaux continentales. Or, le statut insulaire de la Corse constitue un facteur d'isolement qui conduit à une réduction de connectivité physique qui a pour effet de réduire la diversité locale. La plus faible densité de population humaine a un effet sur la pression anthropique qui est moins forte en Corse que sur les côtes continentales, les populations de Corse sont donc moins soumises aux perturbations que les autres populations de cette étude. Le niveau de pression subi par les populations impactant négativement la diversité génétique (ROSSBERG et al. 2017) notamment par une diminution de la taille efficace, le statut insulaire de la Corse a donc un effet bénéfique sur la diversité génétique des populations de *Lithophyllum stictiforme* qui semble surpasser l'effet d'isolement. La population de Fréjus (LDM) présente la seconde plus forte diversité génétique de notre étude. Cette population est située près d'une petite île éloignée d'environ 600 mètres de la côte dans une région moins peuplée et présentant des activités maritimes moins importantes que la région marseillaise. On peut donc supposer que la forte diversité génétique observée est le résultat d'un niveau de pression moins élevé comparé aux populations marseillaises. Dans la région de Marseille on peut classer les populations par diversités génétiques croissantes : LPD - TSPD1, TSPD2, COU - CCAD1, CCAD2, FTFD1, FTFD2 - RMOD1 et RMOD2. Ce classement est en accord avec les niveaux de pression décrits par Sartoretto *et al.* (2017) pour ces sites, excepté pour le site de Cassidaigne (CCA) qui n'est pas présent dans cette étude (test de rang de wilcoxon, p-value=0,03). La diversité génétique au sein des populations de *Lithophyllum stictiforme* pourrait être utilisée comme indicateur du niveau de pression subie par les habitats coralligènes.

### 3.4.2. Structure génétique neutre

La structure génétique observée chez *Lithophyllum stictiforme* résulte en partie d'une restriction des flux de gènes entre les populations échantillonnées. Cette diminution peut être due : (i) à un faible taux de migration des individus entre les différentes populations et/ou (ii) à des taux de recrutement et de croissance plus faibles dans les localités d'arrivée. Le taux de migration entre les différentes populations échantillonnées est principalement déterminé par deux facteurs : les capacités dispersives des propagules et les courants marins dans notre zone d'étude (COWEN et SPONAUGLE 2009 ; WEERSING et TOONEN 2009). Chez les corallines encroûtantes les propagules (spores et spermaties) ont une capacité de dispersion assez faible et dans la plupart des cas ces dernières vont se développer dans une zone située proche de leur zone d'émission (NORTON 1992 ; OPAZO

et OTAÍZA 2007). Cela contribuerait à expliquer la forte structure génétique observée à grande et à petite échelle chez *Lithophyllum stictiforme*. Dans la région de Marseille, la différenciation est significative entre toutes les populations situées dans des localités différentes sauf entre l'Archipel de Riou (RMO) et celui du Frioul (FTF). Les différentes analyses (Figure 3.5, Figure 3.6, Figure 3.7) montrent qu'on peut classer les populations dans deux groupes différents : un premier groupe contenant les populations du Frioul (FTFD1 et FTFD2) ainsi que celles de Moyade (RMOD1 et RMOD2) et un second groupe contenant les autres populations, notamment la population de Couronne (COU) située à l'extrême ouest de la zone d'étude. La différenciation entre la population COU et les populations de FTF et de RMO a été observée chez neuf espèces animales (CAHILL, DE JODE et al. 2017) et chez l'algue brune *Cystoseira amantacea* (THIBAUT et al. 2016) et peut être expliquée par les courants dominants dans cette zone d'étude. En effet, la courantologie dans cette zone est fortement déterminée par le régime de vents, notamment par deux vents dominants : le vent de Nord Nord-Ouest (le Mistral) et le vent de Sud Sud-Est. Sous ces deux régimes de vents on a une connectivité physique limitée entre les populations de COU et celles de FTF et RMO Figure 3.11 (PRADAL et MILLET 2013 ; FRAYSSE 2014). En revanche, la proximité entre la population de la Côte Bleue (COU) et celles de TSP et LPD qui suggère des flux de gènes importants entre ces populations semble contre intuitive. Une étude de courantologie physique plus détaillée est en cours et nous permettra de déterminer de façon quantitative l'intensité des corrélations entre connectivité génétique et connectivité physique pour savoir si la courantologie est bien le facteur prépondérant expliquant le structure génétique observée ou si d'autres facteurs historiques comme des effets de fondations successifs, doivent être pris en compte. L'analyse de l'asymétrie des flux de gènes montre que les localités de Moyade (RMO) et de Cassidaigne (CCA) se comportent plutôt comme des populations puits (ayant un taux d'immigration supérieur au taux d'émigration) tandis que les populations des Lecques (LPD) et de Toulon (TSP) se comportent comme des populations sources (ayant un taux d'émigration supérieur au taux d'immigration). Cela participerait à expliquer les différences de diversité génétique entre ces deux types de populations : les puits recevant de nombreux allèles des autres populations présentent une forte diversité génétique tandis que les sources émettant de nombreux allèles et en recevant peu présentent une diversité génétique plus faible. Cependant, ce patron peut aussi être produit des événements démographiques comme des effets de fondation. En effet, si la localité de Moyade (RMO) constitue une population source à partir de laquelle lors d'événements de migrations rares quelques migrants ont colonisé les autres populations la diversité dans la localité de Moyade sera plus élevée que dans les autres localités par effet de fondation. L'analyse courantologique plus pointue nous permettra de trancher entre ces deux hypothèses.

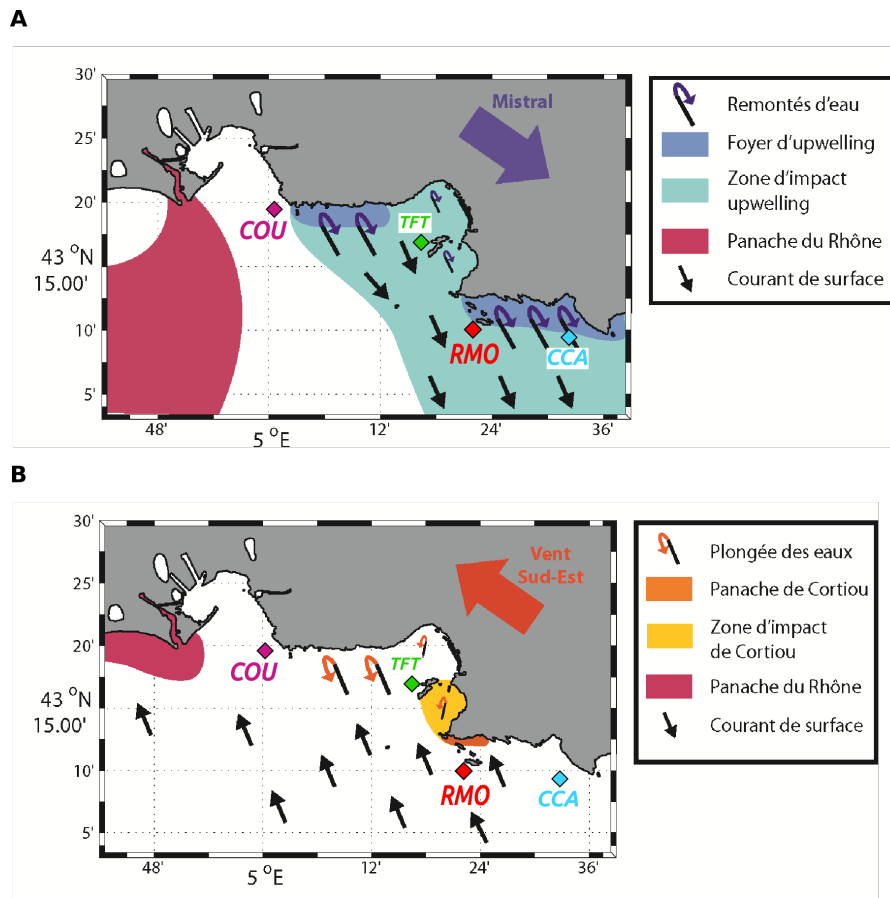


Figure 3.11. – Courants dans la baie de Marseille sous les deux régimes de vents dominants. A Régime de vents de Nord Nord-Ouest. B Régime de vent de Sud Sud-Est. Adapté depuis Fraysse 2014.

### 3.4.3. Adaptation locale

Les méthodes de détection de loci potentiellement sous sélection, identifient aussi des loci dits "faux positifs" (HOBAN et al. 2016). Les méthodes basées sur la différenciation génétique supposant un modèle de structure génétique en île produisent un nombre important de faux positifs lorsque la structure génétique observée résulte de processus différents comme l'isolement par la distance ou une expansion de population (DE VILLEMEREUIL, É. FRICHOT et al. 2014; LOTTERHOS et M. C. WHITLOCK 2014). Notons que dans cette étude nous avons utilisé BayScenv qui est moins sensible à ce type d'écarts que les précédentes méthodes (DE VILLEMEREUIL et GAGGIOTTI 2015). Pour *Lithophyllum stictiforme*, la structure génétique observée semble être en lien avec les courants marins dans la zone d'étude. Le F-modèle utilisé dans BayeScenv suppose que les populations partagent un pool de migrants communs mais qu'elles peuvent échanger des nombres de migrants différents avec ce pool et avoir des tailles efficaces différentes. Si une partie de la structure génétique neutre résulte de phénomènes d'expansion de populations ou de scénarii plus complexes alors ce type de méthode risque de produire des faux positifs. On pourrait essayer d'évaluer cela en testant si nos données présentent de l'isolement par la distance ou des traces d'expansion de population. Les méthodes basées sur les corrélations entre la fréquence allélique et une variable environnementale (dans cette étude Bayenv2 et LFMM) sont sensibles au phénomène d'auto-corrélation spatiale : des processus neutres peuvent générer des corrélations entre les fréquences alléliques et une variable environnementale ressemblant à celles produites par des processus d'adaptation locale (HOBAN et al. 2016). Par exemple, à la fin d'une période glaciaire la recolonisation depuis les zones refuges va générer une corrélation entre la fréquence de certains allèles neutres et l'altitude du fait de l'expansion démographique. L'auto-corrélation spatiale peut notamment apparaître lorsque la dispersion est limitée, ce qui est le cas pour *Lithophyllum stictiforme*. On pourrait avoir ce phénomène au sein des localités entre les profondeurs échantillonnées (même si cela semble peu probable car dans notre étude nous n'avons pas trouvé de différenciation génétique significative entre les populations situées à des profondeurs différentes sur une même localité), mais il nous faudrait plus de populations échantillonnées le long d'un gradient vertical pour pouvoir tester cela. Une autre source de faux positifs est l'introgression d'allèles provenant d'autres espèces dans les zones hybrides (FRAÏSSE et al. 2016). *Lithophyllum stictiforme* et ces espèces cryptiques soeurs ne semblent pas pouvoir s'hybrider (voir chapitre 2) ce qui exclut ce type de faux positifs.

En gardant ces écueils à l'esprit, certains loci détectés dans cette étude constituent des candidats sérieux pour des études plus approfondies : les loci détectés par plusieurs méthodes, ainsi que les loci pour lesquels un allèle est trouvé en fréquence supérieure à l'autre à une profondeur donnée (D1 ou D2) et ce dans les quatre populations. De nombreux paramètres biotiques et abiotiques varient



avec la profondeur, notamment la quantité, la qualité de la lumière et la température. La lumière et la température sont deux facteurs majeurs conditionnant la survie, la croissance et la reproduction chez *Lithohyllum stictiforme* (RODRÍGUEZ-PRIETO 2016). Dans notre étude les populations ont été échantillonnées à 30 et 40 mètres de profondeur, or les différences de température entre ces deux profondeurs ne sont pas très marquées car la thermocline est généralement située autour de 20 mètres de profondeur (HARMELIN, JEAN-GEORGES 2004; HAGUE-NAUER et al. 2013). En revanche, la luminosité est fortement dépendante de la profondeur. Les différentes conditions de luminosité entre populations constituent une pression de sélection qui peut aboutir à la sélection d'allèles permettant d'optimiser la photosynthèse dans les conditions de luminosité rencontrées.

Certains loci détectés constituent donc des candidats intéressants pour des études ultérieures. Cependant, il se peut aussi que des loci impliqués dans l'adaptation locale n'aient pas été détectés par notre protocole. Tout d'abord notre approche de génotypage par capture séquençage présente l'avantage de cibler des marqueurs dans des parties codantes du génome. Cependant, elle est très dépendante du transcriptome de référence construit pour concevoir les sondes. En effet, cette approche nous permet de capturer uniquement les gènes exprimés au moment de l'extraction d'ARN et ne permet pas de séquencer les séquences régulatrices de l'expression qui peuvent être la cible de la sélection. En outre, les différents niveaux d'expression des gènes et le pipeline bio-informatique utilisé (e.g. étape d'assemblage, détection des ORFs) vont aussi déterminer les loci génotypés. Les méthodes de détection de loci sous sélection utilisées sont performantes pour détecter des loci ayant un fort effet sur ce trait (DE VILLEMEREUIL, É. FRICHOT et al. 2014). Si le trait sous sélection a une architecture polygénique avec de nombreux loci à effet faible, la capacité de détection des loci sous sélection par les méthodes utilisées dans cette étude est limitée (GAGNAIRE et GAGGIOTTI 2016). Un autre point clé pour réussir à détecter l'adaptation locale est la caractérisation précise du paysage sous-marin (RIGINOS et al. 2016). Dans notre étude, nous avons relevé la profondeur et des données topographiques pour caractériser l'environnement abiotique. Nous avons utilisé la profondeur dans les méthodes incluant une variable environnementale pour la détection de la sélection. Cependant, la profondeur n'est pas l'unique variable déterminant le luminosité sur un site donné, et une mesure directe de la luminosité permettrait d'améliorer notre résolution. Pour cela, une des pistes est de créer une variable composite incluant l'exposition, la pente et la profondeur qui rendrait mieux compte de la différence de luminosité entre les populations.

#### **3.4.4. Perspectives**

Dans notre étude nous avons utilisé uniquement la profondeur comme facteur environnemental, il serait intéressant d'essayer de détecter des loci dont les fréquences alléliques sont liées aux autres facteurs comme la pente ou l'exposition

ou d'utiliser des modèles capables d'incorporer plusieurs variables environnementales simultanément.

On pourrait aussi rajouter les deux populations non utilisées (car n'ayant pas de population située à une profondeur plus importante à la même localité) à notre jeu de données, détecter des outliers avec des approches ne prenant pas en compte de variable environnementale et regarder la corrélations entre fréquences alléliques et variables environnementale pour les loci détectés à posteriori. La comparaison des outliers détectés chez l'espèce la plus abondante et les autres espèces cryptiques permettraient de voir si certains des loci détectés sont communs ce qui renforcerait leur statut de loci impliqués dans l'adaptation locale.

La recherche de gènes sous sélection peut aussi s'effectuer dans nos données de transcriptomiques en récupérant des contigs avec un excès de substitutions non synonymes entre les espèces cryptiques.

# 4. Corrélations entre les différents niveaux de biodiversité

## 4.1. Introduction

Il existe de nombreux indices permettant de mesurer la diversité d'un ensemble et ils ont été développés dans des domaines aussi variés que l'écologie, l'économie, la physique ou les sciences sociales. Comment mesurer la diversité spécifique d'une communauté ou génétique d'une population d'une façon juste et comparable est une question centrale dans le domaine de la biodiversité. De très nombreux indices ont été développés au cours du temps notamment en écologie et on peut noter parmi les plus populaires l'entropie de Shannon, et l'indice de Gini-Simpson et en génétique l'hétérozygotie. Les nombres de Hill (développés par Hill en 1973), et remis au goût du jour par Jost en 2006 constituent un groupe de mesures recommandées pour partitionner la diversité en ses différentes composantes (ELLISON 2010). Ces nombres dont la formule est donnée par l'Équation 4.1 possèdent de nombreuses propriétés qui en font de vraies mesures de diversité (CHAO, CHIU et JOST 2014), tandis que les autres mesures citées plus haut sont des mesures d'entropie (incertitude sur l'identité d'espèce ou d'allèle d'un organisme ou d'un marqueur tiré au hasard dans la communauté ou la population). Une des propriétés les plus importantes des nombres de Hill est celle dite du principe de réplification : soit  $N$  communautés d'espèces de même diversité n'ayant aucune espèce en commun, alors la diversité d'une communauté contenant la réunion des  $N$  communautés est égale à  $N$  fois la diversité d'une des communautés prise séparément. L'unité des nombres de Hill est un nombre d'objet équivalent ou efficace. Si on se place dans une communauté d'espèces, les nombres de Hill désignent alors un nombre effectif d'espèces, ce qui correspond au nombre d'espèces equi-abondantes présentes dans une communauté hypothétique donnant la même mesure de diversité. L'ordre du nombre de Hill ( $q$  dans Équation 4.1) indique la sensibilité de la mesure aux abondances relatives des espèces. On peut interpréter les choses de la façon suivante (CHAO, CHIU et JOST 2014) : Pour  $q=0$ , l'abondance relative des espèces n'est pas prise en compte et le nombre de Hill d'ordre zéro est égal à la richesse spécifique. Pour  $q=1$ , les espèces sont pondérées par leurs fréquences relatives, le nombre de Hill d'ordre 1, correspond au nombre effectif d'espèces typiques. Pour  $q=2$ , les espèces abondantes ont plus de poids que les espèces rares, le nombre de Hill d'ordre 2 correspond au nombre effectif d'espèces dominantes. Plus généralement, plus  $q$  est grand plus les espèces abondantes contribuent à la mesure de la diversité. Les profils représentant la diversité (en utilisant les nombres de Hill) en fonction de l'ordre, renseignent sur le degré de dominance dans l'assemblage

et permettent de synthétiser de façon précise la diversité (SHERWIN et al. 2017).

$${}^qD \equiv \left( \sum_{i=1}^S p_i^q \right)^{\frac{1}{1-q}} \quad (4.1)$$

Pour  $q=0$

$${}^0D = S$$

Pour  $q=1$

$${}^1D = \exp\left(-\sum_{i=1}^S p_i \times \ln(p_i)\right)$$

Pour  $q=2$

$${}^2D = \frac{1}{\sum_{i=1}^S p_i^2}$$

Dans notre étude nous utiliserons les nombres de Hill et leur dérivés en bêta diversité pour estimer la diversité spécifique et la diversité génétique, pour réaliser une partition hiérarchique de la diversité et pour établir les patrons de corrélations entre les deux niveaux de biodiversité. Cela va nous permettre d'affiner nos hypothèses sur les processus évolutifs à l'œuvre dans les habitats coralligènes. Pour cela nous ne conserverons que les localités d'études pour lesquelles nous avons estimé à la fois la diversité génétique et la diversité spécifique. Nous appellerons "espèce focale" l'espèce pour laquelle nous avons estimé la diversité génétique, c'est-à-dire *Lithophyllum stictiforme* et nous appellerons communauté un assemblage d'espèce obtenu sur un site donné (somme des quatre répliqués) par l'approche de métabarcoding utilisée au [chapitre 2](#).

## 4.2. Matériels et méthodes

### 4.2.1. Sites et objets d'étude

Les échantillons ont été prélevés dans 6 localités dans la région de Marseille : LPD, RMO, CCA, COU, FTF et TSP [Figure 4.1](#). La diversité génétique est étudiée chez *Lithophyllum stictiforme* avec les mêmes marqueurs génétiques que dans le [chapitre 3](#). La composition des communautés de coralligène est estimée par l'approche décrite au [chapitre 1](#).

### 4.2.2. Diversité génétique des ingénieurs

Les échantillons d'algues rouges sont récoltés selon le protocole décrit au [chapitre 3](#). Le génotypage est effectué selon la méthode de capture séquençage décrite au [chapitre 3](#).

La partition de la diversité est réalisée pour chaque marqueur avec la fonction iDIP (GAGGIOTTI et al. 2018) selon la structure décrite dans la [Figure 4.2](#). Puis les résultats sont moyennés sur l'ensemble des marqueurs.

Les calculs des nombres de Hill sont effectués dans R (R CORE TEAM 2018) pour chaque marqueur. Les indices de diversité par population sont obtenus en moyennant sur l'ensemble des marqueurs génétiques.

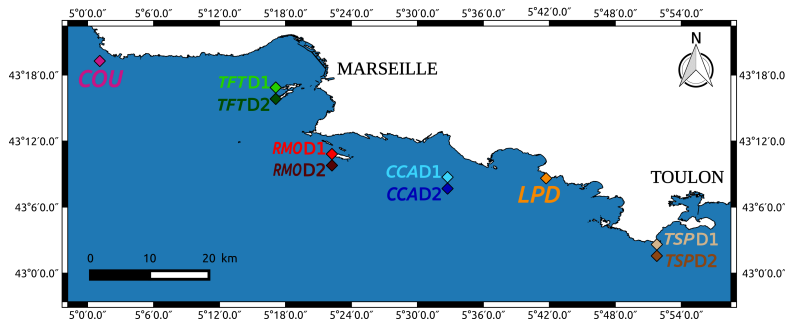


Figure 4.1. – Carte représentant les populations de *Lithophyllum stictiforme* échantillonnées dans la région de Marseille. D1 : entre 28 et 32 mètres de profondeur, D2 : 42 mètres de profondeur.

Pour la composante bêta de la diversité, les indices de similarité suivants sont calculés sous R (R CORE TEAM 2018) pour chaque marqueur : Sorensen pour l'ordre 0, Horn pour l'ordre 1 et Morisita-Horn pour l'ordre 2. Puis les mesures de similarité sont moyennées sur l'ensemble des marqueurs.

#### 4.2.3. Diversité spécifique

Les échantillonnages des communautés d'espèces ont été effectués en plongée selon le protocole décrit au chapitre 1. Les étapes de biologie moléculaire et de bio-informatique sont identiques à celles décrites au chapitre 1.

La partition de la diversité est réalisée avec la fonction iDIP (GAGGIOTTI et al. 2018), selon la structure décrite dans la Figure 4.4.

Les calculs des nombres de Hill sont effectués dans R pour chaque communauté. Puis les résultats sont moyennés par localité et par profondeur pour être en accord avec les populations utilisées pour la diversité génétique. Concrètement, la diversité obtenue pour la communauté FTFD1 est obtenue en moyennant la diversité obtenue pour les communautés FTF001 à FTF005 qui ont toutes été échantillonnées à la profondeur D1.

Pour la diversité bêta, les similarités sont estimées avec le package SpadeR comme au chapitre 1. Ensuite les mesures de similarité sont moyennées par localité et par profondeur comme pour la diversité alpha.

#### 4.2.4. Point sur les partitions de diversité à différents niveaux hiérarchiques

La méthode implémentée dans la fonction iDIP (GAGGIOTTI et al. 2018), utilise le nombre de Hill d'ordre 1 pour décomposer la biodiversité en ces différentes composantes (alpha, bêta, gamma) et calculer la différenciation moyenne à différents niveaux hiérarchiques.

Ci-dessous le détail des indices présentés dans chaque tableau de partition.

- $D_\gamma$  : Nombre de Hill d'ordre 1 pour l'ensemble du jeu de donnée.
- $D_\alpha^{(i)}$  : Nombre de Hill d'ordre 1 moyen sur les différents ensembles d'un niveau donné  $i$ .
- $D_\beta^{(i)}$  : Nombre équivalent d'ensembles typiques pour un niveau donnée. Il se calcule de la façon suivante  $D_\beta^{(i)} = D_\alpha^{(i+1)} / D_\alpha^{(i)}$
- $\Delta_D^{(i)}$  : Différenciation moyenne entre les ensembles d'un même niveau hiérarchique

Les valeurs de  $D_\beta^{(i)}$  dépendent du nombre et du poids de chaque ensemble par niveaux tandis que les  $\Delta_D^{(i)}$  sont normalisés et peuvent être comparés entre les différents niveaux.

#### 4.2.5. Corrélations entre les différents niveaux de diversité

La normalité de la distribution des diversités alpha et bêta est testée avec un test de Shapiro-Wilk en utilisant la fonction `shapiro.test` dans R (R CORE TEAM 2018). Lorsque les diversités ont une distribution normale les corrélations sont calculées à l'aide du coefficient de Pearson. Dans le cas contraire, les corrélations sont calculées avec les coefficients de rang de Spearman et de Kendall. Les coefficients de corrélations pour chaque ordre, entre la diversité spécifique et la diversité génétique sont calculés avec la fonction `cor.test` sous R (R CORE TEAM 2018).

### 4.3. Résultats

#### 4.3.1. Diversité génétique

La diversité allélique varie entre les différentes populations (Figure 4.3). La richesse allélique (diversité allélique d'ordre 0) varie de 1,5 allèles aux Lecques Pointe de Defens (LPD) à 1,8 allèles à Rioux Moyade (RMOD1) avec une moyenne de 1,6 allèles par population. La diversité allélique d'ordre 1 varie de 1,24 allèles typiques équivalents aux Lecques Pointe de Defens (LPD) à 1,32 allèles typiques équivalents à Rioux Moyade (RMOD1) avec une moyenne de 1,27 allèles communs équivalents par population. La diversité allélique d'ordre 2 varie de 1,17 allèles dominants équivalents aux Lecques Pointe de Defens (LPD) à 1,21 allèles dominants équivalents à Rioux Moyade (RMOD1) avec une moyenne de 1,19 allèles dominants équivalents par population. La richesse allélique (diversité allélique d'ordre 0) est bien plus élevée que la diversité des ordres 1 et 2 (Figure 4.3).

Sur l'ensemble de notre zone d'étude, la diversité génétique globale est de 1,3 allèles équivalents pour la diversité d'ordre 1 (Tableau 4.1). La différenciation génétique d'ordre 1 est environ 1,4 fois plus importante entre les différentes localités de la région ( $D_\delta^{(2)} = 0,014$ ) qu'entre les différents sites d'une même région ( $D_\delta^{(1)} = 0,010$ ) (Tableau 4.1).

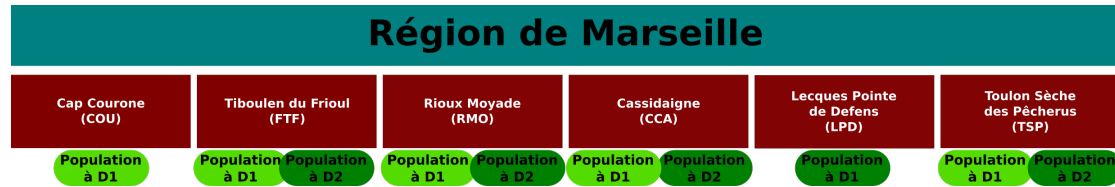


Figure 4.2. – Diagramme représentant la structure hiérarchique des données de diversité génétique de *Lithophyllum stictiforme*. Le niveau supérieur correspond à la zone d'étude : la région de Marseille. Le niveau d'en dessous correspond au différentes localités échantillonnées. Puis dans chaque localité différentes populations, correspondant à différentes profondeurs ont été échantillonnées. Les populations de D1 (environ 30 mètres) sont en vert clair et les populations de D2 (environ 40 mètres) sont en vert foncé.

Niveau	Diversité
3 : Baie de Marseille	$D_\gamma = 1,300$
2 : Localité	$D_\alpha^{(2)} = 1,269$ ; $D_\beta^{(2)} = 1,025$
1 : Site	$D_\alpha^{(1)} = 1,262$ ; $D_\beta^{(1)} = 1,006$
Différenciation entre agrégats à chaque niveau	
2 : Localité	$\Delta_D^{(2)} = 0,01438475$
1 : Site	$\Delta_D^{(1)} = 0,01021527$

Tableau 4.1. – Décomposition d'ordre 1 de la diversité génétique et mesures de la différenciation entre les populations de *Lithophyllum stictiforme*.

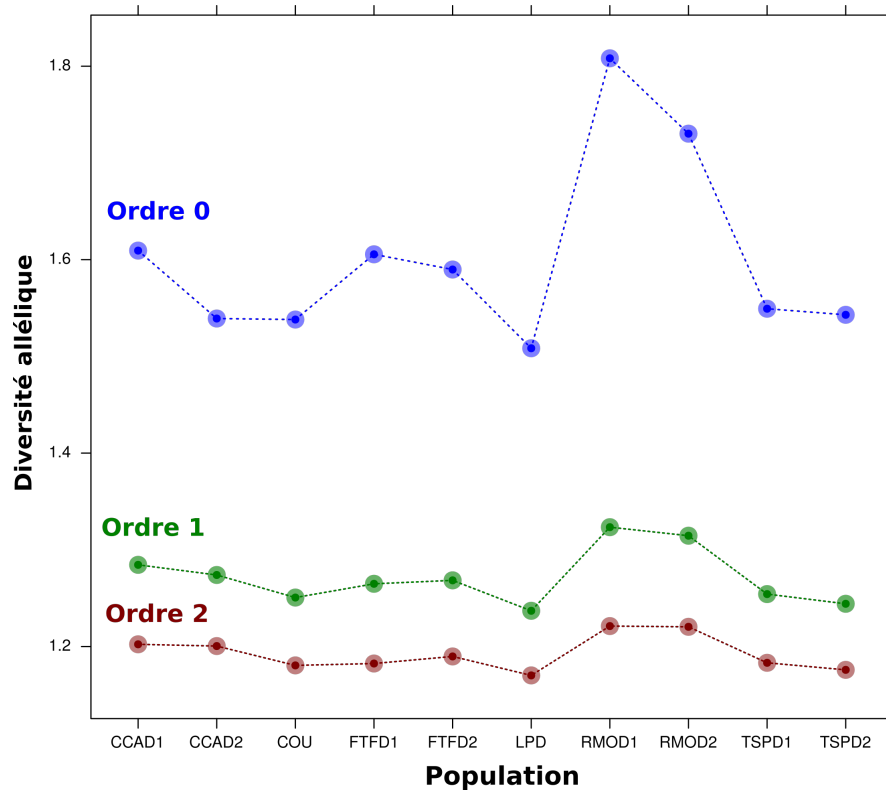


Figure 4.3. – Diversité allélique (nombres de Hill) dans les populations de *Lithophyllum stictiforme*. Les nombres de Hill sont calculés pour trois ordres différents. Ordre 0 : richesse allélique. Ordre 1 : exponentiel de l'indice de Shannon. Ordre 2 : inverse de l'indice de Simpson.



### 4.3.2. Diversité spécifique

La diversité spécifique varie entre les différentes communautés (Figure 4.5). La richesse de mOTUs (diversité spécifique d'ordre 0) varie de 253 mOTUs au Cap Couronne (COUD1) à 429 mOTUs à Rioux Moyade (RMOD1) avec une moyenne de 326 mOTUs par communauté. La diversité de mOTUs d'ordre 1 varie de 16 mOTUs typiques équivalents au Cap Couronne (COUD1) à 50 mOTUs typiques équivalents à Rioux Moyade (RMOD2) avec une moyenne de 35 mOTUs typiques équivalents par communauté. La diversité de mOTUs d'ordre 2 varie de 6 mOTUs dominants équivalents au Cap Couronne (COUD1) à 19 mOTUs à Rioux Moyade (RMOD2) avec une moyenne de 12 mOTUs dominants équivalents par communautés. La richesse de mOTUs (diversité de mOTUs d'ordre 0) est bien plus élevée que la diversité des ordres 1 et 2 (Figure 4.5).

Sur l'ensemble de notre zone d'étude, la diversité spécifique globale est de 124 mOTUs équivalents pour la diversité d'ordre 1 (Tableau 4.2). La différenciation d'ordre 1 entre communautés est environ 1,7 fois plus importante entre les sites d'une même localité ( $D_{\beta}^{(2)} = 0,631$ ) qu'entre les différentes localités de la zone d'étude ( $D_{\beta}^{(1)} = 0,363$ ) (Tableau 4.2).

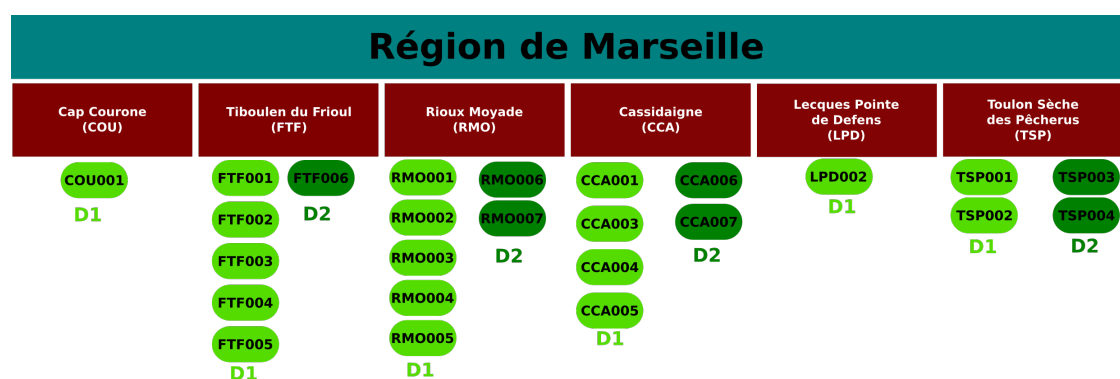


Figure 4.4. – Diagramme représentant la structure hiérarchique des données de diversité spécifique des habitats coralligènes. Le niveau supérieur correspond à la zone d'étude : la région de Marseille. Le niveau d'en dessous correspond aux différentes localités échantillonnées. Puis dans chaque localité différentes communautés, correspondant à différentes conditions environnementales ont été échantillonnées. Les communautés de D1 (environ 30 mètres) sont en vert clair et les populations de D2 (environ 40 mètres) sont en vert foncé.

Niveau	Diversité
3 : Baie de Marseille	$D_\gamma = 124,469$
2 : Localité	$D_\alpha^{(2)} = 74,573$ ; $D_\beta^{(2)} = 1,669$
1 : Site	$D_\alpha^{(1)} = 27,779$ ; $D_\beta^{(1)} = 2,684$
Différenciation entre agrégats à chaque niveau	
2 : Localité	$\Delta_D^{(2)} = 0,363$
1 : Site	$\Delta_D^{(1)} = 0,631$

Tableau 4.2. – Décomposition d'ordre 1 de la diversité spécifique et mesures de la différenciation entre les communautés de coralligène.

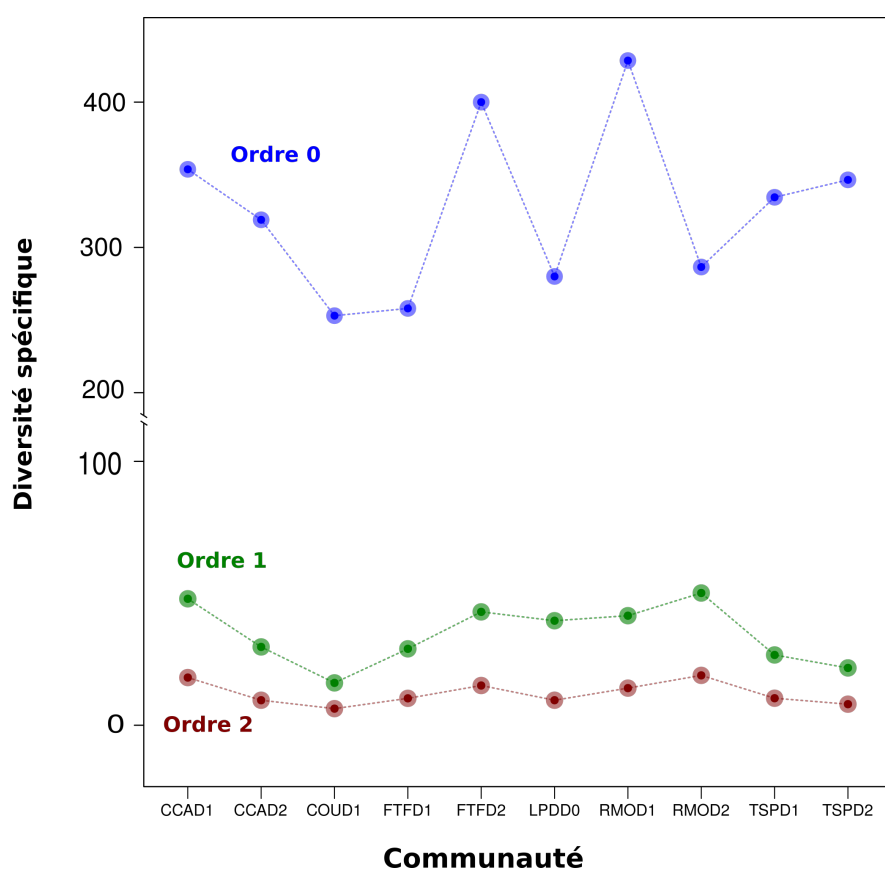


Figure 4.5. – Diversité spécifique (Nombre de Hill) dans les communautés de coralligène. Les nombres de Hill sont calculés pour trois ordres différents. Ordre 0 : richesse spécifique. Ordre 1 : exponentiel de l'indice de Shannon. Ordre 2 : inverse de l'indice de Simpson.

### 4.3.3. Corrélations entre la diversité génétique et la diversité spécifique

#### 4.3.3.1. Composante alpha de la diversité

Les diversités génétique et spécifique d'ordre 0 ne sont pas significativement corrélées (coefficient de corrélation de Pearson : 0,45, p-value : 0,1875) (Figure 4.6). Les diversités génétique et spécifique d'ordre 1 sont significativement corrélées (coefficient de corrélation de Pearson : 0,64, p-value : 0,04672) (Figure 4.7). Les diversités génétique et spécifique d'ordre 2 sont significativement corrélées (coefficient de corrélation de Pearson : 0,74 p-value : 0,01503) (Figure 4.8).

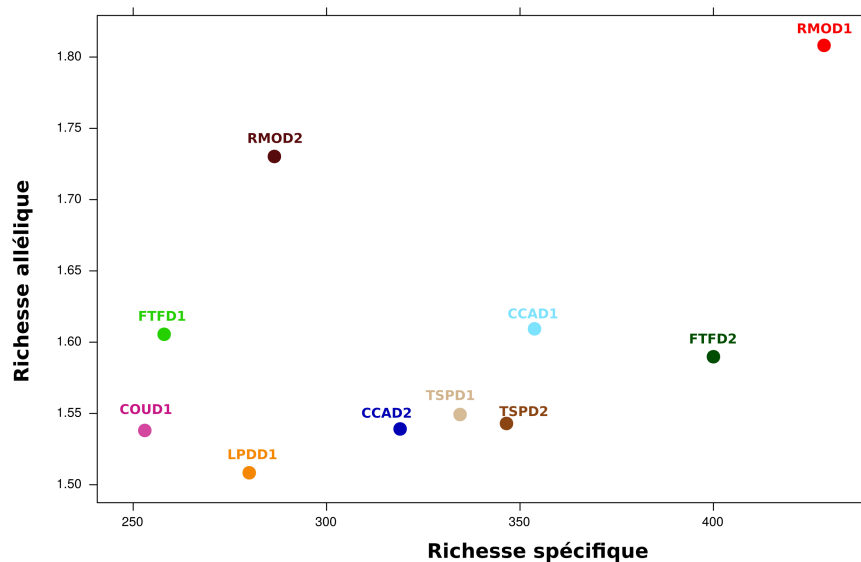


Figure 4.6. – Diversité allélique (Nombre de Hill) dans les populations de *Lithophyllum stictiforme*. Les nombres de Hill sont calculés pour trois ordres différents. Ordre 0 : richesse allélique. Ordre 1 : exponentiel de l'indice de Shannon. Ordre 2 : inverse de l'indice de Simpson.

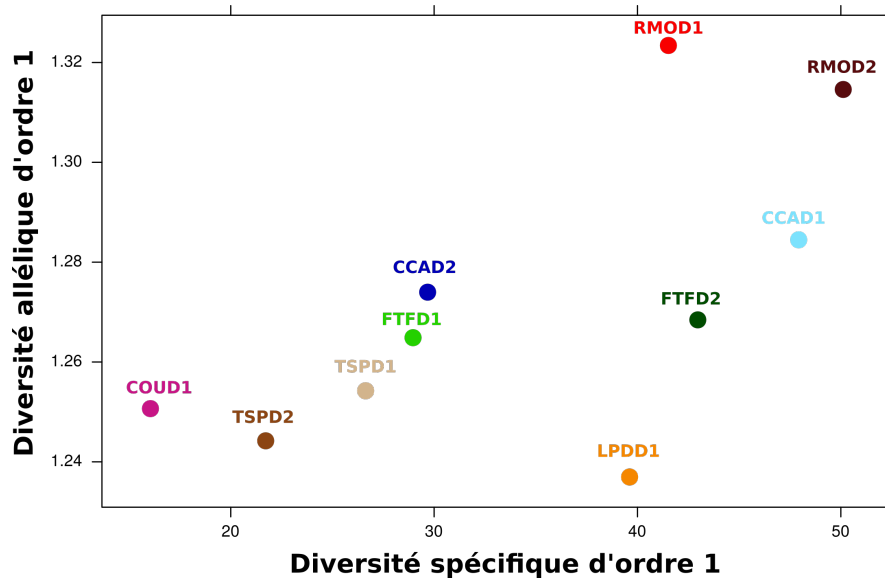


Figure 4.7. – Richesse allélique dans les populations de *Lithophyllum stictiforme* en fonction de la richesse spécifique dans les communautés de coralligène. Les points sont coloriés en fonction de leur localité et de la profondeur : couleur claire pour D1 et couleurs foncées pour D2.

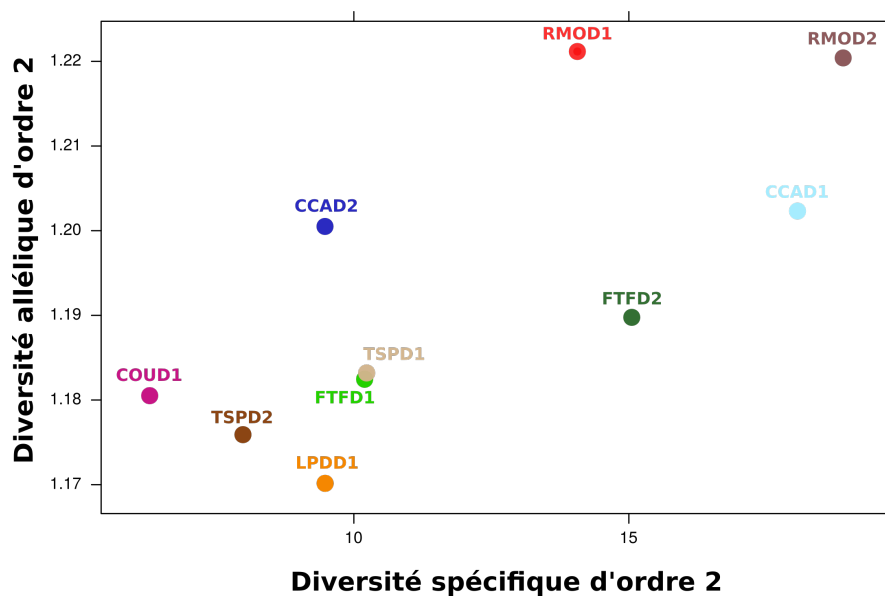


Figure 4.8. – Diversité allélique (Nombre de Hill) dans les populations de *Lithophyllum stictiforme*. Les nombres de Hill sont calculés pour trois ordres différents. Ordre 0 : richesse allélique. Ordre 1 : exponentiel de l'indice de Shannon. Ordre 2 : inverse de l'indice de Simpson.

#### 4.3.3.2. Composante bêta de la diversité

Les corrélations entre le diversité génétique et la diversité spécifique pour la composante bêta de la diversité ne sont pas significativement différentes de zéro (Tableau 4.3).

Ordre de la mesure de similarité	Coefficient de corrélation
0	-0,028
1	Tau : 0,077 – Rho : 0,11
2	Tau : 0,040 – Rho : 0,058

Tableau 4.3. – Corrélations entre les composantes bêta de la diversité génétique et de la diversité spécifique. Les \* indique les valeurs significatives. Lorsque les valeurs de distribution ne suivent pas une loi normale, les valeurs données sont celles de Tau (test de rang de Kendall) et de Rho (test de rang de Spearman).

## 4.4. Discussion

### 4.4.1. Partition de la diversité

La diversité d'ordre 0 est nettement plus élevée que celle d'ordre 1 et 2 pour les communautés de coralligène et pour les populations de *Lithophyllum stictiforme*. Cela indique que les communautés et les populations contiennent de nombreux mOTUs ou allèles rares. De plus les diversités d'ordre 1 et 2 sont très proches ce qui indique la présence de quelques espèces et allèles très fréquents dans les communautés et les populations.

Les patrons de différenciation sont inversés entre la diversité génétique et la diversité spécifique : au niveau génétique la différenciation est plus importante entre les localités qu'entre les sites d'une même localité alors que pour la diversité spécifique la différenciation est plus importante entre les différentes communautés d'une même localité qu'entre les différentes localités. Ce patron suggère que les deux niveaux de diversité sont structurés par des processus différents : la structure de la diversité génétique est plus affectée par les processus de connectivité entre les localités tandis que la structure de la diversité spécifique est plus affectée par les différentes conditions environnementales rencontrées sur une même localité. Soulignons ici que les sites situés sur une même localité ont été choisis pour représenter des conditions environnementales différentes et non de façon aléatoire.

### 4.4.2. Corrélations entre diversité génétique et diversité spécifique pour la composante alpha

Pour la composante alpha les corrélations pour les trois ordres sont positives mais seules les corrélations d'ordre 1 et 2 sont significatives. Des corrélations positives entre la diversité spécifique et la diversité génétique peuvent être générées par plusieurs processus (LAMY et al. 2016). Tout d'abord les caractéristiques du site peuvent influencer de façon semblable la diversité génétique d'une espèce (espèce focale) et la diversité spécifique de la communauté dans le cas où l'espèce focale est écologiquement semblable aux espèces de la communauté pour le facteur étudié. Dans notre étude, les différents sites sont soumis à des conditions environnementales différentes et notamment à des niveaux de pressions anthropiques différents. Les sites les moins impactés par les activités humaines pourraient permettre le développement d'une communauté d'espèces riche et de larges populations de *Lithophyllum stictiforme* donc d'une plus grande diversité génétique, ce qui engendrerait des corrélations positives entre les deux niveaux de diversité. De plus, *Lithophyllum stictiforme* et de très nombreux organismes des communautés de coralligène sont des organismes sessiles qui ont besoin d'un substrat rocheux pour se fixer et se développer. Ainsi, la surface d'habitat

disponible pourrait influencer de manière positive la diversité génétique de *Lithophyllum stictiforme* et la diversité spécifique de la communauté.

Les interactions entre l'espèce focale et les autres espèces de la communauté peuvent aussi générer des corrélations positives lorsque l'espèce focale est facilitatrice. *Lithophyllum stictiforme* est un des bioconstructeurs majeurs des habitats coralligènes. Ainsi une grande population de cette algue rouge calcaire (ayant une diversité génétique importante), pourrait promouvoir la présence d'une grande communauté (ayant une forte diversité) par son action de création d'habitat ce qui se traduirait par une corrélation positive entre la diversité génétique et la diversité spécifique. Remarquons ici, que d'autres algues rouges du genre *Mesophyllum* notamment, ont une forte activité bioconstructrice et qu'il serait intéressant de savoir si on observe la même corrélation si on prend un autre bioconstructeur comme espèce focale. La force de la corrélation pourrait être utilisée comme un indicateur de l'importance du bioconstructeur pour les communautés de coralligène.

#### **4.4.3. Corrélation entre la diversité génétique et la diversité spécifique pour la composante bêta**

Pour la composante bêta, les corrélations entre la diversité génétique et la diversité spécifique sont non significativement différentes de 0. Premièrement, la différenciation entre deux communautés ou populations dépend de la connectivité entre ces populations et communautés. En milieu marin, cette connectivité est fortement déterminée par les courants et les caractéristiques des propagules (COWEN et SPONAUGLE 2009 ; WEERSING et TOONEN 2009). Une corrélation nulle peut donc émerger si les capacités de dispersion de l'espèce focale et des espèces de la communauté sont très différentes. Autrement dit, si l'espèce focale et les espèces de la communauté ne sont pas équivalentes du point de vue de la dispersion il n'y aura pas de corrélations entre la diversité spécifique et la diversité génétique pour la composante bêta. Notre espèce focale, *Lithophyllum stictiforme*, appartient à la famille des Corallinacées chez lesquelles les capacités de dispersion sont limitées (NORTON 1992 ; OPAZO et OTAÍZA 2007). De plus la forte structure génétique observée à faible distance (chapitre 3) confirme cette hypothèse de faible capacité de dispersion. Or, dans les communautés de coralligène la gamme des capacités de dispersion des différentes espèces est très large. Parmi les animaux sessiles on trouve trois grandes stratégies : le développement direct (la larve se développe sur le parent), des larves lécitotrophes (larve contenant des réserves mais incapable de se nourrir par elle-même), et des larves planctoniques (capables de se nourrir dans la colonne d'eau). Ces trois stratégies correspondent à des capacités de dispersion très différentes : les larves incubées par le parent ne dispersent pas, les larves lécitotrophes ont en général une durée de vie limitée (quelques jours) tandis que les larves planctoniques peuvent rester dans la colonne d'eau plusieurs semaines voir plusieurs mois avant de se fixer. De

ce fait, du point de vue de la connectivité notre espèce focale n'est équivalente qu'à une proportion réduite des espèces présentes dans la communauté ce qui pourrait expliquer l'absence de corrélations pour la composante bêta entre la diversité génétique et la diversité spécifique. Il serait intéressant d'établir un inventaire des capacités de dispersion des différentes espèces du coralligène pour affiner cette analyse. Deuxièmement, la différenciation entre deux communautés ou deux populations peut être due à des différences environnementales entre les deux sites qui sélectionneraient pour différentes espèces et différents allèles. Les principales variables environnementales influençant les communautés de coralligènes sont la lumière, la température et l'importance du dépôt sédimentaire (BALATA, PIAZZI, CECCHI et al. 2005 ; BALLESTEROS 2006). Au regard de la grande diversité taxonomique trouvée au sein des habitats coralligène, la réponse des différentes espèces à ces différentes variables sera très différente. Ainsi comme avec la dispersion, la large gamme de niches écologiques trouvées au sein de habitats coralligènes pourrait découpler la différenciation entre les communautés de la différenciation génétique chez *Lithophyllum stictiforme*.

#### 4.4.4. Synthèse et perspectives

La composante alpha de la diversité montre une corrélation positive entre diversité génétique et diversité spécifique. Cette corrélation est certainement générée par des processus affectant les deux niveaux de diversité de façon parallèle comme la disponibilité en ressources et la qualité environnementale du site et par des processus d'interactions puisque *Lithophyllum stictiforme* est un ingénieur majeur des habitats coralligènes. En revanche, la composante bêta ne présente pas de corrélation entre la diversité génétique et la diversité spécifique. Il semble en effet que la structure de la diversité génétique chez *Lithophyllum stictiforme* soit principalement générée par des processus neutres de dérive génétique et de migration liés notamment à la courantologie dans la zone d'étude. En revanche, la structure de la diversité spécifique semble plutôt générée par des processus de sélection liés à la variabilité environnementale entre les sites. Une des pistes pour essayer de quantifier l'importance relative des différents facteurs à l'origine des corrélations observées est de décomposer les corrélations observées en effets dus à différents facteurs environnementaux comme la profondeur, les variables topographiques relevées et la connectivité estimée à partir de modèles physiques dans un cadre de régressions multiples (LAMY et al. 2016).

Une des pistes pour étoffer cette étude est d'ajouter le jeu de données des communautés d'espèces cryptiques de *Lithophyllum* et celui de la diversité génétique du bryzoaire *Myriapora truncata*. On aurait alors différents niveaux de comparaison entre diversité génétique et diversité spécifique avec notamment des espèces focales ayant a priori des ressemblances pour certaines caractéristiques : faibles dispersion et compétition ; mais aussi des différences sur le type de ressource utilisées : autotrophes pour *Lithophyllum stictiforme* et suspensivores pour



*Myriapora truncata.*

# 5. Discussion générale

## 5.1. Résumé des principaux résultats

### 5.1.1. Diversité inter et intra spécifique des espèces ingénieuses

Les bioconstructeurs majeurs des habitats coralligènes sont les algues rouges appartenant principalement à la famille des *Peyssonneliaceae*, et aux genres *Mesophyllum* et *Lithophyllum*. Il y a très peu d'études moléculaires sur ces espèces malgré leur importance écologique. A notre connaissance cette thèse constitue la première étude de génomique des populations sur une algue rouge ingénieuse du coralligène.

Notre approche de barcoding multiloci et de génomique des populations a révélé que le complexe d'espèces *Lithophyllum stictiforme/cabiocchiai* comporte 8 espèces cryptiques dont 7 ont été trouvées en Baie de Marseille. L'abondance relative de ces espèces varie le long des côtes Méditerranéennes françaises ainsi que le long d'un gradient de profondeur et d'irradiance. Ces espèces cryptiques ont potentiellement des niches écologiques différenciées et des études sur les différences de métabolisme en fonction des conditions de luminosité et de température entre deux de ces espèces sont en cours (Projet ACORLIT).

L'approche de génomique des populations chez l'espèce la plus abondante du complexe (*Lithophyllum stictiforme*) a montré une forte structure génétique même à faible distance. Une part importante de ce patron de différenciation est en adéquation avec nos connaissances sur la connectivité physique liée aux courants majoritaires dans la région de Marseille, mais aussi avec d'autres études de génétiques des populations (CAHILL, DE JODE et al. 2017). En revanche, il n'y a pas de différenciation génétique entre des populations situées à 30 et à 41 mètres de profondeur sur une même localité. Les analyses de détection de locus sous sélection ont permis d'établir une liste de loci candidats potentiellement impliqués dans des phénomènes d'adaptation locale à la profondeur. Ces résultats suggèrent qu'une grande part de la structure génétique observée est liée à des processus neutres de migration et de dérive mais que la sélection liée à certains facteurs environnementaux comme la température ou les niveaux d'irradiance affecte la diversité génétique chez cette espèce.

Certains invertébrés marins comme les bryozoaires et les polychètes serpulidés ont une importante activité de bioconstruction cependant aucune étude de génétique des populations n'a été réalisée à ce jour chez ces deux groupes d'invertébrés (COSTANTINI, FERRARIO et ABBIATI 2018).

Cette thèse comporte une étude préliminaire de génomique des populations pour chez le bryzoaire *Myriapora truncata* (PALLAS 1766) qui présente une forte

activité bioconstructrice (voir Annexes [section E](#)). Les premiers résultats de génomique des populations ont montré une forte différenciation à l'échelle de la mer Méditerranée et dans la région de Marseille. De plus le marqueur mitochondrial COI, présente aussi une forte structure suggérant une histoire évolutive qui comporterait une phase de divergence ancienne entre certaines populations de la région marseillaise suivie d'une remise en contact (voir Annexes [Figure .25](#), [Figure .26](#)).

### 5.1.2. Diversité spécifique des communautés de coralligène

L'approche de métabarcoding a révélé une très forte diversité au sein de communautés d'espèces du coralligène avec un peu plus de 3000 mOTUs détectés sur l'ensemble de nos échantillons. Ballesteros 2006, donnait une estimation d'au moins 1600 espèces dans le coralligène, en considérant que nos mOTUs correspondent à des espèces (mais voir discussion [chapitre 1](#)), cette étude suggère que ces habitats présentent une richesse deux fois plus élevée que ces premières estimations. Cette forte diversité englobe un grand nombre de groupes taxonomiques très variés de végétaux tels que les rhodophytes, les chlorophytes, les phaéophycées; et de très nombreux groupes de métazoaires comme les arthropodes, les annélides, les cnidaires, les porifères ou les bryozoaires. Notons ici que cette diversité a été estimée sur une région de moins de 200 km autour de Marseille et que les amorces utilisées ne permettent pas d'amplifier efficacement voire par du tout certains phyla. Ce qui suggère que la richesse spécifique de ces habitats à l'échelle de la Méditerranée est encore largement sous-estimée.

Une des caractéristiques importantes des communautés de coralligènes est l'importante variabilité de leur composition à très petite distance. En effet, cette étude montre que la différenciation compositionnelle ( $\Delta_D^{(Echantillon/répliat)}$ ) moyenne est plus élevée entre des réplicats prélevés sur un cercle d'un mètre de rayon que la différenciation compositionnelle ( $\Delta_D^{(Localité)}$ ) moyenne entre des localités séparées de plusieurs kilomètres.

Enfin, les facteurs environnementaux abiotiques comme la profondeur, et la pente ont une forte influence sur la composition des communautés de coralligène. Ces facteurs représentent des proxys pour des paramètres abiotiques tels que la luminosité, la température et l'importance du dépôt sédimentaire qui sont les principaux facteurs régissant les assemblages d'espèces des communautés de coralligène. La structure de la diversité spécifique de ces habitats semble donc fortement affectée par des processus sélectifs.

### 5.1.3. Corrélations entre les niveaux de diversité

La composante alpha de la diversité présente une corrélation positive entre les niveaux génétique et spécifique. Certains facteurs comme la taille du patch

d'habitat et les conditions environnementales y compris le niveau de pression anthropique influencent en théorie les deux niveaux de diversité de la même façon. De plus, notre espèce focale, *Lithophyllum stictiforme*, est une espèce ingénieure du coralligène et a donc un effet positif sur la diversité spécifique associée.

En revanche, il n'y a pas de corrélations entre la diversité génétique et la diversité spécifique pour la composante bêta. En effet, la structure génétique chez *Lithophyllum stictiforme*, est principalement générée par des processus neutres de dérive et de migration fortement influencée par les courants contrairement à la structure de la diversité spécifique des communautés qui est elle, fortement influencée par les conditions environnementales.

La diversité génétique et la diversité spécifique des habitats coralligènes sont donc influencées de manières différentes par les facteurs environnementaux : la diversité génétique semble principalement résulter des courants dans la zone d'étude tandis que la diversité spécifique semble être organisée par la topographie et la profondeur des sites d'études.

## 5.2. Influence des facteurs environnementaux

### 5.2.1. Processus neutres structurant la diversité

#### 5.2.1.1. Migration et courants marins

La migration des allèles ou des espèces entre les localités a pour effet de réduire la composante bêta de la diversité et d'augmenter la composante alpha. Pour les espèces marines sessiles, cette dispersion est dépendante des courants et des capacités de dispersion des propagules d'une espèce donnée (COWEN et SPONAUGLE 2009 ; WEERSING et TOONEN 2009). Dans notre étude, les courants ont une forte influence sur la structure génétique de l'espèce ingénieure *Lithophyllum stictiforme*. De plus, la structure des communautés des espèces cryptiques du complexe d'espèces *Lithophyllum stictiforme/cabiochiaie* est aussi influencée par la courantologie (chapitre 2).

En ce qui concerne les communautés de coralligène, la localité a effet significatif sur la composition des communautés. Le facteur localité englobe notamment la connectivité de la localité avec les autres localités de l'étude, mais il n'est pas possible de séparer la contribution de la connectivité des autres facteurs comme le niveau de pression expérimenté par la localité.

Dans le but de quantifier l'importance de la migration dans l'organisation de la diversité aux niveaux génétique et spécifique, une approche de modélisation des courants est en cours de réalisation. Cette approche, réalisée en collaboration avec des chercheurs du MIO (Marine Institute of Oceanography) nous permettra de quantifier le degré de connectivité physique entre les localités échantillonnées et ainsi d'avoir une meilleure estimation de la contribution de ce facteur dans les patrons de diversités observés.

### 5.2.1.2. Importance de la dérive

La dérive écologique ou génétique a pour conséquence une augmentation de la diversité bêta et une diminution de la composante alpha de la diversité. La dérive est d'autant plus forte que la taille efficace des populations/communauté est faible.

Dans notre étude, nous n'avons pas mesuré directement la taille efficace des communautés de coralligène ou des populations de *Lithophyllum stictiforme* (qui peut néanmoins être estimée à partir des données de diversité génétique ou spécifique). Cependant, les tailles efficaces des communautés et des populations dépendent notamment du nombre d'individus dans ces communautés ou populations qui dépend lui-même de la surface d'habitats disponibles pour les espèces du coralligène. Ces espèces se développent sur des substrats rocheux qui sont plus ou moins continus le long de la côte et qui ont une structure en patch lorsqu'ils se trouvent sur des îles, des îlots ou des secs plus ou moins éloignés de la côte. En mesurant ou estimant, la surface d'habitats occupée dans les différentes localités on pourrait essayer de corrélérer cette surface avec les valeurs de diversité observée pour quantifier l'importance de ce facteur sur la diversité génétique et spécifique.

La taille efficace est aussi influencée par le niveau de perturbations de la localité. En effet, pour un site donné plus le niveau de perturbations est élevée et plus la taille efficace est réduite et donc plus la dérive sera forte. Ainsi, une des perspectives pour tester cette hypothèse est de comparer la diversité génétique chez les espèces ingénieures et la diversité spécifique des communautés avec les niveaux de pression anthropique et les valeurs d'indices d'état écologique du coralligène (Stéphane SARTORETTO et al. 2017).

### 5.2.2. Sélection naturelle et diversité au sein des habitats coralligènes

La sélection naturelle filtre les diversités génétiques et spécifiques aboutissant à une augmentation en fréquence des variants les plus adaptés aux conditions environnementales. Dans notre étude, des variables environnementales abiotiques et biotiques ont été relevées lors des échantillonnages effectués en plongée. Les variables relevées comme la profondeur, la pente, l'exposition, la rugosité ou les peuplements majoritaires constituent des proxys pour des paramètres physico-chimiques du milieu ayant une forte influence sur la composition des assemblages d'espèces du coralligène comme : la lumière, la température, l'importance du dépôt sédimentaire. La composition des communautés de coralligène est fortement influencée par la profondeur et la pente. Un changement de profondeur correspond notamment à un changement de la température et la luminosité. Entre 30 et 40 mètres la température ne varie pas de façon importante mais la luminosité peut varier fortement. La pente du relief va influencer la lumi-

nosité reçue mais aussi l'importance du dépôt sédimentaire et l'exposition aux courants. La luminosité et l'importance du dépôt sédimentaire ont une forte influence sur la composition des communautés. La différenciation de niche est un mécanisme permettant le maintien de la diversité. Ce mécanisme explique en partie la grande diversité d'espèces trouvées au sein des habitats coralligènes. De plus, au sein de ces habitats la construction de niche écologique par les ingénieurs et les érodeurs interagissant avec les facteurs abiotiques locaux ajoutant une forme supplémentaire de variabilité environnementale résultant en un accroissement de la diversité.

La détection de locus "outliers", chez *Lithophyllum stictiforme* suggère que des processus d'adaptation locale à la profondeur permettent à cette espèce d'algue de se développer dans des conditions environnementales différentes. Cependant, pour montrer/démontrer entièrement le phénomène d'adaptation locale génétique il faut établir le lien entre génotype phénotype et valeur sélective relative. Pour *Lithophyllum stictiforme*, des expériences de transplantation et/ou de jardins communs pourraient permettre de tester les différences de valeur sélective.

### **5.3. Conservation et monitoring des habitats coralligènes**

Les principales menaces pesant sur les habitats coralligènes comportent notamment la pêche artisanale et récréative, les ancres de mouillage, les espèces invasives, l'acidification et le réchauffement des eaux marines et les apports d'eaux usées (ATHENS 2017). De nombreux résultats obtenus dans cette thèse peuvent aider à la mise en place de mesures de protection efficaces de ces habitats.

#### **5.3.1. Diversité intraspécifique et interspécifique des espèces ingénieurs**

Les espèces ingénieurs ayant un fort impact sur la diversité spécifique associée, constituent des espèces cibles prioritaires pour la conservation (GRAIN et BERTNESS 2006). Notre étude a montré la présence d'un complexe de huit espèces cryptiques ingénieurs du coralligène présentant une différenciation de niche. Or, les différences phénotypiques entre espèces ingénieurs peuvent avoir une forte influence sur la diversité et la structure des communautés associées (BADANO et CAVIERES 2006; LAMIT et al. 2011). Il serait donc intéressant de déterminer de façon précise quelles sont les conditions environnementales permettant le développement et la dominance de ces différentes espèces et de tester si ces espèces sont associées à des communautés d'espèces différentes.

Au niveau intraspécifique, l'espèce la plus abondante *Lithophyllum stictiforme*, présente des variations de diversité génétique en fonction des populations et

une forte structure génétique à l'échelle de la baie de Marseille. La diversité génétique constitue un indicateur de la viabilité et de la capacité de résilience des populations (FRANKHAM 2005 ; SCHWARTZ, LUIKART et WAPLES 2007 ; MASSA et al. 2013) et la structure doit être prise en compte pour la mise en place de réseaux d'Aires Marines Protégées efficaces.

La génomique des populations est un outil très précieux pour la biologie de la conservation (ALLENDORF, HOHENLOHE et Gordon LUIKART 2010 ; SHAFER et al. 2015). Notre approche de capture nous a en effet permis de délimiter des espèces cryptiques, d'estimer la diversité génétique, les taux de migration entre les populations et d'étudier l'adaptation locale chez une espèce ingénieure du coralligène.

### 5.3.2. Potentiel adaptatif de ces habitats et changement climatique

De nombreuses espèces du coralligène, sont directement menacées par le réchauffement et l'acidification des eaux marines et notamment les algues rouges du genre *Lithophyllum* (RODRÍGUEZ-PRIETO 2016 ; S. MARTIN, COHU et al. 2012 ; S. MARTIN et GATTUSO 2009) ainsi que le bryzoaire *Myriapora truncata* (RODOLFO-METALPA et al. 2010 ; LOMBARDI et al. 2011). De plus, le réchauffement et l'acidification pourraient aussi affecter de manière indirecte les Corallines en les rendant plus susceptibles aux dégâts de broutage (MCCOY et KAMENOS 2018). Cependant il existe très peu d'études sur la capacité d'adaptation des espèces ingénieures ou patrimoniales du coralligène incluant une composante génomique permettant de détecter des loci sous sélection. Une étude de ce type portant sur le corail rouge, une espèce emblématique de Méditerranée a été réalisée récemment par Pratlong (2016). Les capacités d'adaptation à l'acidification et au réchauffement devraient être évaluées chez différentes espèces ingénieures du coralligène pour permettre une évaluation de la capacité d'adaptation de ces habitats face au changement climatique. Une approche incluant les dynamiques évolutives intraspécifiques (HOFFMANN et al. 2015) chez les ingénieurs les plus importants devrait aussi être menée pour déterminer si certains variants génétiques présentent une résistance accrue à ce type de menace.

Les habitats coralligènes se développant généralement à des profondeurs importantes où la température de l'eau est relativement stable, pourraient en partie échapper à une forte hausse des températures. Cependant, lorsque les eaux sont turbides ces habitats sont trouvés à des profondeurs moindre dès 20 mètres dans la région de Marseille. Le réchauffement aurait donc pour conséquence de réduire et de fragmenter la surface permettant le développement de ces habitats ce qui aurait comme impact une diminution de la capacité de charge et de la connectivité entre les patchs de coralligène menant à une réduction de la diversité totale. Cela aurait aussi pour conséquence de diminuer les capacités de restauration de ces habitats dans les différentes localités.

### 5.3.3. Apport de cette thèse pour le monitoring de ces habitats

Le but du programme CIGESMED est de comprendre les liens entre les pressions naturelles et anthropiques et le fonctionnement de l'écosystème pour définir et maintenir le bon état écologique (BEE) de la mer Méditerranée, en étudiant les habitats typiques, complexes et peu connus construits par des algues encroûtantes calcaires, le coralligène. Dans cette optique, les données de diversité obtenues au cours de ce travail (diversité des espèces par métabarcoding, diversité des espèces cryptiques de *Lithophyllum*, diversité génétique de *Lithophyllum stictiforme* et de *Myriapora truncata*) seront comparées aux estimations de diversité obtenues par des méthodes de quadrats photo et de pressions anthropiques obtenues sur les mêmes sites (Stéphane SARTORETTO et al. 2017 ; DAVID 2018). Cela nous permettra d'évaluer quelles sont les méthodes produisant des évaluations de la diversité corrélant le mieux avec les niveaux de pression et éventuellement de combiner les approches pour créer des indices de l'état écologique des habitats coralligènes.

Pour suivre l'évolution temporelle de l'état de ces habitats, il est nécessaire de choisir des sites sur lesquels on pourra effectuer des relevés tous les 3 à 5 ans avec la même méthode (ATHENS 2017). Un des paramètres importants pour ce suivi est la surface échantillonnée. Kipson *et al.* ont déterminé que la surface minimale à échantillonner par approche photographique pour obtenir une estimation fiable de la diversité variait entre 2500 cm<sup>2</sup> (pour ces assemblages dominés par *C. rubrum*) et 5000 cm<sup>2</sup> (pour des assemblages dominés par *P. clavata*). Dans notre étude, nous avons une très forte variabilité entre les répliquats (carré de 10 cm de côté) situés sur un cercle imaginaire d'un mètre de rayon. Cela indique qu'un échantillon d'une surface de 100 cm<sup>2</sup> n'est pas suffisant pour refléter l'ensemble de la diversité observée pour un jeu de conditions environnementales donné. Pour déterminer la surface nécessaire à échantillonner, il faudrait utiliser des approches de raréfaction avec nos répliquats et si nécessaire augmenter encore la surface totale échantillonnée (qui est dans notre étude de 400 cm<sup>2</sup>). Une fois la surface minimale d'échantillonnage déterminée, la méthode de prélèvement bien que destructive est la seule permettant d'échantillonner ces habitats sur l'ensemble de leur structure tridimensionnelle. Combinée à une approche de métabarcoding (qui ne cesse d'être perfectionnée sous-section 1.4.6), cette méthode de monitoring semble être une des plus complètes et rapides pour déterminer la composition des assemblages de coralligène.

Dans un premier temps, les assemblages d'espèces obtenus par l'approche de métabarcoding développée ici sera comparée avec ceux obtenus par une méthode de prélèvement et d'identification morphologique conduite par Hong 1980 en Baie de Marseille. Cela nous permettra d'avoir une première évaluation de l'évolution temporelle de ces habitats.



## 5.4. Perspectives

Ballesteros 2006 a énuméré six points sur lesquels le manque de connaissances constitue un frein à la protection efficace des habitats coralligènes. Cette thèse participe à combler le manque de connaissances sur au moins deux d'entre eux : l'estimation de la diversité spécifique de ces habitats par l'approche de métabarcoding et une amélioration des connaissances sur des espèces ingénieuses essentielles par l'approche de génomique des populations.

Pour étudier, l'adaptation locale des espèces ingénieuses aux différentes conditions environnementales, il sera nécessaire d'établir un lien entre le génotype le phénotype et la valeur sélective. Pour cela des approches combinant génétique des populations et génétique quantitative (GAGNAIRE et GAGGIOTTI 2016), ainsi que des approches expérimentales en jardin commun ou de transplantation réciproque (PRATLONG 2016) combinées avec des approches de transcriptomiques pour détecter des gènes différentiellement exprimés.

Une partie de cette thèse a aussi été consacrée au développement de marqueurs pour le Bryozoaire *Myriapora truncata* en utilisant une approche de génotypage par capture séquençage comme pour *Lithophyllum spp.*. Ces données permettront d'étudier la diversité génétique d'une espèce animale ingénieuse du coralligène et seront comparées aux données génétiques de *Lithophyllum stictiforme* ainsi qu'aux données de diversité spécifique.

Dans le but d'améliorer nos connaissances du fonctionnement écologique de ces habitats différentes approches sont possibles. Premièrement, des analyses de type co-occurrence d'espèces et de détection des taxa dont l'abondance varie en fonction des variables environnementales seront conduites. La diversité fonctionnelle et la diversité phylogénétique sont importantes pour comprendre le fonctionnement écologique des écosystèmes (SRIVASTAVA et al. 2012 ; MOUQUET et al. 2012 ; TILMAN, ISBELL et COWLES 2014 ; GAMFELDT et al. 2015). Les données de métabarcoding permettent aussi de calculer les diversités phylogénétiques ou de déterminer certains traits fonctionnels en basant sur l'assignation taxonomique de mOTUs. Il serait, par exemple, possible de déterminer le mode d'alimentation, ou si l'organisme est un bionconstructeur. Cependant, cette approche reste très limitée car la plupart des espèces ne sont pas étudiées et on ne connaît pas a priori leur capacité de dispersion ou le type d'interactions qu'elles peuvent avoir avec les autres organismes de la communauté. Enfin, des analyses de métagénomique et/ou de méta-transcriptomique permettraient d'évaluer encore plus précisément les fonctions écologiques réalisées au sein de ces habitats.

# Bibliographie

- AGRAWAL, Anurag A. « Community Genetics : New Insights into Community Ecology by Integrating Population Genetics ». en. In : 84.3 (mar. 2003), p. 543-544. ISSN : 0012-9658. DOI : [10.1890/0012-9658\(2003\)084\[0543:CGNIIC\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1890/0012-9658(2003)084[0543:CGNIIC]2.0.CO;2) (cf. p. 40).
- ALCALA, Nicolas, Jérôme GOUDET et Séverine VUILLEUMIER. « On the Transition of Genetic Differentiation from Isolation to Panmixia : What We Can Learn from GST and D ». In : *Theoretical Population Biology* 93 (mai 2014), p. 75-84. ISSN : 0040-5809. DOI : [10.1016/j.tpb.2014.02.003](https://doi.org/10.1016/j.tpb.2014.02.003) (cf. p. 137).
- ALLENDORF, Fred W., Paul A. HOHENLOHE et Gordon LUIKART. « Genomics and the Future of Conservation Genetics ». en. In : *Nature Reviews Genetics* 11.10 (oct. 2010), p. 697-709. ISSN : 1471-0064. DOI : [10.1038/nrg2844](https://doi.org/10.1038/nrg2844) (cf. p. 175).
- ANDERSON, Marti J, Ray N GORLEY et K Robert CLARKE. « PERMANOVA+ for PRIMER : Guide to Software and Statistical Methods. » en. In : *PRIMER-E : Plymouth, UK.* (2008), p. 218 (cf. p. 62).
- ANDÚJAR, Carmelo, Paula ARRIBAS, Douglas W. YU, Alfried P. VOGLER et Brent C. EMERSON. « Why the COI Barcode Should Be the Community DNA Metabarcode for the Metazoa ». en. In : *Molecular Ecology* (sept. 2018). ISSN : 09621083. DOI : [10.1111/mec.14844](https://doi.org/10.1111/mec.14844) (cf. p. 86).
- ATHENS, UN Environment/MAP. *Action Plan for the Conservation of the Coralligenous and Other Calcareous Bio-Concretions in the Mediterranean Sea.* Greece, 2017 (cf. p. 49, 174, 176).
- AVERY, Oswald T, Colin M MACLEOD et Maclyn MACCARTY. « Studies on the Chemical Nature of the Substance Inducing Transformation of Pneumococcal Types Induction of Transformation by a Desoxyribonucleic Acid Fraction Isolated from Pneumococcus Type Iii. » In : *The Journal of Experimental Medicine* 79 (1944), p. 137-158 (cf. p. 28).
- AYLAGAS, Eva, Ángel BORJA, Iñigo MUXIKA et Naiara RODRÍGUEZ-EZPELETA. « Adapting Metabarcoding-Based Benthic Biomonitoring into Routine Marine Ecological Status Assessment Networks ». In : *Ecological Indicators* 95 (déc. 2018), p. 194-202. ISSN : 1470-160X. DOI : [10.1016/j.ecolind.2018.07.044](https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2018.07.044) (cf. p. 89).
- BADANO, Ernesto I. et Lohengrin A. CAVIERES. « Impacts of Ecosystem Engineers on Community Attributes : Effects of Cushion Plants at Different Elevations of the Chilean Andes ». en. In : *Diversity and Distributions* 12.4 (2006), p. 388-396. ISSN : 1472-4642. DOI : [10.1111/j.1366-9516.2006.00248.x](https://doi.org/10.1111/j.1366-9516.2006.00248.x) (cf. p. 174).
- BALATA, David, Luigi PIAZZI, Enrico CECCHI et Francesco CINELLI. « Variability of Mediterranean Coralligenous Assemblages Subject to Local Variation in Sediment Deposition ». en. In : *Marine Environmental Research* 60.4 (oct. 2005),

- p. 403-421. ISSN : 01411136. DOI : [10.1016/j.marenvres.2004.12.005](https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2004.12.005) (cf. p. [49](#), [88](#), [168](#)).
- BALATA, David, Luigi PIAZZI et Francesco CINELLI. « Increase of Sedimentation in a Subtidal System : Effects on the Structure and Diversity of Macroalgal Assemblages ». en. In : *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology* 351.1-2 (nov. 2007), p. 73-82. ISSN : 00220981. DOI : [10.1016/j.jembe.2007.06.019](https://doi.org/10.1016/j.jembe.2007.06.019) (cf. p. [49](#)).
- BALLESTEROS, Enric. *Els vegetals i la zonació litoral : espècies, comunitats i factors que influeixen en la seva distribució*. ca. Institut d'Estudis Catalans, 1992. ISBN : 978-84-7283-210-7 (cf. p. [53](#)).
- « Mediterranean Coralligenous Assemblages : A Synthesis of Present Knowledge ». In : *Oceanography and marine biology : an annual review* 44 (2006), p. 123-195 (cf. p. [39](#), [45](#), [46](#), [49](#), [53](#), [87](#), [88](#), [168](#), [171](#), [177](#)).
- BASCOMPTE, J et P JORDANO. *Mutualistic Networks*. Princeton University Press. Princeton, NJ, 2013 (cf. p. [38](#)).
- BLAXTER, M. L. « The Promise of a DNA Taxonomy ». en. In : *Philosophical Transactions of the Royal Society B : Biological Sciences* 359.1444 (avr. 2004), p. 669-679. ISSN : 0962-8436, 1471-2970. DOI : [10.1098/rstb.2003.1447](https://doi.org/10.1098/rstb.2003.1447) (cf. p. [38](#)).
- BOUDOURESQUE, Charles F., Aurélie BLANFUNE, Mireille HARMELIN-VIVIEN, Sébastien PERSONNIC, Sandrine RUITTON, Thierry THIBAUT et Marc VERLAQUE. « Where Seaweed Forests Meet Animal Forests : The Examples of Macroalgae in Coral Reefs and the Mediterranean Coralligenous Ecosystem ». en. In : *Marine Animal Forests : The Ecology of Benthic Biodiversity Hotspots*. Sous la dir. de Sergio ROSSI, Lorenzo BRAMANTI, Andrea GORI et Covadonga OREJAS SACO DEL VALLE. Cham : Springer International Publishing, 2015, p. 1-28. ISBN : 978-3-319-17001-5. DOI : [10.1007/978-3-319-17001-5\\_48-1](https://doi.org/10.1007/978-3-319-17001-5_48-1) (cf. p. [53](#)).
- BOUDOURESQUE, Charles-Francois. « Marine Biodiversity in the Mediterranean : Status of Species, Populations and Communities ». In : *Scientific reports of the Port-Cros national park* 20 (2004), p. 97-146 (cf. p. [45](#)).
- BUCKLIN, Ann, Dirk STEINKE et Leocadio BLANCO-BERCIAL. « DNA Barcoding of Marine Metazoa ». In : *Annual Review of Marine Science* 3.1 (déc. 2010), p. 471-508. ISSN : 1941-1405. DOI : [10.1146/annurev-marine-120308-080950](https://doi.org/10.1146/annurev-marine-120308-080950) (cf. p. [86](#)).
- CAHILL, Abigail E., Aurélien DE JODE, Sophie DUBOIS, Zoheir BOUZAZA, Didier AURELLE, Emilie BOISSIN, Olivier CHABROL, Romain DAVID, Emilie EGEE, Jean-Baptiste LEDOUX, Bastien MÉRIGOT, Alexandra Anh-Thu WEBER et Anne CHENUIL. « A Multispecies Approach Reveals Hot Spots and Cold Spots of Diversity and Connectivity in Invertebrate Species with Contrasting Dispersal Modes ». en. In : *Molecular Ecology* 26 (2017), p. 6563-6577. ISSN : 1365-294X. DOI : [10.1111/mec.14389](https://doi.org/10.1111/mec.14389) (cf. p. [150](#), [170](#)).
- CAHILL, Abigail E., John K. PEARMAN, Angel BORJA, Laura CARUGATI, Susana CARVALHO, Roberto DANOVARO, Sarah DASHFIELD, Romain DAVID, Jean-Pierre FÉRAL, Sergej OLENIN, Andrius ŠIAULYS, Paul J. SOMERFIELD, Antoaneta TRAYA-

- NOVA, Maria C. UYARRA et Anne CHENUIL. « A Comparative Analysis of Meta-barcoding and Morphology-Based Identification of Benthic Communities across Different Regional Seas ». en. In : *Ecology and Evolution* (août 2018). ISSN : 20457758. DOI : [10.1002/ece3.4283](https://doi.org/10.1002/ece3.4283) (cf. p. 91).
- CEBALLOS, Gerardo et Paul R. EHRLICH. « The Misunderstood Sixth Mass Extinction ». In : 360.6393 (juin 2018). Sous la dir. de Jennifer SILLS, p. 1080. DOI : [10.1126/science.aau0191](https://doi.org/10.1126/science.aau0191) (cf. p. 22).
- CHAO, Anne, Chun-Huo CHIU et Lou JOST. « Unifying Species Diversity, Phylogenetic Diversity, Functional Diversity, and Related Similarity and Differentiation Measures Through Hill Numbers ». en. In : *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 45.1 (nov. 2014), p. 297-324. ISSN : 1543-592X, 1545-2069. DOI : [10.1146/annurev-ecolsys-120213-091540](https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-120213-091540) (cf. p. 155).
- CHAO, Anne, K. H. MA, T. C. HSIEH et Chun-Huo CHIU. *SpadeR : Species-Richness Prediction and Diversity Estimation with R*. 2016 (cf. p. 62).
- CHAVE, J. « Neutral Theory and Community Ecology : Neutral Theory and Community Ecology ». en. In : *Ecology Letters* 7.3 (fév. 2004), p. 241-253. ISSN : 1461023X, 14610248. DOI : [10.1111/j.1461-0248.2003.00566.x](https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2003.00566.x) (cf. p. 34, 40).
- CHEN, Hanbo et Paul C BOUTROS. « VennDiagram : A Package for the Generation of Highly-Customizable Venn and Euler Diagrams in R ». en. In : *BMC Bioinformatics* 12.1 (2011), p. 35. ISSN : 1471-2105. DOI : [10.1186/1471-2105-12-35](https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-35) (cf. p. 139).
- CLAIR, M, V GAUDILLAT, N MICHEZ, R PONCET et L PONCET. « HABREF v4.0, Référentiel Des Typologies d'habitats et de Végétation Pour La France Guide Méthodologique ». In : *Rapport UMS PatriNat*. AFB/CNRS/MNHN, Paris (2017), p. 64 (cf. p. 46).
- CLARKE, K Robert et Ray N GORLEY. « PRIMER v7 : User Manual/Tutorial ». In : *PRIMER-E : Plymouth* (2015) (cf. p. 62).
- CLARKE, K Robert, Ray N GORLEY, Paul J. SOMERFIELD et R. M. WARWICK. « Change in Marine Communities : An Approach to Statistical Analysis and Interpretation, 3rd Edition. » In : *PRIMER-E : Plymouth* (2014) (cf. p. 62).
- COLL, Marta, Chiara PIRODDI, Jeroen STEENBEEK, Kristin KASCHNER, Frida BEN RAIS LASRAM, Jacopo AGUZZI, Enric BALLESTEROS, Carlo Nike BIANCHI, Jordi CORBERA, Thanos DAILIANIS, Roberto DANOVARO, Marta ESTRADA, Carlo FROGLIA, Bella S. GALIL, Josep M. GASOL, Ruthy GERTWAGEN, João GIL, François GUILHAUMON, Kathleen KESNER-REYES, Miltiadis-Spyridon KITSOS, Athanasios KOUKOURAS, Nikolaos LAMPADARIOU, Elijah LAXAMANA, Carlos M. LÓPEZ-FÉ DE LA CUADRA, Heike K. LOTZE, Daniel MARTIN, David MOUILLOT, Daniel ORO, Saša RAICEVICH, Josephine RIUS-BARILE, Jose Ignacio SAIZ-SALINAS, Carles SAN VICENTE, Samuel SOMOT, José TEMPLADO, Xavier TURON, Dimitris VAFIDIS, Roger VILLANUEVA et Eleni VOULTSIADOU. « The Biodiversity of the Mediterranean Sea : Estimates, Patterns, and Threats ». en. In : *PLoS ONE*

- 5.8 (août 2010). Sous la dir. de Steven J. BOGRAD, e11842. ISSN : 1932-6203. DOI : [10.1371/journal.pone.0011842](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0011842) (cf. p. 45).
- CORSE, Emmanuel, Emese MEGLÉCZ, Gaït ARCHAMBAUD, Morgane ARDISSON, Jean-François MARTIN, Christelle TOUGARD, Rémi CHAPPAZ et Vincent DUBUT. « A From-Benchtop-to-Desktop Workflow for Validating HTS Data and for Taxonomic Identification in Diet Metabarcoding Studies ». en. In : *Molecular Ecology Resources* 17.6 (nov. 2017), e146-e159. ISSN : 1755098X. DOI : [10.1111/1755-0998.12703](https://doi.org/10.1111/1755-0998.12703) (cf. p. 91).
- COSTANTINI, Federica, Filippo FERRARIO et Marco ABBIATI. « Chasing Genetic Structure in Coralligenous Reef Invertebrates : Patterns, Criticalities and Conservation Issues ». en. In : *Scientific Reports* 8.1 (avr. 2018), p. 5844. ISSN : 2045-2322. DOI : [10.1038/s41598-018-24247-9](https://doi.org/10.1038/s41598-018-24247-9) (cf. p. 170).
- COWART, Dominique A., Miguel PINHEIRO, Olivier MOUCHEL, Marion MAGUER, Jacques GRALL, Jacques MINÉ et Sophie ARNAUD-HAOND. « Metabarcoding Is Powerful yet Still Blind : A Comparative Analysis of Morphological and Molecular Surveys of Seagrass Communities ». en. In : *PLOS ONE* 10.2 (fév. 2015). Sous la dir. de Silvia MAZZUCA, e0117562. ISSN : 1932-6203. DOI : [10.1371/journal.pone.0117562](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0117562) (cf. p. 91).
- COWEN, Robert K. et Su SPONAUGLE. « Larval Dispersal and Marine Population Connectivity ». In : *Annual Review of Marine Science* 1.1 (2009), p. 443-466. DOI : [10.1146/annurev.marine.010908.163757](https://doi.org/10.1146/annurev.marine.010908.163757) (cf. p. 134, 149, 167, 172).
- CRAIN, Caitlin Mullan et Mark D. BERTNESS. « Ecosystem Engineering across Environmental Gradients : Implications for Conservation and Management ». en. In : 56.3 (mar. 2006), p. 211-218. ISSN : 0006-3568. DOI : [10.1641/0006-3568\(2006\)056\[0211:EEAEGI\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1641/0006-3568(2006)056[0211:EEAEGI]2.0.CO;2) (cf. p. 174).
- CREER, Simon, Kristy DEINER, Serita FREY, Dorota PORAZINSKA, Pierre TABERLET, W. Kelley THOMAS, Caitlin POTTER et Holly M. BIK. « The Ecologist's Field Guide to Sequence-Based Identification of Biodiversity ». en. In : *Methods in Ecology and Evolution* 7.9 (sept. 2016). Sous la dir. de Robert FRECKLETON, p. 1008-1018. ISSN : 2041210X. DOI : [10.1111/2041-210X.12574](https://doi.org/10.1111/2041-210X.12574) (cf. p. 38).
- CUSHMAN, Samuel, Andrew STORFER et Lisette WAITS. *Landscape Genetics : Concepts, Methods, Applications*. en. John Wiley & Sons, nov. 2015. ISBN : 978-1-118-52529-6 (cf. p. 134).
- DARWIN, Charles. *On the Origin of Species by Means of Natural Selection or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life*. 1859. ISBN : 978-2-08-122107-9 (cf. p. 21).
- DAVEY, John W., Paul A. HOHENLOHE, Paul D. ETTER, Jason Q. BOONE, Julian M. CATCHEN et Mark L. BLAXTER. « Genome-Wide Genetic Marker Discovery and Genotyping Using next-Generation Sequencing ». In : *Nature Reviews Genetics* 12.7 (juin 2011), p. 499-510. ISSN : 1471-0056, 1471-0064. DOI : [10.1038/nrg3012](https://doi.org/10.1038/nrg3012) (cf. p. 33, 134).
- DAVID, Romain. « De la conception d'un système d'observation à large échelle au déploiement et à l'exploitation de son système d'information : application à

- l'observation des habitats coralligènes et à la colonisation de récifs artificiels (ARMS) ». fr. Thèse de doct. 2018 (cf. p. 90, 176).
- DE QUEIROZ, Kevin. « Species Concepts and Species Delimitation ». en. In : *Systematic Biology* 56.6 (déc. 2007), p. 879-886. ISSN : 1063-5157. DOI : [10.1080/10635150701701083](https://doi.org/10.1080/10635150701701083) (cf. p. 24).
- DE VILLEMEREUIL, Pierre, Éric FRICHOT, Éric BAZIN, Olivier FRANÇOIS et Oscar E. GAGGIOTTI. « Genome Scan Methods against More Complex Models : When and How Much Should We Trust Them ? » en. In : *Molecular Ecology* 23.8 (avr. 2014), p. 2006-2019. ISSN : 09621083. DOI : [10.1111/mec.12705](https://doi.org/10.1111/mec.12705) (cf. p. 152, 153).
- DE VILLEMEREUIL, Pierre et Oscar E. GAGGIOTTI. « A New  $F_{ST}$ -Based Method to Uncover Local Adaptation Using Environmental Variables ». en. In : *Methods in Ecology and Evolution* 6.11 (nov. 2015). Sous la dir. de Robert B. O'HARA, p. 1248-1258. ISSN : 2041210X. DOI : [10.1111/2041-210X.12418](https://doi.org/10.1111/2041-210X.12418) (cf. p. 138, 152).
- DEXTER, K. G., J. W. TERBORGH et C. W. CUNNINGHAM. « Historical Effects on Beta Diversity and Community Assembly in Amazonian Trees ». en. In : *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109.20 (mai 2012), p. 7787-7792. ISSN : 0027-8424, 1091-6490. DOI : [10.1073/pnas.1203523109](https://doi.org/10.1073/pnas.1203523109) (cf. p. 40).
- DOXA, Aggeliki, Florian HOLON, Julie DETER, Sébastien VILLÉGER, Pierre BOISSERY et Nicolas MOUQUET. « Mapping Biodiversity in Three-Dimensions Challenges Marine Conservation Strategies : The Example of Coralligenous Assemblages in North-Western Mediterranean Sea ». In : *Ecological Indicators* 61 (fév. 2016), p. 1042-1054. ISSN : 1470-160X. DOI : [10.1016/j.ecolind.2015.10.062](https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2015.10.062) (cf. p. 90).
- DURRIEU DE MADRON, X., C. GUIEU, R. SEMPÉRÉ, P. CONAN, D. COSSA, F. D'ORTENZIO, C. ESTOURNEL, F. GAZEAU, C. RABOUILLE, L. STEMMANN, S. BONNET, F. DIAZ, P. KOUUBI, O. RADAKOVITCH, M. BABIN, M. BAKLOUTI, C. BANCON-MONTIGNY, S. BELVISO, N. BENSOUSSAN, B. BONSAÏG, I. BOULOUBASSI, C. BRUNET, J.-F. CADIOU, F. CARLOTTI, M. CHAMI, S. CHARMASSON, B. CHARRIÈRE, J. DACHS, D. DOXARAN, J.-C. DUTAY, F. ELBAZ-POULICHET, M. ELÉAUME, F. EYROLLES, C. FERNANDEZ, S. FOWLER, P. FRANCOUR, J.C. GAERTNER, R. GALZIN, S. GASPARINI, J.-F. GHIGLIONE, J.-L. GONZALEZ, C. GOYET, L. GUIDI, K. GUIZIEN, L.-E. HEIMBÜRGER, S.H.M. JACQUET, W.H. JEFFREY, F. JOUX, P. LE HIR, K. LEBLANC, D. LEFÈVRE, C. LEJEUSNE, R. LEMÉ, M.-D. LOÏE-PILOT, M. MALLET, L. MÉJANELLE, F. MÉLIN, C. MELLON, B. MÉRIGOT, P.-L. MERLE, C. MIGON, W.L. MILLER, L. MORTIER, B. MOSTAJIR, L. MOUSSEAU, T. MOUTIN, J. PARA, T. PÉREZ, A. PETRENKO, J.-C. POGGIALE, L. PRIEUR, M. PUJOPAY, PULIDO-VILLENA, P. RAIMBAULT, A.P. REES, C. RIDAME, J.-F. RONTANI, D. RUIZ PINO, M.A. SICRE, V. TAILLANDIER, C. TAMBURINI, T. TANAKA, I. TAUPIER-LETAGE, M. TEDETTI, P. TESTOR, H. THÉBAULT, B. THOUVENIN, F. TOURATIER, J. TRONCZYNSKI, C. ULSES, F. VAN WAMBEKE, V. VANTREPOTTE, S. VAZ et R. VERNEY. « Marine Ecosystems' Responses to Climatic and Anthropogenic Forcings

- in the Mediterranean ». en. In : *Progress in Oceanography* 91.2 (oct. 2011), p. 97-166. ISSN : 00796611. DOI : [10.1016/j.pocean.2011.02.003](https://doi.org/10.1016/j.pocean.2011.02.003) (cf. p. 49).
- EKBLOM, R. et J. GALINDO. « Applications of next Generation Sequencing in Molecular Ecology of Non-Model Organisms ». en. In : 107.1 (juil. 2011), p. 1-15. ISSN : 1365-2540. DOI : [10.1038/hdy.2010.152](https://doi.org/10.1038/hdy.2010.152) (cf. p. 33).
- ELLISON, Aaron M. « Partitioning Diversity<sup>1</sup> ». en. In : 91.7 (juil. 2010), p. 1962-1963. ISSN : 0012-9658. DOI : [10.1890/09-1692.1](https://doi.org/10.1890/09-1692.1) (cf. p. 155).
- EPSKAMP, Sacha, Angélique O. J. CRAMER, Lourens J. WALDORP, Verena D. SCHMITTMANN et Denny BORSBOOM. « **Qgraph** : Network Visualizations of Relationships in Psychometric Data ». en. In : *Journal of Statistical Software* 48.4 (2012). ISSN : 1548-7660. DOI : [10.18637/jss.v048.i04](https://doi.org/10.18637/jss.v048.i04) (cf. p. 137).
- FONSECA, Vera G. « “Pitfalls in Relative Abundance Estimation Using eDNA Metabarcoding” ». en. In : *Molecular Ecology Resources* 18.5 (sept. 2018), p. 923-926. ISSN : 1755-0998. DOI : [10.1111/1755-0998.12902](https://doi.org/10.1111/1755-0998.12902) (cf. p. 86).
- FRAÏSSE, Christelle, Khalid BELKHIR, John J. WELCH et Nicolas BIERNE. « Local Interspecies Introgression Is the Main Cause of Extreme Levels of Intraspecific Differentiation in Mussels ». en. In : *Molecular Ecology* 25.1 (jan. 2016), p. 269-286. ISSN : 1365-294X. DOI : [10.1111/mec.13299](https://doi.org/10.1111/mec.13299) (cf. p. 152).
- FRANKHAM, Richard. « Genetics and Extinction ». In : *Biological Conservation* 126.2 (nov. 2005), p. 131-140. ISSN : 0006-3207. DOI : [10.1016/j.biocon.2005.05.002](https://doi.org/10.1016/j.biocon.2005.05.002) (cf. p. 24, 175).
- FRAYSSE, Marion. « THESE DE DOCTORAT DE L’UNIVERSITE D’AIX-MARSEILLE ». fr. In : (2014), p. 356 (cf. p. 150, 151).
- FRICHOT, Eric, Sean D. SCHOVILLE, Guillaume BOUCHARD et Olivier FRANÇOIS. « Testing for Associations between Loci and Environmental Gradients Using Latent Factor Mixed Models ». en. In : *Molecular Biology and Evolution* 30.7 (juil. 2013), p. 1687-1699. ISSN : 0737-4038. DOI : [10.1093/molbev/mst063](https://doi.org/10.1093/molbev/mst063) (cf. p. 139).
- GAGGIOTTI, Oscar E., Anne CHAO, Pedro PERES-NETO, Chun-Huo CHIU, Christine EDWARDS, Marie-Josée FORTIN, Lou JOST, Christopher M. RICHARDS et Kimberly A. SELKOE. « Diversity from Genes to Ecosystems : A Unifying Framework to Study Variation across Biological Metrics and Scales ». en. In : *Evolutionary Applications* (fév. 2018). ISSN : 1752-4571. DOI : [10.1111/eva.12593](https://doi.org/10.1111/eva.12593) (cf. p. 62, 156, 157).
- GAGNAIRE, Pierre-Alexandre et Oscar E. GAGGIOTTI. « Detecting Polygenic Selection in Marine Populations by Combining Population Genomics and Quantitative Genetics Approaches ». en. In : *Current Zoology* 62.6 (déc. 2016), p. 603-616. ISSN : 1674-5507, 2396-9814. DOI : [10.1093/cz/zow088](https://doi.org/10.1093/cz/zow088) (cf. p. 153, 177).
- GAMFELDT, Lars, Jonathan S. LEFCHECK, Jarrett E. K. BYRNES, Bradley J. CARDINALE, J. Emmett DUFFY et John N. GRIFFIN. « Marine Biodiversity and Eco-

- system Functioning : What's Known and What's Next? » en. In : 124.3 (mar. 2015), p. 252-265. ISSN : 1600-0706. DOI : [10.1111/oik.01549](https://doi.org/10.1111/oik.01549) (cf. p. 177).
- GARRABOU, Joaquim et Enric BALLESTEROS. « Growth of *Mesophyllum Alternans* and *Lithophyllum Frondosum* (Corallinales, Rhodophyta) in the Northwestern Mediterranean ». In : *European Journal of Phycology* 35.1 (fév. 2000), p. 1-10. ISSN : 0967-0262. DOI : [10.1080/09670260010001735571](https://doi.org/10.1080/09670260010001735571) (cf. p. 49).
- GÜNTHER, Torsten et Graham COOP. « Robust Identification of Local Adaptation from Allele Frequencies ». en. In : 195.1 (sept. 2013), p. 205-220. ISSN : 0016-6731, 1943-2631. DOI : [10.1534/genetics.113.152462](https://doi.org/10.1534/genetics.113.152462) (cf. p. 138).
- HAGUENAUER, A., F. ZUBERER, J. -B. LEDOUX et D. AURELLE. « Adaptive Abilities of the Mediterranean Red Coral *Corallium Rubrum* in a Heterogeneous and Changing Environment : From Population to Functional Genetics ». In : *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology* 449 (nov. 2013), p. 349-357. ISSN : 0022-0981. DOI : [10.1016/j.jembe.2013.10.010](https://doi.org/10.1016/j.jembe.2013.10.010) (cf. p. 88, 153).
- HARMELIN, JEAN-GEORGES. « Environnement Thermique Du Benthos Côtier de l'île de Port-Cros (Parc National, France, Méditerranée Nord-Occidentale) et Implications Biogéographiques. » In : *Scientific reports of the Port-Cros national park* 20 (2004), p. 173-194 (cf. p. 88, 153).
- HARTL, Daniel L et Andrew G CLARK. *Principles of Population Genetics*. Sunderland, MA : Sinauer Associates, 2007 (cf. p. 29).
- HILL M. O. « Diversity and Evenness : A Unifying Notation and Its Consequences ». In : 54.2 (mar. 1973), p. 427-432. ISSN : 0012-9658. DOI : [10.2307/1934352](https://doi.org/10.2307/1934352).
- HOBAN, Sean, Joanna L. KELLEY, Katie E. LOTTERHOS, Michael F. ANTOLIN, Gideon BRADBURD, David B. LOWRY, Mary L. POSS, Laura K. REED, Andrew STORFER et Michael C. WHITLOCK. « Finding the Genomic Basis of Local Adaptation : Pitfalls, Practical Solutions, and Future Directions ». In : *The American Naturalist* 188.4 (août 2016), p. 379-397. ISSN : 0003-0147. DOI : [10.1086/688018](https://doi.org/10.1086/688018) (cf. p. 40, 152).
- HOFFMANN, Ary, Philippa GRIFFIN, Shannon DILLON, Renee CATULLO, Rahul RANE, Margaret BYRNE, Rebecca JORDAN, John OAKESHOTT, Andrew WEEKS, Leo JOSEPH, Peter LOCKHART, Justin BOREVITZ et Carla SGRÒ. « A Framework for Incorporating Evolutionary Genomics into Biodiversity Conservation and Management ». In : *Climate Change Responses* 2.1 (jan. 2015), p. 1. ISSN : 2053-7565. DOI : [10.1186/s40665-014-0009-x](https://doi.org/10.1186/s40665-014-0009-x) (cf. p. 175).
- HOLON, Florian. « Interactions entre écosystèmes marins et pressions anthropiques. Applications au suivi et à la gestion des eaux côtières de la mer Méditerranée ». fr. Thèse de doct. 2015 (cf. p. 46).
- HONG, JAE-SANG. « Etude Faunistique d'un Fond de Concrétionnement de Type Coralligène Soumis à Un Gradient de Pollution En Méditerranée Nord-Occidentale (Golf de Fos) ». Thèse de doct. Faculté des Sciences, Aix-Marseille II, 1980 (cf. p. 45, 49, 53, 89, 176).



- HUBBELL, Stephen P. *The Unified Neutral Theory of Biodiversity and Biogeography*. Monographs in population biology 32. Princeton : Princeton University Press, 2001. ISBN : 978-0-691-02129-4 978-0-691-02128-7 (cf. p. 34, 87).
- JOHANSEN, H. William. *Coralline Algae, a First Synthesis*. en. Boca Raton, Fla : CRC Press, 1981. ISBN : 978-0-8493-5261-4 (cf. p. 134).
- JOMBART, Thibaut. « ADEGENET : A R Package for the Multivariate Analysis of Genetic Markers ». en. In : 24.11 (juin 2008), p. 1403-1405. ISSN : 1367-4803. DOI : [10.1093/bioinformatics/btn129](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn129) (cf. p. 137).
- JOMBART, Thibaut et ISMAÏL AHMED. « ADEGENET 1.3-1 : New Tools for the Analysis of Genome-Wide SNP Data ». en. In : 27.21 (nov. 2011), p. 3070-3071. ISSN : 1367-4803. DOI : [10.1093/bioinformatics/btr521](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr521) (cf. p. 137).
- JONES, Matthew R. et Jeffrey M. GOOD. « Targeted Capture in Evolutionary and Ecological Genomics ». en. In : *Molecular Ecology* 25.1 (jan. 2016), p. 185-202. ISSN : 09621083. DOI : [10.1111/mec.13304](https://doi.org/10.1111/mec.13304) (cf. p. 33).
- JOST LOU. « Entropy and Diversity ». In : 113.2 (fév. 2006), p. 363-375. ISSN : 0030-1299. DOI : [10.1111/j.2006.0030-1299.14714.x](https://doi.org/10.1111/j.2006.0030-1299.14714.x).
- KAHILAINEN, Aapo, MIKAEL PUURTINEN et Janne S. KOTIAHO. « Conservation Implications of Species–Genetic Diversity Correlations ». In : *Global Ecology and Conservation* 2 (déc. 2014), p. 315-323. ISSN : 2351-9894. DOI : [10.1016/j.gecco.2014.10.013](https://doi.org/10.1016/j.gecco.2014.10.013) (cf. p. 41, 43).
- KEENAN, Kevin, Philip MCGINNITY, Tom F. CROSS, Walter W. CROZIER et Paulo A. PRODÖHL. « diveRsity : An R Package for the Estimation and Exploration of Population Genetics Parameters and Their Associated Errors ». en. In : *Methods in Ecology and Evolution* 4.8 (août 2013). Sous la dir. de Robert B. O'HARA, p. 782-788. ISSN : 2041210X. DOI : [10.1111/2041-210X.12067](https://doi.org/10.1111/2041-210X.12067) (cf. p. 137).
- KREITMAN, Martin. « The Neutral Theory Is Dead. Long Live the Neutral Theory ». en. In : 18.8 (août 1996), p. 678-683. ISSN : 0265-9247, 1521-1878. DOI : [10.1002/bies.950180812](https://doi.org/10.1002/bies.950180812) (cf. p. 40).
- LABOREL, J. « Le Concretionnement Algal "Coralligène" et Son Importance Géomorphologique En Méditerranée. » In : *Recueil des Travaux de la Station Marine d'Endoume* (1961), p. 37-59 (cf. p. 46).
- LAMIT, L. J., T. WOJCIOWICZ, Z. KOVACS, S. C. WOOLEY, M. ZINKGRAF, T. G. WHITHAM, R. L. LINDROTH et C. A. GEHRING. « Hybridization among Foundation Tree Species Influences the Structure of Associated Understory Plant Communities ». en. In : 89.3 (mar. 2011), p. 165-174. ISSN : 1916-2790, 1916-2804. DOI : [10.1139/b11-006](https://doi.org/10.1139/b11-006) (cf. p. 174).
- LAMY, Thomas, Fabien LAROCHE, Patrice DAVID, François MASSOL et Philippe JARNE. « The Contribution of Species–Genetic Diversity Correlations to the Understanding of Community Assembly Rules ». en. In : 126.6 (2016), p. 759-771. ISSN : 1600-0706. DOI : [10.1111/oik.03997](https://doi.org/10.1111/oik.03997) (cf. p. 41, 43, 44, 166, 168).
- LAROCHE, Fabien, Philippe JARNE, Thomas LAMY, Patrice DAVID et François MASSOL. « A Neutral Theory for Interpreting Correlations between Species and Genetic Diversity in Communities ». en. In : *The American Naturalist* 185.1

- (jan. 2015), p. 59-59. ISSN : 0003-0147, 1537-5323. DOI : [10.1086/678990](https://doi.org/10.1086/678990) (cf. p. [41](#), [43](#)).
- LAUBIER, Lucien. *Le Coralligène Des Albères : Monographie Biocénotique*. T. 137-316. 43. Monaco : Annales de l'Institut océanographique., 1966 (cf. p. [53](#)).
- LAWSON HANDLEY, Lori. « How Will the 'Molecular Revolution' Contribute to Biological Recording? » en. In : *Biological Journal of the Linnean Society* 115.3 (juil. 2015), p. 750-766. ISSN : 0024-4066. DOI : [10.1111/bij.12516](https://doi.org/10.1111/bij.12516) (cf. p. [38](#)).
- LEASI, Francesca, Joseph L. SEVIGNY, Eric M. LAFLAMME, Tom ARTOIS, Marco CURINI-GALLETI, Alberto de Jesus NAVARRETE, Maikon Di DOMENICO, Freya GOETZ, Jeffrey A. HALL, Rick HOCHBERG, Katharina M. JÖRGER, Ulf JONDELIUS, M. Antonio TODARO, Herman H. WIRSHING, Jon L. NORENBURG et W. Kelley THOMAS. « Biodiversity Estimates and Ecological Interpretations of Meiofaunal Communities Are Biased by the Taxonomic Approach ». en. In : *Communications Biology* 1.1 (août 2018), p. 112. ISSN : 2399-3642. DOI : [10.1038/s42003-018-0119-2](https://doi.org/10.1038/s42003-018-0119-2) (cf. p. [89](#)).
- LINARES, C., M. VIDAL, M. CANALS, D. K. KERSTING, D. AMBLAS, E. ASPILLAGA, E. CEBRIÁN, A. DELGADO-HUERTAS, D. DÍAZ, J. GARRABOU, B. HEREU, L. NAVARRO, N. TEIXIDÓ et E. BALLESTEROS. « Persistent Natural Acidification Drives Major Distribution Shifts in Marine Benthic Ecosystems ». en. In : *Proc. R. Soc. B* 282.1818 (nov. 2015), p. 20150587. ISSN : 0962-8452, 1471-2954. DOI : [10.1098/rspb.2015.0587](https://doi.org/10.1098/rspb.2015.0587) (cf. p. [49](#)).
- LOMBARDI, C, S COCITO, Mc GAMBI, B CISTERNA, F FLACH, Pd TAYLOR, K KELTIE, A FREER et M CUSACK. « Effects of Ocean Acidification on Growth, Organic Tissue and Protein Profile of the Mediterranean bryozoan *Myriapora Truncata* ». en. In : *Aquatic Biology* 13.3 (oct. 2011), p. 251-262. ISSN : 1864-7782, 1864-7790. DOI : [10.3354/ab00376](https://doi.org/10.3354/ab00376) (cf. p. [49](#), [175](#)).
- LOTTERHOS, Katie E. et Michael C. WHITLOCK. « Evaluation of Demographic History and Neutral Parameterization on the Performance of FST Outlier Tests ». en. In : *Molecular Ecology* 23.9 (mai 2014), p. 2178-2192. ISSN : 1365-294X. DOI : [10.1111/mec.12725](https://doi.org/10.1111/mec.12725) (cf. p. [152](#)).
- LUU, Keurcien, Eric BAZIN et Michael G. B. BLUM. « Pcadapt : An R Package to Perform Genome Scans for Selection Based on Principal Component Analysis ». en. In : (mai 2016), p. 056135. DOI : [10.1101/056135](https://doi.org/10.1101/056135) (cf. p. [137](#)).
- MAHÉ, Frédéric, Torbjørn ROGNES, Christopher QUINCE, Colomban DE VARGAS et Micah DUNTHORN. « Swarm : Robust and Fast Clustering Method for Amplicon-Based Studies ». In : *PeerJ* 2.e593 (2014). ISSN : 2167-8359. DOI : [10.7717/peerj.593](https://doi.org/10.7717/peerj.593) (cf. p. [59](#)).
- « Swarm v2 : Highly-Scalable and High-Resolution Amplicon Clustering ». In : *PeerJ* 3.e1420 (2015). ISSN : 2167-8359. DOI : [10.7717/peerj.1420](https://doi.org/10.7717/peerj.1420) (cf. p. [59](#)).
- MAJANEVA, Markus, Ola H. DISERUD, Shannon H. C. EAGLE, Mehrdad HAJIBABAEI et Torbjørn EKREM. « Choice of DNA Extraction Method Affects DNA Me-

- tabarcoding of Unsorted Invertebrate Bulk Samples ». en. In : *Metabarcoding and Metagenomics 2* (août 2018), e26664. ISSN : 2534-9708. DOI : [10.3897/mbmg.2.26664](https://doi.org/10.3897/mbmg.2.26664) (cf. p. 86).
- MARIAC, C., Y. VIGOUROUX, F. DUPONCHELLE, C. GARCÍA-DÁVILA, J. NUNEZ, E. DESMARAIS et J. F. RENNO. « Metabarcoding by Capture Using a Single COI Probe (MCSP) to Identify and Quantify Fish Species in Ichthyoplankton Swarms ». en. In : *PLOS ONE* 13.9 (sept. 2018), e0202976. ISSN : 1932-6203. DOI : [10.1371/journal.pone.0202976](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0202976) (cf. p. 91).
- MARIS, Virginie. *Philosophie de La Biodiversité. Petite Éthique Pour Une Nature En Péril*. Buchet/Chastel. 2010. ISBN : 978-2-283-02456-0 (cf. p. 22).
- MARTIN, C. S., M. GIANNOULAKI, F. De LEO, M. SCARDI, M. SALOMIDI, L. KNITTEWEIS, M. L. PACE, G. GAROFALO, M. GRISTINA, E. BALLESTEROS, G. BAVESTRELLO, A. BELLUSCIO, E. CEBRIAN, V. GERAKARIS, G. PERGENT, C. PERGENT-MARTINI, P. J. SCHEMBRI, K. TERRIBILE, L. RIZZO, J. Ben SOUISSI, M. BONACORSI, G. GUARNIERI, M. KRZELJ, V. MACIC, E. PUNZO, V. VALAVANIS et S. FRASCHETTI. « Coralligenous and Maërl Habitats : Predictive Modelling to Identify Their Spatial Distributions across the Mediterranean Sea ». en. In : *Scientific Reports* 4 (mai 2014), p. 5073. ISSN : 2045-2322. DOI : [10.1038/srep05073](https://doi.org/10.1038/srep05073) (cf. p. 46, 47).
- MARTIN, Marcel. « Cutadapt Removes Adapter Sequences from High-Throughput Sequencing Reads ». en. In : *EMBnet.journal* 17.1 (mai 2011), p. 10-12. DOI : <http://dx.doi.org/10.14806/ej.17.1.200> (cf. p. 59).
- MARTIN, Sophie, Stéphanie COHU, Céline VIGNOT, Guillaume ZIMMERMAN et Jean-Pierre GATTUSO. « One-Year Experiment on the Physiological Response of the Mediterranean Crustose Coralline Alga, *Lithophyllum Cabiochae*, to Elevated pCO<sub>2</sub> and Temperature ». en. In : *Ecology and Evolution* 3.3 (2012), p. 676-693. ISSN : 20457758. DOI : [10.1002/ece3.475](https://doi.org/10.1002/ece3.475) (cf. p. 49, 175).
- MARTIN, Sophie et Jean-Pierre GATTUSO. « Response of Mediterranean Coralline Algae to Ocean Acidification and Elevated Temperature ». In : *Global Change Biology* 15.8 (2009), p. 2089-2100 (cf. p. 49, 175).
- MASSA, Sónia I, Cristina M PAULINO, Ester A SERRÃO, Carlos M DUARTE et Sophie ARNAUD-HAOND. « Entangled Effects of Allelic and Clonal (Genotypic) Richness in the Resistance and Resilience of Experimental Populations of the Seagrass *Zostera Noltii* to Diatom Invasion ». en. In : *BMC Ecology* 13.1 (2013), p. 39. ISSN : 1472-6785. DOI : [10.1186/1472-6785-13-39](https://doi.org/10.1186/1472-6785-13-39) (cf. p. 175).
- MCCANN, K S. *Food Webs*. Princeton University Press. Princeton, NJ, 2011 (cf. p. 38).
- MCCOY, Sophie J. et Nicholas A. KAMENOS. « Coralline Algal Skeletal Mineralogy Affects Grazer Impacts ». en. In : *Global Change Biology* 24.10 (oct. 2018), p. 4775-4783. ISSN : 1365-2486. DOI : [10.1111/gcb.14370](https://doi.org/10.1111/gcb.14370) (cf. p. 175).
- MORTON, S, A SHEPPARD et W M LONSDALE. « Biodiversity : Science and Solutions for Australia ». en. In : *CSIRO Publishing* (2014), p. 233 (cf. p. 26, 27).

- MOUQUET, Nicolas, Vincent DEVICTOR, Christine N. MEYNARD, Francois MUNOZ, Louis-Félix BERSIER, Jérôme CHAVE, Pierre COUTERON, Ambroise DALECKY, Colin FONTAINE, Dominique GRAVEL, Olivier J. HARDY, Franck JABOT, Sébastien LAVERGNE, Mathew LEIBOLD, David MOUILLOT, Tamara MÜNKEMÜLLER, Sandrine PAVOINE, Andreas PRINZING, Ana S. L. RODRIGUES, Rudolf P. ROHR, Elisa THÉBAULT et Wilfried THUILLER. « Ecophylogenetics : Advances and Perspectives ». en. In : *Biological Reviews* 87.4 (nov. 2012), p. 769-785. ISSN : 1469-185X. DOI : [10.1111/j.1469-185X.2012.00224.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-185X.2012.00224.x) (cf. p. 177).
- MUNCH, Kasper, Wouter BOOMSMA, John P. HUELSENBECK, Eske WILLERSLEV et Rasmus NIELSEN. « Statistical Assignment of DNA Sequences Using Bayesian Phylogenetics ». en. In : *Systematic Biology* 57.5 (oct. 2008), p. 750-757. ISSN : 1076-836X, 1063-5157. DOI : [10.1080/10635150802422316](https://doi.org/10.1080/10635150802422316) (cf. p. 60).
- MURDOCH, W W, C J BRIGGS et R M NISBET. *Consumer-Resource Dynamics*. Princeton University Press. Princeton, NJ, 2013 (cf. p. 38).
- NASH, Merinda C., Sophie MARTIN et Jean-Pierre GATTUSO. « Mineralogical Response of the Mediterranean Crustose Coralline Alga *Lithophyllum Cabiochae* to Near-Future Ocean Acidification and Warming ». en. In : 13.21 (nov. 2016), p. 5937-5945. ISSN : 1726-4189. DOI : [10.5194/bg-13-5937-2016](https://doi.org/10.5194/bg-13-5937-2016) (cf. p. 49).
- NORTON, T.A. « Dispersal by Macroalgae ». en. In : *British Phycological Journal* 27.3 (sept. 1992), p. 293-301. ISSN : 0007-1617. DOI : [10.1080/00071619200650271](https://doi.org/10.1080/00071619200650271) (cf. p. 135, 149, 167).
- NOWAK, Martin A. *Evolutionary Dynamics*. Harvard University Press. Cambridge, MA, 2006 (cf. p. 40).
- OPAZO, L. Felipe et Ricardo D. OTAÍZA. « Vertical Distribution of Spores of Blade-Forming *Sarcothalia Crispata* (Gigartinaceae) and Crustose Corallines (Coralinaceae) in the Water Column ». In : *Botanica Marina* 50.2 (jan. 2007). ISSN : 14374323, 00068055. DOI : [10.1515/BOT.2007.011](https://doi.org/10.1515/BOT.2007.011) (cf. p. 135, 149, 167).
- ORR, H. Allen. « Fitness and Its Role in Evolutionary Genetics ». en. In : *Nature Reviews Genetics* 10.8 (août 2009), p. 531-539. ISSN : 1471-0056, 1471-0064. DOI : [10.1038/nrg2603](https://doi.org/10.1038/nrg2603) (cf. p. 37).
- PALLAS, Peter Simon. *Elenchus Zoophytorum Sistens Generum Adumbrationes Generaliores et Specierum Cognitarum Succintas Descriptiones, Cum Selectis Auctorum Synonymis* /. Hagae-Comitum : Apud Petrum van Cleef, 1766 (cf. p. 170, 345).
- PARADIS, Emmanuel, Julien CLAUDE et Korbinian STRIMMER. « APE : Analyses of Phylogenetics and Evolution in R Language ». en. In : 20.2 (jan. 2004), p. 289-290. ISSN : 1367-4803. DOI : [10.1093/bioinformatics/btg412](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg412) (cf. p. 136).
- PAWLOWSKI, Jan, Mary KELLY-QUINN, Florian ALTERMATT, Laure APOTHÉLOZ-PERRET-GENTIL, Pedro BEJA, Angela BOGGERO, Angel BORJA, Agnès BOUCHEZ, Tristan CORDIER, Isabelle DOMAIZON, Maria Joao FEIO, Ana Filipa FILIPE, Riccardo FORNAROLI, Wolfram GRAF, Jelger HERDER, Berry VAN DER HOORN, J. IWAN JONES, Marketa SAGOVA-MARECKOVA, Christian MORITZ, Jose BARQUÍN, Jeremy J. PIGGOTT, Maurizio PINNA, Frederic RIMET, Buki RINKEVICH, Carla

- SOUSA-SANTOS, Valeria SPECCHIA, Rosa TROBAJO, Valentin VASSELON, Simon VITECEK, Jonas ZIMMERMAN, Alexander WEIGAND, Florian LEESE et Maria KAHLERT. « The Future of Biotic Indices in the Ecogenomic Era : Integrating (e)DNA Metabarcoding in Biological Assessment of Aquatic Ecosystems ». In : *Science of The Total Environment* 637-638 (oct. 2018), p. 1295-1310. ISSN : 0048-9697. DOI : [10.1016/j.scitotenv.2018.05.002](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.05.002) (cf. p. 39).
- PIAZZI, Luigi, Paola GENNARO et David BALATA. « Threats to Macroalgal Coral-ligenous Assemblages in the Mediterranean Sea ». In : *Marine Pollution Bulletin* 64.12 (déc. 2012), p. 2623-2629. ISSN : 0025-326X. DOI : [10.1016/j.marpolbul.2012.07.027](https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2012.07.027) (cf. p. 49).
- PLUMMER, Martyn, Nicky BEST, Kate COWLES et Karen VINES. « CODA : Convergence Diagnosis and Output Analysis for MCMC ». In : *R News* 6 (mar. 2006), p. 7-11. ISSN : 1609-3631 (cf. p. 138).
- PRADAL, Marie-Aude et Bertrand MILLET. « Spatial Heterogeneity of Artificial Reefs Functioning According to Wind-Induced Lagrangian Circulation ». en. In : *ISRN Oceanography* 2013 (2013), p. 1-9. ISSN : 2090-8989. DOI : [10.5402/2013/568487](https://doi.org/10.5402/2013/568487) (cf. p. 150).
- PRATLONG, Marine. « Le Défi Évolutif Du Changement Climatique, Processus Adaptatifs Chez Le Corail Rouge (*Corallium Rubrum*) ». Thèse de doct. 2016 (cf. p. 175, 177).
- PRITCHARD, Jonathan K, Matthew STEPHENS et Peter DONNELLY. « Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data ». In : *Genetics* 155 (2000), p. 945-959 (cf. p. 137).
- R CORE TEAM. *R : A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria, 2018 (cf. p. 136-139, 156-158).
- RAJ, Anil, Matthew STEPHENS et Jonathan K. PRITCHARD. « fastSTRUCTURE : Variational Inference of Population Structure in Large SNP Data Sets ». en. In : *Genetics* 197.2 (juin 2014), p. 573-589. ISSN : 0016-6731, 1943-2631. DOI : [10.1534/genetics.114.164350](https://doi.org/10.1534/genetics.114.164350) (cf. p. 137).
- RIGINOS, Cynthia, Eric D. CRANDALL, Libby LIGGINS, Pim BONGAERTS et Eric A. TREML. « Navigating the Currents of Seascape Genomics : How Spatial Analyses Can Augment Population Genomic Studies ». en. In : *Current Zoology* 62.6 (déc. 2016), p. 581-601. ISSN : 1674-5507, 2396-9814. DOI : [10.1093/cz/zow067](https://doi.org/10.1093/cz/zow067) (cf. p. 134, 153).
- RODOLFO-METALPA, Riccardo, Chiara LOMBARDI, Silvia COCITO, Jason M. HALL-SPENCER et Maria Cristina GAMBI. « Effects of Ocean Acidification and High Temperatures on the Bryozoan *Myriapora Truncata* at Natural CO<sub>2</sub> Vents ». en. In : *Marine Ecology* (jan. 2010). ISSN : 01739565, 14390485. DOI : [10.1111/j.1439-0485.2009.00354.x](https://doi.org/10.1111/j.1439-0485.2009.00354.x) (cf. p. 49, 175).
- RODRÍGUEZ-PRIETO, Conxi. « Light and Temperature Requirements for Survival, Growth and Reproduction of the Crustose Coralline Lithophyllum Stictaeforme

- from the Mediterranean Sea ». In : *Botanica Marina* 59.2-3 (jan. 2016). ISSN : 1437-4323, 0006-8055. DOI : [10.1515/bot-2015-0070](https://doi.org/10.1515/bot-2015-0070) (cf. p. 49, 153, 175).
- ROGNES, Torbjørn, Tomáš FLOURI, Ben NICHOLS, Christopher QUINCE et Frédéric MAHÉ. « VSEARCH : A Versatile Open Source Tool for Metagenomics ». en. In : 4 (oct. 2016), e2584. ISSN : 2167-8359. DOI : [10.7717/peerj.2584](https://doi.org/10.7717/peerj.2584) (cf. p. 59).
- ROMIGUIER, J., P. GAYRAL, M. BALLENGHIEN, A. BERNARD, V. CAHAIS, A. CHENUIL, Y. CHIARI, R. DERNAT, L. DURET, N. FAIVRE, E. LOIRE, J. M. LOURENCO, B. NABHOLZ, C. ROUX, G. TSAGKOGEOGA, A. A.-T. WEBER, L. A. WEINERT, K. BELKHIR, N. BIERNE, S. GLÉMIN et N. GALTIER. « Comparative Population Genomics in Animals Uncovers the Determinants of Genetic Diversity ». In : *Nature* 515.7526 (août 2014), p. 261-263. ISSN : 0028-0836, 1476-4687. DOI : [10.1038/nature13685](https://doi.org/10.1038/nature13685) (cf. p. 33).
- ROSINDELL, James, Stephen P. HUBBELL et Rampal S. ETIENNE. « The Unified Neutral Theory of Biodiversity and Biogeography at Age Ten ». In : *Trends in ecology & evolution* 26.7 (2011), p. 340-348 (cf. p. 34, 36).
- ROSSBERG, Axel G., Laura UUSITALO, Torsten BERG, Anastasija ZAIKO, Anne CHENUIL, María C. UYARRA, Angel BORJA et Christopher P. LYNAM. « Quantitative Criteria for Choosing Targets and Indicators for Sustainable Use of Ecosystems ». In : *Ecological Indicators* 72 (jan. 2017), p. 215-224. ISSN : 1470-160X. DOI : [10.1016/j.ecolind.2016.08.005](https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2016.08.005) (cf. p. 149).
- ROUSSET, François. « Genepop'007 : A Complete Re-Implementation of the Genepop Software for Windows and Linux ». en. In : *Molecular Ecology Resources* 8.1 (jan. 2008), p. 103-106. ISSN : 1755-0998. DOI : [10.1111/j.1471-8286.2007.01931.x](https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01931.x) (cf. p. 137).
- SANGER, F., S. NICKLEN et A. R. COULSON. « DNA Sequencing with Chain-Terminating Inhibitors ». en. In : *Proceedings of the National Academy of Sciences* 74.12 (déc. 1977), p. 5463-5467. ISSN : 0027-8424, 1091-6490. DOI : [10.1073/pnas.74.12.5463](https://doi.org/10.1073/pnas.74.12.5463) (cf. p. 32).
- SARTORETTO, Stéphane, Thomas SCHOHN, Carlo Nike BIANCHI, Carla MORRI, Joaquim GARRABOU, Enric BALLESTEROS, Sandrine RUITTON, Marc VERLAQUE, Boris DANIEL, Eric CHARBONNEL, Sylvain BLOUET, Romain DAVID, Jean-Pierre FÉRAL et Giulia GATTI. « An Integrated Method to Evaluate and Monitor the Conservation State of Coralligenous Habitats : The INDEX-COR Approach ». en. In : *Marine Pollution Bulletin* 120.1-2 (juil. 2017), p. 222-231. ISSN : 0025326X. DOI : [10.1016/j.marpolbul.2017.05.020](https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2017.05.020) (cf. p. 149, 173, 176).
- SARTORETTO, Stéphane, Marc VERLAQUE et Jacques LABOREL. « Age of Settlement and Accumulation Rate of Submarine "Coralligène" (- 10 to- 60 m) of the Northwestern Mediterranean Sea ; Relation to Holocene Rise in Sea Level ». In : *Marine Geology* 130.3-4 (1996), p. 317-331 (cf. p. 49, 134).
- SCHWARTZ, M, G LUIKART et R WAPLES. « Genetic Monitoring as a Promising Tool for Conservation and Management ». en. In : *Trends in Ecology & Evolution* 22.1 (jan. 2007), p. 25-33. ISSN : 01695347. DOI : [10.1016/j.tree.2006.08.009](https://doi.org/10.1016/j.tree.2006.08.009) (cf. p. 24, 175).

- SEEHAUSEN, Ole, Roger K. BUTLIN, Irene KELLER, Catherine E. WAGNER, Jannette W. BOUGHMAN, Paul A. HOHENLOHE, Catherine L. PEICHEL, Glenn-Peter SAETRE, Claudia BANK, Åke BRÄNNSTRÖM, Alan BRELSFORD, Chris S. CLARKSON, Fabrice EROUKHMANOFF, Jeffrey L. FEDER, Martin C. FISCHER, Andrew D. FOOTE, Paolo FRANCHINI, Chris D. JIGGINS, Felicity C. JONES, Anna K. LINDHOLM, Kay LUCEK, Martine E. MAAN, David A. MARQUES, Simon H. MARTIN, Blake MATTHEWS, Joana I. MEIER, Markus MÖST, Michael W. NACHMAN, Etsuko NONAKA, Diana J. RENNISON, Julia SCHWARZER, Eric T. WATSON, Anja M. WESTRAM et Alex WIDMER. « Genomics and the Origin of Species ». en. In : *Nature Reviews Genetics* 15.3 (mar. 2014), p. 176-192. ISSN : 1471-0056, 1471-0064. DOI : [10.1038/nrg3644](https://doi.org/10.1038/nrg3644) (cf. p. 33).
- SELKOE, Kimberly A, Kim T SCRIBNER et Heather M GALINDO. « Waterscape Genetics - Applications of Landscape Genetics to River, Lakes, and Seas ». In : *Landscape Genetics : Concepts, Methods, Applications*. 2015, p. 220-246 (cf. p. 134).
- SELLERS, Graham S., Cristina DI MURI, Africa GÓMEZ et Bernd HÄNFLING. « MUDNA : A Modular Universal DNA Extraction Method Adaptable for a Wide Range of Sample Types ». en. In : *Metabarcoding and Metagenomics 2* (juil. 2018), e24556. ISSN : 2534-9708. DOI : [10.3897/mbmg.2.24556](https://doi.org/10.3897/mbmg.2.24556) (cf. p. 91).
- SHAFFER, Aaron B. A., Jochen B. W. WOLF, Paulo C. ALVES, Linnea BERGSTRÖM, Michael W. BRUFORD, Ioana BRÄNNSTRÖM, Guy COLLING, Love DALÉN, Luc DE MEESTER, Robert EKBLOM, Katie D. FAWCETT, Simone FIOR, Mehrdad HAJIBABAEI, Jason A. HILL, A. Rus HOEZEL, Jacob HÖGLUND, Evelyn L. JENSEN, Johannes KRAUSE, Torsten N. KRISTENSEN, Michael KRÜTZEN, John K. MCKAY, Anita J. NORMAN, Rob OGDEN, E. Martin ÖSTERLING, N. Joop OUBORG, John PICCOLO, Danijela POPOVIĆ, Craig R. PRIMMER, Floyd A. REED, Marie ROUMET, Jordi SALMONA, Tamara SCHENEKAR, Michael K. SCHWARTZ, Gernot SEGELBACHER, Helen SENN, Jens THAULOW, Mia VALTONEN, Andrew VEALE, Philippine VERGEER, Nagarjun VIJAY, Carles VILÀ, Matthias WEISSENSTEINER, Lovisa WENNERSTRÖM, Christopher W. WHEAT et Piotr ZIELIŃSKI. « Genomics and the Challenging Translation into Conservation Practice ». In : *Trends in Ecology & Evolution* 30.2 (fév. 2015), p. 78-87. ISSN : 0169-5347. DOI : [10.1016/j.tree.2014.11.009](https://doi.org/10.1016/j.tree.2014.11.009) (cf. p. 175).
- SHERWIN, W. B., A. CHAO, L. JOST et P. E. SMOUSE. « Information Theory Broadens the Spectrum of Molecular Ecology and Evolution ». In : *Trends in Ecology & Evolution* 32.12 (déc. 2017), p. 948-963. ISSN : 0169-5347. DOI : [10.1016/j.tree.2017.09.012](https://doi.org/10.1016/j.tree.2017.09.012) (cf. p. 156).
- SRIVASTAVA, Diane S., Marc W. CADOTTE, A. Andrew M. MACDONALD, Robin G. MARUSHIA et Nicholas MIROTCHEV. « Phylogenetic Diversity and the Functioning of Ecosystems ». en. In : *Ecology Letters* 15.7 (juil. 2012), p. 637-648. ISSN : 1461-0248. DOI : [10.1111/j.1461-0248.2012.01795.x](https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2012.01795.x) (cf. p. 177).
- STAPLEY, Jessica, Julia REGER, Philine G. D. FEULNER, Carole SMADJA, Juan GALINDO, Robert EKBLOM, Clair BENNISON, Alexander D. BALL, Andrew P. BECKERMAN et Jon SLATE. « Adaptation Genomics : The next Generation ». In :

- Trends in Ecology & Evolution* 25.12 (déc. 2010), p. 705-712. ISSN : 0169-5347. DOI : [10.1016/j.tree.2010.09.002](https://doi.org/10.1016/j.tree.2010.09.002) (cf. p. 33).
- STOREY, J. D. et R. TIBSHIRANI. « Statistical Significance for Genomewide Studies ». en. In : *Proceedings of the National Academy of Sciences* 100.16 (août 2003), p. 9440-9445. ISSN : 0027-8424, 1091-6490. DOI : [10.1073/pnas.1530509100](https://doi.org/10.1073/pnas.1530509100) (cf. p. 139).
- SUNDQVIST, Lisa, Kevin KEENAN, Martin ZACKRISSON, Paulo PRODÖHL et David KLEINHANS. « Directional Genetic Differentiation and Relative Migration ». en. In : *Ecology and Evolution* 6.11 (juin 2016), p. 3461-3475. ISSN : 20457758. DOI : [10.1002/ece3.2096](https://doi.org/10.1002/ece3.2096) (cf. p. 137).
- THIBAUT, Thierry, Lorraine BOTTIN, Didier AURELLE, Charles-François BOUDOURESQUE, Aurélie BLANFUNE, Marc VERLAQUE, Ivane PAIRAUD et Bertrand MILLET. « Connectivity of Populations of the Seaweed *Cystoseira Amentacea* within the Bay of Marseille (Mediterranean Sea) : Genetic Structure and Hydrodynamic Connections ». In : *Cryptogamie, Algologie* 37.4 (nov. 2016), p. 233-255. ISSN : 0181-1568. DOI : [10.7872/crya/v37.iss4.2016.233](https://doi.org/10.7872/crya/v37.iss4.2016.233) (cf. p. 150).
- THIERRY DE VILLE D'AVRAY, Laure. « Identification et Évaluation Des Services Écosystémiques Rendus Par Les Habitats Coralligènes ». Thèse de doct. AIX-MARSEILLE UNIVERSITÉ, 2018 (cf. p. 49).
- THOMAS, Frédéric, Thierry LEFÈVRE et Michel RAYMOND. *Biologie Évolutive*. 1re édition. Bruxelles : De Boeck, 2010 (cf. p. 29).
- TILMAN, David, Forest ISBELL et Jane M. COWLES. « Biodiversity and Ecosystem Functioning ». In : *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 45.1 (2014), p. 471-493. DOI : [10.1146/annurev-ecolsys-120213-091917](https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-120213-091917) (cf. p. 177).
- VAN DIJK, Erwin L., Hélène AUGER, Yan JASZCZYSZYN et Claude THERMES. « Ten Years of Next-Generation Sequencing Technology ». In : *Trends in Genetics* 30.9 (sept. 2014), p. 418-426. ISSN : 0168-9525. DOI : [10.1016/j.tig.2014.07.001](https://doi.org/10.1016/j.tig.2014.07.001) (cf. p. 32).
- VELLEND, Mark. « Species Diversity and Genetic Diversity : Parallel Processes and Correlated Patterns ». en. In : *The American Naturalist* 166.2 (août 2005), p. 199-215. ISSN : 0003-0147, 1537-5323. DOI : [10.1086/431318](https://doi.org/10.1086/431318) (cf. p. 40).
- « Conceptual Synthesis in Community Ecology ». en. In : *The Quarterly Review of Biology* 85.2 (juin 2010), p. 183-206. ISSN : 0033-5770, 1539-7718. DOI : [10.1086/652373](https://doi.org/10.1086/652373) (cf. p. 39).
- *The Theory of Ecological Communities*. Monographs in population biology 57. 2016 (cf. p. 36, 37, 40).
- VELLEND, Mark et Monica A. GEBER. « Connections between Species Diversity and Genetic Diversity : Species Diversity and Genetic Diversity ». en. In : *Ecology Letters* 8.7 (juin 2005), p. 767-781. ISSN : 1461023X, 14610248. DOI : [10.1111/j.1461-0248.2005.00775.x](https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2005.00775.x) (cf. p. 41, 42).
- VELLEND, Mark, Geneviève LAJOIE, Audrey BOURRET, Cesc MÚRRIA, Steven W. KEMBEL et Dany GARANT. « Drawing Ecological Inferences from Coincident



- Patterns of Population- and Community-Level Biodiversity ». en. In : *Molecular Ecology* 23.12 (juin 2014), p. 2890-2901. ISSN : 09621083. DOI : [10.1111/mec.12756](https://doi.org/10.1111/mec.12756) (cf. p. 40, 41).
- VILLAS-BOAS, Alexandre B., Rafael RIOSMENA-RODRIGUEZ, Gilberto M. AMADO-FILHO, Gavin W. MANEVELDT et Marcia Ade O. FIGUEIREDO. « Rhodolith-Forming Species of *Lithophyllum* (Corallinales ; Rhodophyta) from Espírito Santo State, Brazil, Including the Description of *L. Depressum* Sp. Nov ». In : 48.4 (juil. 2009), p. 237-248. ISSN : 0031-8884. DOI : [10.2216/08-35.1](https://doi.org/10.2216/08-35.1) (cf. p. 135).
- WEERSING, K et Rj TOONEN. « Population Genetics, Larval Dispersal, and Connectivity in Marine Systems ». en. In : *Marine Ecology Progress Series* 393 (oct. 2009), p. 1-12. ISSN : 0171-8630, 1616-1599. DOI : [10.3354/meps08287](https://doi.org/10.3354/meps08287) (cf. p. 134, 149, 167, 172).
- WHITLOCK, Raj. « Relationships between Adaptive and Neutral Genetic Diversity and Ecological Structure and Functioning : A Meta-Analysis ». en. In : *Journal of Ecology* 102.4 (juil. 2014). Sous la dir. de Christopher LORTIE, p. 857-872. ISSN : 00220477. DOI : [10.1111/1365-2745.12240](https://doi.org/10.1111/1365-2745.12240) (cf. p. 41).
- WICKHAM, Hadley. *Ggplot2 : Elegant Graphics for Data Analysis*. en. Springer, juin 2016. ISBN : 978-3-319-24277-4 (cf. p. 62).
- WILCOX, Taylor M., Katherine E. ZARN, Maxine P. PIGGOTT, Michael K. YOUNG, Kevin S. MCKELVEY et Michael K. SCHWARTZ. « Capture Enrichment of Aquatic Environmental DNA : A First Proof of Concept ». en. In : *Molecular Ecology Resources* 0.ja (2018). ISSN : 1755-0998. DOI : [10.1111/1755-0998.12928](https://doi.org/10.1111/1755-0998.12928) (cf. p. 91).
- WILKINS, John. « How Many Species Concepts ». en. In : *Zootaxa* 2765 (2011), p. 58-60 (cf. p. 24).

# ANNEXES

# A. Annexe de l'introduction

## Enrichissement par capture séquençage

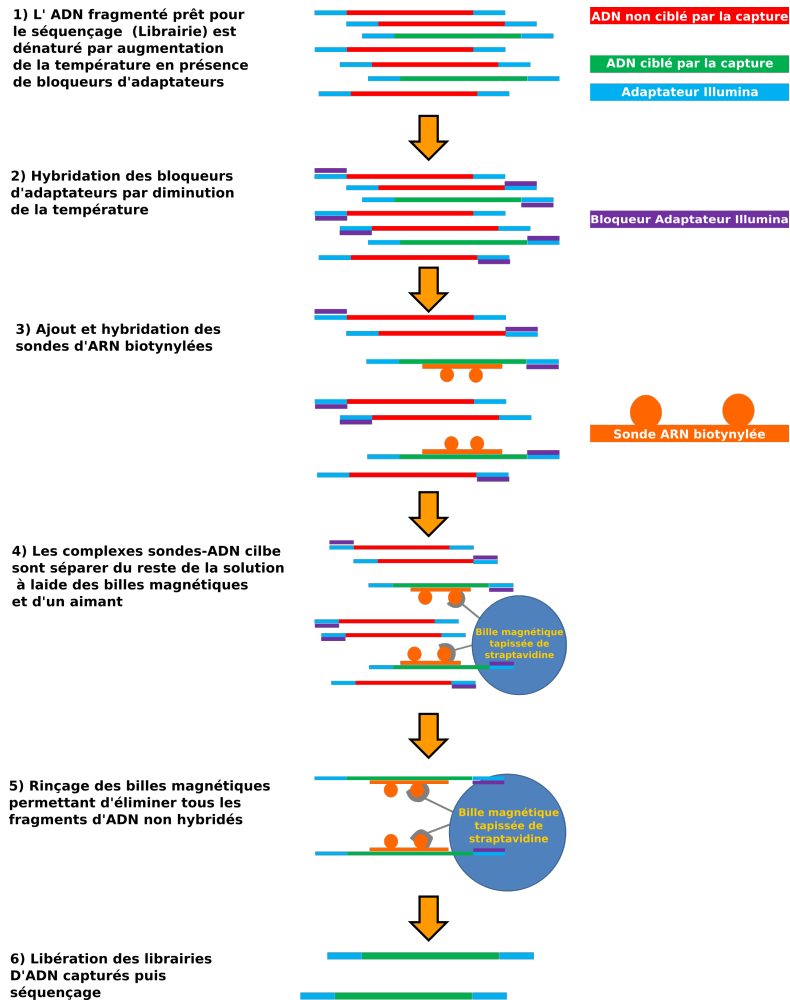


Figure .1. – Schéma du protocole de capture d'exons utilisé dans cette thèse. Reproduit à partir du manuel MYbaits-manual-v3

## Variables environnementales relevées in situ

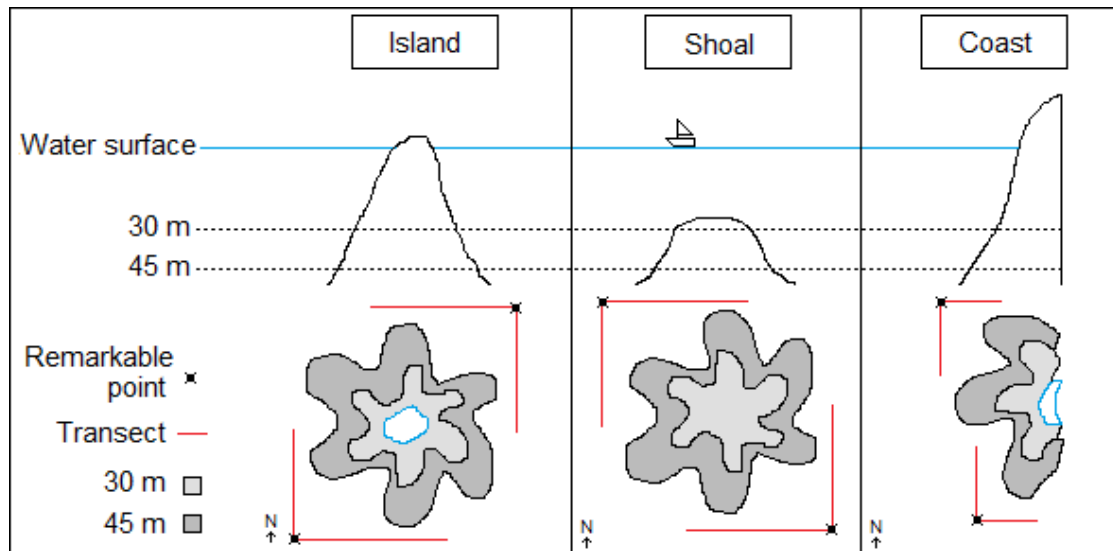


Figure .2. – Schéma représentant le positionnement des transects sur les sites d'échantillonnage.

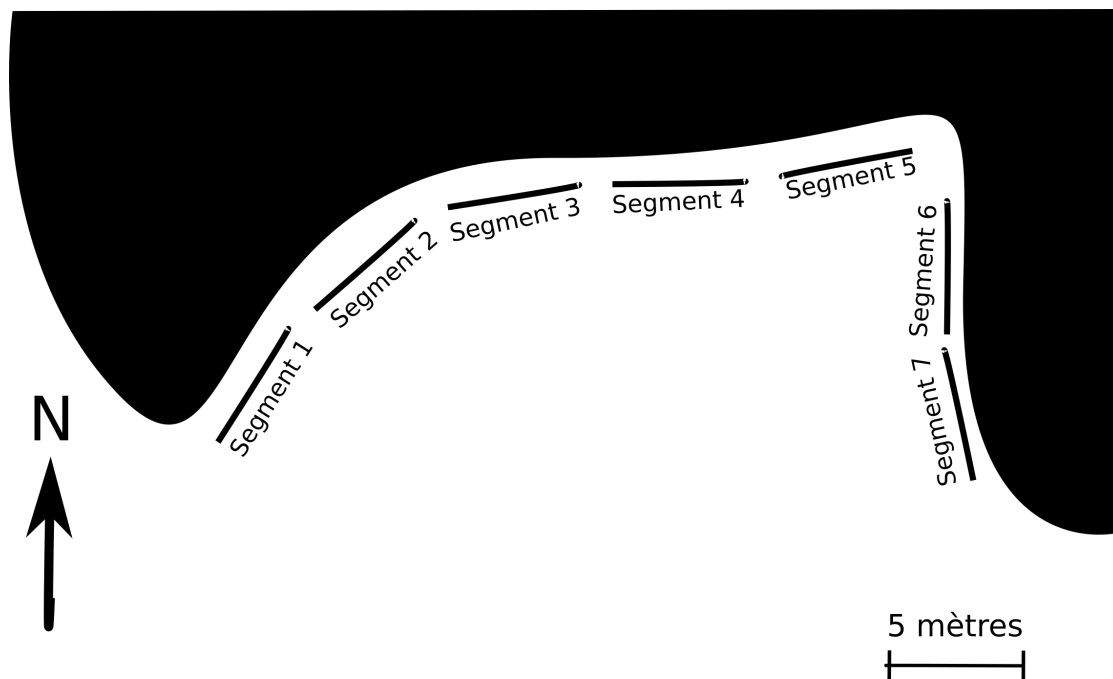


Figure .3. – Schéma représentant le découpage des transects d'échantillonnage.

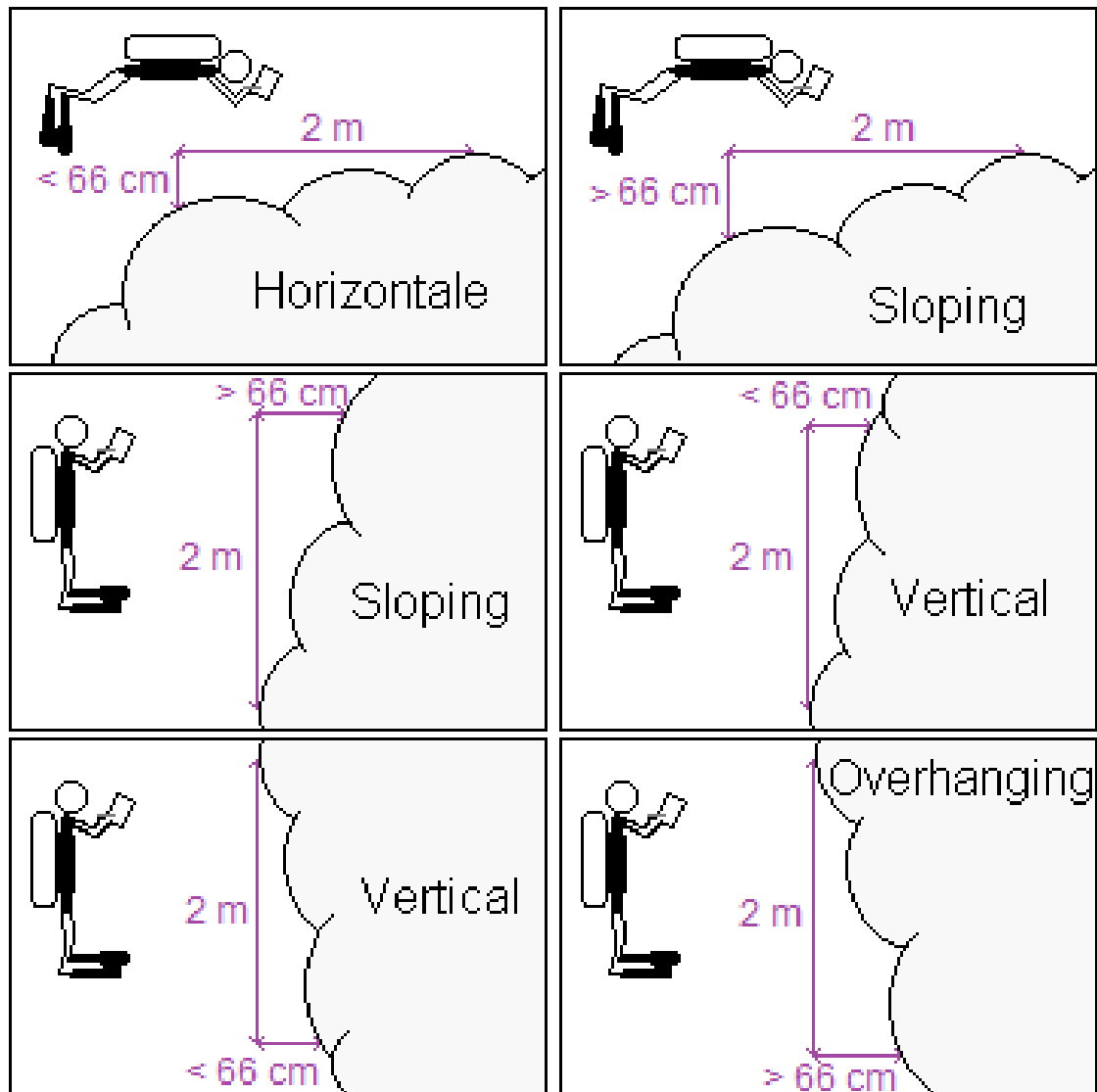


Figure .4. – Schéma explicatif des différentes catégories de pente utilisées pour caractériser les profils écologiques

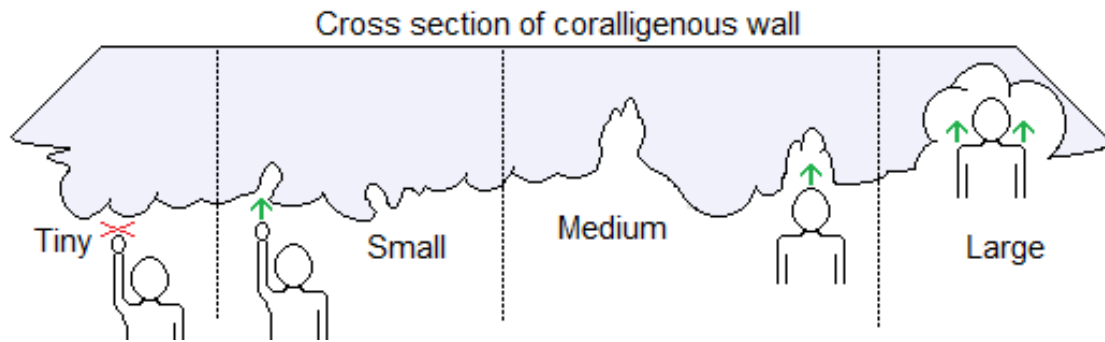


Figure .5. – Schéma explicatif des différentes catégories de rugosité utilisées pour caractériser les profils écologiques

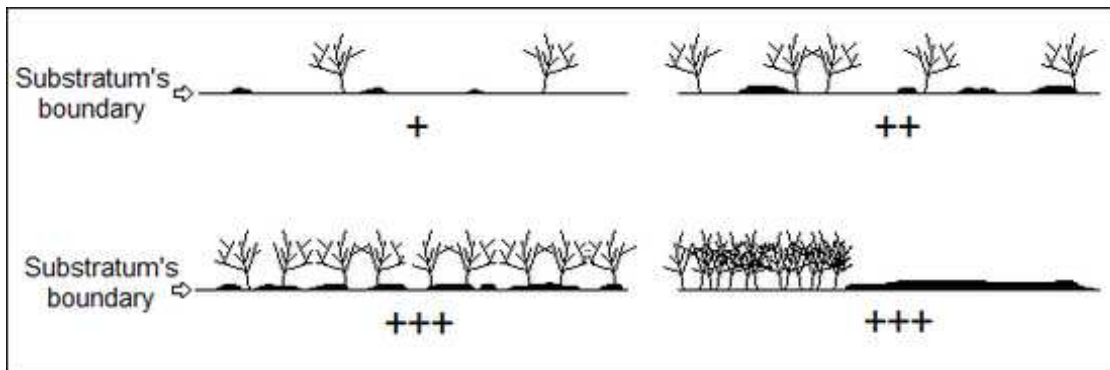


Figure .6. – Schéma représentant la méthode d'estimation de l'abondance des espèces érigées et encroûtantes.

## B. Annexe du chapitre 1 : Diversité spécifique des habitats coralligènes par une approche meta barcoding

### B.1. PCR

Marqueur	Amorces
28S	Forward <b>ACACTGACGACATGGTTCTACA</b> GCAGATCTTGGTGGTAGTAGCAAAT Reverse <b>TACGGTAGCAGAGACTTGGTCT</b> TATCGGTACGCCACGGCGTGAAAT
COI	Forward <b>ACACTGACGACATGGTTCTACA</b> GGWACWGGWTGAACWGTWTAAYCCYCC Reverse <b>TACGGTAGCAGAGACTTGGTCT</b> GTAACCTTCAGGGTGACCAAARAAYCA

Tableau .1. – Amorces utilisées en metabarcoding pour les deux marqueurs. Les adaptateurs Illumina sont en bleu

## B.2. Distance entre les réplicats de PCR du run pilote

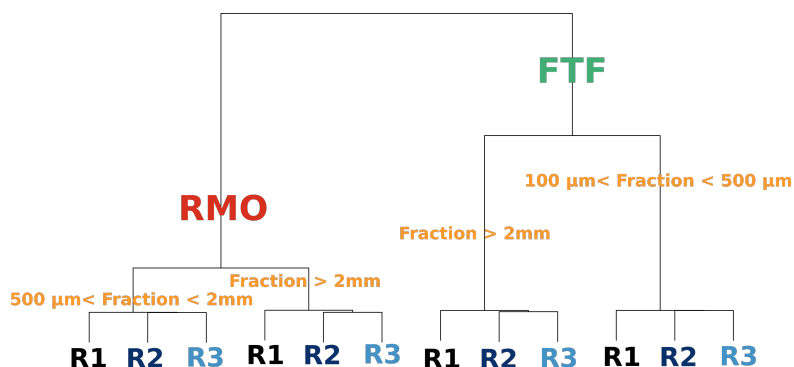


Figure .7. – Dendrogramme représentant la classification des communautés du run pilote. Des échantillons de deux localités ont été utilisés. Pour chaque échantillon deux fractions issues des étapes de filtration ont été séquencées. Pour chaque fraction trois PCR ont été réalisées à partir du même échantillon d’ADN.

## B.3. Masse des échantillons, concentration d’ADN et séquençage

### B.3.1. Masse des grattages

	Minimum	Maximum	Moyenne	Ecart-type
Masse grattage (g)	12.04	872	178.75	115.45

Tableau .2. – Statistiques sur la masse des grattages.

### B.3.2. Concentrations d’ADN mesurées au Qbit

	Minimum	Maximum	Moyenne	Ecart-type
Concentration d’ADN (ng/µL)	0.05	104	8	15.6

Tableau .3. – Statistiques sur la masse des grattages.



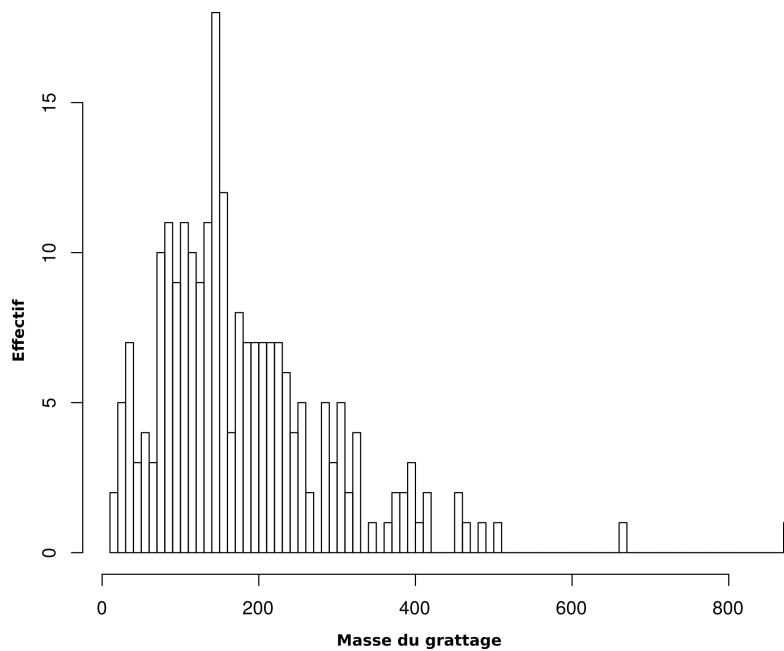


Figure .8. – Distribution de la masse des grattages prélevés dans la région de Marseille.

### B.3.3. Corrélation entre la masse des grattages et la concentration d'ADN mesurée au Qbit

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
masse	1	0.10	0.10	0.04	0.8442
Residuals	200	531.51	2.66		

Tableau .4. – Table d'analyse de la variance de la régression linéaire entre le logarithme de la concentration en ADN et la masse du grattage.

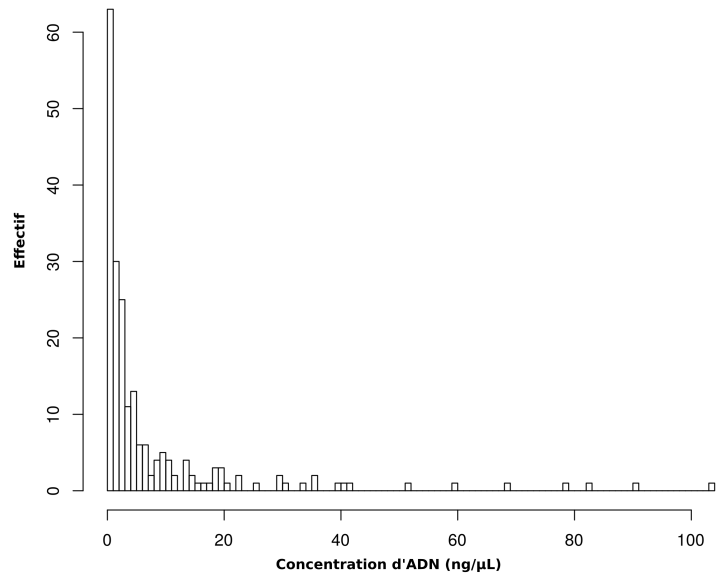


Figure .9. – Distribution de la concentration d'ADN mesurée au Qbit dans les échantillons de la région de Marseille.

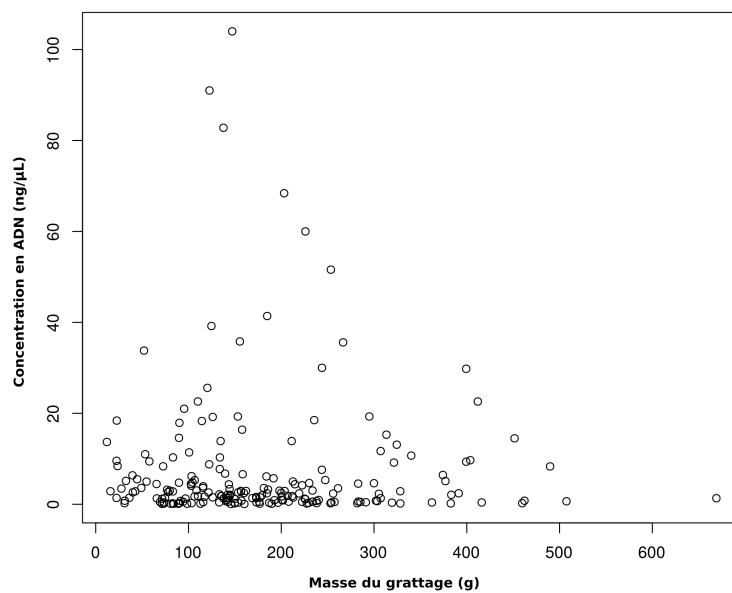


Figure .10. – Relation entre la masse en grammes et la concentration en ADN en ng/μL.

#### **B.3.4. Nombre de paires de reads**

	Minimum	Maximum	Moyenne	Ecart-type
Nombre de paires de reads	14750	116264	33956	19420

Tableau .5. – Statistiques sur le nombre de paires de reads bruts obtenues après séquençage.

### B.3.5. Pourcentage de paires de reads assemblées

	Minimum	Maximum	Moyenne	Écart-type
Pourcentage de paires de reads assemblées	1	83.8	50.42	25

Tableau .6. – Statistiques sur le pourcentage de paires de reads assemblées lors de la première étape du pipeline.

### B.3.6. Lien entre paires de reads bruts, paires de reads assemblés et quantité d'ADN dans la PCR

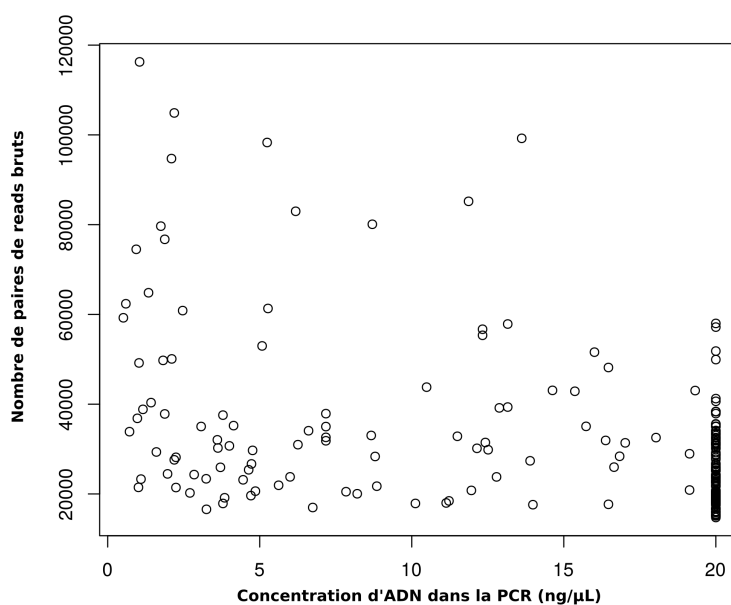


Figure .11. – Nombres de paires de reads bruts après séquençage en fonction de la concentration en ADN dans la PCR (ng/μL).

### B.3.7. Nombre de reads contenant les amorces de COI.

## B.4. Listes des affiliations taxonomique

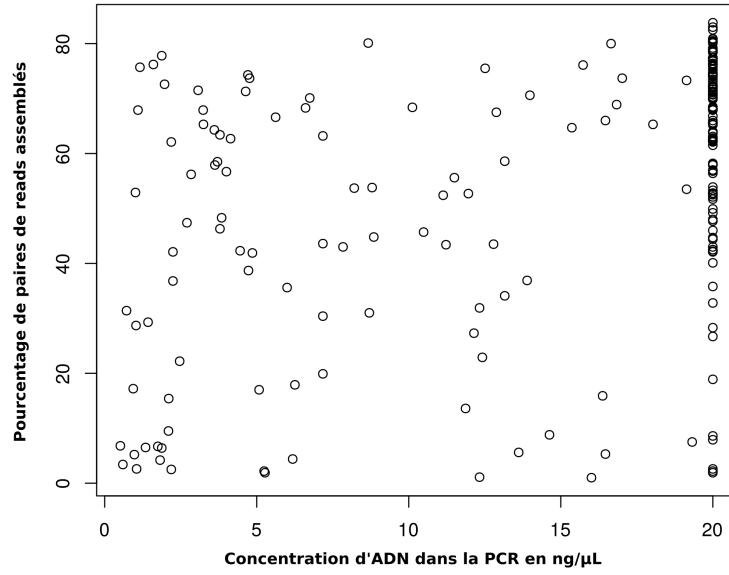


Figure .12. – Pourcentage de paires de reads assemblés en fonction de la concentration en ADN dans la PCR (ng/μL).

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(>  t )
Intercept	10.6083	0.0609	174.12	0.0000
[ADN]	-0.0245	0.0038	-6.42	0.0000

Tableau .7. – Table d’analyse de la variance pour la régression linéaire entre le logarithme du nombre de paires de reads bruts obtenus après séquençage et la concentration d’ADN dans la PCR en ng/μL.

	Estimate	Std. Error	z value	Pr(>  z )
Intercept	-1.1732	0.0017	-708.92	0.0000
[ADN]	0.0734	0.0001	672.91	0.0000

Tableau .8. – Table d’analyse de la variance du modèle linéaire généralisé expliquant le pourcentage de reads assemblés en fonction de la concentration d’ADN dans la PCR.

	Minimum	Maximum	Moyenne	Ecart-type
Nombre de reads COI	137	27388	6862	5765

Tableau .9. – Statistiques sur le nombre de reads avec les amorces COI.

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
2	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Bonnemaisoniales, Bonnemaisoniaceae, Asparagopsis, Asparagopsis armata
3	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
4	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
5	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
6	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Clionaida, Clionaidae, Cliona, Cliona celata
7	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
8	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Monosporus, Monosporus indicus
9	100	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Dictyotales, Dictyotaceae, Dictyota, Dictyota dichotoma
10	97,07	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tethyida, Hemiasterellidae, Hemiasterella, Hemiasterella sp. UCMPWC1021
11	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Formicidae, Lasius, Lasius mixtus
12	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Lithophyllum, NA
13	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, NA, NA
14	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, Raspailiidae, Raspailiinae, Eurypon, Eurypon clavigerum
15	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
16	96,15	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Biemnida, Biemnidae, Sigmaxinella, Sigmaxinella hipposiderus
18	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA
19	95	sap	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
20	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
21	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, NA
22	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
23	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, *, *
24	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
25	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Polycirrus, Polycirrus sp. BOLD :AAI2761
26	84,57	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Biemnida, Biemnidae, Biemna, Biemna fistulosa
27	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Ramicrusta, Ramicrusta australica
28	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
29	82,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Pteriomorpha, Mytiloidea, Mytilidae, Mytilinae, Perna, Perna perna
30	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, NA, NA
32	94,57	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
33	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
34	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Rhizophyllidaceae, Portieria, NA
35	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
36	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
37	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Calloporidae, Callopora, Callopora lineata
38	84,85	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Aculeata, Vespoidea, Formicidae, Myrmicinae, Tetramorium, Tetramorium delagoense
39	85,26	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Biemnida, Biemnidae, Biemna, Biemna fistulosa



mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
40	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
41	93,29	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Podospongiidae, Neopodospongia, Neopodospongia cf. normani CM-2011
42	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
43	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Mesophyllum, NA
44	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Trombidiformes, Spermatozoa, NA, NA
45	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Dumontiaceae, Dudresnaya, Dudresnaya verticillata
46	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Glyceridae, Glycera, Glycera tessellata
47	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Alpheidae, Synalpheus, Synalpheus gambarelloides
48	97,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tethyida, Timeidae, Timea, Timea sp. G303973
49	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, NA, NA
50	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Trombidiformes, Spermatozoa, NA, NA
51	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, Polyneura, NA
52	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Melobesioideae, Mesophyllum, Mesophyllum expansum
53	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
54	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
55	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
56	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, NA, NA
57	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Gammaridae, Gammarus, Gammarus monticellus
58	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrix, Ophiotrix sp. RPP-2012a
59	95	sap	Porifera, Demospongiae, Chondrillida, Chondrillidae, Thymosia, NA
60	97,75	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Crambeidae, Monanchora, Monanchora clathrata
61	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Glyceridae, Glycera, Glycera tessellata
62	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Hesionidae, Oxydromus, Oxydromus pugettensis
63	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, Protosuberites, Protosuberites ectyoninus
64	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Pisionidae, Pisione, NA
65	95	sap	Stramenopiles, Oomycetes, NA, NA, NA, NA
66	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
67	95	sap	Porifera, Demospongiae, Chondrillida, Chondrillidae, Thymosia, NA
68	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Nudipleura, Nudibranchia, Doridina, Eudoridoidea, Chromodorididae, Felimida, Felimida purpurea
69	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
70	93,29	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Podospongiidae, Neopodospongia, Neopodospongia cf. normani CM-2011
71	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Caprellidae, Caprella, Caprella sp. 4 MPC-2013
72	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
73	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
74	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Hesionidae, Gyptis, Gyptis mackiei
75	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Heteroxyidae, Myrmekioderma, NA
76	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
77	82,07	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Scyphozoa, Semaestomeae, Pelagiidae, Pelagia, Pelagia benovici
78	92,23	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Clionaida, Spirastrellidae, Spheciospongia, Spheciospongia vesparium
79	95	sap	Porifera, Demospongiae, Clionaida, Clionaidae, Cliona, Cliona sp. GW3452
80	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Halichondriidae, Hymeniacion, *
81	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Clionaida, Clionaidae, Pione, Pione velans
82	97,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Eunicidae, Leodice, Leodice harassii
83	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, Polysiphonia stricta
84	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
85	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Caprellidae, Caprella, Caprella simia
86	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, Polyneura, NA
87	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Plakortis, Plakortis sp. Po.25927
88	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
89	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, NA, NA, NA
91	95,51	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Biemnida, Biemnidae, Sigmoidinella, Sigmoidinella hipposiderus
92	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Paramuriceidae, Paramuricea, Paramuricea clavata
93	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Rhizophyllidaceae, NA, NA
94	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
95	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, Sabellidae, Schizobranchia, Schizobranchia insignis
96	85,88	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Aculeata, Pompiloidea, Pompilidae, unclassified
97	91,56	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, Protosuberites, Protosuberites sp. ZMAPOR18657
98	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, Acanthochitona, Acanthochitona crinita
99	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Bugulidae, Virididentula, Virididentula dentata
100	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubranchyura, Majoidae, Majidae, Maja, Maja crispata
101	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
102	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
103	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, NA, NA
104	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
105	99,68	bold	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Tubulariidae, Ectopleura
106	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
107	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Pterothamnion, NA
108	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Dictyotales, Dictyotaceae, Dictyota, Dictyota pulchella
109	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Syllis, Syllis gerlachi
110	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
111	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
112	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Mesophyllum, NA
113	81,14	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Goniadidae, Goniada, Goniada sp. TP0009
114	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Bugulidae, Virididentula, Virididentula dentata
115	82,26	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Pteriomorphia, Mytiloidea, Mytilidae, Mytilinae, Perna, Perna perna
116	81,71	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Trichoptera, Integripalpia, Rhyacophiloidea, Rhyacophilidae, Rhyacophila, Rhyacophila sp. CCDB-09363-B12
117	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Gorgoniidae, Eunicella, NA
118	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Pedunculata, Scalpellidae, Amigdoscalpellum, Amigdoscalpellum cf. elegans 2 HCL-2014
119	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
120	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
121	94,57	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
122	83,33	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Lumbrineridae, Lumbrineris, Lumbrineris perkinsi
123	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
124	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
125	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Rhizophyllidaceae, Portieria, NA
126	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, Polysiphonia fibrillosa
127	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
128	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
129	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, NA, NA, NA
130	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Arachnopusiidae, Arachnopusia, Arachnopusia unicornis
131	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Pholoe, Pholoe sp. A BCG-2017
132	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
134	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Sphaerococcaceae, Sphaerococcus, Sphaerococcus coronopifolius
135	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
136	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Majidae, Eurynome, Eurynome aspera
137	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
138	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
139	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Ophiocomidae, Ophiocomina, Ophiocomina nigra
140	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Formicidae, Pristomyrmex, Pristomyrmex sp. MU01
141	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
142	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
143	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
144	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
145	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia tertia
146	95	sap	Ascomycota, Eurotiomycetes, Eurotiales, Trichocomaceae, Talaromyces, NA
147	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
148	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tethyida, Timeidae, Timea, Timea sp. G303973

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
149	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Amphiglena, Amphiglena mediterranea
150	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
151	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, Corallinaceae, Corallinoideae, Corallina, Corallina sp. CPC3
152	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, NA, NA
153	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
154	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
155	85,19	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Archelosauria, Archosauria, Dinosauria, Saurischia, Theropoda, Coelurosauria, Aves, Neognathae, Charadriiformes, Laridae, Onychoprion, Onychoprion lunatus
156	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Acinetosporaceae, NA, NA
158	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Melobesioideae, Mesophyllum, Mesophyllum macroblastum
159	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, NA, NA
160	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
161	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Titanoderma, Titanoderma sp. LAF6735
162	95,47	bold	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria
163	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniophycidae, Bonnemaisionales, Bonnemaisioniaceae, Bonnemaisionia, Bonnemaisionia asparagoides
164	91,09	bold	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, Rhabderemiidae, Rhabderemia, Rhabderemia sorokiniae
165	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
166	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, Polyneuropsis, Polyneuropsis stolonifera
167	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, NA, NA, NA
169	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
170	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Pilumnoidea, Pilumnidae, Pilumnus, Pilumnus hirtellus
171	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Lepraliellidae, Celleporaria, Celleporaria sp. BMOO-07225
172	89,47	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Vetigastropoda, Trochoidea, Turbinidae, Angaria, Angaria delphinus
174	84	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Polyneoptera, Embioptera, Oligotomidae, Haploembia, Haploembia sp. AMH-2012
175	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Eunicidae, Eunice, Eunice cf. limosa JZ-2010
176	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
177	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
178	84,77	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Araneomorphae, Entelegynae, Araneoidea, Tetragnathidae, Tetragnatha, Tetragnatha sp. A JC-2014
179	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
180	95	sap	Porifera, Demospongiae, Suberitida, Suberitidae, Pseudosuberites, Pseudosuberites nudus
181	97,72	stampa_blast	Eukaryota, Viridiplantae, Chlorophyta, Ulvophyceae, Dasycladales, Polyphysaceae, Acetabularia, Acetabularia caliculus
182	99,36	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Ophiodermatina, Ophiodermatidae, Ophioderma, Ophioderma longicauda
183	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Parasabella, Parasabella crassichaetae
184	85,11	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Araneomorphae, Entelegynae, Dionycha, Selenopidae, Selenops, Selenops sp. n. 13 SCC-2010

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
185	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Haplosclerida, Petrosiidae, Petrosia, Petrosia ficiformis
187	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
189	95	sap	Porifera, Demospongiae, Chondrillida, Chondrillidae, Thymosia, NA
190	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Coralliidae, Corallium, Corallium rubrum
191	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Pista, Pista cristata
192	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
194	95	sap	Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, NA, NA, NA
195	95	sap	Arthropoda, Insecta, Diptera, NA, NA, NA
196	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Pilumnoidea, Pilumnidae, Pilumnus, Pilumnus hirtellus
197	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
198	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Scytosiphonaceae, Colpomenia, NA
199	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
200	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Spyridia, Spyridia filamentosa
201	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, Hypoglossum, Hypoglossum hypoglossoides
202	100	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
203	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
204	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
205	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
206	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Onuphidae, Onuphis, Onuphis eremita
207	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
208	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Polynoidae, NA, NA
209	99,65	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniophycidae, Gigartinales, Cystocloniaceae, Rhodophyllis, Rhodophyllis sp. LLG-2014
210	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, NA, NA, NA
211	99,36	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Chrysopetalidae, Chrysopetalum, Chrysopetalum debile
212	88,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Myriapoda, Diplopoda, Helminthomorpha, Chordeumatida, Chordeumatidae, Melogona, Melogona broelemanni
213	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
214	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, NA, NA, NA
215	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
216	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Ramicrusta, NA
217	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Hesionidae, Oxydromus, Oxydromus pugettensis
218	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Dexaminidae, Dexamine, Dexamine spiniventris
219	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Melanothamnus, Melanothamnus harveyi
221	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, NA, NA, NA
222	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Lithophyllum, NA
223	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
224	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
225	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
226	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
227	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia gracilis
228	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Phyllophoraceae, Schottera, Schottera nicaeensis
229	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Hediste, Hediste atoka
230	85,96	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Opisthodonta, Opisthodonta sp. MTA-2011
231	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Flustra, Flustra foliacea
232	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, *, *
233	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
234	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
235	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
236	89,53	bold	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, Rhabderemiidae, Rhabderemia, Rhabderemia sorokiniae
237	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
238	94,55	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Clionaida, Clionidae, Cliona, Cliona chilensis
239	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
240	88,09	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Nemertea, Enopla, Hoplonemertea, Monostilifera, unclassified
241	88,28	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Polyneoptera, Dictyoptera, Blattodea, Blattoidea, Termitoidea, Termitidae, Macrotermitinae, Odontotermes, Odontotermes hainanensis
242	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Paralcyoniidae, Paralcyonium, Paralcyonium spinulosum
243	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Phyllodocidae, NA, NA
244	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tethyida, Hemiasterellidae, Paratimea, Paratimea constellata
245	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Rhizophyllidaceae, Contarinia, Contarinia sp. 1uncertain
246	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Syllis, Syllis gerlachi
247	95	sap	Arthropoda, Collembola, NA, NA, NA, NA
248	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, NA, NA
249	82,59	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Obelia, Obelia longissima
250	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
251	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiocomidae, Ophiocomina, Ophiocomina nigra
252	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
254	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
255	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Pterothamnion, NA
256	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
257	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, *, *
258	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
259	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
260	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
261	83,12	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Myriapoda, Chilopoda, Pleurostigmophora, Scolopendromorpha, Cryptopidae, Scolopocryptops, Scolopocryptops mexicanus

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
262	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, NA, NA, NA
263	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, Clytia hemisphaerica
264	96,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Clionaida, Clionaidae, Clionaopsis, Clionaopsis platei
265	95	sap	Mollusca, Bivalvia, Veneroidea, Carditidae, Cardita, Cardita calyculata
266	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Lithophyllum, NA
267	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Verongimorpha, Verongiida, Ianthellidae, Hexadella, Hexadella racovitzai
268	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Galatheidae, Galathea, NA
269	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Rhizophyllidaceae, Portieria, Portieria sp. 1 GWS-2013
270	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, NA, NA
271	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
273	83,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, unclassified
274	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
275	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
276	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
277	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
279	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Haplosyllis, Haplosyllis spongicola
282	82,08	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Pinnotheroidea, Pinnotheridae, Austinixa, Austinixa gorei
283	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Echinozoa, Echinoidea, Euechinoidea, Echinacea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
284	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Euopisthobranchia, Cephalaspidea, Bulloidea, Haminoeidae, Haminoea, Haminoea ortei
285	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
286	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Trachymedusae, Halicreatidae, Varitentacula, Varitentacula yantaiensis
287	95	sap	Porifera, Demospongiae, Clionaida, Clionaidae, Cliona, Cliona sp. GW3452
288	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Anthoathecata, Filifera, Bougainvilliidae, Bougainvillia, Bougainvillia muscus
290	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Chaetopteridae, Chaetopterus, NA
291	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
292	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
293	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Heteroconchia, Euheterodonta, Veneroidea, Gastrochaenoidea, Gastrochaenidae, Rocellaria, Rocellaria dubia
294	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Syllis, Syllis columbretensis
295	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
296	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Ophiocomidae, Ophiocomina, Ophiocomina nigra
297	100	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
298	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
300	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
301	80,92	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Canalipalpata, Sabellida, Sabellidae, Pseudopotamilla, Pseudopotamilla cf. reniformis MC-2016

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
302	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
303	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
304	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Eudendriidae, Eudendrium, Eudendrium capillare
305	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Lithophyllum, Lithophyllum stictaeforme
306	99	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, Clytia linearis
307	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
308	99	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Plocamiales, Plocamiaceae, Plocamium, Plocamium lyngbyanum
309	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Triphoridae, Triphora, Triphora sp. BMOO-07501
310	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Polynoidae, unclassified Polynoidae, Polynoidae sp. BOLD :AAY7884
311	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Echinozoa, Echinoidea, Euechinoidea, Gnathostomata, Clypeasteroidea, Fibulariidae, Echinocyamus, Echinocyamus pusillus
312	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Sessilia, NA, NA, NA
313	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Acinetosporaceae, NA, NA
314	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Bonnemaisoniales, Bonnemaisoniaceae, Asparagopsis, Asparagopsis taxiformis
315	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
316	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Pteriomorpha, Mytiloidea, Mytiloidea, Mytilidae, Lithophaginae, Lithophaga, Lithophaga lithophaga
317	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
318	95	sap	Arthropoda, Insecta, Trichoptera, NA, NA, NA
319	89,87	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Aculeata, Apoidea, Apidae, Bombus, unclassified
321	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Kallymeniaceae, Meredithia, NA
322	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, Polydora, NA
323	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Rhizophyllidaceae, Portieria, Portieria hornemanii
324	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, NA, NA
325	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
326	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tetractinellida, Astrophorina, Ancorinidae, Stelletta, Stelletta normani
329	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Amphiglena, Amphiglena mediterranea
330	95	sap	Chordata, NA, NA, NA, NA, NA
331	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
332	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
334	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, NA, NA
335	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Echinozoa, Holothuroidea, Aspidochirota, Aspidochirota, Holothuriidae, Holothuria, Holothuria mammata
336	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, environmental samples, uncultured Corallinales
337	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, Protosuberites, Protosuberites mereui
338	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA



mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
339	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Dexaminidae, Dexamine, Dexamine spiniventris
340	86,54	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Siphonophorae, Calycophorae, Prayidae, Amphicaryon, Amphicaryon earnesti
341	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, NA
342	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
343	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Haplosclerida, Petrosiidae, Petrosia, Petrosia ficiformis
344	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Kallymeniaceae, Kallymenia, Kallymenia feldmannii
345	95	sap	Porifera, Demospongiae, Biemnida, Biemnidae, Sigmaxinella, Sigmaxinella hipposiderus
346	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Anthoathecata, Filifera, Bougainvilliidae, Bougainvillia, Bougainvillia muscus
347	95	sap	Nemertea, Anopla, Heteronemertea, NA, NA, NA
349	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
350	95	sap	Porifera, Demospongiae, Tetractinellida, NA, NA, NA
351	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Hediste, Hediste atoka
352	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Myrianida, NA
353	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
354	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
355	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Mesophyllum, NA
356	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
357	99	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, Hypoglossum, Hypoglossum hypoglossoides
358	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Gorgoniidae, Eunicea, NA
359	95	sap	Ascomycota, NA, NA, NA, NA, NA
360	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
362	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, Oscarella balibalo
364	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Amphiglena, Amphiglena mediterranea
366	95	sap	Chordata, NA, NA, NA, NA, NA
367	95	sap	Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, NA, NA, NA
368	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, Clytia paulensis
369	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
370	86,07	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, unclassified
372	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
373	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Caridea, Alpheoidea, Hippolytidae, Thoralus, Thoralus cranchii
374	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Euopisthobranchia, Aplysiomorpha, Akerioidea, Akeridae, Akera, Akera bullata
375	88,89	bold	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Campanulariidae
376	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
378	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
379	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, NA
380	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Phyllodocidae, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
381	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Platynereis, Platynereis massiliensis
382	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia sp. 3dubyiOz
383	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
384	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Eunicidae, Palola, Palola cf. siciliensis JZ-2010
386	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
387	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, NA, NA
388	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Beaniidae, Beania, Beania plurispinosa
389	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, Orbiniidae, Leitoscoloplos, Leitoscoloplos pugettensis CMC02
390	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
391	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Tyloidinidae, Tylodina, Tylodina perversa
392	99,31	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Canalipalpata, Sabellida, Sabellariidae, Sabellaria, Sabellaria spinulosa
393	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Hydractiniidae, Clava, Clava multicornis
394	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Titanoderma, Titanoderma sp. LAF6735
395	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Chitonida, Chitonina, Callochitonidae, Callochiton, Callochiton septemvalvis
396	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Caridea, Alpheoidea, Alpheidae, Athanas, Athanas nitescens
397	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Kallymeniaceae, Kallymenia, Kallymenia patens
398	91,99	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, Protosuberites, Protosuberites sp. ZMAPOR18657
399	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Callochitonidae, Callochiton, NA
400	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, NA
401	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
402	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hemiptera, NA, NA, NA
403	95	sap	Mollusca, Cephalopoda, Octopoda, Octopodidae, Amphioctopus, Amphioctopus aegina
404	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
406	93,13	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Polychaeta_incertae_sedis, Paraonidae, Paradoneis, Paradoneis sp.
407	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
409	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, NA, NA, NA
410	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, Enchytraeidae, Marionina, NA
411	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
412	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, NA, NA, NA
413	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Tunicata, Ascidiacea, Stolidobranchia, Pyuridae, Halocynthia, Halocynthia papillosa
415	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
416	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
417	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
418	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, Raspailiidae, Raspailiinae, Eurypon, Eurypon clavigerum
419	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Scleractinia, Caryophylliidae, Caryophyllia, NA
421	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
422	90	bold	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Canalipalpata, Sabellida, Sabellidae, Sabella, Sabella pavonina

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
423	82,52	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Syllis, Syllis picta
424	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Syllis, Syllis gerundensis
425	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, NA, NA
426	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Hesionidae, Gyptis, Gyptis mackiei
427	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, NA, NA
428	95	sap	Chordata, NA, NA, NA, NA, NA
429	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Leveillea, Leveillea jungermannioides
430	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
432	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
434	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
435	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Eulophidae, NA, NA
436	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Bitectiporidae, Schizomavella, Schizomavella linearis
437	87,93	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Platygastroidea, Platygastriidae, unclassified
438	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, Protosuberites, Protosuberites denhartogi
440	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, Odontosyllis, Odontosyllis globulocirrata
441	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
442	91,05	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Clionaida, Clionaidae, Clionaopsis, Clionaopsis platei
444	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
445	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Lepidopleurida, Lepidopleuridae, Lepidopleurus, Lepidopleurus cajetanus
446	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
447	99	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Bonnemaisoniales, Bonnemaisoniaceae, Asparagopsis, Asparagopsis armata
448	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Flustra, Flustra foliacea
449	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
451	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Polynoidae, NA, NA
452	95	sap	Phaeophyceae, NA, Dictyotales, Dictyotaceae, Taonia, Taonia atomaria
453	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Beaniidae, Beania, Beania plurispinosa
454	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Mesophyllum, NA
455	99,36	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Melobesioideae, Mesophyllum, Mesophyllum macroblastum
456	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Keratosa, Dendroceratida, Halisarcidae, Halisarca, Halisarca harmelini
457	83,94	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitida
458	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Phylloporaceae, Phyllophora, Phyllophora sp. 2crispa
459	95	sap	Annelida, Clitellata, Branchiobdellida, Branchiobdellidae, Ankyrodrilus, Ankyrodrilus koronaeus
460	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, environmental samples, Gastropoda environmental sample
461	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
462	95	sap	Arthropoda, Insecta, Trichoptera, NA, NA, NA
463	92,65	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
465	88,07	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Geometroidea, Geometridae, unclassified

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
466	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Ischyroceridae, NA, NA
467	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Sebdeniales, Sebdeniaceae, Sebdenia, NA
469	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, NA, NA, NA
470	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Mesophyllum, Mesophyllum macroblastum
471	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Monosporus, Monosporus indicus
472	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Lanceolidae, NA, NA
473	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
475	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Lithophyllum, Lithophyllum stictaeforme
476	95,2	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Crellidae, Crella, Crella sp. QMB G304373
478	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Lumbrineridae, NA, NA
479	91,15	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Isopoda, Aegidae, unclassified
480	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Opiliones, Stylocellidae, Stylocellus, Stylocellus sp. Peninsula 21
481	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Dictyotales, Dictyotaceae, Dictyota, Dictyota pulchella
483	95	sap	Ascomycota, NA, NA, NA, NA, NA
484	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, NA, NA, NA
485	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, NA, NA, NA
486	88,12	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Gelechioidea, Oecophoridae, Oecophorinae, Gymnocoila, Gymnocoila sp. ANIC1
487	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Proceraea, Proceraea aurantiaca
489	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia lendigera
490	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, NA, NA
491	100	stampa_blast	Eukaryota, Viridiplantae, Chlorophyta, prasinophytes, Mamiellophyceae, Mamiellales, Bathycoccaceae, Bathycoccus, Bathycoccus prasinos
492	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
493	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
495	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Proceraea, Proceraea aurantiaca
496	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, NA, NA, NA
497	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Melobesioideae, Phymatolithon, Phymatolithon calcareum
498	97,1	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, Nitophyllum, Nitophyllum punctatum
500	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
501	81,55	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Platyhelminthes, Rhabditophora, Polycladida, Acotylea, Leptoplanoidea, Notoplanidae, Notocomplana, Notocomplana septentrionalis
502	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
503	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Membraniporidae, Membranipora, Membranipora chesapeakeensis
504	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Corticium, Corticium candelabrum
505	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
506	91,69	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
507	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
508	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Nereididae, unclassified Nereididae, Nereididae sp. C_0214
509	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Griffithsia, Griffithsia okiensis

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
510	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrix, Ophiotrix sp. RPP-2012a
511	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Echinozoa, Echinoidea, Euechinoidea, Echinacea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
512	95	sap	Porifera, Demospongiae, Suberitida, NA, NA, NA
513	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
514	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
515	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
516	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, NA, NA
517	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Plumulariidae, Plumularia, NA
518	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Campanularia, Campanularia hincksii
519	88,79	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Lepidosauria, Squamata, Bifurcata, Unidentata, Episquamata, Toxicofera, Serpentes, Colubroidea, Colubridae, Colubrinae, Elaphe, Elaphe quatuorlineata
520	95	sap	Arthropoda, Insecta, Trichoptera, Helicopsychidae, Helicopsyche, Helicopsyche zealandica
521	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
523	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Eunicidae, Lysidice, Lysidice ninetta
524	83,81	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Mygalomorphae, Theraphosidae, Aphonopelma, Aphonopelma sp. 'misc black sp'
525	95	sap	Phaeophyceae, NA, Sphacelariales, NA, NA, NA
526	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
527	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia sp. 1 indica
528	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
529	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Eunicidae, Lysidice, Lysidice ninetta
530	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
531	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Bitectiporidae, Schizomavella, Schizomavella linearis
532	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
533	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Pilumnidae, Pilumnus, NA
534	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Hexacorallia, Scleractinia, Faviina, Meandrinidae, Eusmilia, Eusmilia sp. TLS-2004
535	91	bold	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Eudendriidae, Eudendrium, Eudendrium rameum
536	97,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, Oscarella pearsei
537	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Majoida, Epialtidae, Pisa, Pisa tetraodon
538	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Leucosiidae, Ebalia, NA
539	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
540	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia sp. 1 indica
541	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
542	95	sap	Porifera, Demospongiae, Tetractinellida, Ancorinidae, Stelletta, NA
543	82,33	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Amphipoda, Senticaudata, Gammarida, Crangonyctidira, Crangonyctoidea, Crangonyctidae, Synurella, Synurella sp. 2 AG-2014

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
544	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
545	97,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tethyida, Timeidae, Timea, Timea sp. G303973
546	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Glyceridae, Glycera, Glycera tessellata
547	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
548	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Siboglinidae, Osedax, Osedax sp. 1336_61_2
549	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
550	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Lepraliellidae, Celleporaria, Celleporaria sp. BMOO-07225
551	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
552	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Pterothamnion, NA
553	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, NA, NA
554	97,12	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, unclassified
556	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
557	84,69	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Hemichordata, Pterobranchia, Rhabdopleurida, Rhabdopleuridae, Rhabdopleura, Rhabdopleura compacta
558	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
559	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
560	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiocomidae, Ophiocoma, Ophiocoma nigra
561	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
563	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, NA, NA
564	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia sp. 1 indica
565	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Nicolea, Nicolea zostericola
566	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
567	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium sp. CSM-M2
568	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
569	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
570	90,78	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Dikarya, Ascomycota, Pezizomycotina, Leotiomyces, Leotiomyces
571	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Syllis, Syllis ferrani
572	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Inachidae, NA, NA
573	95	sap	Mollusca, Bivalvia, Myoida, Hiatellidae, Hiatella, NA
574	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
575	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Hexacorallia, Scleractinia, Faviina, Oculinidae, Oculina, Oculina patagonica
576	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
577	86,53	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Palaeoptera, Ephemeroptera, Lanceolata, Leptophlebiidae, Atalophlebiinae, Zephlebia, Zephlebia dentata
578	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Fissurellidae, NA, NA
579	82,19	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Coleoptera, Polyphaga, Cucujiformia, Chrysomeloidea, Chrysomelidae, Galerucinae, Luperina, Monoleptites, Calomicrus, Calomicrus circumfusus
580	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Oceaniidae, Turritopsis, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
582	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Majidae, Eurynome, Eurynome aspera
583	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, NA, NA, NA
584	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
585	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
586	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellariidae, Sabellaria, Sabellaria spinulosa
587	93,85	bold	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa
588	82,43	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Oomycetes, Saprolegniales, Saprolegniaceae, Achlya, Achlya bisexualis
589	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
590	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, NA, NA, NA
591	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Glyceridae, Glyceria, NA
592	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, Polysiphonia fibrillosa
593	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, *, *, *
594	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
595	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
596	95	sap	Chordata, Ascidiacea, Enterogona, Ascidiidae, Ascidia, Ascidia interrupta
598	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
599	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
600	95	sap	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
601	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
602	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Bonnemaisoniales, Bonnemaisoniaceae, Bonnemaisonia, NA
603	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Actiniaria, NA, Nematostella, NA
604	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
606	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
607	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
609	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
610	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Caprellidae, NA, NA
611	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Euopisthobranchia, Cephalaspidea, Bulloidea, Haminoeidae, Haminoea, Haminoea cf. hydatis MAM-2013
614	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
615	84,83	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Annelida sp. BOLD :ACQ1901
616	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Hediste, Hediste atoka
617	99	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, Apoglossum, Apoglossum ruscifolium
618	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Trombidiformes, Sperchontidae, NA, NA
619	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Chondria, Chondria tenuissima
620	95	sap	Mollusca, Bivalvia, Limoida, Limidae, Limaria, Limaria hians
622	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Kallymeniaceae, Verlaquea, Verlaquea lacerata
624	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
625	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Limapontioidea, Limapontiidae, Placida, Placida dendritica

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
626	100	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
627	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Formicidae, Lasius, Lasius mixtus
628	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
629	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Epialtidae, Pisa, Pisa armata
630	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Eunicidae, Palola, Palola cf. siciliensis JZ-2010
631	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Nereididae, NA, NA
632	95	sap	Arthropoda, Ostracoda, Podocopida, NA, NA, NA
634	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Halymeniales, Halymeniaceae, Acrodiscus, Acrodiscus vidovichii
636	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
638	95	sap	Mollusca, Bivalvia, Veneroida, Montacutidae, Litigiella, Litigiella pacifica
639	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
640	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Sebdeniales, Sebdeniaceae, Sebdenia, Sebdenia sp. 1flabellata
641	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Braconidae, Cotesia, Cotesia sp. BOLD :AAH1026
642	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
643	81,88	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Trichoptera, Integripalpia, Brevitentoria, Sericostoma-toidea, Helicophidae, Helicopha, Helicopha amieuensis
644	92,33	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Clionaida, Clionaidae, Cliona, Cliona celata
645	93,61	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
646	81,99	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Annelida sp. BOLD :ACQ1901
648	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Securiflustra, Securiflustra securifrons
649	91,05	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Clionaida, Placospongiidae, Placospongia, Placospongia sp. N-2002
650	82,52	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustrina, Buguloidea, Bugulidae, Bugula, Bugula flabellata
651	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia gracilis
652	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Nemertea, Enopla, Hoplonemertea, Polystilifera, Repantia, Drepanophoridae, Drepanophorus, Drepanophorus spectabilis
653	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Placobranchidae, Elysia, Elysia viridis
654	80,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Canalipalpata, Sabellida, Sabellidae, Eudistylia, Eudistylia vancouveri
655	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, NA, NA
656	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
657	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
658	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Acinetosporaceae, Hincksia, Hincksia sandriana
659	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, NA
660	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Pterothamnion, Pterothamnion plumula
662	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Myrianida, Myrianida rubropunctata
663	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Acrothamnion, Acrothamnion butlerae
664	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Kallymeniaceae, Meredithia, Meredithia microphylla
665	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA



mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
666	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
667	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
669	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, Dasya, NA
670	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Spongites, Spongites fruticulosa
671	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Jania, NA
672	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
675	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
676	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
677	81,94	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, unclassified
679	97,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Pholoidae, Pholoe, Pholoe sp. A BCG-2017
681	95	sap	Annelida, Polychaeta, Aspidosiphonidormes, Aspidosiphonidae, Aspidosiphon, Aspidosiphon gracilis
683	87,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Polyneoptera, Dictyoptera, Blattodea, Blattoidea, Termitoidea, Termitidae, Macrotermitinae, Odontotermes, Odontotermes hainanensis
684	84,58	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Bombycoidea, Saturniidae, Hemileucinae, Hylesia, Hylesia sp. BOLD :ABA4384
685	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
686	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Scleractinia, NA, NA, NA
688	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, NA, NA
689	97,73	bold	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Tubulariidae, Ectopleura
690	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
691	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Plakina, Plakina jani
692	99,36	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
693	95	sap	Arthropoda, Insecta, Diptera, NA, NA, NA
694	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
695	95	sap	Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, NA, NA, NA
696	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Hesionidae, Oxydromus, Oxydromus pugettensis
697	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
698	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Titanoderma, Titanoderma sp. LAF6735
699	81,94	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Goniadidae, Goniada, Goniada brunnea
700	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
701	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, NA
702	95	sap	Annelida, Polychaeta, Golfingiida, Sipunculidae, Sipunculus, Sipunculus nudus
703	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
704	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Alpheidae, Synalpheus, Synalpheus gambarelloides
705	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, NA, NA, NA, NA
706	82,28	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Opiliones, Laniatores, Gonyleptoidea, Phalangodidae, Pseudobiantes, Pseudobiantes japonicus
707	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, environmental samples, uncultured Corallinales

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
708	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
709	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Sporolithaceae, Sporolithon, Sporolithon molle
710	95	sap	Mollusca, Bivalvia, Myoida, Hiatellidae, Hiatella, NA
711	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Pandeidae, NA, NA
712	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Securiflustra, Securiflustra securifrons
713	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
714	83,21	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Cephalopoda, Coleoidea, Neocoleoidea, Decapodiformes, Teuthida, Oegopsina, Architeuthidae, Architeuthis, Architeuthis dux
715	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
716	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
717	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, Polysiphonia fibrillosa
718	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Actinopterygii, Neopterygii, Teleostei, Neoteleostei, Acanthomorpha, Eupercaria, Labriformes, Labridae, Centrolabrus, Centrolabrus exoletus
719	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, Acanthochitona, Acanthochitona crinita
720	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Melobesioideae, Phymatolithon, Phymatolithon sp. 1CPVP
721	81,2	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Clitellata, Oligochaeta, Haplotaxida, Lumbricina, Lumbricidae, unclassified
723	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
724	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
725	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, Rhodymeniaceae, Rhodymenia, Rhodymenia sp. 1delicatula
726	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
729	95	sap	Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, Clathriidae, Pandaros, Pandaros acanthifolium
730	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
731	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, Rhodymeniaceae, Irvinea, Irvinea ardrea
732	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
733	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Ramicrusta, Ramicrusta australica
735	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
736	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Acinetosporaceae, NA, NA
737	81,85	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Crambeidae, Monanchora, Monanchora clathrata
739	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Pteriomorpha, Limoida, Limidae, Limaria, Limaria hians
740	97,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Pilumnoidea, Pilumnidae, Pilumnus, Pilumnus villosissimus
741	81,21	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Nematocera, Culicoidea, Culicidae, Culicinae, Aedini, Ochlerotatus, Ochlerotatus, Ochlerotatus canadensis
742	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Bangiophyceae, Bangiales, Bangiaceae, Porphyra, Porphyra umbilicalis
743	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrix, Ophiotrix sp. RPP-2012a
744	80,2	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Spionidae, Pseudopolydora, Pseudopolydora paucibranchiata
745	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, Lithothamnion sp. VP-2014

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
748	84,21	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Heteroconchia, Euheterodonta, Veneroidea, Tellinoidea, Tellinidae, Macoma, Macoma moesta
750	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Lepidopleuridae, Lepidopleurus, Lepidopleurus cajetanus
751	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, Phrix, Phrix spatulata
752	95	sap	Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, NA, NA, NA
753	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
754	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Ceramium, NA
755	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, NA, NA, NA
756	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Naviculales, Naviculaceae, Haslea, Haslea crucigera
757	84,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Cephalopoda, Coleoidea, Neocoleoidea, Decapodiformes, Teuthida, Oegopsina, Enoploteuthidae, Watasenia, Watasenia scintillans
758	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA
759	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, Heteroxyidae, Halicnemia, Halicnemia patera
760	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Laurencieae, Laurencia, Laurencia obtusa
762	100	stampa_blast	Eukaryota, Alveolata, Dinophyceae, Suessiales, Symbiodiniaceae, Symbiodinium, Symbiodinium
763	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, NA, NA, NA
764	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
765	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, Orbiniidae, Leitoscoloplos, Leitoscoloplos pugettensis CMC02
766	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
767	95	sap	Entoprocta, NA, NA, Barentsiidae, Barentsia, Barentsia discreta
769	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
770	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Sphacelariales, Stypocaulaceae, Halopteris, Halopteris filicina
771	89,47	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Vetigastropoda, Trochoidea, Turbinidae, Angaria, Angaria delphinus
772	95	sap	Platyhelminthes, NA, Tricladida, Geoplanidae, NA, NA
773	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, NA, NA
774	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Proceraea, Proceraea aurantiaca
775	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, Hormogastridae, Hormogaster, Hormogaster elisae
776	93,3	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Halichondriidae, Hymeniacion, *
777	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
778	82,37	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Anomalodesmata, Pholadomyoidea, Pandoroidea, Clavagellidae, Bryopa, Bryopa lata
779	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
780	97,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Placobranchidae, Elysia, Elysia sp. 3 GC-2014
781	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
782	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
786	95	sap	Porifera, Demospongiae, Dendroceratida, Halisarcidae, Halisarca, NA
787	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Boselliidae, Bosellia, Bosellia mimetica
789	95	sap	Chordata, Ascidiacea, Stolidobranchia, Styelidae, Botrylloides, Botrylloides chevalense

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
791	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, NA, NA, NA
794	95	sap	Nemertea, Enopla, NA, NA, NA, NA
795	85,34	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Polyneoptera, Dictyoptera, Blattodea, Blattoidea, Termitoidae, Termitidae, Apicotermittinae, Anoplotermes, Anoplotermes aff. distans TB-2013
796	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
797	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
798	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, Phrix, Phrix spatulata
799	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, NA, NA
800	82,71	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Dikarya, Basidiomycota, Agaricomycotina, Tremellomycetes, Tremellales, Cryptococcaceae, Cryptococcus, Cryptococcus
801	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
805	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
806	84,85	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Aculeata, Vespoidea, Formicidae, Myrmicinae, Tetramorium, Tetramorium delagoense
807	98,39	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Heteroconchia, Euheterodonta, Myoida, Hiatelloidea, Hiatellidae, Hiatella, Hiatella arctica
808	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Plakortis, Plakortis simplex
811	88,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Nemertea, Enopla, Hoplonemertea, Monostilifera, unclassified
812	95	sap	Nemertea, Anopla, Heteronemertea, NA, NA, NA
813	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
814	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Rhizophyllidaceae, Portieria, NA
816	95	sap	Arthropoda, Arachnida, NA, NA, NA, NA
817	95	sap	Arthropoda, Collembola, NA, Isotomidae, NA, NA
818	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
819	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
821	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, NA, NA, NA
822	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
823	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, NA, NA
824	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Beaniidae, Beania, Beania plurispinosa
826	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
827	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrichix, Ophiotrichix sp. RPP-2012a
828	95,51	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Biemnida, Biemnidae, Sigmaxinella, Sigmaxinella hipposiderus
829	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
830	95	sap	Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, NA, NA, NA
831	95	sap	Nematoda, Chromadorea, Desmodorida, Desmodoridae, Desmodora, Desmodora sp. 1 FH-2016
832	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, NA, NA
833	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
834	99,31	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Syllis, Syllis gerundensis
837	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Asteroidea, Spinulosacea, Spinulosida, Echinasteridae, Echinaster, Echinaster sepositus

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
838	95	sap	Chordata, Ascidiacea, Stolidobranchia, Styelidae, Botryllus, Botryllus schlosseri
839	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
840	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, NA, NA
841	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, Paraonidae, Aricidea, NA
842	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Jania, Jania rubens
843	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Amphiuridae, NA, NA
844	79,22	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Anthoathecata, Capitata, Corynidae, Coryne, Coryne pusilla
845	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, Polydora, NA
846	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
847	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
848	83,97	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Cephalopoda, Coleoidea, Neocoleoidea, Decapodiformes, Teuthida, Oegopsina, Architeuthidae, Architeuthis, Architeuthis dux
849	100	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Oomycetes, Olpidiopsidales, Olpidiopsidaceae, Olpidiopsis, Olpidiopsis feldmanni
851	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
852	95	sap	Arthropoda, Insecta, Blattodea, Corydiidae, Ergaula, Ergaula capucina
853	81,29	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Tedaniidae, Tedania, Tedania klausii
854	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
855	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
856	85,71	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, unclassified
858	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, Dasya, NA
859	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
860	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
861	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Dexaminidae, Dexamine, Dexamine thea
862	95	sap	Chlorophyta, NA, Prasinococcales, NA, Prasinococcus, Prasinococcus capsulatus
863	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
864	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
865	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Pterothamnion, NA
867	88,67	bold	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Mitrocomidae, Mitrocomella, Mitrocomella polydiademata
868	95	sap	Chordata, NA, NA, NA, NA, NA
869	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, Dasya, NA
871	97,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, environmental samples, Gastropoda environmental sample
873	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, NA, NA
874	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
875	92,63	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, unclassified
876	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrich, Ophiotrich sp. RPP-2012a
878	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
879	95	sap	Annelida, Clitellata, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
880	80,19	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria sextentaculata
882	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Campanulariidae, Campanularia, Campanularia hincksii
883	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria sextentaculata
884	85,44	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Ichneumonoidea, Ichneumonidae, Banchinae, Meniscomorpha, Meniscomorpha sp. BOLD-2016
885	83,17	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, unclassified
886	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA
888	79,83	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Sipuncula, Phascolosomatidea, Phascolosomatiformes, Phascolosomatidae, Phascolosoma, Phascolosoma esculenta
889	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
890	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
891	97,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Microcionidae, Clathria, Clathria armata
892	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Galatheidae, Galathea, NA
894	95	sap	Porifera, Demospongiae, Suberitida, Halichondriidae, Halichondria, Halichondria panicea
895	88,42	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Dikarya, Ascomycota, Pezizomycotina, Dothideomycetes, Dothideomycetidae, Capnodiales, Mycosphaerellaceae, Cercospora, Cercospora sojina
896	95	sap	Bacillariophyta, Coscinodiscophyceae, Thalassiosirales, NA, NA, NA
897	83,09	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Mammalia, Eutheria, Euarchontoglires, Glires, Rodentia, Hystricomorpha, Echimyidae, Phyllomys, Phyllomys sp. ACL-2011
898	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Ischyroceridae, Ericthonius, Ericthonius punctatus
899	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
900	80,75	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Canalipalpata, Sabellida, Serpulidae, Serpula, Serpula cf. granulosa JWQ-2012
901	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
902	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
904	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
907	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, NA, NA, NA
908	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
909	82,21	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Protobranchia, Nuculoida, Nuculidae, Acila, Acila mirabilis
910	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Bryozoa, Stenolaemata, Tubuliporida, Tubuliporidae, Idmidronea atlantica
911	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
912	95	sap	Mollusca, Cephalopoda, Teuthida, Gonatidae, Gonatus, Gonatus kamtschaticus
913	81,51	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Opiliones, Laniatores, Gonyleptoidea, Phalangodidae, Pseudobiantes, Pseudobiantes japonicus
914	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Dexaminidae, Dexamine, Dexamine spiniventris
915	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
916	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Pterothamnion, NA
917	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia imbricata
918	99,35	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Heteroconchia, Euheterodonta, Myoida, Hiattelloidea, Hiattellidae, Hiattella, Hiattella arctica

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
919	95,83	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Biemnida, Biemnidae, Sigmamaxinella, Sigmamaxinella hipposiderus
921	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Echinozoa, Holothuroidea, Aspidochirotea, Aspidochirotida, Holothuriidae, Holothuria, Holothuria mammata
922	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
923	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Galatheidae, Galathea, NA
924	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Pelmatozoa, Crinoidea, Articulata, Comatulida, Antedonidae, Antedon, Antedon mediterranea
925	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, Acanthochitona, NA
926	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, Acanthochitona, Acanthochitona crinita
927	99,35	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
929	81,94	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Clitellata, Oligochaeta, Haplotaxida, Lumbricina, Megascolecidae, Dichogaster, Dichogaster modigliani
930	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
931	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
933	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Trombidiformes, NA, NA, NA
934	91,67	bold	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Eudendriidae, Eudendrium Rameum
935	99	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Dictyotales, Dictyotaceae, Dictyota, Dictyota dichotoma
936	96,77	bold	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, Coelosphaeridae, Forcepia, Forcepia fabricans
937	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, NA, NA, NA
938	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Braconidae, Cotesia, NA
940	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, NA, NA
941	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Hexacorallia, Corallimorpharia, Corallimorphidae, Corynactis, Corynactis californica
942	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
943	81,49	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Opiliones, Palpatores, Ischyropsalidoidea, Ischyropsalididae, Ischyropsalis, Ischyropsalis pyrenaea alpinula
945	81,09	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Terebellida, Terebellidae, Eupolymnia, Eupolymnia heterobranchia
946	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Cerithiidae, NA, NA
947	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, NA, NA
948	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
950	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Rhizophyllidaceae, NA, NA
951	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Bitectiporidae, Schizomavella, Schizomavella linearis
952	87,87	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, Raspailiidae, Raspailiinae, Raspaciona, Raspaciona aculeata
953	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Hesionidae, Syllidia, Syllidia armata
954	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
955	90,67	bold	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Eudendriidae, Eudendrium Rameum
956	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
957	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, NA, NA, NA
958	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Laurencieae, Laurencia, Laurencia obtusa
959	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
960	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
961	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Sphacelariales, Stypocaulaceae, Halopteris, Halopteris filicina
962	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
963	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Ampharetidae, Amphisamytha, Amphisamytha fauchaldi
964	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
966	81,82	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Geometroidea, Geometridae, Ennominae, Cratoptera, Cratoptera atina
967	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
968	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Anomura, Paguroidea, Diogenidae, Calcinus, Calcinus tubularis
969	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gelidiales, Gelidiaceae, Gelidium, NA
970	95	sap	Phaeophyceae, NA, NA, NA, NA, NA
971	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, Dasya, NA
972	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
973	95	sap	Nemertea, Palaeonemertea, NA, Carinomidae, Carinoma, Carinoma sp. BOLD :ACM5178
974	97,12	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniophycidae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonioideae, Polysiphonia, Polysiphonia schneideri
975	83,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, unclassified
976	83,77	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Annelida sp. BOLD :ACQ7539
978	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Pilumnidae, NA, NA
979	97,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tethyida, Timeidae, Timea, Timea sp. G303973
980	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Lumbrineridae, Gallardoneris, Gallardoneris iberica
981	95	sap	Phaeophyceae, NA, Dictyotales, Dictyotaceae, Dictyota, Dictyota fasciola
982	84,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Hemichordata, Pterobranchia, Rhabdopleurida, Rhabdopleuridae, Rhabdopleura, Rhabdopleura compacta
985	95	sap	Nemertea, Anopla, Heteronemertea, Lineidae, Notospermus, Notospermus geniculatus
986	82,51	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Siphonophorae, Physonectae, Agalmatidae, Halistemma, Halistemma sp. 1 BO-2009
987	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
989	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
990	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
991	96,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Microcionidae, Clathria, Clathria armata
992	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tethyida, Hemiasterellidae, *, *
993	92,63	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, unclassified
994	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
995	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Loimia, NA
996	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
997	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
998	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Gammaridae, NA, NA
1000	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, NA, NA, NA
1001	95	sap	Nemertea, Anopla, Heteronemertea, NA, NA, NA
1002	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Parthenopidae, Parthenopoides, Parthenopoides massena



mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1003	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, NA, NA, NA
1004	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1005	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Scytosiphonaceae, Colpomenia, NA
1006	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
1007	95	sap	Nemertea, Anopla, Heteronemertea, Lineidae, NA, NA
1008	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Perinereis, Perinereis aibuhitensis
1009	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1010	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Oribatida, Brachychthoniidae, NA, NA
1011	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, Dasya, NA
1012	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Nicolea, Nicolea zostericola
1014	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, NA, NA
1015	95	sap	Nemertea, Palaeonemertea, NA, Tubulanidae, NA, NA
1016	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, Polydora, NA
1017	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Haptophyceae, Isochrysidales, Noelaerhabdaceae, Emiliania, Emiliania huxleyi
1018	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Lepidopleuridae, NA, NA
1020	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
1021	87,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Portu- noidea, Carcinidae, Carcinus, Carcinus maenas
1022	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1023	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
1024	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
1025	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1027	86,41	bold	Eukaryota, Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Terminoflustra barleei
1028	83,6	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Polymastiida, Polymastiidae, Sphaerotylus, Sphaerotylus borealis
1029	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Monosporus, Monosporus indicus
1030	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
1031	87,66	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Polyneoptera, Dictyoptera, Blattodea, Blattoidea, Termitoidae, Termitidae, Macrotermitinae, Odontotermes, Odontotermes hainanensis
1032	98,17	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Keratosa, Dictyoceratida, Dysideidae, unclassified
1033	84,75	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Copepoda, Siphonostomatoida, Caligidae, Lepeophtheirus, Lepeophtheirus edwardsi
1034	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Cletodidae, Cletocamptus, Cletocamptus deitersi
1035	99	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Ectocarpales, Acinetosporaceae, Acinetospora, Acinetospora crinita
1036	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Ophiocomidae, Ophiocomina, Ophiocomina nigra
1037	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Amphiglena, Amphiglena mediterranea
1038	84,25	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Majoi- dea, Mithracidae, Mithrax, Mithrax tortugae
1039	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Ceramium, Ceramium echionotum
1040	95	sap	Porifera, Demospongiae, Chondrillida, Chondrillidae, Thymosia, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1043	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Cletodidae, Cletocamptus, Cletocamptus deitersi
1044	87,69	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Araneomorphae, Entelegynae, Araneoidea, Linyphiidae, Erigoninae, Tachygyna, Tachygyna pallida
1045	86,02	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Anthoathecata, Aplanulata, Hydridae, Hydra, Hydra vulgaris
1046	78,57	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Canalipalpata, Sabellida, Sabellidae, Parasabella, Parasabella sp. 2 MC-2015
1047	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
1048	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, Polyneura, NA
1049	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
1050	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
1051	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1052	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Eunicidae, Eunice, Eunice cf. antillensis JZ-2010
1054	95	sap	Porifera, Demospongiae, Chondrillida, Chondrillidae, Thymosia, NA
1055	95	sap	Cnidaria, NA, NA, NA, NA, NA
1056	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia evelinae
1057	89,93	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Brachycera, Muscomorpha, Oestroidea, Tachinidae, Exoristinae, Goniini, Argyrophylax, Argyrophylax sp. albinciscaDHJ05
1058	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, NA, NA
1059	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Syllis, Syllis gerlachi
1060	86,14	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Isopoda, Gnathiidea, Gnathiidae, environmental
1061	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1062	90,37	bold	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Leothecata, Campanularidae, Obelia beniculata
1063	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1064	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, Rhodymeniaceae, Rhodymenia, Rhodymenia pseudopalmeta
1065	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Trombidiformes, Rhagidiidae, NA, NA
1066	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
1067	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Placobranchidae, Elysia, Elysia sp. 3 GC-2014
1068	87,01	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Caridea, Palaemonoidea, Palaemonidae, Periclimenes, Periclimenes batei
1069	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1070	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Paramuriceidae, Paramuricea, Paramuricea clavata
1071	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Piumidae, NA, NA
1072	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Melobesioideae, Mesophyllum, Mesophyllum macroblastum
1073	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tetractinellida, Astrophorina, Ancorinidae, Stelletta, Stelletta dorsigera
1074	97,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Placobranchidae, Elysia, Elysia sp. 3 GC-2014
1075	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
1077	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Eunicidae, Palola, Palola sp. AS-2005

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1078	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1079	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Oribatida, Brachychthoniidae, NA, NA
1080	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Nudipleura, Nudibranchia, Doridina, Eudoridoidea, Chromodorididae, Felimida, Felimida purpurea
1081	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Calloporidae, Callopora, Callopora lineata
1083	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
1084	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Epialtidae, Pisa, Pisa armata
1085	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
1086	99	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Bonnemaisoniales, Bonnemaisoniaceae, Asparagopsis, Asparagopsis armata
1087	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, NA, NA
1088	81,29	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Clitellata, Oligochaeta, Haplotaxida, Lumbricina, Ocnerodrilidae, unclassified
1089	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Holaxonia, Gorgoniidae, Eunicella, Eunicella racemosa
1090	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, Oscarella microlobata
1091	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, NA, NA, NA
1093	92	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella sp.
1094	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1095	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, NA, NA, NA
1096	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Cyamidae, Cyamus, Cyamus erraticus
1097	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Haminoeidae, Haminoea, Haminoea cf. fusari MAM-2013
1098	99,35	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Chaetopteridae, Chaetopterus, Chaetopterus variopedatus
1099	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Paguridae, Cestopagurus, Cestopagurus timidus
1100	83,93	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniophycidae, Ceramiales, Delesseriaceae, Nitophyllum, Nitophyllum sp. MSK-2015
1101	88,82	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, Clytia folleata
1102	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Lottiidae, Patelloida, NA
1103	85,35	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Polyneoptera, Dictyoptera, Blattodea, Blattoidea, Termitidae, Termitidae, Macrotermitinae, Odontotermes, Odontotermes hainanensis
1104	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Tenthredinidae, NA, NA
1106	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1108	83,33	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Halopterididae, Halopteris, Halopteris polymorpha
1109	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1110	99	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrix, Ophiotrix sp. RPP-2012a
1111	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Spongites, Spongites fruticulosa
1114	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1115	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
1116	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
1117	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
1118	88,89	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Coleoptera, Polyphaga, Cucujiformia, Cleridae, Phaenocyclotomus, Phaenocyclotomus linealba

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1119	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Neogoniolithon, Neogoniolithon brassica-florida
1120	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Formicidae, Cephalotes, Cephalotes texanus
1121	95	sap	Ascomycota, NA, NA, NA, NA, NA
1122	95	sap	Mollusca, Bivalvia, Mytiloidea, Mytilidae, Mytilus, NA
1123	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1124	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Laurencieae, Laurencia, Laurencia obtusa
1125	87,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Amphipoda, Gammaridea, Lysianassoidea, Lysianassidae, Orchomenella, Orchomenella pinguides
1126	95	sap	Arthropoda, Pycnogonida, Pantopoda, Pycnogonidae, NA, NA
1127	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
1128	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, NA, NA, NA
1129	95	sap	Echinodermata, Holothuroidea, NA, NA, NA, NA
1130	81,14	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Goniadidae, Goniada, Goniada sp. TP0009
1131	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Titanoderma, Titanoderma sp. LAF6735
1132	78,9	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Canalipalpata, Sabellida, Sabellidae, Parasabella, Parasabella cf. aulacnota PS38
1133	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Hesionidae, Oxydromus, Oxydromus pugettensis
1135	81,94	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, unclassified
1136	91,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Euphrosinidae, Euphrosine, Euphrosine foliosa
1137	85,23	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Canalipalpata, Sabellida, Sabellidae, Parasabella, Parasabella cf. aulacnota PS22
1138	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1139	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonioidea, Polysiphonia, Polysiphonia atlantica
1140	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
1141	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, NA, NA, NA
1142	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1143	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1145	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Braconidae, NA, NA
1146	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1147	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1148	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Alpheidae, Synalpheus, Synalpheus gambarelloides
1149	81,94	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, unclassified
1150	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1151	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1152	95	sap	Phaeophyceae, NA, NA, NA, NA, NA
1153	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, Oscarella sp. Po.25936
1155	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Eudendriidae, Eudendrium, Eudendrium capillare
1156	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
1158	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, Oscarella sp. Po.25936
1160	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1162	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
1163	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Epigamia, Epigamia macrophtalma
1164	89,54	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Dikarya, Ascomycota, Pezizomycotina, Leotiomycetes, Helotiales, Chaetomellaceae, Synchaetomella, Synchaetomella acerina
1167	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1168	87,79	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Bacillariophyta, Fragilariophyceae, Fragilariophycidae, Fragilariales, Fragilariaceae, Asterionellopsis, Asterionellopsis thurstonii
1169	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
1171	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Eunicidae, Lysidice, Lysidice collaris
1173	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, NA, NA
1174	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
1175	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, Raspailia, NA
1176	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1177	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Siboglinidae, Osedax, Osedax sp. 1336_61_2
1178	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Hyalellidae, Hyalella, Hyalella azteca
1179	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1180	95	sap	Porifera, Demospongiae, Clionaida, Clionidae, Cliona, Cliona sp. GW3452
1181	0	stampa_blast	N, o, _, h, i, t
1182	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1183	95	sap	Arthropoda, Arachnida, NA, NA, NA, NA
1184	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1185	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1188	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Sporolithaceae, Sporolithon, NA
1189	81,94	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, unclassified
1190	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
1191	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Plakortis, Plakortis sp. Po.25927
1193	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Placobranchidae, Elysia, Elysia sp. 3 GC-2014
1194	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1197	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Uropygi, Thelyphonidae, Typopeltis, Typopeltis crucifer
1198	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1199	95	sap	Arthropoda, Pycnogonida, Pantopoda, Ammotheidae, NA, NA
1200	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Tenthredinidae, NA, NA
1201	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1202	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1203	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, Polydora, Polydora cornuta
1204	95	sap	Annelida, Clitellata, Branchiobdellida, Branchiobdellidae, Ankyrodrilus, Ankyrodrilus koronaeus
1205	95	sap	Ascomycota, Dothideomycetes, Capnodiales, Cladosporiaceae, Cladosporium, NA
1206	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, Polydora, NA
1207	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria sextentaculata

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1208	95	sap	Mollusca, Bivalvia, Mytiloidea, Mytilidae, Modiolula, Modiolula phaseolina
1209	87,69	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Mygalomorphae, Euctenizidae, Promyrmekiaphila, Promyrmekiaphila sp. ORRb1
1210	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Chaetoptera, Chaetopterus, Chaetopterus sarsii
1212	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
1213	95	sap	Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, NA, NA, NA
1215	83,09	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Mammalia, Eutheria, Euarchontoglires, Glires, Rodentia, Hystricomorpha, Echimyidae, Phyllomys, Phyllomys sp. ACL-2011
1216	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1217	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, NA, NA
1218	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Paramelitidae, Chydaekata, Chydaekata sp. A TLF-2008
1219	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1221	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Zoantharia, Nanozoanthidae, Nanozoanthus, Nanozoanthus harenaceus
1222	85,25	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Heteroconchia, Euheterodonta, Veneroidea, Tellinoidea, Donacidae, Donax, Donax cuneatus
1224	83,21	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Cephalopoda, Coleoidea, Neocoleoidea, Decapodiformes, Teuthida, Oegopsina, Architeuthidae, Architeuthis, Architeuthis dux
1227	95	sap	Bryozoa, Stenolaemata, Tubuliporida, Tubuliporidae, Tubulipora, Tubulipora flabellaris
1228	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
1229	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1230	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, NA, NA, NA
1231	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Callithamnion, NA
1232	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
1233	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1234	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, NA, NA, NA
1235	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hemiptera, Membracidae, Platycotis, Platycotis acutangula
1236	95	sap	Porifera, Demospongiae, Haplosclerida, Chalinidae, Haliclona, NA
1237	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Rhizophyllidaceae, Portieria, Portieria hornemanni
1238	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1239	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Terebellida, Acrocirridae, Macrochaeta, Macrochaeta clavicornis
1240	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Chone, Chone mollis
1241	83,91	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Clitellata, Oligochaeta, Haplotaxida, Lumbricina, Megascolecidae, Metaphire, Metaphire sieboldi
1244	99	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, environmental samples, Gastropoda environmental sample
1245	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Dexaminidae, Dexamine, Dexamine spiniventris
1246	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Amphiglena, Amphiglena mediterranea
1247	91,26	bold	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria
1248	83,51	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Scyphozoa, Rhizostomeae, Rhizostomatidae, Nemopilema, Nemopilema aff. nomurai AA-2013
1249	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
1250	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, Dasya, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1251	95	sap	Echinodermata, Asteroidea, Valvatida, Asterinidae, NA, NA
1252	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Campanulariidae, NA, NA
1254	79,92	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Paraneoptera, Hemiptera, Heteroptera, Panheteroptera, Cimicomorpha, Miridae, Mirini, Phytocoris, Phytocoris jucundus
1255	84,96	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Eupulmonata, Stylommatophora, Sigmurethra, Streptaxoidea, Streptaxidae, Gulella, Gulella kimbozae
1258	95	sap	Phaeophyceae, NA, Sphacelariales, Sphacelariaceae, Sphacelaria, NA
1259	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, NA, NA, NA
1262	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Mesophyllum, NA
1263	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Haplosyllis, Haplosyllis spongicola
1264	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Miraciidae, Schizopera, Schizopera sp. 2 SJBC-2012
1265	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Polynoidae, NA, NA
1266	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
1267	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Vermetidae, Thylacodes, NA
1270	83,66	bold	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, Podospongiidae, Neopodospongia normani
1272	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
1273	95	sap	Nemertea, Enopla, NA, NA, NA, NA
1275	95	sap	Arthropoda, Insecta, Coleoptera, Staphylinidae, NA, NA
1276	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1277	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1278	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
1279	99,03	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria sextentaculata
1280	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1281	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, NA, NA, NA, NA
1282	82,94	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Scyphozoa, Semaestomeae, Ulmaridae, Aurelia, Aurelia sp. 7 sensu Dawson et al. (2005)
1283	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Securiflustra, Securiflustra securifrons
1285	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
1288	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Arachnopusiidae, Arachnopusia, Arachnopusia unicornis
1289	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
1290	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Plakina, Plakina sp. DVL-2010
1291	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, NA, NA
1292	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Amphinomidae, Hermodice, Hermodice carunculata
1293	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
1294	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Bougainvilliidae, Lizzia, Lizzia blondina
1295	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, Polyneura, NA
1296	80,27	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Brachycera, Muscomorpha, Conopoidea, Conopidae, Stylogastrinae, Stylogaster, Stylogaster triannulata
1297	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1298	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1299	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
1300	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
1301	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tetractinellida, Astrophorina, Ancorinidae, Stelletta, Stelletta normani
1302	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, Metridinidae, Pleuromamma, Pleuromamma xiphias
1304	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1305	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1306	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, NA
1307	83,15	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Nemertea, Anopla, Heteronemertea, unclassified
1308	95	sap	Bacillariophyta, Fragilariophyceae, Fragilariales, Fragilariaceae, Asterionellopsis, NA
1309	90,67	stampa_blast	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Eudendriidae, Eudendrium rameum
1310	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
1311	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Cyclopoida, NA, NA, NA
1312	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
1313	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Callithamnion, NA
1314	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1317	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Ceramium, NA
1319	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
1320	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
1321	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
1322	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1323	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Isopoda, NA, NA, NA
1324	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1325	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
1326	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Ischyroceridae, NA, NA
1327	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, NA, NA
1328	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
1329	80,51	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Caridea, Nematocarcinoidea, Nematocarcinidae, Nematocarcinus, Nematocarcinus sp. BOLD :ACR5172
1330	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, Clytia gracilis
1331	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1332	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, Rhodymeniaceae, NA, NA
1334	81,67	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustrina, Buguloidea, Bugulidae, Bugula, Bugula migottoi
1335	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1336	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
1337	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, NA, NA
1338	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1340	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Echinozoa, Echinoidea, Euechinoidea, Echinacea, Echinoidea, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus



mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1341	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
1342	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Isopoda, NA, NA, NA
1344	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubranchyura, Portunoidea, Polybiidae, Liocarcinus, Liocarcinus corrugatus
1345	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1346	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hemiptera, NA, NA, NA
1347	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Pista, Pista cristata
1348	95	sap	Porifera, Demospongiae, Dendroceratida, Darwinellidae, Chelonaplysilla, NA
1349	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1350	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia evelinae
1351	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1352	95	sap	Entoprocta, NA, NA, Barentsiidae, Barentsia, Barentsia gracilis
1354	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, NA
1355	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, Endectyon, NA
1356	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1357	88,89	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Acari, Acariformes, Sarcoptiformes, unclassified
1358	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Leptopontiidae, Leptopontia, Leptopontia sp. DZMB015
1359	99	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Dictyotales, Dictyotaceae, Dictyota, Dictyota dichotoma
1360	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Lanceolidae, NA, NA
1362	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, Acanthochitona, NA
1363	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1364	82,49	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Pteriomorpha, Mytiloidea, Mytiloidea, Mytilidae, Mytilinae, Septifer, Septifer excisus
1365	82,27	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, unclassified
1366	86,58	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Bacillariophyta, Fragilariophyceae, Fragilariophycidae, Fragilariales, Fragilariaceae, Asterionellopsis, Asterionellopsis guyunusae
1367	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
1368	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Nereididae, unclassified Nereididae, *
1369	84,69	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Aculeata, Apoidea, Megachilidae, Megachilinae, Megachile, Megachile sp. 0430A207
1373	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
1374	85,83	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Bubarida, Dictyonellidae, Scopalina, Scopalina ruetzleri
1375	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Trombidiformes, NA, NA, NA
1376	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrich, Ophiotrich sp. RPP-2012a
1378	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1379	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Ampeliscidae, Byblis, Byblis gaimardi
1380	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1382	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
1383	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Epialtidae, Pisa, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1384	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellariidae, Sabellaria, Sabellaria spinulosa
1385	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1386	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
1387	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Dexaminidae, Dexamine, Dexamine spiniventris
1388	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1389	95	sap	Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, NA, NA, NA
1390	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Sipuncula, Phascolosomatidea, Aspidosiphonidormes, Aspidosiphonidae, Aspidosiphon, Aspidosiphon muelleri
1391	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1392	84,16	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Mucoromycota, Glomeromycotina, Glomeromycetes, Glomerales, Glomeraceae, Rhizophagus, Rhizophagus clarus
1393	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Lumbrineridae, Lumbrineris, NA
1394	95	sap	Arthropoda, Arachnida, NA, NA, NA, NA
1395	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
1397	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Placobranchiidae, Elysia, Elysia sp. 3 GC-2014
1398	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Amphiglena, Amphiglena mediterranea
1399	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1400	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Nemaliales, Galaxauraceae, Tricleocarpa, NA
1404	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, NA, NA
1405	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Dexaminidae, Dexamine, Dexamine thea
1406	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1407	95	sap	Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, NA, NA, NA
1408	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
1411	95	sap	Arthropoda, Insecta, Trichoptera, Hydropsychidae, Leptonema, Leptonema sp. INB0004363838
1412	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
1413	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1414	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Bugulidae, Bugula, Bugula flabellata
1415	95	sap	Rotifera, Monogononta, Ploima, Lecanidae, Lecane, NA
1416	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
1417	83,46	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Architaenioglossa, Ampullarioidea, Ampullariidae, Pila, Pila virescens
1418	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Lumbrineridae, Lumbrineris, Lumbrineris tetraura
1419	95	sap	Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, NA, NA, NA
1420	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
1421	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Cumacea, Lampropidae, Hemilamprops, Hemilamprops californicus
1423	79,12	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Ostracoda, Myodocopa, Myodocopida, Sarsielloidea, Sarsiellidae, Eusarsiella, Eusarsiella cornuta
1424	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1425	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1426	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Ischyroceridae, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1427	98,08	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Haplosyllis, Haplosyllis spongicola
1428	95,21	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
1429	87,76	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Geometroidea, Geometridae, Sterrhinae, Idaea, Idaea sp. BOLD :ACJ9240
1432	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Dictyotales, Dictyotaceae, Dictyopteris, Dictyopteris polypodioides
1433	95	sap	Stramenopiles, Oomycetes, Peronosporales, NA, NA, NA
1434	97,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Eunicidae, Leodice, Leodice harassii
1435	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1436	80,62	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Nereididae, Hediste, Hediste
1437	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Gorgoniidae, Eunicella, NA
1438	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
1439	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1441	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
1442	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Siphonophorae, NA, NA, NA
1444	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
1446	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
1447	95	sap	Chordata, NA, NA, NA, NA
1448	99,36	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Nudipleura, Nudibranchia, Doridina, Eudoridoidea, Chromodorididae, Felimare, Felimare tricolor
1451	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniophycidae, Rhodymeniales, Rhodymeniaceae, Irvinea, Irvinea ardreana
1452	89,39	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Dikarya, Ascomycota, Pezizomycotina, Dothideomycetes, Dothideomycetidae, Capnodiales, Mycosphaerellaceae, Cercospora, Cercospora sojina
1453	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
1454	81,14	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Goniadidae, Goniada, Goniada sp. TP0009
1455	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1456	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
1457	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
1458	82,47	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Opiliones, Laniatores, Epedanoidea, Epedanidae, Kilungius, Kilungius insulanus
1459	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Dromiidae, Dromia, NA
1460	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1461	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, NA, NA, NA
1464	84,35	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Opiliones, Cyphophthalmi, Tropicophthalmi, Stylocelloidea, Stylocellidae, Fangensis, Fangensis cavernarum
1466	95	sap	Arthropoda, Insecta, Diptera, NA, NA, NA
1467	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Ophiuridae, NA, NA
1468	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Haplosyllis, Haplosyllis spongicola
1469	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1470	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1472	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1473	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
1474	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
1475	81,82	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Nematocera, Sciaroidea, Mycetophilidae, Mycetophilini, Mycetophila, Mycetophila strigatoides
1476	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Phylloporaceae, Schottera, Schottera nicaeensis
1477	81,94	stampa_blast	Eukaryota, Viridiplantae, Chlorophyta, prasinophytes, Mamiellophyceae, Dolichomastigales, Dolichomastigaceae, Dolichomastix, Dolichomastix tenuilepis
1478	84,14	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, unclassified
1479	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1480	93,62	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Pteriomorphia, Mytiloidea, Mytilidae, Mytilinae, Mytilus, Mytilus trossulus
1481	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Actiniaria, Diadumenidae, Diadumene, NA
1482	89,34	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Trichoptera, Integripalpia, Brevitentoria, Sericostomatoidea, Calocidae, Caenota, Caenota plicata
1485	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
1486	81,55	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Bangiophyceae, Bangiales, Bangiaceae, Pyropia, Pyropia haitanensis
1487	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1488	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Symphyocladia, NA
1489	94,6	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Microcionidae, Clathria, Clathria rugosa
1492	87,69	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Araneomorphae, Entelegynae, Araneoidea, Linyphiidae, Erigoninae, Tachygyna, Tachygyna pallida
1493	95	sap	Annelida, Polychaeta, Flabelligerida, Flabelligeridae, NA, NA
1494	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Eunicidae, Palola, NA
1495	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Placobranchidae, Elysia, Elysia translucens
1496	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Herposiphoniae, Herposiphonia, Herposiphonia cf. secunda f. tenella
1497	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
1498	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Melitidae, NA, NA
1499	95	sap	Bryozoa, Stenolaemata, Tubuliporida, Tubuliporidae, Idmidronea, Idmidronea atlantica
1500	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1501	95	sap	Rhodophyta, Bangiophyceae, Bangiales, Bangiaceae, NA, NA
1502	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
1503	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
1504	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Placobranchidae, Elysia, Elysia sp. 3 GC-2014
1505	94,23	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Clathriidae, Ophlitaspongia, Ophlitaspongia papilla
1506	80,91	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Platyhelminthes, Rhabditophora, Polycladida, Acotylea, Leptoplanoidea, Notoplanidae, Notocomplana, Notocomplana septentrionalis
1507	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1508	97,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Placobranchidae, Elysia, Elysia sp. 3 GC-2014

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1509	81,43	stampa_blast	Eukaryota, environmental
1510	89,83	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Mygalomorphae, Euctenizidae, Promyrmekiaphila, Promyrmekiaphila sp. SUIV
1511	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Electridae, Conopeum, Conopeum reticulum
1514	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1515	95	sap	Nemertea, Anopla, Heteronemertea, NA, NA, NA
1516	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, Hypoglossum, Hypoglossum hypoglossoides
1517	81,71	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Trichoptera, Integripalpia, Rhyacophiloidea, Rhyacophilidae, Rhyacophila, Rhyacophila sp. CCDB-09363-B12
1518	95	sap	Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, NA, NA, NA
1519	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1520	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Zancleidae, Zanclea, NA
1521	95	sap	Annelida, Clitellata, NA, NA, NA, NA
1522	85,19	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Archelosauria, Archosauria, Dinosauria, Saurischia, Theropoda, Coelurosauria, Aves, Neognathae, Charadriiformes, Laridae, Onychoprion, Onychoprion lunatus
1523	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Aphanocladia stichidiosa
1524	89,94	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Actinopterygii, Neopterygii, Teleostei, Neoteleostei, Acanthomorpha, Carangaria, Carangiformes, Echeneidae, Remora, Remora remora
1525	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, NA, NA, NA
1526	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, NA, NA, NA
1527	99	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palata, Aciculata, Phyllococida, Glyceridae, Glycera, Glycera tessellata
1528	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Cornulariidae, Cornularia, Cornularia cornucopiae
1529	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1531	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1532	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
1533	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, NA, NA, NA
1535	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Braconidae, Meteorus, Meteorus sp. Janzen13
1536	95	sap	Porifera, Demospongiae, Dendroceratida, Darwinellidae, NA, NA
1537	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
1539	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
1540	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Galatheididae, Galathea, NA
1542	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Chitonida, Chitonina, Callochitonidae, Callochiton, Callochiton septemvalvis
1544	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
1545	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1546	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Acrocirridae, NA, NA
1547	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
1548	95,2	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, Raspailiidae, Raspailiinae, Endectyon, Endectyon delaubenfelsi
1549	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1550	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Nemertea, Anopla, Heteronemertea, Lineidae, Micrura, Micrura fasciolata
1551	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1552	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Actiniaria, Aiptasiidae, Aiptasia, Aiptasia pulchella
1553	95	sap	Platyhelminthes, NA, NA, NA, NA, NA
1555	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1556	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
1557	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Epialtidae, Pisa, NA
1558	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
1559	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Cyclopoida, Oithonidae, Oithona, Oithona similis
1561	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Caridea, Palaemonoidea, Palaemonidae, Periclimenes, Periclimenes scriptus
1562	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
1563	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
1564	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1565	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1566	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1568	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, Orbiniidae, Scoloplos, Scoloplos acutissimus
1569	95	sap	Chordata, NA, NA, NA, NA, NA
1570	95	sap	Annelida, Polychaeta, Golfingiida, Sipunculidae, Sipunculus, Sipunculus nudus
1571	83,97	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Canalipalpata, Sabellida, Sabellidae, Amphiglena, Amphiglena mediterranea
1572	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Chordariaceae, NA, NA
1574	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, NA, NA
1575	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Pholoidae, Pholoe, Pholoe sp. A BCG-2017
1576	95	sap	Arthropoda, Ostracoda, Podocopida, Macrocyprididae, Macroscapha, NA
1577	95	sap	Porifera, Demospongiae, Tetractinellida, NA, NA, NA
1578	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
1579	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
1580	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Pilumnidae, NA, NA
1581	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, NA, NA
1582	95	sap	Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, NA, NA, NA
1583	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1584	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Microporidae, Micropora, Micropora mortenseni
1585	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
1588	94,46	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
1589	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
1590	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1591	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1592	95	sap	Porifera, Demospongiae, Suberitida, Halichondriidae, Halichondria, Halichondria panicea

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1593	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
1595	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
1596	81,43	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Clitellata, Oligochaeta, Haplotaxida, Tubificina, Tubificidae, Naidinae, Dero, Dero obtusa
1597	86,67	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Mygalomorphae, Theraphosidae, Aphonopelma, Aphonopelma marxi
1598	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1599	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1600	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Romancheinidae, Escharoides, Escharoides angela
1602	97,1	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Melobesioideae, Mesophyllum, Mesophyllum sphaericum
1603	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1605	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
1606	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Obelia, Obelia dichotoma
1607	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
1609	95	sap	Arthropoda, Pycnogonida, Pantopoda, Ammotheidae, Achelia, Achelia hoekii
1610	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Naviculales, Berkeleyaceae, Berkeleya, Berkeleya fennica
1612	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
1613	97,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Placobranchoidea, Elysia, Elysia sp. 3 GC-2014
1614	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, NA, NA, NA
1615	86,58	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Nematocera, Chironomoidea, Chironomidae, Thienemanniella, Thienemanniella minuscula
1617	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Portunoidea, Polybiidae, Liocarcinus, Liocarcinus corrugatus
1618	95	sap	Arthropoda, Insecta, Trichoptera, Helicopsychidae, Helicopsyche, NA
1619	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
1620	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Amphiglena, Amphiglena mediterranea
1621	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Actinopterygii, Neopterygii, Teleostei, Neoteleostei, Acanthomorphata, Gobiaria, Gobiiformes, Gobioidae, Gobiidae, Gobiinae, Odondebuenia, Odondebuenia balearica
1623	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Bugulidae, Bugula, Bugula flabellata
1626	97,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tethyida, Hemiasterellidae, Hemiasterella, Hemiasterella sp. UCMPWC1021
1628	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1631	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1632	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, Oscarella sp. Po.25936
1633	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, NA, NA
1636	95	sap	Rhizaria, Cercomonadida, Cercomonadidae, Paracercomonas, Paracercomonas marina
1638	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
1639	87,01	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Myriapoda, Diplopoda, Helminthomorpha, Spirostreptida, Harpagophoridae, Anurostreptus, Anurostreptus barthelemyae
1640	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1642	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium sp. GSM-M2
1643	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, NA, NA
1645	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1646	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
1647	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, Protosuberites, Protosuberites ectyoninus
1648	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, Myrianida, Myrianida longoprimitirata
1649	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Ceramium, NA
1651	95	sap	Chordata, NA, NA, NA, NA, NA
1652	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
1653	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1654	95	sap	Arthropoda, Insecta, Trichoptera, Helicopsychidae, Helicopsyche, Helicopsyche zealandica
1655	98,71	stampa_blast	Eukaryota, environmental
1657	95	sap	Rhodophyta, Bangiophyceae, Bangiales, Bangiaceae, Pyropia, Pyropia haitanensis
1658	84,35	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Mammalia, Eutheria, Laurasiatheria, Insectivora, Soricidae, Crocidurinae, Crocidura, Crocidura buettikoferi
1659	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Lepraliellidae, Celleporaria, NA
1660	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1661	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1663	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1665	80,99	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Myriapoda, Chilopoda, Pleurostigmophora, Scolopendromorpha, Scolopendridae, Otostigmus, Otostigmus politus
1666	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia evelinae
1669	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, NA, NA, NA
1670	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Scleractinia, Caryophylliidae, Caryophyllia, NA
1671	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Chitonida, Chitonina, Chitonidae, Chitoninae, Chiton, Chiton olivaceus
1675	88,42	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Coleoptera, Polyphaga, Elateriformia, Elateroidea, Elateridae, Dendrometrinae, Scutellathous, Scutellathous comes
1676	95	sap	Nematoda, Chromadorea, Desmodorida, Desmodoridae, Desmodora, Desmodora sp. 1 FH-2016
1677	95	sap	Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, NA, NA, NA
1678	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, *, *, *
1679	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1680	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Chordariaceae, Cladosiphon, Cladosiphon okamuranus
1681	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
1682	82,55	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Scyphozoa, Rhizostomeae, Rhizostomatidae, Nemopilema, Nemopilema aff. nomurai AA-2013
1684	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
1686	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Hydractiniidae, Clava, Clava multicornis
1687	85,29	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Amphipoda, Gammaridea, Lysianassoidea, Lysianassidae, Eurythenes, Eurythenes sp. RBINS CDB Euryt77412540



mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1688	83,67	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Pteriomorphia, Mytiloidea, Mytiloidea, Mytilidae, Mytilinae, Mytella, Mytella charruana
1690	97,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Pholoidae, Pholoe, Pholoe sp. A BCG-2017
1691	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, NA, NA
1692	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1693	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Eudendriidae, Eudendrium, Eudendrium capillare
1694	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
1695	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, NA, NA
1696	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, NA, NA, NA
1697	95	sap	Porifera, Demospongiae, Suberitida, Halichondriidae, Halichondria, Halichondria panicea
1698	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, Lithothamnion sp. A JLR-2016
1699	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA
1700	92,16	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Dikarya, Ascomycota, Pezizomycotina, Sordariomycetes, Hypocreomycetidae, Hypocreales, Nectriaceae, Fusarium, Fusarium
1701	95	sap	Nemertea, Anopla, Heteronemertea, Lineidae, Kulikovia, Kulikovia alborostrata
1703	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Sebdeniales, Sebdeniaceae, Sebdenia, NA
1704	97,12	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tethyida, Hemiasterellidae, Hemiasterella, Hemiasterella sp. UCMPWC1021
1705	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
1706	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, environmental
1707	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
1709	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
1714	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
1716	97,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsogastropoda, Littorinimorpha, Vermetoidea, Vermetidae, Thylaeodus, Thylaeodus sp. TAR-2010
1717	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1719	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Pholoidae, Pholoe, Pholoe sp. A BCG-2017
1720	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Trombidiformes, NA, NA, NA
1721	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Majidae, Eurynome, Eurynome aspera
1722	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1723	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Sertulariidae, Symplectoscyphus, Symplectoscyphus tricuspidatus
1724	87,0852631578947	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Noctuoidea, Erebidae, Erebidae
1725	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Miraciidae, Schizopera, Schizopera akation
1726	95,51	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Biemnida, Biemnidae, Sigmoidinella, Sigmoidinella hipposiderus
1727	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium haddoni
1728	97,76	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tetractinellida, Astrophorina, Ancorinidae, Stryphnus, Stryphnus ponderosus
1730	89,23	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Scorpiones, Iurida, Chactioidea, Vaejovidae, Vaejovis, Vaejovis montanus
1731	99,36	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Odontosyllis, Odontosyllis fulgurans
1732	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1733	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1734	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Obelia, Obelia dichotoma
1736	95	sap	Porifera, Demospongiae, Chondrillida, Chondrillidae, Thymosia, NA
1737	83,91	stampa_blast	Eukaryota, Viridiplantae, Chlorophyta, Trebouxiophyceae, Trebouxiophyceae
1738	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Pandalidae, Pandalina, Pandalina brevirostris
1740	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, Heterosiphonia, Heterosiphonia crispella
1741	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
1742	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
1743	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1744	80,86	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Eunicidae, Eunice, Eunice filamentosa complex BR
1745	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1746	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
1747	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1750	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Braconidae, Meteorus, Meteorus sp. BOLD-2016
1751	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1754	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Megasyllis, Megasyllis corruscans
1755	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Scleractinia, Pocilloporidae, Madracis, NA
1757	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, NA, NA
1758	81,12	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Branchiopoda, Diplostraca, Cladocera, Anomopoda, Macrotrichidae, Macrotrich, Macrotrich sp. HE-364
1759	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
1760	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1761	95	sap	Porifera, Demospongiae, Biemnida, Biemnidae, NA, NA
1762	87,42	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
1764	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Ceramium, NA
1765	86,06	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Obelia, Obelia longissima
1767	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Chondropsidae, Strongylacidon, Strongylacidon bermudae
1769	87,69	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Araneomorphae, Entelegynae, Araneoidea, Linyphiidae, Erigoninae, Tachygyna, Tachygyna pallida
1771	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Cytaeididae, Cytaeis, Cytaeis sp. MAN-2015
1772	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, NA, NA
1773	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1775	95	sap	Phaeophyceae, NA, Sphacelariales, Sphacelariaceae, Sphacelaria, NA
1776	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Hydractiniidae, Clava, Clava multicornis
1777	81,82	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Polyneoptera, Plecoptera, Perloidea, Perlidae, Anacroneuria, Anacroneuria sp. gmycS6
1778	95	sap	Nemertea, Anopla, Heteronemertea, NA, NA, NA
1779	95	sap	Porifera, Demospongiae, Dendroceratida, Halisarcidae, Halisarca, NA
1781	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1782	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
1784	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Tunicata, Ascidiacea, Enterogona, Phlebobranchia, Ascidiidae, Ascidia, Ascidia ahodori
1785	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1786	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
1787	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
1788	84,79	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Sorbeoconcha, Cerithioidea, Potamididae, Cerithidea, Cerithidea carbon-nieri
1789	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
1791	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Hippothoidae, Celleporella, Celleporella hyalina
1792	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1793	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
1794	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
1795	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Nudipleura, Nudibranchia, Aeolididina, Aeolidioidea, Favorini-dae, Favorinus, Favorinus branchialis
1796	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Hexacorallia, Zoantharia, Epizoanthidae, Epizoanthus, Epizoanthus arenaceus
1797	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Pista, Pista cristata
1798	92,93	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, Raspailiidae, Raspailiinae, Endectyon, Endectyon delaubenfelsi
1800	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
1801	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Pelmatozoa, Crinoidea, Articulata, Comatulida, Antedonidae, Antedon, Antedon mediterranea
1802	95	sap	Porifera, Demospongiae, Chondrillida, Chondrillidae, Thymosia, NA
1803	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
1804	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
1805	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
1807	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
1808	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
1810	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
1811	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1812	95	sap	Arthropoda, Arachnida, NA, NA, NA, NA
1813	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
1814	84,92	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Facetotecta, unclassified
1816	95	sap	Cnidaria, Scyphozoa, Rhizostomeae, Rhizostomatidae, Stomolophus, Stomolophus sp. 5 LGD-2017
1817	95	sap	Mollusca, Bivalvia, Veneroidea, Veneridae, NA, NA
1818	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Siphonostomatoida, Pandaridae, Nesippus, Nesippus orientalis
1819	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
1820	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Polycirrus, Polycirrus sp. BOLD :AAI2761
1821	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1822	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Amphiglena, Amphiglena mediterranea
1824	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Tubulariidae, Ectopleura, Ectopleura wrighti

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1825	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Corophiidae, Paracorophium, NA
1828	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Trombidiformes, NA, NA, NA
1829	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Polynoidae, NA, NA
1830	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1831	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, NA, NA, NA
1832	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
1833	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Alpheidae, Synalpheus, Synalpheus gambarelloides
1834	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tethyida, Tethyidae, unclassified
1835	99	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Caridea, Alpheoidea, Alpheidae, Athanas, Athanas nitescens
1836	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Siphonophorae, NA, NA, NA
1837	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
1839	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
1840	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, Heterosiphonia, Heterosiphonia crispella
1842	84,47	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Anomura, unclassified
1843	95	sap	Entoprocta, NA, NA, Loxosomatidae, Loxosomella, Loxosomella sp. JM-2012
1845	87,32	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Pycnogonida, Pantopoda, Nymphon, Nymphon australe
1846	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1847	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
1848	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Laurencieae, Laurencia, Laurencia obtusa
1849	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Eulophidae, NA, NA
1850	84,71	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Melobesioideae, Synarthrophyton, Synarthrophyton patena
1851	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
1853	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
1854	83,21	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Trichoptera, Integripalpia, Brevitentoria, Leptoceroida, Leptoceridae, Leptocerinae, Oecetini, Oecetis, Oecetis kyparissos
1855	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1856	95	sap	Nemertea, Palaeonemertea, NA, Cephalothricidae, NA, NA
1858	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
1859	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1860	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Securiflustra, Securiflustra securifrons
1861	94,25	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Hymedesmiidae, Phorbas, Phorbas bihamiger
1863	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Miraciidae, Schizopera, Schizopera akation
1864	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1866	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
1868	89,53	bold	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, Rhabderemiidae, Rhabderemia sorokiniae
1871	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1872	95	sap	Arthropoda, Insecta, Diptera, Chironomidae, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1873	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitida
1874	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, NA, NA
1876	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1877	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1880	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Plumulariidae, Plumularia, NA
1881	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, Acanthochitona, NA
1882	94,89	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
1883	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Parthenopoda, Parthenopidae, Parthenopoides, Parthenopoides massena
1885	95	sap	Basidiomycota, NA, NA, NA, NA, NA
1886	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Phymatolithon, NA
1887	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
1888	99,03	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Actinopterygii, Neopterygii, Teleostei, Neoteleostei, Acanthomorpha, Ovalentaria, Blenniiformae, Blenniiformes, Blennioides, Blenniidae, Blenniinae, Blennius, Blennius sp. BOLD :AAH9014
1889	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA
1890	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Haminoeidae, Haminoea, Haminoea cf. fusari MAM-2013
1891	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Caulacanthaceae, Caulacanthus, Caulacanthus ustulatus
1892	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, Acanthochitona, Acanthochitona crinita
1894	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Haplosclerida, Petrosiidae, Petrosia, Petrosia ficiformis
1895	98,39	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Vetigastropoda, Trochoidea, Trochidae, Cantharidinae, Jujubinus, Jujubinus striatus
1896	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Alpheidae, Synalpheus, Synalpheus gambarelloides
1898	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecacera, Dodecacera ater
1901	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
1902	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1903	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1904	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA
1906	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, NA, NA, NA
1907	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, Lumbricidae, Eisenia, Eisenia nordenskioldi
1908	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Dexaminidae, Dexamine, Dexamine spiniventris
1909	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1910	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
1911	95	sap	Phaeophyceae, NA, NA, NA, NA, NA
1913	83,65	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Eupulmonata, Stylommatophora, Sigmurethra, Clausilioidea, Clausiliidae, Alopiinae, Inchoatia, Inchoatia megdova megdova
1914	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Haminoeidae, Haminoea, Haminoea cf. fusari MAM-2013
1915	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Miraciidae, Amphiacoides, Amphiacoides atopus
1916	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Haplosclerida, Callyspongia, Callyspongia plicifera
1918	88,08	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Dikarya, Ascomycota, Pezizomycotina, Leotiomyces, Leotiomyces

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1919	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
1921	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
1923	95	sap	Nemertea, Anopla, Heteronemertea, NA, NA, NA
1924	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
1926	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Pteriomorphia, Mytiloidea, Mytiloidea, Mytilidae, Modiolinae, Modiolula, Modiolula phaseolina
1927	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Grapsidae, NA, NA
1929	79,87	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Sipuncula, Sipunculidea, Golfingiida, Golfingiidae, Nephasoma, Nephasoma diaphanes
1930	85,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsogastropoda, Neogastropoda, Turbinelloidea, Costellariidae, Alisimitra, Alisimitra fuscolineata
1931	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsogastropoda, Neogastropoda, Buccinoidea, Fasciolaridae, Fusinus, Fusinus pulchellus
1932	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Chitonidae, Chiton, Chiton olivaceus
1933	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
1934	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
1935	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1936	82,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Pteriomorphia, Mytiloidea, Mytiloidea, Mytilidae, Mytilinae, Perna, Perna perna
1937	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, Laonice, Laonice cirrata
1938	95	sap	Metazoa, Onychophora, NA, NA, Peripatopsidae, Ooperipatellus, Ooperipatellus sp. 6 IDSO-2016
1941	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Plakortis, Plakortis sp. Po.25927
1943	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
1944	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1945	95	sap	Nemertea, Anopla, Heteronemertea, NA, NA, NA
1946	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
1947	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1948	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
1949	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, Laonice, Laonice cirrata
1951	99,67	bold	Porifera, Demospongiae, Hadromerida, Clionidae, Cliona, Cliona celata
1952	88,002	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Brachycera, Muscomorpha, Empidoidea, Hybotidae, Tachydromiinae, Platypalpus, Platypalpus cf. niger AB32719796
1953	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
1954	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
1955	95	sap	Stramenopiles, Bacillariophyceae, Naviculales, Naviculaceae, Navicula, NA
1956	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, NA, NA
1957	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Bubarida, Dictyonellidae, Tethyspira, Tethyspira spinosa
1958	91,69	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
1959	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, NA, NA
1960	83,2	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Copepoda, Calanoida, Calanidae, Undinula, Undinula vulgaris
1961	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
1962	95	sap	Arthropoda, Insecta, Coleoptera, NA, NA, NA
1963	82,07	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Eusyllis, Eusyllis blomstrandii
1964	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
1965	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
1966	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, NA, NA, NA
1967	92,97	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Clionaida, Clionaidae, Cliona, Cliona chilensis
1968	95	sap	Mollusca, NA, NA, NA, NA, NA
1969	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Mesophyllum, NA
1970	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
1971	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Pilargidae, Sosane, Sosane sulcata
1972	88,75	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Aculeata, Apoidea, Apidae, Bombus, unclassified
1973	99,36	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Tedaniidae, Tedania, Tedania ignis
1974	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Keratosa, Dendroceratida, Halisarcidae, Halisarca, Halisarca harmelini
1976	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
1977	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, unclassified
1978	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
1979	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
1980	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
1982	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
1983	85,51	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Collembola, Collembola, Entomobryomorpha, Isotomoidea, Isotomidae, Isotominae, Desoria, Desoria sp. SA-2013
1985	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Poecilostomatoida, Oncaeidae, Oncaea, Oncaea cf. mediterranea 'broad form'
1987	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
1988	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Vetigastropoda, Haliotoidea, Haliotidae, Haliotis, Haliotis tuberculata
1989	99,36	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Ophiodermatina, Ophiodermatidae, Ophioderma, Ophioderma longicauda
1990	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
1991	95	sap	Mollusca, Bivalvia, Veneroida, Veneridae, NA, NA
1992	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
1993	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Melobesia, Melobesia sp. 2Cal
1994	95	sap	Annelida, Polychaeta, Aspidosiphonidormes, Aspidosiphonidae, Aspidosiphon, Aspidosiphon muelleri
1995	82,46	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Platyhelminthes, Cestoda, Eucestoda, Caryophyllidea, Caryophyllidae, unclassified
1996	95	sap	Arthropoda, Pycnogonida, Pantopoda, Callipallenidae, NA, NA
1997	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
1998	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
2001	87,02	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Bacillariophyta, Fragilariophyceae, Fragilariophycidae, Striatellales, Grammatophoraceae, Grammatophora, Grammatophora oceanica

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2002	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2003	95	sap	Chordata, Ascidiacea, Enterogona, Didemnidae, Didemnum, NA
2005	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
2006	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Campanularia, Campanularia hincksii
2008	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
2009	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2010	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2012	93,25	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
2013	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Miraciidae, Schizopera, Schizopera akation
2014	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2015	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Pilumnoidea, Pilumnidae, Pilumnus, Pilumnus villosissimus
2016	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
2017	95	sap	Porifera, Demospongiae, Tetractinellida, NA, NA, NA
2018	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2020	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, NA, NA, NA, NA
2021	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
2022	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2023	95	sap	Arthropoda, Insecta, Blattodea, Corydiidae, Ergaula, Ergaula capucina
2024	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2025	95	sap	Bacillariophyta, Mediophyceae, Cymatosirales, Cymatosiraceae, Minutocellus, Minutocellus polymorphus
2026	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2028	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
2029	83,33	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Paraneoptera, Hemiptera, Sternorrhyncha, Aphidomorpha, Aphidoidea, Aphididae, Calaphidinae, Myzocallis, Myzocallis coryli
2030	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
2031	82,85	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, unclassified
2036	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
2037	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Callochitonidae, Callochiton, NA
2038	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
2039	95	sap	Arthropoda, Collembola, NA, NA, NA, NA
2041	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Myrianida, NA
2042	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Jania, Jania sp. ARS-2011
2043	85,71	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Scalidophora, Kinorhyncha, Cyclophagida, Centroderidae, Campyloderes, Campyloderes sp. HY 2012a
2044	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
2045	87,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Papilionoidea, Nymphalidae, Danainae, Ithomiini, Godyridina, Velamysta, Velamysta pupilla
2047	97,12	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, Rhizaxinella, Rhizaxinella sp. G319653



mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2048	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2049	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Eunicidae, Palola, Palola sp. AS-2005
2050	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
2051	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsogastropoda, Neogastropoda, Buccinoidea, Buccinidae, Polia, Polia scabra
2052	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Siboglinidae, Osedax, Osedax sp. 1336_61_2
2053	84,62	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Anthoathecata, Capitata, Cladonematidae, Cladonema, Cladonema pacificum
2055	85,71	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, environmental
2056	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
2057	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Callithamnion, NA
2059	95	sap	Porifera, Demospongiae, Clionaida, Clionidae, Cliona, Cliona sp. GW3452
2060	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2062	83,12	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Amphipoda, Senticaudata, Gammarida, Crangonyctidira, Crangonyctoidea, Paramelitidae, unclassified
2064	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
2065	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Phyllodocidae, NA, NA
2066	79,74	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Clitellata, Oligochaeta, Haplotaxida, Lumbricina, Megascolecidae, Dichogaster, Dichogaster modigliani
2067	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
2069	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Cyclopoida, NA, NA, NA
2070	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2072	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, Dasya, NA
2073	95	sap	Phaeophyceae, NA, NA, NA, NA, NA
2074	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Nemastomatales, Schizymeniaceae, Wetherbeella, Wetherbeella australica
2075	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Umbonulidae, Umbonula, Umbonula littoralis
2076	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
2077	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Verongimorpha, Verongiida, Ianthellidae, Hexadella, Hexadella racovitzai
2078	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2079	95	sap	Rhodophyta, Bangiophyceae, Bangiales, Bangiaceae, Porphyra, NA
2081	94,25	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
2082	81,19	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Syllis, Syllis alternata CMC05
2083	95	sap	Cnidaria, NA, NA, NA, NA, NA
2085	95	sap	Myzostomida, NA, NA, NA, NA, NA
2087	94,14	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Pseudosyllis, Pseudosyllis brevipennis
2088	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Bonnemaisoniales, Bonnemaisoniaceae, Asparagopsis, Asparagopsis armata
2089	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Sporochneales, Sporochneaceae, Carpomitra, Carpomitra costata
2090	86,2752941176471	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Nemertea, Enopla, Hoplonemertea, Monostilifera, Ototyphlonemertidae, Ototyphlonemertes, Ototyphlonemertes lactea
2091	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2092	95	sap	Stramenopiles, Sphacelariales, Sphacelariaceae, Sphacelaria, Sphacelaria radicans
2094	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Phyllodocidae, Eumida, NA
2095	93,3	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Halichondriidae, Hymeniacion, *
2096	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
2097	83,58	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Opisthodonta, Opisthodonta sp. MTA-2011
2098	90,73	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
2099	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
2100	99	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, Raspailiidae, Raspailiinae, Raspailia, Raspailia ramosa
2101	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Trombidiformes, Eupodidae, NA, NA
2102	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
2106	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2107	95	sap	Chordata, Ascidiacea, Stolidobranchia, Styelidae, NA, NA
2108	82,59	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Vetigastropoda, Trochoidea, Turbinidae, Angaria, Angaria delphinus
2110	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2111	95	sap	Arthropoda, Arachnida, NA, NA, NA, NA
2112	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Nudipleura, Nudibranchia, Doridina, Eudoridoidea, Chromodorididae, Felimida, Felimida purpurea
2113	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Eunicidae, Leodice, Leodice harassii
2116	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
2117	82,09	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Tunicata, Ascidiacea, Enterogona, Phlebobranchia, Ascidiidae, Phallusia, Phallusia fumigata
2118	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
2120	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
2122	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2123	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Boselliidae, Bosellia, Bosellia mimetica
2125	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
2127	83,0505084745763	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, unclassified
2129	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia sp. 1 indica
2130	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2132	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2134	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
2136	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, *, *
2137	100	bold	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Mytilidae
2138	95	sap	Arthropoda, Insecta, Diptera, NA, NA, NA
2139	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, Tortanidae, Tortanus, Tortanus gracilis
2140	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Euryalida, Euryalidae, Euryale, Euryale aspera
2141	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, Polydora, NA
2142	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2143	87,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Anthoathecata, Capitata, Corynidae, Coryne, Coryne sp. JRH-2014
2144	95	sap	Entoprocta, NA, NA, Loxosomatidae, NA, NA
2145	83,6	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniophycidae, Rhodymeniales, Faucheaceae, Leptofaucheae, Leptofaucheae leptophylla
2148	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
2152	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
2154	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Asteroidea, Forcipulatacea, Forcipulatida, Asteroidea, Coscinasterias, Coscinasterias tenuispina
2155	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Candidae, Scrupocellaria, Scrupocellaria scruposa
2156	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Phyllodocidae, Pterocirrus, Pterocirrus macroceros
2157	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
2159	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA
2161	82,78	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Sipuncula, Sipunculidea, Golfingiida, Golfingiidae, Golfingia, Golfingia vulgaris
2162	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Bugulidae, Bicellariella, Bicellariella ciliata
2163	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
2164	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Syllides, Syllides fulvus
2165	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
2166	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Candidae, Scrupocellaria, Scrupocellaria scruposa
2168	81,58	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Labyrinthulomycetes, unclassified
2169	99	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Ectocarpales, Acinetosporaceae, Acinetospora, Acinetospora crinita
2170	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2173	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
2175	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
2176	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
2177	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
2178	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrich, Ophiotrich sp. RPP-2012a
2179	85,51	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Copepoda, Calanoida, Stephidae, Stephos, Stephos longipes
2180	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Hediste, Hediste atoka
2181	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Campanulariidae, NA, NA
2183	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
2184	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2185	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
2186	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
2188	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
2189	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2190	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
2191	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
2193	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2194	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
2195	84,27	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Isopoda, Oniscidea, Crinocheta, Scyphacidae, Haloniscus, Haloniscus sp. 17 SJBC-2008
2196	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, Arenicolidae, Abarenicola, Abarenicola brevior
2197	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, Paracalanidae, Parvocalanus, Parvocalanus crassirostris
2198	83,66	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palmeta, Aciculata, Eunicida, Lumbrineridae, Lumbrineris, Lumbrineris perkinsi
2199	82,09	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Coleoptera, Polyphaga, Scarabaeiformia, Scarabaeidae, Scarabaeinae, Scarabaeinae
2200	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
2203	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Braconidae, Meteorus, Meteorus sp. Janzen13
2205	95	sap	Nemertea, Anopla, Heteronemertea, Lineidae, Micrura, NA
2206	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Anomura, Paguroidea, Paguridae, Pagurus, Pagurus prideaux
2207	90,53	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Vetigastropoda, Trochoidea, Turbinidae, Angaria, Angaria delphinus
2208	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Galatheidae, Galathea, NA
2209	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Asteroidea, Spinulosacea, Spinulosida, Echinasteridae, Echinaster, Echinaster sepositus
2211	80,99	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palmeta, Aciculata, Eunicida, Lumbrineridae, Lumbrineris, Lumbrineris japonica
2214	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, NA, NA, NA
2215	86,08	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Nematocera, Chironomoidea, Ceratopogonidae, Ceratopogoninae, Culicoides, Avaritia, Culicoides imicola
2216	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Pelmatozoa, Crinoidea, Articulata, Comatulida, Antedonidae, Antedon, Antedon mediterranea
2217	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
2218	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, NA
2219	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
2221	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrix, Ophiotrix sp. RPP-2012a
2222	95	sap	Mollusca, Gastropoda, Stylommatophora, NA, NA, NA
2225	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, NA, NA, NA, NA
2227	95	sap	Cnidaria, NA, NA, NA, NA, NA
2228	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
2229	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
2230	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Polycirrus, Polycirrus sp. BOLD :AAI2761
2231	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Eunicidae, Palola, NA
2232	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
2233	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
2234	82,18	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palmeta, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Syllis, Syllis alternata CMC05
2235	95	sap	Chlorophyta, Mamiellophyceae, Mamiellales, Mamiellaceae, Micromonas, Micromonas pusilla
2236	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2237	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2239	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Securiflustra, Securiflustra securifrons
2240	82,98	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gracilariales, Gracilariaceae, Gracilaria, unclassified
2244	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
2245	84	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Polyneoptera, Embioptera, Oligotomidae, Haploembia, Haploembia sp. AMH-2012
2246	97,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Polynoidae, unclassified Polynoidae, Polynoidae sp. BOLD :AAY7884
2247	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Ophiocomidae, Ophiocomina, Ophiocomina nigra
2248	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hemiptera, NA, NA, NA
2249	81,67	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Capitellida, Arenicolidae, Arenicola, Arenicola marina
2250	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Smittinidae, Parasmittina, Parasmittina sp. BMOO-07647
2251	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2252	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Araneae, Linyphiidae, Tenuiphantes, Tenuiphantes cristatus
2253	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, NA, NA
2254	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Polynoidae, NA, NA
2255	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2256	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
2257	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Caprellidae, Caprella, NA
2258	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2259	95	sap	Annelida, Clitellata, Branchiobdellida, Branchiobdellidae, Xironogiton, Xironogiton occidentalis
2260	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
2262	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, Clytia hemisphaerica
2263	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2265	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Acrochaetiales, Acrochaetiaceae, Acrochaetium, NA
2266	95	sap	Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, NA, NA, NA
2267	96,81	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Clionaida, Clionaidae, Clionaopsis, Clionaopsis platei
2268	95	sap	Rhodophyta, Gelidiales, Gelidiaceae, Gelidium, Gelidium sp. BOLD :ACV2631
2269	81,82	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Spionidae, unclassified
2271	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Securiflustra, Securiflustra securifrons
2272	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, NA, NA
2274	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, Rhodymeniaceae, NA, NA
2275	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2276	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Cyamidae, Cyamus, Cyamus ovalis
2277	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, Acanthochitona, NA
2279	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
2281	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, Protosuberites, Protosuberites denhartogi
2282	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2283	96,88	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Nemertea, Enopla, Hoplonemertea, Monostilifera, Ototyphlonemertidae, Ototyphlonemertes, Ototyphlonemertes du-plex
2285	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Pholoidae, Pholoe, Pholoe sp. A BCG-2017
2286	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsogastropoda, Neogastropoda, Buccinoidea, Fasciolaridae, Fusinus, Fusinus pulchellus
2287	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Monosporus, Monosporus indicus
2288	81,09	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Canalipalpata, Sabellida, Serpulidae, Hydroides, Hydroides elegans
2290	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Alveolata, Dinophyceae, Syndiniales, Syndiniaceae, Hematodinium, unclassified
2292	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2293	79,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Clitellata, Oligochaeta, Haplotaxida, Lumbricina, Lumbricidae, Lumbricinae, Eisenia, Eisenia nordenskioldi aff. nordenskioldi 6 SVS-2012
2294	80,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria concharum
2295	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
2296	97,74	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tetractinellida, Astrophorina, Thoosidae, Thoosa, Thoosa mismalolli
2298	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2299	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Inachidae, Inachus, NA
2300	88,18	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Nematocera, Chironomoidea, Ceratopogoni- dae, Dasyheleinae, Dasyhelea, Dasyhelea sp. PTS-2016
2302	95	sap	Arthropoda, Insecta, Diptera, NA, NA, NA
2303	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
2304	80,26	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Branchiopoda, Diplostraca, Cladocera, Anomopoda, Macrotrichidae, Macrothrix, Macrothrix sp. HE-364
2306	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2307	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tetractinellida, Astrophorina, Geodiidae, Erylus, Erylus mamillaris
2308	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
2309	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Trochidae, Clanculus, Clanculus cruciatus
2310	95	sap	Porifera, Demospongiae, Chondrillida, Chondrillidae, Thymosia, NA
2311	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
2312	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, NA, NA
2314	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
2316	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
2317	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Polynoidea, NA, NA
2318	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2319	95	sap	Arthropoda, Pycnogonida, Pantopoda, Callipallenidae, NA, NA
2321	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
2323	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
2326	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Miraciidae, Schizopera, Schizopera leptafurca
2328	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2329	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Rhizophyllidaceae, NA, NA
2331	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2332	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Ceramium, NA
2333	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2335	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2336	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2337	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Myrianida, NA
2339	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Placobranchiidae, Elysia, Elysia sp. 3 GC-2014
2340	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2341	97,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Pilumnoidea, Pilumnidae, Pilumnus, Pilumnus villosissimus
2342	88,6923809523809	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Hygrophila, Planorboidea, Planorbidae, Planorbarius, Planorbarius corneus
2344	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
2345	87,6048760330579	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Myriapoda, Chilopoda, Pleurostigmophora, Lithobiomorpha, Lithobiidae, Lithobius, Lithobius forficatus
2348	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Copepoda, Calanoida, Acartiidae, Acartia, Acartia clausii
2349	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2350	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Amphiuridae, Amphipholis, NA
2351	87,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Cynipoidea, Figitidae, Eucoilinae, unclassified
2352	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
2353	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Proceraea, Proceraea aurantiaca
2355	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
2356	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, NA, NA
2357	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
2358	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
2359	95	sap	Chordata, NA, Squamata, Lamprophiidae, Liopholidophis, Liopholidophis doliocercus
2362	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2363	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Malagazziidae, Malagazzia, Malagazzia taeniogonia
2364	95	sap	Ascomycota, NA, NA, NA, NA, NA
2365	81,15	stampa_blast	Eukaryota, Viridiplantae, Streptophyta, Mesostigmatophyceae, Mesostigmatales, Mesostigmataceae, Mesostigma, Mesostigma viride
2366	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Haplosyllis, Haplosyllis spongicola
2368	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2370	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Herposiphonia, Herposiphonia sp.
2372	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2373	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2375	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2376	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Smittinidae, Parasmittina, Parasmittina sp. BMOO-07647
2377	95	sap	Nematoda, Chromadorea, Chromadorida, Chromadoridae, Neochromadora, Neochromadora poecilosomoides
2378	95	sap	Mollusca, Bivalvia, Veneroida, NA, NA, NA
2380	80,97	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria concharum
2382	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
2383	95	sap	Arthropoda, Arachnida, NA, NA, NA, NA
2384	82,78	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Hygrophila, Planorboidea, Planorbidae, Biomphalaria, Biomphalaria straminea
2385	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiocomidae, Ophiocomina, Ophiocomina nigra
2386	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, Scolecitrichidae, Pseudoamallothrix, Pseudoamallothrix emarginata
2387	83,66	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, Heteroxyidae, Desmoxya, Desmoxya pelagiae
2389	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2390	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Eunicidae, NA, NA
2392	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
2393	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, Acartiidae, Acartia, NA
2394	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2395	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
2396	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2397	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, Champiaceae, Champia, NA
2398	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Naviculales, Pinnulariaceae, Pinnularia, NA
2399	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
2400	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, NA, NA
2401	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, Lomentariaceae, Lomentaria, Lomentaria sp. GWS001885
2403	95	sap	Entoprocta, NA, NA, Loxosomatidae, Loxosomella, NA
2406	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
2407	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2408	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Trichobranchidae, Terebellides, Terebellides sp. CMC01
2409	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
2412	97,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Hymedesmiidae, Phorbas, Phorbas fictitius
2414	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2415	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Calyptraeidae, Crepidula, Crepidula convexa
2417	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
2418	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Siphonophorae, Pyrostephidae, Bargmannia, NA
2419	95	sap	Phaeophyceae, NA, Sphacelariales, Choristocarpaceae, Choristocarpus, Choristocarpus tenellus
2420	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
2421	99	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Bonnemaisoniaceae, Bonnemaisoniaceae, Asparagopsis, Asparagopsis armata
2422	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA



mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2423	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2425	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsogastropoda, Neogastropoda, Buccinoidea, Fasciolaridae, Fusinus, Fusinus pulchellus
2426	81,19	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Syllis, Syllis alternata CMC05
2427	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Etheliaceae, Ethelia, NA
2428	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
2429	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Hesionidae, Gyptis, Gyptis mackiei
2430	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Chone, Chone mollis
2432	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Hesionidae, Oxydromus, Oxydromus pugettensis
2433	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
2434	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
2435	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2436	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Euopisthobranchia, Cephalaspidea, Bulloidea, Haminoeidae, Haminoea, Haminoea oratei
2437	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2439	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
2442	98,97	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Canalipalpata, Sabellida, Sabellariidae, Sabellaria, Sabellaria spinulosa
2443	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
2444	95	sap	Mollusca, Gastropoda, Nudibranchia, Onchidorididae, Onchidoris, Onchidoris sp. BOLD :ACR5420
2445	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
2449	85,62	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, environmental
2451	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, Epigamia, Epigamia macroptalma
2452	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Dumontiaceae, Dudresnaya, Dudresnaya verticillata
2453	98,95	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Proceraea, Proceraea aurantiaca
2454	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Holaxonia, Paramuriceidae, Paramuricea, Paramuricea clavata
2456	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, NA, NA, NA
2457	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Ampithoidae, Exampithoe, Exampithoe sp. 'otway'
2459	95	sap	Arthropoda, Insecta, Trichoptera, Hydropsychidae, Leptonema, Leptonema sp. INB0004363838
2460	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Oribatida, NA, NA, NA
2461	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Echinozoa, Echinoidea, Euechinoidea, Echinacea, Echinoida, Genocidaridae, Genocidaris, Genocidaris maculata
2462	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, NA, NA, NA
2463	85,53	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Bacillariophyta, Fragilariophyceae, Fragilariophycidae, Fragilariales, Fragilariaceae, Asterionellopsis, Asterionellopsis guyunusae
2464	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, Myrianida, NA
2466	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
2467	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA
2470	99,67	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
2471	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2472	95	sap	Porifera, Demospongiae, Suberitida, NA, NA, NA
2473	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
2474	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia brasiliensis
2476	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
2477	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2478	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Pterothamnion, NA
2480	83,66	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Tunicata, Ascidiacea, Enterogona, Phlebobranchia, Perophoridae, Perophora, Perophora viridis
2481	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Pholoidae, Pholoe, Pholoe sp. A BCG-2017
2483	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Actinopterygii, Neopterygii, Teleostei, Neoteleostei, Acanthomorphata, Gobiaria, Gobiiformes, Gobioidi, Gobiidae, Gobiinae, Odondebuena, Odondebuena balearica
2484	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2485	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2486	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
2488	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, NA
2490	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2493	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
2494	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Chrysopetalidae, Chrysopetalum, Chrysopetalum debile
2495	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2496	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2497	95	sap	Bryozoa, Stenolaemata, Tubuliporida, Tubuliporidae, Tubulipora, Tubulipora flabellaris
2498	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Wrangeliaceae, Haloplegma, Haloplegma sp. 1WA
2501	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, Raspailiidae, Raspailiinae, Raspaciona, Raspaciona aculeata
2502	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Wrangeliaceae, Ptilothamnion, Ptilothamnion sphaericum
2503	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Campanilidae, Campanile, Campanile symbolicum
2505	95	sap	Arthropoda, Insecta, Diptera, Bibionidae, Dilophus, Dilophus femoratus
2506	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2508	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gracilariales, Gracilariaceae, Gracilaria, NA
2511	97,76	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Hexacorallia, Ceriantharia, Cerianthidae, Cerianthus, Cerianthus membranaceus
2512	84,15	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Scyphozoa, Rhizostomeae, Rhizostomatidae, Rhizostoma, Rhizostoma pulmo
2513	81,45	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Syllis, Syllis pectinans
2514	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Syllis, Syllis gracilis complex lineage 7 PAC-2017
2515	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Lithophyllum, Lithophyllum stictaeforme
2516	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria sextentaculata
2518	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, NA, NA
2519	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Fissurellidae, Emarginula, NA
2520	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, NA, NA
2523	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, Polyneura, NA
2524	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Nemertea, Anopla, Heteronemertea, Lineidae, Micrura, Micrura varicolor

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2525	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Naviculales, NA, NA, NA
2527	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
2532	97,44	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, unclassified
2533	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2534	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Siphonariidae, Williamia, Williamia peltoides
2535	85,2663157894737	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Ichneumonoidea, Braconidae, Agathidinae, Camptothlipsis, Camptothlipsis sp. Sharkey02
2542	95	sap	Arthropoda, Insecta, Diptera, NA, NA, NA
2545	95	sap	Arthropoda, Insecta, Psocoptera, NA, NA, NA
2546	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
2549	95	sap	Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, NA, NA, NA
2550	95	sap	Rhodophyta, Bangiophyceae, Bangiales, Bangiaceae, NA, NA
2551	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hemiptera, Cicadellidae, Pendarus, Pendarus punctiscriptus
2553	95	sap	Stramenopiles, Oomycetes, Olpidiopsidales, Olpidiopsidaceae, Olpidiopsis, Olpidiopsis feldmanni
2554	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Inachidae, Inachus, NA
2555	83,93	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsogastropoda, Littorinimorpha, Truncatelloidea, Tornidae, Pseudoliotia, Pseudoliotia micans
2556	82,24	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Aculeata, Apoidea, Apidae, Bombus, Thoracobombus, Bombus brevivillus
2557	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Kallymeniaceae, Kallymenia, Kallymenia sp.
2558	88,29	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Vetigastropoda, Trochoidea, Turbinidae, Angaria, Angaria delphinus
2559	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2561	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Mesostigmata, NA, NA, NA
2564	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Eudendriidae, Eudendrium, Eudendrium capillare
2565	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Siphonophorae, Pyrostephidae, Bargmannia, NA
2566	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Spongites, Spongites fruticulosa
2567	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
2568	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, NA, NA, NA, NA
2570	95	sap	Porifera, Demospongiae, Dictyoceratida, Dysideidae, Citronia, Citronia vasiformis
2572	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, Acanthochitona, Acanthochitona crinita
2573	85,19	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Archelosauria, Archosauria, Dinosauria, Saurischia, Theropoda, Coelurosauria, Aves, Neognathae, Charadriiformes, Laridae, Onychoprion, Onychoprion lunatus
2574	85,9639473684211	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Opisthodonta, Opisthodonta sp. MTA-2011
2575	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Stylasteridae, Distichopora, Distichopora violacea
2576	83,12	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Amphipoda, Senticaudata, Gammarida, Crangonyctidira, Crangonyctoidea, Paramelitidae, unclassified
2577	0	stampa_blast	N, o, _ , h, i, t
2578	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Normanellidae, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2580	95	sap	Stramenopiles, Oomycetes, Olpidiopsidales, Olpidiopsidaceae, Olpidiopsis, Olpidiopsis feldmanni
2581	87,8821212121212	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Lepidosauria, Squamata, Bifurcata, Unidentata, Episquamata, Toxicofera, Serpentes, Colubroidea, Colubridae, Colubrinae, Elaphe, Elaphe sauromates
2582	87,6590909090909	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Polyneoptera, Dictyoptera, Blattodea, Blattoidea, Termitoidea, Termitidae, Macrotermitinae, Odontotermes, Odontotermes hainanensis
2583	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
2584	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Ceramium, NA
2585	95	sap	Chordata, Ascidiacea, Stolidobranchia, Styelidae, Botrylloides, Botrylloides israeliense
2586	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Echinozoa, Holothuroidea, Aspidochirota, Aspidochirota, Holothuriidae, Holothuria, Holothuria forskali
2587	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2588	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Amphiglena, Amphiglena mediterranea
2591	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2593	95	sap	Annelida, Polychaeta, Capitellida, Capitellidae, Capitella, NA
2594	82,08	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubranchyura, Pinnotheroidea, Pinnotheridae, Austinixa, Austinixa gorei
2596	79,87	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria sextentaculata
2599	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Hesionidae, Gyptis, Gyptis propinqua
2600	85,44	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Anomura, unclassified
2601	88,0973214285714	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Nemertea, Enopla, Hoplonemertea, Monostilifera, unclassified
2602	95	sap	Porifera, Demospongiae, Clionaida, Clionaidae, Cliona, Cliona sp. GW3452
2603	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2605	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, NA, NA, NA
2606	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Galatheidae, Galathea, NA
2607	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Wrangeliaceae, Ptilothamnion, Ptilothamnion sphaericum
2611	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2612	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
2613	84,38	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Acari, Acariformes, Sarcoptiformes, Oribatida, Brachypylina, Oripodoidea, Mochlozetidae, Podoribates, Podoribates sp. BOLD :AAE2695
2614	97,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Anthoathecata, Filifera, Bougainvilliidae, Bougainvillia, Bougainvillia muscus
2615	95	sap	Nemertea, Enopla, Monostilifera, NA, NA, NA
2618	81,41	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Odontosyllis, Odontosyllis freycinetensis
2619	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Oribatida, Brachychthoniidae, NA, NA
2620	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2622	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Crepidacanthidae, Crepidacantha, Crepidacantha crispina
2624	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Hesionidae, Oxydromus, Oxydromus pugettensis
2625	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2627	93,61	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2629	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
2630	91,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Biemnida, Biemnidae, Neofibularia, Neofibularia irata
2632	98,8035856573705	stampa_blast	Eukaryota, Haptophyceae, Phaeocystales, Phaeocystaceae, Phaeocystis, Phaeocystis pouchetii
2633	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2638	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, NA, NA
2639	89,13	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Papilionoidea, Lycenidae, Miletinae, Liphyrini, Euliphya, Euliphya mirifica
2641	81,82	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Bacillariophyta, Coscinodiscophyceae, Thalassiosirophycidae, Thalassiosirales, Thalassiosiraceae, Thalassiosira, Thalassiosira curviseriata
2643	89	bold	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Oceaniidae, Merona, Merona cornucopiae
2644	83,02	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniophycidae, Plocamiales, Plocamiaceae, Plocamium, Plocamium sp. 4angustum
2645	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2647	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Cletopsyllidae, NA, NA
2648	88,55	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Bacillariophyta, Fragilariophyceae, Fragilariophycidae, Striatellales, Grammatophoraceae, Grammatophora, Grammatophora oceanica
2649	83,39	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Opisthodonta, Opisthodonta sp. MTA-2011
2650	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Isopoda, Asellidae, Synasellus, Synasellus bragaianus
2651	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, environmental samples, uncultured Corallinales
2652	82,18	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Copepoda, Cyclopoida, unclassified
2653	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2654	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2655	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Lithophyllum, Lithophyllum stictaeforme
2656	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Trichodactylidae, Trichodactylus, Trichodactylus fluviatilis
2659	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, NA, NA
2660	95	sap	Mollusca, NA, NA, NA, NA, NA
2661	83,33	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Ichneumonoidea, Braconidae, Rogadinae, Aleiodes, Aleiodes pictus
2662	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
2663	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsogastropoda, Neogastropoda, Buccinoidea, Columbelloidea, Columbella, Columbella rustica
2664	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2665	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Onuphidae, Onuphis, Onuphis pseudoiridescens
2666	95	sap	Porifera, Demospongiae, Haplosclerida, Chalinidae, Haliclona, Haliclona sp. E GPM-2011
2667	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, NA, NA, NA
2668	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Vespidae, Pachodynerus, Pachodynerus sp. sc_01450
2669	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Aglaothamnion, Aglaothamnion callophyllidicola
2671	95	sap	Porifera, Demospongiae, Clionaida, Clionidae, Cliona, Cliona sp. GW3452
2673	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2675	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Amphiuridae, NA, NA
2676	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Amphipoda, Senticaudata, Corophiida, Corophiida, Corophioidea, Aoridae, Microdeutopus, Microdeutopus chelifer
2677	95	sap	Stramenopiles, Oomycetes, Olpidiopsidales, Olpidiopsidaceae, Olpidiopsis, Olpidiopsis feldmanni
2678	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2679	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2680	80,81	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Neritimorpha, Cycloneritimorpha, Neritoidea, Neritidae, Neritina, Neritina canalis
2682	95	sap	Annelida, Polychaeta, Golfingiida, Sipunculidae, Sipunculus, Sipunculus nudus
2685	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Chordariaceae, NA, NA
2686	95	sap	Stramenopiles, Chrysophyceae, Chromulinales, NA, NA, NA
2688	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
2690	89,3785	stampa_blast	Eukaryota, Amoebozoa, Discosea, Flabellinia, Vannellidae, Paravannella, Paravannella minima
2691	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, Laonice, Laonice cirrata
2692	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Galatheidae, Galathea, NA
2693	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, environmental samples, uncultured Corallinales
2695	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Nemertea, Anopla, Heteronemertea, Cerebratulidae, Cerebratulus, environmental
2698	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
2699	90,32	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Platyhelminthes, Rhabditophora, Rhabdozoa, Neodalyellida, Temnocephalida, Temnocephalidae, Temnosewellia, Temnosewellia al-bata
2701	85,3529797979798	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Polyneoptera, Dictyoptera, Blattodea, Blattodea, Termitoidea, Termitidae, Macrotermitinae, Odontotermes, Odontotermes hainanensis
2702	87,78	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Amphipoda, unclassified
2703	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, Endectyon, NA
2705	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
2706	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2708	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, NA, NA, NA
2709	83,33	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Araneomorphae, Entelegynae, Dionycha, Salticidae, Sonoita, Sonoita cf. lightfooti MRB200
2710	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Pilumnoidea, Pilumnidae, Pilumnus, Pilumnus villosissimus
2713	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Myrianida, Myrianida rubropunctata
2714	95	sap	Ascomycota, NA, NA, NA, NA, NA
2717	82,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, Axinellidae, Axinella, Axinella corrugata
2720	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
2721	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
2722	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Pilumnoidea, Pilumnidae, Pilumnus, Pilumnus hirtellus
2725	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Ischyroceridae, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2727	82,43	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Oomycetes, Saprolegniales, Saprolegniaceae, Achlya, Achlya bisexualis
2730	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
2731	79,83	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Copepoda, Harpacticoida, Longipediidae, Longipedia, Longipedia sp. DZMB181
2732	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
2733	84,67	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Brachycera, Muscomorpha, Asiloidea, Asilidae, Asilinae, Neoitamus, Neoitamus sp. USNM ENT 00914279
2734	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
2735	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
2736	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Bugulidae, Virididentula, Virididentula dentata
2737	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
2740	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, Platynereis, Platynereis massiliensis
2741	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2743	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Bacillariales, Bacillariaceae, NA, NA
2748	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
2752	79,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Scyphozoa, Coronatae, Linuchidae, Linuche, Linuche unguiculata
2753	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
2754	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
2756	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
2759	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Amphiuridae, NA, NA
2760	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2762	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2764	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Mesophyllum, NA
2766	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2768	83,33	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Paraneoptera, Hemiptera, Auchenorrhyncha, Membracoidea, Cicadellidae, Typhlocybinae, unclassified
2769	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Nemertea, Anopla, Heteronemertea, Cerebratulidae, Cerebratulus, environmental
2772	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Hesionidae, Hesiospina, Hesiospina aurantiaca
2773	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2774	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
2775	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
2776	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
2777	95	sap	Entoprocta, NA, NA, Barentsiidae, Barentsia, Barentsia gracilis
2781	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Gelechioidea, Gelechiidae, Gelechiinae, Exceptia, Exceptia neopetrella
2782	91	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Dikarya, Ascomycota, Pezizomycotina, Sordariomycetes, Hypocreomycetidae, Hypocreales, Nectriaceae, Calonectria, Calonectria colhou-nii
2783	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
2784	95	sap	Rotifera, Monogononta, Ploima, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2786	95	sap	Bacillariophyta, Coscinodiscophyceae, Chaetocerotales, Chaetocerotaceae, Chaetoceros, NA
2788	93,6	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Glyceridae, Glycera, Glycera tessellata
2789	95	sap	Chordata, NA, Squamata, Dactyloidae, Anolis, Anolis biporcatus
2794	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
2796	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, Metridinidae, Pleuromamma, Pleuromamma xiphias
2800	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Bitectiporidae, Schizomavella, Schizomavella linearis
2803	83,97	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydrozoidina, Anthoathecata, Capitata, Cladonematidae, Cladonema, Cladonema pacificum
2804	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2806	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Amphiuridae, NA, NA
2809	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2810	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2811	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2812	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Vetigastropoda, Trochoidea, Turbinidae, Bolma, Bolma rugosa
2815	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
2816	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia evelinae
2817	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
2818	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
2819	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Ixodida, Ixodidae, Ixodes, Ixodes texanus
2820	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia lendigera
2821	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
2823	95	sap	Phaeophyceae, NA, Dictyotales, Dictyotaceae, Taonia, Taonia atomaria
2824	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Echiura, Echiuroinea, Bonelliidae, Bonellia, Bonellia viridis
2825	97,76	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Platyhelminthes, unclassified
2826	95	sap	Phaeophyceae, NA, Sphacelariales, Choristocarpaceae, Onslowia, Onslowia endophytica
2827	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2828	83,05	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Dikarya, Basidiomycota, Agaricomycotina, Tremellomycetes, Tremellales, Cryptococcaceae, Cryptococcus, Cryptococcus
2830	83,56	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Oomycetes, Peronosporales, Phytopythium, Phytopythium helicoides
2832	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2835	95	sap	Arthropoda, Insecta, Diptera, NA, NA, NA
2836	95	sap	Arthropoda, Pycnogonida, Pantopoda, Ammotheidae, Ammothea, Ammothea sp. JA-2009
2837	79,87	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria sextentaculata
2838	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, NA, NA
2839	95	sap	Porifera, Demospongiae, Clionaida, Clionidae, Cliona, Cliona sp. GW3452
2841	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Amphiglena, Amphiglena mediterranea
2843	93,33	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Cnidaria sp. AA-2013
2844	95	sap	Arthropoda, Pycnogonida, Pantopoda, Callipallenidae, Callipallene, Callipallene novaezealandiae
2846	95	sap	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
2849	99,63	bold	Porifera, Demospongiae, Poecilosclerida, Coelosphaeridae, Lissodendoryx, Lissodendoryx lundbecki



mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2850	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2855	85,5887288135593	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Geometroidea, Geometridae, Oenochrominae, Phallaria, Phallaria sp. ANIC1
2856	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Phyllodocidae, NA, NA
2858	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Securiflustra, Securiflustra securifrons
2859	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2860	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Pergidae, NA, NA
2862	95	sap	Arthropoda, Ostracoda, Myodocopida, Cypridinidae, Vargula, Vargula hilgendorffii
2864	95	sap	Bacillariophyta, Coscinodiscophyceae, Melosirales, NA, NA, NA
2865	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Centroceras, Centroceras sp. ARS-2011
2866	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, NA
2867	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Isopoda, Stenasellidae, Stenasellus, Stenasellus virei
2868	85,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsgastropoda, Neogastropoda, Turbinelloidea, Costellariidae, Alisimitra, Alisimitra fuscolineata
2871	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, NA, NA, NA
2872	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Crepidacanthidae, Crepidacantha, Crepidacantha crispina
2873	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
2875	95	sap	Porifera, Demospongiae, Tetractinellida, Geodiidae, Penares, Penares candidata
2878	95	sap	Chordata, Ascidiacea, Enterogona, Perophoridae, Perophora, Perophora japonica
2879	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2880	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2882	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Ophiocomidae, Ophiocomina, Ophiocomina nigra
2883	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
2884	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
2885	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Monosporus, Monosporus indicus
2886	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2887	88,31	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Copepoda, Poecilostomatoida, Oncaeidae, Oncaea, Oncaea scottodicarloi
2888	95	sap	Arthropoda, Arachnida, NA, NA, NA, NA
2890	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2893	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
2894	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2896	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Bonnemaisoniales, Bonnemaisoniaceae, Asparagopsis, Asparagopsis armata
2897	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, NA
2898	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
2900	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
2901	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Isopoda, NA, NA, NA
2903	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Epitoniidae, Epitonium, Epitonium clathrus
2904	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2905	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2906	100	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
2909	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2910	84,62	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Actinopterygii, Neopterygii, Teleostei, Alepocephali, Alepocephaliformes, Alepocephalidae, Xenodermichthys, Xenodermichthys copei
2911	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Chaetopteridae, Chaetopterus, Chaetopterus variopedatus
2912	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Campanulariidae, NA, NA
2914	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
2915	99,36	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrix, Ophiotrix sp. RPP-2012a
2917	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Raphitomidae, Raphitoma, Raphitoma concinna
2918	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, Polysiphonia schneideri
2919	87,54	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Dikarya, Ascomycota, Pezizomycotina, Leotiomyces, Helotiales, Helotiaceae, Cairneyella, Cairneyella variabilis
2921	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2923	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
2926	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
2928	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2929	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2931	80,36	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Copepoda, Calanoida, Diaptomidae, Acanthodiptomus, Acanthodiptomus pacificus
2932	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
2933	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2934	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, *, *, *
2935	83,87	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Paraneoptera, Hemiptera, Auchenorrhyncha, Membracoidea, Membracidae, Calloconophora, Calloconophora sp. CPL-2004b
2936	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
2938	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
2939	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2940	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria sextentaculata
2942	95	sap	Basidiomycota, Agaricomycetes, Agaricales, NA, NA, NA
2943	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
2945	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2946	95	sap	Gastrotricha, NA, Chaetonotida, Chaetonotidae, NA, NA
2947	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Chone, Chone mollis
2948	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
2949	95	sap	Porifera, Demospongiae, Biemnida, Biemnidae, Sigmaxinella, Sigmaxinella hipposiderus
2950	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
2954	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
2955	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Myrianida, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
2958	84,66	stampa_blast	Eukaryota, Amoebozoa, Discosea, Himatismenida, Parvamoeba, Parvamoeba rugata
2960	88,42	bold	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Maldanidae, Nicomache, Nicomache trispinata
2961	82,91	stampa_blast	Eukaryota, Viridiplantae, Chlorophyta, prasinophytes, Mamiellophyceae, Dolichomastigales, Dolichomastigaceae, Dolichomastix, Dolichomastix tenuilepis
2963	84,78	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Patellogastropoda, Patelloidea, Patellidae, Cymbula, Cymbula granatina
2964	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, NA, NA, NA, NA
2965	88,14	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Scyphozoa, Semaestomeae, Ulmaridae, Aurelia, Aurelia sp. 3 sensu Dawson et al. (2005)
2966	85,29	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Myriapoda, Diplopoda, Helminthomorpha, Julida, Julidae, Enantiulus, Enantiulus nanus
2967	95	sap	Nemertea, Enopla, Monostilifera, NA, NA, NA
2968	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
2969	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Lepidopleuridae, NA, NA
2972	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2973	87,3	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Mammalia, Eutheria, Euarchontoglires, Primates, Haplorrhini, Catarrhini, Cercopitheci- dae, Cercopithecinae, Macaca, Macaca fascicularis
2975	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
2976	95	sap	Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, NA, NA, NA
2978	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Kallymeniaceae, Kallymenia, Kallymenia requienii
2979	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
2980	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
2981	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
2982	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
2983	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA
2984	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, NA, NA
2986	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
2988	87,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Ichneumonoidea, Braconidae, Homolobinae, Homolobus, Homolobus truncator
2989	95	sap	Stramenopiles, Oomycetes, Saprolegniales, Saprolegniaceae, NA, NA
2990	86,15	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Araneomorphae, Entelegynae, Araneoidea, Linyphiidae, Erigoninae, Tachy- gyna, Tachygyna pallida
2991	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Pterosiphoniae, Symphyocladia, Symphyocladia parasitica
2992	86,87	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Trichoptera, Annulipalpia, Hydropsychoidea, Hydro- psychidae, Arctopsychinae, Parapsyche, Parapsyche elsis
2993	80,52	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria sextentaculata
2996	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
2997	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Rhizophyllidaceae, Portieria, NA
2998	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
2999	95	sap	Porifera, Demospongiae, Clionaida, Clionidae, Cliona, Cliona sp. GW3452
3000	98,69	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
3001	95	sap	Porifera, Demospongiae, Dictyoceratida, Dysideidae, Lamellodysidea, Lamellodysidea sp. Po.25778

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3006	95	sap	Nemertea, Anopla, Heteronemertea, NA, NA, NA
3007	88	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Nematoda, Enoplea, Enoplida, Trefusiina, Trefusiidae, Trefusia, Trefusia sp. 1 SD-2010
3008	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
3010	95	sap	Chordata, Ascidiacea, Enterogona, Perophoridae, Ecteinascidia, Ecteinascidia herdmanni
3013	95	sap	Arthropoda, Insecta, Coleoptera, Throscidae, Trixagus, Trixagus sp. BOLD-2016
3015	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Alpheidae, Synalpheus, Synalpheus gambarelloides
3016	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Membraniporidae, Membranipora, Membranipora chesapeakeensis
3018	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Chitonidae, Chiton, Chiton olivaceus
3020	85,33	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Collembola, Collembola, Entomobryomorpha, Isotomoidea, Isotomidae, Proisotominae, Folsomia, Folsomia quadrioculata
3021	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
3022	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, NA, NA
3023	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Delesseriaceae, NA, NA
3027	82,11	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Dikarya, Basidiomycota, Agaricomycotina, Agaricomycetes, Agaricomycetidae, Boletales, Boletineae, Boletaceae, Boletoidae, Boletus, Boletus subcaerulescens
3028	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
3029	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Aphroditidae, Laetmonice, Laetmonice hystrix
3030	95	sap	Basidiomycota, Agaricomycetes, NA, NA, NA, NA
3031	94,25	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
3033	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
3035	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
3036	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Monosporus, Monosporus indicus
3038	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Alcyoniidae, Alcyonium, NA
3042	79,87	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria sextentaculata
3043	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
3046	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
3047	95	sap	Phaeophyceae, NA, Sphacelariales, Stypocaulaceae, Halopteris, NA
3050	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Securiflustra, Securiflustra securifrons
3051	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Chondria, NA
3052	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Nereididae, Hediste, Hediste atoka
3055	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tetractinellida, Astrophorina, Astrophorina
3056	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
3058	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Siphonariidae, Williamia, Williamia peltoides
3059	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Hydractiniidae, Clava, Clava multicornis
3063	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, Odontosyllis, Odontosyllis sp. MTA-2011
3065	84,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Trichoptera, Integripalpia, Brevitentoria, Sericostomatoidea, Hydrosalpingidae, Hydrosalpinx, Hydrosalpinx sericea
3066	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Tenthredinidae, Macrophyta, Macrophyta bifasciata

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3067	84,96	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Aculeata, Vespoidea, Formicidae, Pseudomyrmecinae, Pseudomyrmex, Pseudomyrmex sp. PSW-54
3068	83,23	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Terebellida, Terebellidae, Polycirrus, Polycirrus medusa
3073	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, Champiaceae, Champia, NA
3074	95	sap	Ascomycota, Dothideomycetes, Capnodiales, Cladosporiaceae, Cladosporium, Cladosporium sp. BM-2009-3
3075	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Tenthredinidae, Caliroa, NA
3076	95	sap	Mollusca, Cephalopoda, Octopoda, Octopodidae, Callistoctopus, Callistoctopus luteus
3079	85,19	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Amphibia, Batrachia, Anura, Neobatrachia, Hyloidea, Eleutherodactylidae, Physelaphryninae, Physelaphryne, Physelaphryne miriamae
3080	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Haplosyllis, Haplosyllis spongicola
3083	83,21	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Amphipoda, Gammaridea, Lysianassoidea, Lysianassidae, Psammonyx, Psammonyx nobilis
3084	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Pilargidae, Sosane, Sosane sulcata
3085	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
3087	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Plakortis, NA
3089	84,67	stampa_blast	Eukaryota, environmental
3090	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Plakina, NA
3091	95	sap	Rhodophyta, Gracilariales, Gracilariaceae, Gracilaria, NA
3092	83,15	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Scyphozoa, Semaestomeae, Ulmaridae, Aurelia, Aurelia sp. 7 sensu Dawson et al. (2005)
3095	85,76	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Anthoathecata, Filifera, Proboscicidactylidae, Proboscicidactyla, Proboscicidactyla flavicirrata
3096	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
3097	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrix, Ophiotrix sp. RPP-2012a
3101	95	sap	Phaeophyceae, NA, Dictyotales, Dictyotaceae, Dictyota, Dictyota mediterranea
3102	85,54	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Acari, Acariformes, Trombidiformes, Prostigmata, Eupodina, Eriophyoidea, Phytoptidae, Trisetacus, Trisetacus juniperinus
3105	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
3106	92,78	bold	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta_incertae_sedis, Paraonidae, Paradoneis sp.
3107	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Siphonophorae, NA, NA, NA
3108	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Sphaerococcaceae, Sphaerococcus, Sphaerococcus coronopifolius
3110	79,34	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Copepoda, Harpacticoida, unclassified
3111	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
3114	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia gracilis
3115	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
3117	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Odontosyllis, Odontosyllis globulocirrata
3120	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3121	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
3123	85,2207881773399	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Bombycoidea, Saturniidae, Hemileucinae, Automeris, Automeris nubila

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3124	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Beaniidae, Beania, Beania vegae
3125	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Anthoathecata, Capitata, Corynidae, Coryne, Coryne muscoides
3126	95	sap	Porifera, Demospongiae, Chondrillida, Chondrillidae, Thymosia, NA
3128	85,93	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Cephalopoda, Coleoidea, Neocoleoidea, Decapodiformes, Teuthida, Oegopsina, Architeuthidae, Architeuthis, Architeuthis dux
3129	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, environmental samples, uncultured Corallinales
3132	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
3133	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Costellariidae, Pusia, NA
3136	98,06	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Pilumnoidea, Pilumnidae, Pilumnus, Pilumnus villosissimus
3137	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
3139	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, Rhodymeniaceae, Rhodymenia, Rhodymenia sp. 1delicatula
3140	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Sebdeniales, Sebdeniaceae, Sebdenia, NA
3144	95	sap	Annelida, Clitellata, Branchiobdellida, Branchiobdellidae, Ankyrodrilus, Ankyrodrilus koronaeus
3146	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Ramicrusta, Ramicrusta australica
3148	85,62	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Brachycera, Muscomorpha, Opomyzoidea, Agromyzidae, Phytomyzinae, Phytomyza, Phytomyza flavicornis
3149	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Odontosyllis, Odontosyllis sp. MTA-2011
3150	95	sap	Arthropoda, Arachnida, NA, NA, NA, NA
3151	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
3152	85,76	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Anthoathecata, Filifera, Proboscidactylidae, Proboscidactyla, Proboscidactyla flavicirrata
3154	95	sap	Chordata, Ascidiacea, Stolidobranchia, Styelidae, Botrylloides, Botrylloides israeliense
3155	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
3156	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Kallymeniaceae, Kallymenia, Kallymenia sp. LLG-2014a
3158	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
3159	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Eurystomellidae, Eurystomella, Eurystomella foraminigera
3160	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
3161	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
3163	85,8577272727273	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Noctuoidea, Noctuidae, Ipimorphinae, Proxenus, Proxenus mindara
3164	83,33	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Bacillariophyta, Bacillariophycidae, Bacillariales, Bacillariaceae, Nitzschia, Nitzschia palea
3166	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palmeta, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Haplosyllis, Haplosyllis spongicola
3169	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Wrangeliaceae, Ptilothamnion, Ptilothamnion sphaericum
3170	95	sap	Porifera, Demospongiae, Dictyoceratida, NA, NA, NA
3171	87,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Siphonophorae, Physonectae, Athorybiidae, Athorybia, Athorybia rosacea
3173	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Lysianassidae, Hirondelella, Hirondelella brevicaudata
3175	95	sap	Arthropoda, Pycnogonida, Pantopoda, Phoxichilidiidae, Anoplodactylus, Anoplodactylus viridintestinalis
3176	80,65	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Eupulmonata, Stylommatophora, Sigmurethra, Helicoidea, Helicidae, Helix, Helix lucorum

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3177	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
3178	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3180	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Laophontidae, Paralaophonte, Paralaophonte congenera
3181	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Chordariaceae, NA, NA
3182	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Amphiuroidae, Amphipholis, Amphipholis squamata
3184	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
3185	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, Corallinaceae, Lithophylloideae, Lithophyllum, Lithophyllum sp. JHK-2015
3186	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Araneae, NA, NA, NA
3187	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Miraciidae, Schizopera, Schizopera sp. 2 SJBC-2012
3189	87,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Cynipoidea, Figitidae, Eucoilinae, unclassified
3190	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Amphiglena, Amphiglena mediterranea
3191	95	sap	Mollusca, Gastropoda, Nudibranchia, NA, NA, NA
3192	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
3193	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
3194	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
3195	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, Acanthochitona, NA
3201	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
3203	80,31	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Paraneoptera, Hemiptera, Heteroptera, Panheteroptera, Cimicomorpha, Miridae, Mirini, Phytocoris, Phytocoris jucundus
3205	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
3206	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Odontosyllis, Odontosyllis fulgurans
3207	94,6	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Crellidae, Crella, Crella sp. QMB G304373
3209	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
3211	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
3212	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
3213	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3215	86,9	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniophycidae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Laurencieae, Chondrophycus, Chondrophycus sp.
3216	95	sap	Stramenopiles, Coscinodiscophyceae, Thalassiosirales, Stephanodiscaceae, Cyclotella, Cyclotella sp. MBTD-CMFRI-S052
3218	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Ischyroceridae, Ericthonius, Ericthonius punctatus
3219	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
3220	95	sap	Nemertea, Anopla, Heteronemertea, NA, NA, NA
3223	83,46	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Polyneoptera, Plecoptera, Gripopterygoidea, Gripopterygidae, Zelandoperlinae, Megaleptoperla, Megaleptoperla grandis
3224	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Dexaminidae, Dexamine, NA
3227	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, Dasya, NA
3228	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Miraciidae, Schizopera, Schizopera sp. 2 SJBC-2012

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3230	95	sap	Stramenopiles, Xanthophyceae, NA, Vaucheriales, Vaucheriaceae, Vaucheria, Vaucheria litorea
3231	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Bugulidae, NA, NA
3234	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
3235	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
3237	88,3226903553299	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, Raspailiidae, Raspailiinae, Endectyon, Endectyon delaubenfelsi
3240	81,13	stampa_blast	Eukaryota, Heterolobosea, Acrasida, Acrasiaceae, Acrasis, Acrasis kona
3241	99	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Cutleriales, Cutleriaceae, Cutleria, Cutleria multifida
3242	82,08	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Bangiophyceae, Bangiales, Bangiaceae, Pyropia, Pyropia haitanensis
3243	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchioidea, Placobranchidae, Elysia, Elysia viridis
3244	89,47	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Vetigastropoda, Trochoidea, Turbinidae, Angaria, Angaria delphinus
3245	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
3247	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
3248	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrix, Ophiotrix sp. RPP-2012a
3253	82,52	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustrina, Buguloidea, Bugulidae, Bugula, Bugula flabellata
3254	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Polynoidae, Harmothoe, Harmothoe imbricata
3255	95	sap	Stramenopiles, Oomycetes, Olpidiopsidales, Olpidiopsidaceae, Olpidiopsis, Olpidiopsis feldmanni
3259	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
3260	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
3262	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
3263	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Onuphidae, Onuphis, Onuphis eremita
3264	97,76	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Sinularia, Sinularia sp. CM-2017
3265	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
3271	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, Odontosyllis, Odontosyllis phosphorea
3273	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
3275	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Vesicularia, Vesicularia spinosa
3276	83,97	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Cephalopoda, Coleoidea, Neocoleoidea, Decapodiformes, Teuthida, Oegopsina, Architeuthidae, Architeuthis, Architeuthis dux
3277	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, environmental samples, Gastropoda environmental sample
3278	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
3279	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
3283	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
3285	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
3286	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Copepoda, Calanoida, Acartiidae, Acartia, Acartia clausii
3288	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, NA, NA, NA
3289	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Bitectiporidae, Schizomavella, Schizomavella linearis
3291	95	sap	Arthropoda, Insecta, Diptera, NA, NA, NA



mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3292	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, Protosuberites, Protosuberites denhartogi
3293	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
3294	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
3296	81,55	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Clitellata, Oligochaeta, Haplotaxida, Lumbricina, Hormogastridae, Hormogaster, Hormogaster oroeli
3297	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, Myrianida, Myrianida convoluta
3298	85,82	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Nematocera, Sciaroidea, Cecidomyiidae, unclassified
3299	83,15	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Acrochaetiales, Acrochaetiaceae, Acrochaetium, Acrochaetium arcuatum
3300	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
3302	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
3303	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Runcinidae, Runcina, Runcina africana
3304	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, NA, NA
3305	81,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Spionidae, Polydora, Polydora hoplura
3306	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
3309	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, NA, NA
3311	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
3320	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
3321	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Lithophyllum, NA
3322	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
3323	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
3324	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
3327	97,76	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Siphonophorae, Physonectae, Agalmatidae, Nanomia, Nanomia bijuga
3328	95	sap	Bryozoa, Stenolaemata, Tubuliporida, Tubuliporidae, Tubulipora, Tubulipora flabellaris
3329	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Naviculales, Sellaphoraceae, Sellaphora, NA
3330	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, NA
3334	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Euopisthobranchia, Aplysiomorpha, Akerioidea, Akeridae, Akera, Akera bullata
3339	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Bugulidae, Bugula, Bugula neritina
3341	89,06	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Ichneumonoidea, Braconidae, Microgastrinae, Apanteles, Apanteles sp. PK03
3342	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Phymatolithon, NA
3343	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, NA, NA, NA
3344	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
3345	87,18	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Papilionoidea, Papi- lionidae, Parnassiinae, Parnassini, Parnassius, Tadumia, Parnassius maharaja labeyriei
3346	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, NA
3347	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
3348	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3349	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3351	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
3352	95	sap	Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
3354	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
3355	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
3356	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Proceraea, Proceraea aurantiaca
3358	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Braconidae, Meteorus, Meteorus sp. Janzen13
3360	94,57	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
3361	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
3362	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
3365	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
3366	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Chordariaceae, NA, NA
3367	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, NA, NA
3372	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Calloporidae, Callopora, Callopora lineata
3373	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
3374	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
3375	83,03	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
3379	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, NA, NA, NA
3380	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3381	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Rhizophyllidaceae, NA, NA
3382	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, NA, NA
3384	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3386	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
3387	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolecida, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
3388	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Bougainvilliidae, NA, NA
3389	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Chordariaceae, NA, NA
3390	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
3392	95,2	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Microcionidae, Clathria, Clathria armata
3394	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
3396	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Chitonida, Chitonina, Callochitonidae, Callochiton, Callochiton septemvalvis
3398	95	sap	Arthropoda, Pycnogonida, Pantopoda, Callipallenidae, NA, NA
3400	81,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Nematocera, Culicoidea, Culicidae, Culicinae, Culicini, Coquillettida, Coquillettida nigricans
3401	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
3403	88,52	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Heteroconchia, Euheterodonta, Veneroida, Corbiculoidea, Sphaeriidae, Pisidium, Pisidium cf. nitidum UGSB 9064
3409	83,65	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Nematocera, Culicoidea, Culicidae, Culicinae
3410	93,59	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, unclassified

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3411	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
3412	86,75	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Copepoda, Harpacticoida, unclassified
3413	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, environmental samples, Gastropoda environmental sample
3414	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, NA, NA
3415	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3417	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
3418	85,3421465968586	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Cephalopoda, Coleoidea, Neocoleoidea, Decapodiformes, Teuthida, Oegopsina, Gonatidae, Gonatus, Gonatus kamtschaticus
3419	95	sap	Arthropoda, Ostracoda, Podocopida, Entocytheridae, Ankylocythere, Ankylocythere sinuosa
3420	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Paguridae, Cestopagurus, Cestopagurus timidus
3423	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Securiflustra, Securiflustra securifrons
3424	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Spionidae, NA, NA
3426	81,13	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Bryothamnion, Bryothamnion triquetrum
3427	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
3430	87,34	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, Raspailiidae, Raspailiinae, Raspailia, Raspailia hispida
3434	83,19	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Gastrotricha, Macrodasysida, Turbanellidae, Turbanella, Turbanella bocqueti
3435	97,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Chitonina, Chitonina, Callochitonidae, Callochiton, Callochiton septemvalvis
3436	99	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Nudipleura, Nudibranchia, Doridina, Eudoridoidea, Chromodorididae, Felimida, Felimida purpurea
3437	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
3438	95	sap	Annelida, Polychaeta, Capitellida, Maldanidae, NA, NA
3440	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
3442	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Amphiuridae, NA, NA
3443	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Naviculales, Pinnulariaceae, Pinnularia, NA
3445	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
3446	88,0951428571428	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Collembola, Collembola, Entomobryomorpha, Isotomoidea, Isotomidae, Proisotominae, Archisotoma, Archisotoma besselsi
3447	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
3448	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrix, Ophiotrix sp. RPP-2012a
3449	99,67	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palmeta, Aciculata, Phyllococida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
3450	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Holaxonia, Gorgoniidae, Eunicella, Eunicella albicans
3451	81,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Nematocera, Sciaroidea, Mycetophilidae, Mycetophilidae sp. BOLD-2016
3454	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Dromiacea, Dromioidae, Dromiidae, Dromia, Dromia personata
3456	98,08	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Nemertea, Enopla, Hoplonemertea, Polystilifera, Repantia, Paradrepanophoridae, Paradrepanophorus, Paradrepanophorus crassus

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3457	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, NA, NA, NA, NA
3459	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Mesostigmata, NA, NA, NA
3460	80,33	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Annelida sp. BOLD :ACR0175
3461	95	sap	Arthropoda, Pycnogonida, Pantopoda, Callipallenidae, NA, NA
3467	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Actiniaria, Edwardsiidae, Nematostella, NA
3469	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrix, Ophiotrix sp. RPP-2012a
3473	95	sap	Arthropoda, Insecta, Trichoptera, NA, NA, NA
3474	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Cressidae, Cressa, Cressa dubia
3475	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
3476	95	sap	Mollusca, Gastropoda, Nudibranchia, Goniadorididae, Okenia, Okenia felis
3477	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
3478	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Dictyotales, Dictyotaceae, Dictyota, Dictyota dichotoma
3479	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
3480	82,26	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Pteriomorphia, Mytiloidea, Mytiloidea, Mytilidae, Mytilinae, Perna, Perna perna
3481	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
3484	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
3486	82,32	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Amphipoda, Senticaudata, Talitrida, Talitroidea, Talitridae, Notorchestia, Notorchestia quadrimana
3487	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
3489	85,1210714285714	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Lepidosauria, Squamata, Bifurcata, Unidentata, Episquamata, Toxicofera, Serpentes, Colubroidea, Dipsadidae, Thermophis, Thermophis baileyi
3494	84,31	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsogastropoda, Littorinimorpha, Rissoidae, Rissoidae, Cingula, Cingula trifasciata
3496	95	sap	Chordata, NA, NA, NA, NA, NA
3498	81,78	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Brachycera, Muscomorpha, Opomyzoidea, Agromyzidae, Phytomyzinae, Phytomyza, Phytomyza kasi
3499	97,12	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Clionaida, Clionaidae, Cliona, Cliona chilensis
3506	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
3507	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
3508	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
3509	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Chondria, Chondria scintillans
3511	80,8	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Oomycetes, Peronosporales, Peronosporaceae, Peronospora, Peronospora linariae-genistifoliae
3514	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
3515	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
3516	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
3520	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, Endectyon, NA
3524	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrix, Ophiotrix sp. RPP-2012a

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3528	95	sap	Arthropoda, Ostracoda, Podocopida, NA, NA, NA
3529	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
3530	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Lanceolidae, NA, NA
3531	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
3535	89,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Pelmatozoa, Crinoidea, Articulata, Comatulida, Comatulidae, Comatellinae, Comatella, Comatella sp. BG-2013
3537	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, environmental samples, uncultured Corallinales
3541	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
3544	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, NA, NA, NA
3545	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Naviculales, NA, NA, NA
3551	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, Acanthochitona, NA
3552	84,44	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Aculeata, Sphecoidea, Crabronidae, Philanthinae, Aphilanthopsini, Aphilanthops, Aphilanthops frigidus
3555	83,92	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Podospongiidae, Neopodospongia, Neopodospongia cf. normani CM-2011
3557	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, NA, NA, NA, NA
3558	80,19	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Dendrobranchiata, Penaeoidea, Solenoceridae, Solenocera, Solenocera crassicornis
3559	95	sap	Bacillariophyta, Coscinodiscophyceae, Thalassiosirales, NA, NA, NA
3563	80,82	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, Champiaceae, Neogastroclonium, Neogastroclonium subarticulatum
3564	90,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Sipuncula, Sipunculidea, Golfingiida, Golfingiidae, Nephasoma, Nephasoma rimicola
3567	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
3568	92	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Bubarida, Dictyonellidae, Scopalina, Scopalina blanensis
3569	83,99	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, Suberites, Suberites sp. UCMPWC859
3570	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Gorgoniidae, Eunicella, NA
3572	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, NA, NA, NA
3573	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
3574	91,2323684210526	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Rotifera, Bdelloidea, unclassified
3575	0	stampa_blast	N, o, _, h, i, t
3576	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
3577	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
3580	80,45	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Neritimorpha, Cycloneritimorpha, Neritoidea, Neritidae, Nerita, Nerita litterata
3581	95	sap	Porifera, Demospongiae, Tetractinellida, NA, NA, NA
3582	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Pholoidae, Pholoe, Pholoe sp. A BCG-2017
3584	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
3585	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Lumbrineridae, Lumbrineris, Lumbrineris tetraura
3586	87,0502877697842	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Nematoda, Chromadorea, Monhysterida, Xyalidae, Daptonema, Daptonema sp. 3 SD-2010
3589	88,33	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Araneomorphae, Entelegynae, Dionycha, Thomisidae, Xysticus, Xysticus tenebrosus

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3595	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
3596	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
3597	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
3599	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Amphiuridae, NA, NA
3600	83,44	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Actinopterygii, Neopterygii, Teleostei, Neoteleostei, Acanthomorphata, Gobiaria, Gobiiformes, Gobioidae, Gobiidae, Sicydiinae, Lentipes, Lentipes concolor
3602	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Melobesioideae, Mesophyllum, Mesophyllum expansum
3603	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
3604	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
3605	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
3606	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Caprellidae, Caprella, NA
3607	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Scolelida, Terebellida, Ctenodrilidae, Ctenodrilus, Ctenodrilus serratus
3608	84,79	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Anthoathecata, Filifera, Ptilocodiidae, Thecocardium, Thecocardium quadratum
3611	88,42	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Vetigastropoda, Trochoidea, Turbinidae, Angaria, Angaria delphinus
3612	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
3613	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Polynoidae, NA, NA
3617	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Plocamiales, Plocamiaceae, Plocamium, *
3618	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, NA, NA
3622	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
3623	90,9094545454545	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Majoidae, Mithracidae, Hemus, Hemus cristulipes
3625	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellidae, Amphiglena, Amphiglena mediterranea
3627	95	sap	Arthropoda, Ostracoda, Podocopida, NA, NA, NA
3629	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
3630	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Polynoidae, NA, NA
3633	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Alcyoniina, Alcyoniidae, Alcyonium, Alcyonium glomeratum
3634	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
3635	95	sap	Nematoda, Chromadorea, Chromadorida, Chromadoridae, NA, NA
3636	83,96	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
3641	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
3644	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Pompilidae, NA, NA
3646	99,66	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Tunicata, Ascidiacea, Enterogona, Aplousobranchia, Pycnoclavellidae, Pycnoclavella, Pycnoclavella nana
3647	91,18	bold	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, Oscarella tuberculata
3649	97,44	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Caridea, Alpheoidea, Hippolytidae, Thoralus, Thoralus cranchii
3652	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Triphoridae, Triphora, Triphora sp. BMOO-07501
3653	95	sap	Porifera, Demospongiae, Bubarida, Dictyonellidae, Scopalina, Scopalina ceutensis
3654	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3655	95	sap	Entoprocta, NA, NA, Loxosomatidae, Loxosomella, NA
3659	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
3662	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Syllis, Syllis gerlachi
3665	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
3668	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Narcomedusae, Aeginidae, Solmundella, Solmundella bitentaculata
3669	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, NA, NA, NA
3674	87,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Scyphozoa, Rhizostomeae, Rhizostomatidae, Nemopilema, Nemopilema aff. nomurai AA-2013
3675	95	sap	Entoprocta, NA, NA, Barentsiidae, Barentsia, Barentsia discreta
3676	85,51	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Collembola, Collembola, Entomobryomorpha, Isotomoidea, Isotomidae, Isotominae, Desoria, Desoria sp. SA-2013
3678	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
3679	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, Rhodymeniaceae, NA, NA
3680	95	sap	Nematoda, Chromadorea, Chromadorida, Chromadoridae, Neochromadora, Neochromadora poecilosomoides
3681	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, Lomentariaceae, Lomentaria, NA
3682	83,12	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Amphipoda, Senticaudata, Gammarida, Crangonyctidira, Crangonyctoidea, Paramelitidae, unclassified
3686	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
3687	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Opiliones, Stylocellidae, Stylocellus, Stylocellus sp. Peninsula 22
3688	85,96	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Pamphilioidea, Pamphiliidae, unclassified
3691	84,6890990990991	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Paraneoptera, Hemiptera, Heteroptera, Panheteroptera, Pentatomomorpha, Coreoidea, Coreidae, Coreus, Coreus marginatus
3692	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hemiptera, Cicadellidae, Dicyphonia, Dicyphonia ramentosa
3695	91,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Sipuncula, Sipunculidea, Golfingiida, Golfingiidae, Nephasoma, Nephasoma rimicola
3696	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Dexaminidae, Dexamine, Dexamine thea
3697	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
3699	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
3700	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Securiflustra, Securiflustra securifrons
3707	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Virchowia, Virchowia clavata
3708	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
3709	95	sap	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
3710	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Haplosyllis, Haplosyllis spongicola
3711	88,1249375	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Gelechioidea, Oecophoridae, Oecophorinae, Gymnocoila, Gymnocoila sp. ANIC1
3712	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, Acanthochitona, NA
3713	86,3	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Scorpiones, Buthida, Buthoidea, Buthidae, Centruroides, Centruroides vittatus
3714	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Formicidae, Cephalotes, Cephalotes texanus
3715	82,23	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, unclassified

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3716	95	sap	Chordata, Ascidiacea, Stolidobranchia, Pyuridae, Microcosmus, Microcosmus claudicans
3718	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
3719	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
3721	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
3725	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
3727	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, NA, NA
3729	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Mysida, Mysidae, Neomysis, Neomysis orientalis
3730	95	sap	Echinodermata, Echinoidea, Echinoida, Echinidae, Paracentrotus, Paracentrotus lividus
3732	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
3734	95	sap	Annelida, Polychaeta, Sabellida, Sabellariidae, Sabellaria, Sabellaria spinulosa
3735	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, NA, NA
3736	86,36	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Chalcidoidea, Eupelmidae, Calosotinae, Arachnophaga, Arachnophaga eucnemis
3738	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3739	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
3740	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Griffithsia, Griffithsia okiensis
3741	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA
3742	80	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Canalipalpata, Sabellida, Sabellariidae, Phragmatopoma, Phragmatopoma caudata
3743	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
3745	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
3747	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Naviculales, NA, NA, NA
3748	95	sap	Entoprocta, NA, NA, Loxosomatidae, Loxosomella, NA
3749	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3750	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
3751	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
3752	95	sap	Phaeophyceae, NA, Sphacelariales, Stypocaulaceae, Halopteris, NA
3753	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, NA, NA
3755	95	sap	Arthropoda, Collembola, NA, NA, NA, NA
3756	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Protura, Protura, Sinentomata, Fujientomidae, Fujientomon, Fujientomon dicestum
3757	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
3758	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, Clytia sp. 1 AFC-2016
3760	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
3761	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
3762	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
3763	95	sap	Porifera, Demospongiae, Clionaida, Clionidae, Cliona, Cliona sp. GW3452
3765	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Callithamnion, Callithamnion corymbosum
3769	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Beaniidae, Beania, Beania plurispinosa
3770	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Dexaminidae, Dexamine, Dexamine thea



mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3771	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3774	99,31	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Syllis, Syllis gerundensis
3776	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3778	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, Oscarella viridis
3779	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
3781	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Naviculales, Pinnulariaceae, Pinnularia, NA
3782	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Siphonophorae, Pyrostephidae, Bargmannia, NA
3784	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
3786	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Formicidae, Lasius, Lasius mixtus
3787	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Siphonophorae, NA, NA, NA
3788	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
3792	95	sap	Ascomycota, Saccharomycetes, Saccharomycetales, Dipodascaceae, Magnusiomyces, Magnusiomyces ingens
3793	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, NA, NA, NA, NA
3797	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
3798	84,31	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsgastropoda, Littorinimorpha, Rissooidea, Rissoidae, Cingula, Cingula trifasciata
3799	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
3800	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Wrangeliaceae, NA, NA
3801	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Trombidiformes, NA, NA, NA
3802	88,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Cirripedia, Thoracica, Pedunculata, Scalpellomorpha, Scalpellidae, Scalpellum, Scalpellum sp. CJS-2008
3803	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Lysianassidae, Eurythenes, NA
3804	85,0460747663551	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Hesperioidea, Hesperidae, Pyrginae, Apallaga, Apallaga beni
3805	95	sap	Arthropoda, Insecta, Diptera, NA, NA, NA
3807	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Caprellidae, Caprella, Caprella simia
3808	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Pista, Pista cristata
3811	79,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Hexacorallia, Scleractinia, Fungiina, Poritidae, Alveopora, Alveopora spongiosa
3815	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, NA, NA
3819	89,39	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Aculeata, Vespoidea, Formicidae, Myrmicinae, Monomorium, Monomorium fieldi
3822	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Arthrocardia, Arthrocardia sp. 1 KK-2015
3823	84,39	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Bacillariophyta, Mediophyceae, Lithodesmiophycidae, Lithodesmiales, Lithodesmiaceae, Ditylum, Ditylum brightwellii
3824	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, NA, NA, NA
3825	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
3827	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Leucosioidea, Leucosiidae, Ebalia, Ebalia tuberosa
3828	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3830	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Araneae, Prodidomidae, Lygromma, Lygromma sp. MR540
3831	88,14	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Scyphozoa, Semaestomeae, Ulmaridae, Aurelia, Aurelia sp. 3 sensu Dawson et al. (2005)
3835	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Axinellida, Raspailiidae, Raspailiinae, Eurypon, Eurypon clavigerum
3836	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Melobesioideae, Mesophyllum, Mesophyllum sphaericum
3838	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Glyceridae, Glycera, Glycera tessellata
3845	80,53	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Chrysopetalidae, Treptopale, Treptopale homalos
3846	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
3847	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
3855	87,88	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Paraneoptera, Thysanoptera, Terebrantia, Aeolothripodea, Aeolothripidae, Franklinothrips, Franklinothrips megalops
3857	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrix, Ophiotrix sp. RPP-2012a
3858	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
3859	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
3860	97,07	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Tethyida, Hemiasterellidae, Hemiasterella, Hemiasterella sp. UCMPWC1021
3861	86,2830088495575	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Papilionoidea, Lycaenidae, Lycaeninae, Lycaena, Lycaena xanthoides
3864	88,71	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Bombycoidea, Carthaeidae, Carthaea, Carthaea saturnioides
3865	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
3867	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Cerithiopsidae, Cerithiopsis, Cerithiopsis minima
3868	98,73	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniophycidae, Bonnemaisoniales, Bonnemaisoniaceae, Asparagopsis, Asparagopsis armata
3870	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3871	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, NA, NA, NA
3872	80,13	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Eunicidae, Eunice, Eunice filamentosa complex BR
3873	98,72	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Syllidae, Myrianida, Myrianida rubropunctata
3874	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Trombidiformes, NA, NA, NA
3875	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, NA, NA
3876	86,36	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Nematoda, Chromadorea, Desmodorida, Monoposthiidae, Monoposthia, Monoposthia mirabilis
3877	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, NA, NA, NA
3879	95	sap	Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Siphonostomatoida, Dirivultidae, Stygiopontius, Stygiopontius hispidulus
3880	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
3882	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, NA
3887	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, Leptopontiidae, Leptopontia, Leptopontia sp. DZMB015
3888	95	sap	Chordata, NA, Squamata, Dactyloidae, Anolis, Anolis biporcatus
3891	86,4642857142857	stampa_blast	Eukaryota, Haptophyceae, Phaeocystales, Phaeocystaceae, Phaeocystis, Phaeocystis pouchetii
3892	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
3894	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3895	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Stolonifera, Cornulariidae, Cervera, Cervera atlantica
3896	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, NA, NA
3897	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
3898	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, Amphiuridae, Amphipholis, NA
3899	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
3902	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, NA, NA
3903	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
3904	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
3906	81,67	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Eusyllis, Eusyllis blomstrandii
3907	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniophycidae, Bonnemaisoniales, Bonnemaisoniaceae, Bonnemaisonia, Bonnemaisonia hamifera
3909	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, NA, NA, NA
3910	91,86	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitidae, Protosuberites, Protosuberites sp. ZMAPOR18657
3911	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
3912	83,22	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Brachycera, Muscomorpha, Tephritoidea, Otites, Otites centralis
3915	88,24	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Dikarya, Ascomycota, Saccharomycotina, Saccharomycetes, Saccharomycetales, Trichomonascaceae, Sugiyamaella, Sugiyamaella ligno-habitans
3916	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
3917	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
3918	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, Syllis, Syllis gerlachi
3920	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
3921	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hymenoptera, Eulophidae, NA, NA
3922	83,94	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Suberitida, Suberitida
3923	89,3481967213115	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Araneomorphae, Entelegynae, Entelegynae
3925	84,78	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Patellogastropoda, Patelloidea, Patellidae, Cymbula, Cymbula granatina
3927	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, NA, NA, NA, NA
3930	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Poecilostomatoida, Corallovexiidae, NA, NA
3931	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Opiliones, Stylocellidae, Stylocellus, Stylocellus sp. Peninsula 21
3932	82,43	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Nematocera, Sciaroidea, Sciaridae, Leptosciarella, Leptosciarella sp. BOLD-2016
3934	79,13	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Pterosiphoniae, Pterosiphonia, Pterosiphonia bipinnata
3935	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Oscarella, Oscarella viridis
3939	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, Paracalanidae, Paracalanus, Paracalanus denudatus
3942	85,19	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Nematoda, Chromadorea, Tylenchida, Hexatylinea, Sphaerularioidea, Neotylenchidae, Fergusobia, Fergusobia sp. 438
3943	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
3944	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
3945	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, Clytia gracilis
3946	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Patellogastropoda, Patelloidea, Patellidae, Patella, Patella caerulea

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
3947	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, NA, NA, NA, NA
3948	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
3950	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Haplosyllis, Haplosyllis spongicola
3953	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Euopisthobranchia, Cephalaspidea, Bulloidea, Haminoeidae, Haminoea, Haminoea cf. hydatis MAM-2013
3955	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
3958	99	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Ectocarpales, Chordariaceae, Striaria, Striaria attenuata
3966	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, Clytia hemisphaerica
3967	82,84	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Isopoda, Oniscidea, Crinocheta, Porcellionidae, Porcellionides, Porcellionides myrmecophilus
3969	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
3971	95	sap	Rotifera, Bdelloidea, NA, NA, NA, NA
3974	95	sap	Chordata, Ascidiacea, Stolidobranchia, Pyuridae, Pyura, Pyura gibbosa
3975	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, Clytia hemisphaerica
3976	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Oribatida, Brachychthoniidae, NA, NA
3979	82,26333333333333	stampa_blast	Eukaryota, Viridiplantae, Streptophyta, Embryophyta, Tracheophyta, Spermatophyta, Magnoliophyta, Liliopsida, Poales, Poaceae, BOP
3980	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, Alcyoniidae, Alcyonium, NA
3981	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Leptothecata, Campanulariidae, Clytia, Clytia gracilis
3982	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Echinodermata, Eleutherozoa, Asterozoa, Ophiuroidea, Ophiuridea, Ophiurida, Ophiurina, Gnathophiurina, Ophiotrichidae, Ophiotrix, Ophiotrix sp. RPP-2012a
3983	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
3986	85,09	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Amphipoda, Senticaudata, Gammarida, Crangonyctidira, Crangonyctoidea, Niphargidae, Niphargus, Niphargus longicaudatus
3987	95	sap	Stramenopiles, Coscinodiscophyceae, Thalassiosirales, Stephanodiscaceae, Cyclotella, Cyclotella sp. MBTD-CMFRI-S052
3990	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
3991	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
3993	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
3998	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
3999	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, NA, NA, NA
4001	80,77	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
4004	87,69	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Acari, Parasitiformes, Ixodida, Ixodoidea, Ixodidae, Hyalomminae, Hyalomma, Hyalomma rufipes
4005	95	sap	Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
4006	81,82	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Kallymeniaceae, Callophyllis, Callophyllis pinnata
4007	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, Myrianida, NA
4009	86,25	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Mygalomorphae, Nemesiidae, Kwonkan, Kwonkan sp. MYG343
4011	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia tertia
4013	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
4016	95	sap	Arthropoda, Insecta, Diptera, NA, NA, NA
4017	95	sap	Chordata, NA, NA, NA, NA, NA
4018	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
4019	95	sap	Arthropoda, Insecta, Trichoptera, Helicopsychidae, Helicopsyche, Helicopsyche zealandica
4021	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, NA, NA, NA, NA
4023	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hemiptera, Delphacidae, Delphacodes, Delphacodes nigriscutellata
4028	88,0567164179105	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Peracarida, Isopoda, Oniscidea, Diplocheta, Ligiidae, Ligidium, Ligidium ghigii
4029	85,94	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, lower
4030	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Mysida, Mysidae, Neomysis, Neomysis orientalis
4031	87	bold	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Nudibranchia, Tritoniidae, Tritonia, Tritonia plebeia
4033	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
4035	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
4037	86,3	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Ichneumonoidea, Braconidae, Microgastrinae, unclassified
4039	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
4040	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
4044	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
4045	87,9	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Trichoptera, Integripalpia, Plenitentoria, Phryganeoi-dea, Phryganeidae, Phryganeinae, Fabria, Fabria inornata
4046	97,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Brachyura, Eubrachyura, Pilum-noidea, Pilumnidae, Pilumnus, Pilumnus villosissimus
4047	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
4049	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Myrianida, NA
4050	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Dexaminidae, Dexamine, NA
4051	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
4056	95	sap	Arthropoda, Insecta, Hemiptera, Cicadidae, Scieroptera, Scieroptera splendidula
4057	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
4058	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
4059	93,61	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, unclassified
4060	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
4061	88,1976388888889	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Clitellata, Oligochaeta, Haplotaxida, Lumbricina, Lumbricidae, Lumbricinae, Lumbricus, Lumbricus terres-tris
4062	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, NA, NA, NA, NA
4063	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
4064	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
4067	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
4068	84,9347488584475	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Nematocera, Sciaroidea, Mycetophilidae, Bolitophilinae, Bolitophila, Bolitophila rossica

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
4071	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Dumontiaceae, Dudresnaya, Dudresnaya verticillata
4074	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, NA
4076	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Nereididae, NA, NA
4078	95	sap	Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, NA, NA, NA
4082	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Cyclopoida, NA, NA, NA
4083	87,06	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsogastropoda, Neogastropoda, Muricoidea, Muricidae, Scabrotrophon, Scabrotrophon maltzani
4084	98,39	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia, Alcyonacea, Holaxonia, Gorgoniidae, Antillogorgia, Antillogorgia bipinnata
4086	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Lanceoporidae, Calyptotheca, Calyptotheca immersa
4087	83,911724137931	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Siphonophorae, Physonectae, Apolemidae, Apolemia, Apolemia rubriversa
4088	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Cyamidae, Cyamus, Cyamus erraticus
4090	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
4091	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
4094	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, Hydrobiidae, Pyrgulopsis, NA
4095	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Eudendriidae, Eudendrium, Eudendrium capillare
4096	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
4097	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
4098	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
4099	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Nemaliales, Scinaeidae, Scinaia, NA
4101	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Alpheidae, Synalpheus, Synalpheus gambarelloides
4102	99,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsogastropoda, Neogastropoda, Volutoidea, Mitridae, Mitra, Mitra cornea
4106	95	sap	Arthropoda, Insecta, Diptera, Agromyzidae, NA, NA
4107	88	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Ichneumonoidea, Ichneumonidae, Cryptinae, Cryptina, Cryptus, Cryptus albitarsis
4108	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, NA, NA, NA
4109	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
4111	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
4114	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
4115	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
4116	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Myriaporidae, Myriapora, Myriapora truncata
4117	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
4118	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
4120	95	sap	Porifera, Homoscleromorpha, Homosclerophorida, Plakinidae, Plakina, NA
4121	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
4122	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Flustridae, Flustra, Flustra foliacea
4124	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
4125	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Ceramium, Ceramium ciliatum
4127	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
4128	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Pandeidae, Leuckartiara, Leuckartiara octona
4129	89,42	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, unclassified
4130	85,3122748815166	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Paraneoptera, Hemiptera, Heteroptera, Panheteroptera, Pentatomomorpha, Coreoidea, Coreidae, Cletus, Cletus rubidiventris
4131	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Phymatolithon, NA
4134	95	sap	Arthropoda, Arachnida, NA, NA, NA, NA
4136	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, NA, NA, NA
4140	81,54	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Brachycera, Muscomorpha, Asiloidea, Therevidae, Therevidae sp. BOLD :ACB3381
4142	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Smittinidae, Smittina, Smittina torques
4143	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Glyceridae, Glycera, Glycera tessellata
4144	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
4145	80,39	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Caenogastropoda, Hypsogastropoda, Ptenoglossa, Eulimoidea, Eulimidae, Thyca, Thyca crystallina
4146	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
4149	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
4150	99,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Boselliidae, Bosellia, Bosellia mimetica
4152	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
4154	86,0968609865471	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Nematocera, Sciaroidea, Cecidomyiidae, unclassified
4156	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
4157	92,63	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Coelosphaeridae, Lissodendoryx, Lissodendoryx sp. QMB G300820
4161	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, NA, NA
4165	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
4166	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, Spinocalanidae, Spinocalanus, Spinocalanus aff. dispar 1 MB-2017
4167	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Cymbellales, Cymbellaceae, Paraplaconeis, Paraplaconeis kornevae
4169	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
4170	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
4171	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Polycirrus, Polycirrus sp. CMC04
4172	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Candidae, Scrupocellaria, Scrupocellaria scruposa
4174	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
4175	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
4180	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
4182	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, Polysiphonia sertularioides
4184	81,43	stampa_blast	Eukaryota, environmental
4185	83,95	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Nematoda, Chromadorea, Tylenchida, Hexatyliina, Sphaerularioidea, Neotylenchidae, Fergusobia, Fergusobia sp. 438
4186	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
4187	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
4189	82,48	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Maxillopoda, Copepoda, Poecilostomatoida, Lamippidae, Lamippe, Lamippe bouligandi
4192	95	sap	Nemertea, NA, NA, NA, NA, NA
4194	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
4195	95	sap	Arthropoda, Arachnida, NA, NA, NA, NA
4200	95	sap	Porifera, Demospongiae, Axinellida, Raspailiidae, NA, NA
4201	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
4203	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, NA, NA, NA, NA
4204	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
4207	95	sap	Annelida, Polychaeta, Spionida, Cirratulidae, Dodecaceria, Dodecaceria ater
4209	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, Dasya, NA
4210	99,67	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Nereididae, Platynereis, Platynereis dumerilii
4214	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
4217	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
4221	95	sap	Arthropoda, Insecta, Trichoptera, NA, NA, NA
4222	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Syllidae, Syllis, Syllis gerlachi
4224	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, NA, NA, NA
4225	99,7	stampa_blast	Eukaryota, environmental samples, zooplankton environmental sample
4229	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, Acanthochitona, NA
4231	95	sap	Arthropoda, Pycnogonida, Pantopoda, NA, NA, NA
4233	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Dasyaceae, Dasya, Dasya iridescens
4236	94,77	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexanauplia, Cyclopoida
4239	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
4244	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, NA, NA, NA
4247	81,94	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Tunicata, Ascidiacea, Enterogona, Aplousobranchia, Polycitoridae, Eudistoma, Eudistoma sp. AHJ-2015
4248	95	sap	Annelida, Polychaeta, Eunicida, Eunicidae, Eunice, Eunice cf. limosa JZ-2010
4249	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
4251	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
4252	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
4254	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Paguridae, Cestopagurus, Cestopagurus timidus
4256	95	sap	Chordata, Ascidiacea, Stolidobranchia, Styelidae, Botrylloides, Botrylloides israeliense
4258	99	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Ectocarpales, Acinetosporaceae, unclassified Acinetosporaceae, Acinetosporaceae sp. 2 AP-2014
4262	82,91	stampa_blast	Eukaryota, environmental
4267	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
4272	80,93	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Lepidoptera, Glossata, Ditrysia, Pyraloidea, Crambidae, Hyperlais, Hyperlais argillacealis
4274	95	sap	Ameobozoa, Himatizmenida, Cochliopodiidae, Cochliopodium, NA
4277	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Scytosiphonaceae, NA, NA



mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
4278	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
4283	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, NA, NA
4284	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, NA, NA
4286	95	sap	Mollusca, Bivalvia, Mytiloidea, Mytilidae, Modiolula, Modiolula phaseolina
4288	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
4289	95	sap	Arthropoda, Pycnogonida, Pantopoda, Endeidae, Endeis, Endeis spinosa
4292	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA
4294	99	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Ectocarpales, Acinetosporaceae, unclassified Acinetosporaceae, Acinetosporaceae sp. 10 AP-2014
4297	87,69	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Ichneumonoidea, Braconidae, Microgastrinae, Apanteles, Apanteles sp. Rodriguez77
4300	87,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Cynipoidea, Figitidae, Eucoilinae, unclassified
4305	95	sap	Cnidaria, Anthozoa, Alcyonacea, NA, NA, NA
4307	96,53	bold	Eukaryota, Metazoa, Mollusca, Bivalvia, Ostreoida, Gryphaeidae, Neopycnodonte, Neopycnodonte cochlear
4308	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
4310	83,23	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
4311	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
4312	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Tanaidacea, Leptocheiliidae, Leptocheilia, NA
4313	95	sap	Stramenopiles, Pythiales, Pythiaceae, Pythium, Pythium graminicola
4314	95	sap	Annelida, NA, NA, NA, NA, NA
4316	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
4319	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Polycirrus, Polycirrus sp. BCAS096-14
4321	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Chondria, Chondria scintillans
4322	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
4323	81,35	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Clitellata, Oligochaeta, Lumbriculida, Lumbriculidae, Stylodrilus, Stylodrilus heringianus
4327	85,86	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Araneomorphae, Haplogynae, Pholcidae, Pholcus, Pholcus manueli
4328	95	sap	Ascomycota, NA, NA, NA, NA, NA
4329	92,65	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Tedaniidae, Tedania, Tedania ignis
4330	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Scinidae, Scina, Scina borealis
4332	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Crustacea, Malacostraca, Eumalacostraca, Eucarida, Decapoda, Pleocyemata, Caridea, Alpheoidea, Alpheidae, Athanas, Athanas nitescens
4333	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
4334	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, NA, NA
4338	88,46	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Mygalomorphae, Idiopidae, Aganippe, Aganippe sp. WAM T121489
4340	84,06	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Bivalvia, Pteriomorpha, Mytiloidea, Mytiloidea, Mytilidae, Bathymodiolinae, Bathymodiolus, Bathymodiolus japonicus
4343	100	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Bangiophyceae, Bangiales, Bangiaceae, Porphyra, Porphyra umbilicalis
4344	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, Dexaminidae, Dexamine, Dexamine thea

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
4345	80,93	stampa_blast	Eukaryota, Fungi, Dikarya, Ascomycota, Taphrinomycotina, Taphrinomycetes, Taphrinales, Taphrinaceae, Taphrina, Taphrina wiesneri JCM 22204
4346	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
4347	80,81	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Goniadidae, Goniada, Goniada sp. TP0009
4349	95	sap	Bacillariophyta, Coscinodiscophyceae, Thalassiosirales, NA, NA, NA
4354	97,25	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllococida, Syllidae, Trypanosyllis, Trypanosyllis aeolis
4355	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gelidiales, Gelidiaceae, Gelidium, NA
4357	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
4359	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
4362	86,54	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, Corallinaceae, Corallinoidea, Cheilosporum, Cheilosporum sp. KZN2250_MR
4364	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Opiliones, Caddidae, Acropsopilio, Acropsopilio chilensis
4366	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, NA, NA, NA, NA
4367	87,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Araneomorphae, Entelegynae, Araneoidea, Anapidae, Comaroma, Comaroma mendocino
4368	95	sap	Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, NA, NA, NA
4369	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, Hydractiniidae, Podocoryna, Podocoryna carnea
4370	85,37	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Chelicerata, Arachnida, Araneae, Mygalomorphae, Euctenizidae, Promyrmekiaphila, Promyrmekiaphila sp. LOLO
4371	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, NA
4372	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, Vesiculariidae, Amathia, Amathia evelinae
4374	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
4375	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
4377	81,73	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
4378	97,12	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Placobranchidae, Elysia, Elysia sp. 3 GC-2014
4379	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllococida, Phyllococidae, Eumida, NA
4381	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX clade, Phaeophyceae, Ectocarpales, Chordariaceae, unclassified Chordariaceae, Chordariaceae sp. 13 AP-2014
4382	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Leptothecata, Aglaopheniidae, Lytocarpia, Lytocarpia phyteuma
4383	97,44	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Chitonida, Chitonina, Callochitonidae, Callochiton, Callochiton septemvalvis
4385	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, NA, NA
4386	100	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
4387	95	sap	Chordata, Ascidiacea, Enterogona, Didemnidae, Didemnum, Didemnum mutabile
4388	100	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Eunicidae, Lysidice, Lysidice ninetta
4389	99,36	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniophycidae, Ceramiales, Wrangeliaceae, Ptilothamnion, Ptilothamnion sphaericum
4391	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Sacoglossa, Placobranchoidea, Placobranchidae, Elysia, Elysia sp. 3 GC-2014
4393	87,5	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Hymenoptera, Apocrita, Terebrantes, Ichneumonoidea, Braconidae, Microgastrinae, Microplitis, Microplitis sp. jft09
4395	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
4401	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
4404	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Pseudosyllis, Pseudosyllis brevipennis
4406	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Amphipoda, NA, NA, NA
4407	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
4409	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, PX
4410	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Chordariaceae, NA, NA
4411	95	sap	Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, NA, NA, NA
4414	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Corallina, Corallina sp. CPC4
4415	82,95	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Bacillariophycidae, Naviculales, Pinnulariaceae, Pinnularia, Pinnularia subcommutata var. nonfasciata
4417	91,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Sipuncula, Sipunculidea, Golfingiida, Golfingiidae, Nephasoma, Nephasoma rimicola
4418	95	sap	Chordata, NA, NA, NA, NA, NA
4422	95	sap	Bacillariophyta, Coscinodiscophyceae, Melosirales, Melosiraceae, Melosira, Melosira nummuloides
4423	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
4424	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
4425	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
4426	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Artacama, Artacama proboscidea
4427	95	sap	Stramenopiles, Bacillariophyceae, Bacillariales, Bacillariaceae, NA, NA
4431	85,26	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniophycidae, Ceramiales, Wrangeliaceae, Ptilothamnion, Ptilothamnion sphaericum
4432	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
4435	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Lithothamnion, NA
4438	95	sap	Bacillariophyta, Bacillariophyceae, NA, NA, NA, NA
4440	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
4443	95	sap	Mollusca, Gastropoda, NA, NA, NA, NA
4445	95	sap	Phaeophyceae, NA, Ectocarpales, Chordariaceae, NA, NA
4446	95	sap	Echinodermata, Asteroidea, Velatida, Solasteridae, Solaster, Solaster paxillatus
4448	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
4449	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, Anthoathecata, NA, NA, NA
4454	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
4455	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, Lithophyllum, NA
4456	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, NA
4457	0	stampa_blast	N, o, _, h, i, t
4458	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
4459	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
4462	84,17	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Diptera, Brachycera, Muscomorpha, Ephydroidea, Ephydriidae, Gymnomyzinae, Discocerina, Discocerina sp. BOLD :AAG2739
4463	86	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Holometabola, Trichoptera, Annulipalpia, Psychomyioidea, Polycentropodidae, Polycentropodinae, Polycentropus, Polycentropus sp. 01 XZ-2016

mOTU	Pourcentage d'identité- Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
4465	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, Orbiniidae, Scoloplos, Scoloplos dayi
4466	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
4469	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, NA, NA, NA, NA
4470	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
4478	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, NA, NA, NA
4480	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Ctenostomatida, NA, NA, NA
4482	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, NA, NA, NA, NA
4485	98,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Phyllodocida, Chrysopetalidae, Chrysopetalum, Chrysopetalum debile
4488	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
4491	99,68	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Eunicidae, Palola, Palola cf. siciliensis JZ-2010
4493	89,64	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinophycidae, Corallinales, environmental
4494	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
4497	95	sap	Stramenopiles, Oomycetes, Olpidiopsidales, Olpidiopsidaceae, Olpidiopsis, Olpidiopsis feldmanni
4498	95	sap	Mollusca, Gastropoda, Nudibranchia, Chromodorididae, Hypselodoris, Hypselodoris orsinii
4499	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, Isopoda, Asellidae, Proasellus, Proasellus cantabricus
4500	95	sap	Bryozoa, Gymnolaemata, Cheilostomatida, Calloporidae, Callopora, Callopora lineata
4507	95	sap	Mollusca, Bivalvia, Veneroida, Montacutidae, Litigiella, Litigiella pacifica
4508	97,8	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Chordata, Craniata, Vertebrata, Euteleostomi, Actinopterygii, Neopterygii, Teleostei, Neoteleostei, Acanthomorpha, Ovalentaria, Blenniiformes, Blenniiformes, Blennioides, Blenniidae, Blenniinae, Blennius, Blennius sp. BOLD :AAH9014
4511	95	sap	Phaeophyceae, NA, Sphacelariales, NA, NA, NA
4513	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Ceramiaceae, Pleonosporium, Pleonosporium squarrosum
4515	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
4522	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Harpacticoida, NA, NA, NA
4525	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
4526	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
4527	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
4529	85,92	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Ecdysozoa, Arthropoda, Hexapoda, Insecta, Pterygota, Neoptera, Paraneoptera, Hemiptera, Sternorrhyncha, Psylloidea, Triozidae, Pauropsylla, Pauropsylla udei
4530	95	sap	Porifera, Demospongiae, NA, NA, NA, NA
4536	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Kallymeniaceae, Euhymenia, NA
4539	97,1	stampa_blast	Eukaryota, Rhodophyta, Florideophyceae, Rhodymeniales, Rhodymeniaceae, Rhodymenia, Rhodymenia pseudopalmata
4540	95	sap	Arthropoda, Arachnida, Mesostigmata, Blattisociidae, NA, NA
4541	95	sap	Bacillariophyta, NA, NA, NA, NA, NA
4543	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
4548	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
4549	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Gigartinales, Peyssonneliaceae, Peyssonnelia, Peyssonnelia squamaria
4556	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Hapalidiales, Hapalidiaceae, Phymatolithon, Phymatolithon cf. laevigatum VP-2016
4557	95	sap	Mollusca, Polyplacophora, Neoloricata, Acanthochitonidae, NA, NA

mOTU	Pourcentage d'identité-Probabilité postérieure pour SAP	Affiliation taxonomique	Taxonomie
4558	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Corallinales, Corallinaceae, NA, NA
4559	95	sap	Annelida, Clitellata, Haplotaxida, NA, NA, NA
4560	95	sap	Echinodermata, Ophiuroidea, Ophiurida, NA, NA, NA
4565	95	sap	Arthropoda, Maxillopoda, Calanoida, NA, NA, NA
4567	99,04	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Annelida, Polychaeta, Palpata, Aciculata, Eunicida, Eunicidae, Palola, Palola cf. siciliensis JZ-2010
4568	95	sap	Annelida, Polychaeta, NA, NA, NA, NA
4570	95	sap	Cnidaria, Hydrozoa, NA, NA, NA, NA
4571	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, NA, NA, NA, NA
4579	98,7	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Microcionidae, Clathria, Clathria rugosa
4581	88,14	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Scyphozoa, Semaestomeae, Ulmaridae, Aurelia, Aurelia sp. 3 sensu Dawson et al. (2005)
4582	85,39	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Hydrozoa, Hydroidolina, Anthoathecata, Aplanulata, Sympagohydridae, Sympagohydra, Sympagohydra tuuli
4585	99	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Porifera, Demospongiae, Heteroscleromorpha, Poecilosclerida, Microcionidae, Clathria, Clathria rugosa
4586	95	sap	Porifera, Demospongiae, Biemnida, NA, Rhabderemia, Rhabderemia sorokinae
4587	83,16	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Mollusca, Gastropoda, Heterobranchia, Euthyneura, Panpulmonata, Eupulmonata, Stylommatophora, Sigmurethra, Camaenoidea, Camaenidae, Mesodotrachia, Mesodotrachia fitzroyana
4592	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, NA, NA
4598	95	sap	Arthropoda, NA, NA, NA, NA, NA
4599	95	sap	Arthropoda, Malacostraca, NA, NA, NA, NA
4600	95	sap	Arthropoda, Insecta, NA, NA, NA, NA
4601	95	sap	Annelida, Polychaeta, Terebellida, Terebellidae, Polycirrus, Polycirrus sp. CMC04
4606	83,39	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Bacillariophyta, Bacillariophyceae, Bacillariophycidae, Naviculales, Naviculaceae, Haslea, Haslea sp. VL-2012
4610	84,4	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Cnidaria, Scyphozoa, Rhizostomeae, Rhizostomatidae, Nemopilema, Nemopilema aff. nomurai AA-2013
4611	95	sap	Rhodophyta, Florideophyceae, Ceramiales, Rhodomelaceae, Polysiphonia, NA
4613	98,1	stampa_blast	Eukaryota, Metazoa, Lophotrochozoa, Nemertea, Enopla, Hoplonemertea, Monostilifera, Oerstediiidae, Oerstedtia, Oerstedtia sp. MCZ IZ 132740
4614	95	sap	Annelida, Polychaeta, Phyllodocida, Syllidae, Sphaerosyllis, Sphaerosyllis sp. MTA-2006
4617	84,98	stampa_blast	Eukaryota, Stramenopiles, Oomycetes, Pythiales, Pythiaceae, Pythium, Pythium rostratifingens

Tableau .10. – Affiliation taxonomique de mOTUs obtenus par l'approche de métabarcoding sur les habitats coralligènes. Si la méthode d'affiliation taxonomique est "stampa\_blast", le pourcentage d'identité correspond à un pourcentage d'identité entre le mOTU et la séquence de référence. Si la méthode d'affiliation taxonomique est "sap", la probabilité postérieure pour SAP correspond à la probabilité (en pourcentage) que le mOTU forme un groupe monophylétique avec le taxon de plus bas ordre donnée dans l'affiliation.

## B.5. Structure d'échantillonnage

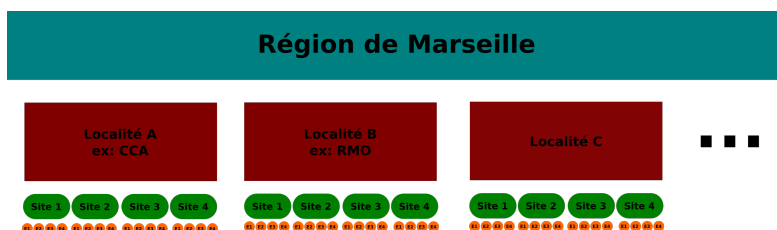


Figure .13. – Diagramme représentant la structure hiérarchique des données de diversité spécifique des habitats coralligènes. Le niveau supérieur correspond à la zone d'étude : la région de Marseille. Le niveau d'en dessous correspond aux différentes localités échantillonnées. Puis dans chaque localité différents sites, correspondant à différentes conditions environnementales ont été échantillonnés. Enfin pour chaque site quatre échantillons (ou réplicats) sont prélevés (en orange sur le diagramme).

## B.6. Influence des facteurs environnementaux sur la composante alpha de la diversité spécifique des habitats coralligènes

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
prof	2	488.16	244.08	0.74	0.4827
pente	1	144.90	144.90	0.44	0.5107
expo	7	2677.38	382.48	1.16	0.3450
Residuals	42	13830.72	329.30		

Tableau .11. – Table d'analyse de la variance de l'effet des variables environnementales sur le nombre effectif de mOTUs communs (diversité d'ordre 1). La profondeur est séparée en trois classes : D0 (environ 20 mètres), D1 (environ 30 mètres), D2 (environ 40 mètres). La pente comporte trois niveaux : verticale, inclinée et horizontale. L'exposition comporte 8 niveaux : Nord, Nord-Ouest, Ouest etc...

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
prof	2	97.70	48.85	0.96	0.3913
pente	1	52.65	52.65	1.03	0.3150
expo	7	584.92	83.56	1.64	0.1505
Residuals	42	2138.28	50.91		

Tableau .12. – Table d’analyse de la variance de l’effet des variables environnementales sur le nombre effectif de mOTUs dominants (diversité d’ordre 2). La profondeur est séparée en trois classes : D0 (environ 20 mètres), D1 (environ 30 mètres), D2 (environ 40 mètres). La pente comporte trois niveaux : verticale, inclinée et horizontale. L’exposition comporte 8 niveaux : Nord, Nord-Ouest, Ouest etc...

## Effet des facteurs environnementaux sur la Beta diversité

### B.6.1. Tables détaillées des PERMANOVAs

Source	df	SS	MS	Pseudo-F	P(perm)	Unique perms
Localité	17	55807	3282,8	1,523	0,0001	9456
Pente	1	4053	4053	1,8803	0,0016	9851
Profondeur	2	10194	5096,9	2,3646	0,0001	9857
Res	31	66820	2155,5			
Total	51	1,4245E+05				

Tableau .13. – Table d’analyse de la variance de la PERMANOVA. L’indice de Sorensen est utilisé pour la calcul de la dissimilarité entre les paires de communautés. Les facteurs explicatifs sont : la classe de profondeur, la localité, et l’inclinaison.

		<b>Localité obtenue par la CAP</b>																		
<b>Localité d'origine</b>	CCA	FCC	RMO	RRS	MEJ	ELV	MFN	FTF	PSO	MSA	MTP	CSC	TSP	COU	LPD	CTF	CIV	NIO	Total	% correct
CCA	3	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	7	42,857
FCC	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	100
RMO	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	7	71,429
RRS	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	100
MEJ	1	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	80
ELV	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	100
MFN	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	100
FTF	0	0	2	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	66,667
PSO	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	50
MSA	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	100
MTP	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0
CSC	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	2	100
TSP	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	4	0
COU	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	100
LPD	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0	0	4	50
CTF	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	2	0
CIV	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	2	0
NIO	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	2	0

Tableau .14. – Validation croisée de la classification obtenue par CAP. Erreur de classification : 46,154%



## B.6.2. Contrôle de la dispersion de variables avec la procédure PermDisp

Variable environnementale	Nombre de niveaux	P(perm)
Localité	18	0,0001
Profondeur	3	0,2908
Inclinaison	2	0,0892
Exposition	3	0,9587

Tableau .15. – Permdisp.

## B.6.3. DistLM et procédure BEST

AIC	$R^2$	RSS	Nombre de variables explicatives	Variables explicatives sélectionnées
411,45	0,11157	1,27E+05	1	Profondeur
411,81	0,13915	1,23E+05	2	Inclinaison ; Profondeur
413,2	0,14923	1,21E+05	2	Profondeur ; Exposition
413,49	0,1768	1,17E+05	3	Inclinaison ; Profondeur ; Exposition
413,98	0,030818	1,38E+05	1	Inclinaison
414,2	0,063478	1,33E+05	1	Exposition
414,24	0,53092	66820	3	Inclinaison ; Localité ; Profondeur
414,33	0,56495	61972	4	Toutes
414,44	0,094503	1,29E+05	2	Inclinaison ; Exposition
415,3	0,50247	70873	2	Localité ; Profondeur

Tableau .16. – Les dix meilleurs modèles de DistLM d'après leur AIC.

## B.6.4. Tables détaillées des CAPs

Eigenvalue	Correlation	Corr.Sq.
1	0,9978	0,9955
2	0,9776	0,9558

Tableau .17. – Corrélacion canonique de la CAP effectuée pour la profondeur. Ces corrélacions quantifient la force d'association entre les nuages de points multivariés et l'hypothèse de différences entre les classes de profondeurs.

Eigenvalue	Correlation	Corr.Sq.
1	0,981	0,9623
2	0,9688	0,9386
3	0,9455	0,894
4	0,9038	0,8168
5	0,8939	0,799
6	0,8713	0,7592
7	0,828	0,6857
8	0,7717	0,5955
9	0,6837	0,4675
10	0,6138	0,3767
11	0,5302	0,2811
12	0,496	0,2461
13	0,3626	0,1315
14	0,2445	0,0598
15	0,1555	0,0242
16	0,1391	0,0193

Tableau .18. – Corrélacion canonique de la CAP effectuée pour la localité. Ces corrélacions quantifient la force d'association entre les nuages de points multivariés et l'hypothèse de différences entre les classes de profondeurs.

## C. Annexes du chapitre 2

### C.1. Sites d'échantillonnage

Sampling information for each locality. Latitudes and longitudes are north and east, respectively.

Locality	Latitude	Longitude	N	Year of collection
Banyuls-sur-mer Pointe du Troc -BPT	42.4806	3.1447	25	2014
Cassidaigne – CAS	43.1799	5.5609	67	2013 & 2014
Corse Ile Rousse – CIR*	42.6487	8.9432	69	2014
Couronne – COU	43.3069	5.1417	19	2014
Frioul – FTF	43.2777	5.2895	51	2014
La Ciotat – CTF	43.1700	5.6088	37	2015
Les Lecques pointe de Defens - LPD	43.1284	5.7494	20	2014
Lion de Mer – LDM	43.4067	6.7728	34	2015
Méjean -MEJ	43.3104	5.2433	58	2014 & 2015
Moyade – RMO	43.2004	5.4004	56	2013 & 2015
Planier – PSO	43.1976	5.2289	28	2013 & 2014
Sec de Carry – CSC	43.3115	5.1395	28	2015
Villefranche-sur-mer Pointe de la Rascasse – VPR	43.6885	7.3083	15	2015

Tableau .19. – GPS coordinates of sampling localities. N : number of samples

\* The COR locality includes 4 sampling sites : IRP, ISN, CIB and IRG (Table 2). The coordinates were calculated using the centroid of the four sampling sites that were effectively sampled. The abundances of each site were summed up because of their geographical proximity.

### C.2. Amorces et programmes PCR

PCR programs, reaction mixes and primers used to amplify the three barcoding markers : psbA, LSU and COI

<b>Locality</b>	<b>Latitude</b>	<b>Longitude</b>	<b>N</b>	<b>Year of collection</b>
<b>Ile Rouse Petit tombant IRP</b>	42.6500	8.9486	2	2014
<b>Ile Rouse Sec du Naso ISN</b>	42.6491	8.9479	34	2014
<b>Ile Rouse Bruschetti CIB</b>	42.6453	8.9296	15	2014
<b>Ile Rouse Grand tombant IRG</b>	42.6504	8.9467	18	2014

Tableau .20. – GPS coordinates of the Corsica sampling sites. N : number of samples

<b>Sequencing Technology</b>	<b>PCR Cycles</b>	<b>PCR Reaction MIX</b>
<b>Sanger</b>	<p>5' 94°</p> <p>38x [30"94°C, 30"50°C, 2'72°C]</p> <p>4'72°C</p> <p>4'94°C</p> <p>40x [40''94°C, 40''49°C, 1'72°C]</p>	<p>1µL of DNA template, 1.20 µL MgCl<sub>2</sub> (stock 25mM),</p> <p>4 µL of 5X flexi-go Buffer, 3.2 µL of dNTP (1.25mM),</p> <p>0.16 µl of each primer, 0.1 of Go-Taq Polymerase (5u/µL),</p> <p>10.18 µL of H<sub>2</sub>O</p>
<b>Illumina MiSeq</b>  <b>PE 2x200pb</b>	<p>2'94°C</p> <p>14 × [1'94°C, 1'58°C to 45°C (- 1°C/cycle), 1'72°C]</p> <p>25 × [30"94°C, 45"58°C, 45"72°C]</p> <p>3'72°C</p>	<p>2µL of DNA template, 0.6 of MgCl<sub>2</sub> (25mM),</p> <p>2µL of Go-Taq- Flexi Buffer, 1.6 µL of dNTP (1.25mM),</p> <p>0.1 of each primer at 50 µM,</p> <p>0.05 µl of GoTaq-Flexy Polyme- rase (5u/µL), 3.55 µL of H<sub>2</sub>O</p>

Tableau .21. – PCR programs and mix used to amplify the psbA, 28S and COI (bold characters) markers

Marqueur	Amorces
<i>psbA</i>	Forward CTTTCCCTACACGACGCTCTTCCGATCTCTCTGATGGyATGCCtYTAGG Reverse GGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTCATGCATWACTCCATACCTA
LSU	Forward CTTTCCCTACACGACGCTCTTCCGATCTCGTGGGTGAGTCGTTCCCTAA Reverse GGAGTTCAGACGTGTGCTCTTCCGATCTTTGCAGTTCTAGTTTGGAGCA
COI	Forward TCAACAAATCATAAAGATATTGG Reverse ACTTCTGGATGTCCAAAAAYCA

Tableau .22. – Primers used to amplify the *psbA*, and LSU markers

### C.3. Protocole d'extraction d'ADN

DNA extraction from Lithohyllum for capture sequencing

-Reagents :

A. Cell lysis buffer : 0.5 M Tris, 0.1 M EDTA, pH 8.8. Autoclaved. B. 20% SDS. Autoclaved. C. Protein precipitation solution : 5 M ammonium acetate, pH 8.0, autoclaved. Kept at 4°C. D. Proteinase K (20 mg/ml) E. Isopropyl alcohol (Isopropanol). Kept at -20°C. F. TE (Tris EDTA 1X)

-Protocol :

#### DNA extraction

1. Place algal fragments and a 5 mm stainless steel bead in a 2 mL Safe Lock tube.
2. Add 537  $\mu$ L of cell lysis buffer (A) in each tube.
3. Close the lid and grind the samples using a Tissue Lyser II® for 1 min at 30 Hz. Repeat once if necessary.
4. Add 63  $\mu$ L of 20 % SDS (B) and 5  $\mu$ L of Proteinase K (D).
5. Vortex briefly
6. Incubate on Eppendorf Thermomixer® at 55 °C and 900 rpm for 3 hours.
7. Centrifuge at 4000 g for 4 minutes at 4 °C
8. Transfer lysate into a 1.5 mL Safe Lock tube and retrieve the bead (it can be washed and reused)
9. Add 400  $\mu$ L of protein precipitation solution (C). Agitate by hand.
10. Place the tubes horizontally on ice on a rocking shaker for 5 minutes.
11. Centrifuge at 13 000 rpm for 30 minutes at 4°C.
12. Transfer supernatant in a new 1.5 mL Safe Lock tube.
13. Add 600  $\mu$ L of isopropanol at -20 °C (E) and mix by turning the tubes upside down 30 times.
14. Incubate at -20 °C overnight (could be up to 2 days)

15. Centrifuge at 13 000 rpm for 30 minutes at 4 °C.
16. Discard the supernatant and keep the white pellet at the bottom of the tube. By pouring gently the supernatant into trash the pellet should stay stick to the tube. Dry the excess by placing the tubes open upside down on a paper towel.
17. Place the tubes upside up with open lid for 5 minutes at room temperature.
18. Add 175  $\mu$ L of TE (F). Close the lid and place the tubes at 50 °C for 10 minutes to resuspend DNA. Be sure to resuspend the DNA before proceeding with DNA purification.

#### **DNA purification**

The following steps are adapted from Macherey Nagel NucleoSpin® Genomic Clean up manual

1. Heat the DE buffer at 70 °C.
2. Add 525  $\mu$ L of DB buffer into the 175  $\mu$ L of resuspended DNA.
3. Vortex for 5 seconds
4. Place the NucleoSpin® gDNA Clean-up Column on a collection tube and load the sample on the column.
5. Centrifuge at 11 000 g for 30 seconds. Discard the flow-through
6. Add 700  $\mu$ L of DW buffer to the column. Vortex for 2 seconds.
7. Centrifuge at 11 000 g for 30 seconds. Discard the flow-through
8. Add 700  $\mu$ L of DW buffer to the column. Vortex for 2 seconds.
9. Centrifuge at 11 000 g for 30 seconds. Discard the flow-through
10. Centrifuge at 11 000 g for 1 minute. Discard the collection tube.
11. Place the column on the DNA storage tube.
12. Add 50  $\mu$ L of DE buffer (at 70 °C) on the column. Let it rest for 1 minute at room temperature with an open lid.
13. Centrifuge at 11 000 g for 30 seconds.
14. Add 50  $\mu$ L of DE buffer (at 70 °C) on the column. Let it rest for 1 minute at room temperature with an open lid.
15. Centrifuge at 11 000 g for 30 seconds.
16. Stock DNA at -20 °C

### **C.4. Réseaux d'haplotypes**

Haplotypes networks for the three barcoding makers : psbA, LSU and COI. Kimura distances between the main haplogroups.

The main groups of haplotypes (hereafter haplogroups) obtained for psbA were used as a reference for marker comparisons. So that haplotypes were colored according to the psbA haplogroup of the individual bearing them (using the add-on Network Publisher).

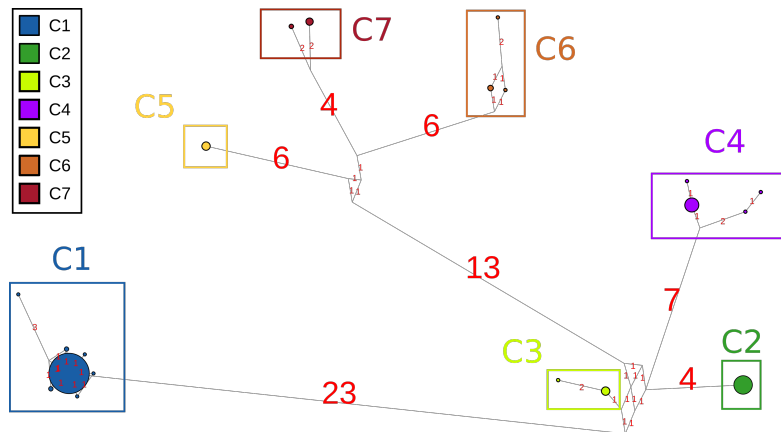


Figure .14. – Haplotype network for the psbA marker using 230 sequences (Sanger sequencing) of 744 base pairs.

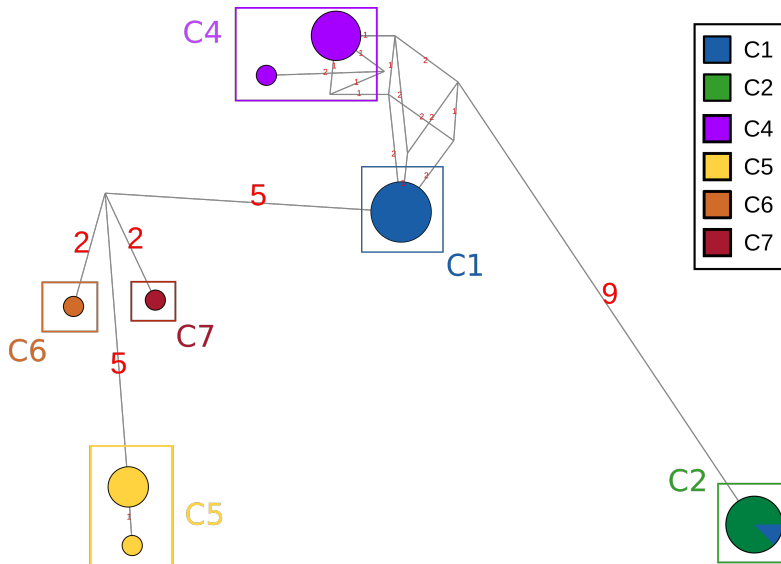


Figure .15. – Haplotype network for the 28S marker using 31 sequences (Sanger sequencing) of 802 base pairs.



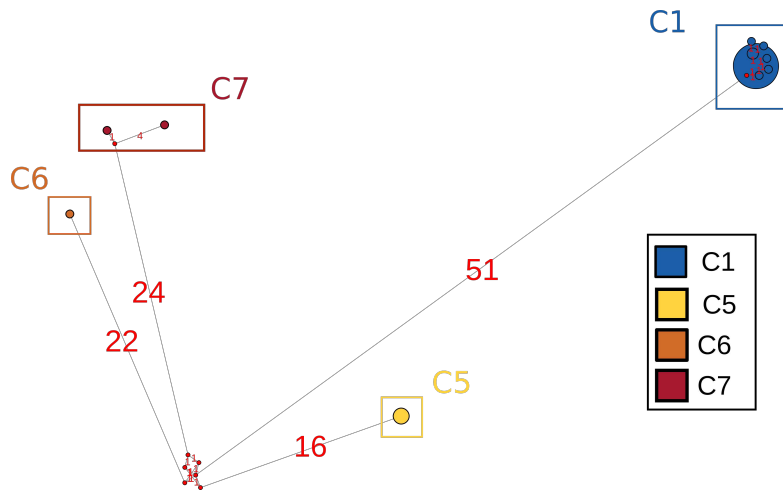


Figure .16. – Haplotype network for the COI marker using 46 sequences (Sanger sequencing) of 594 base pairs

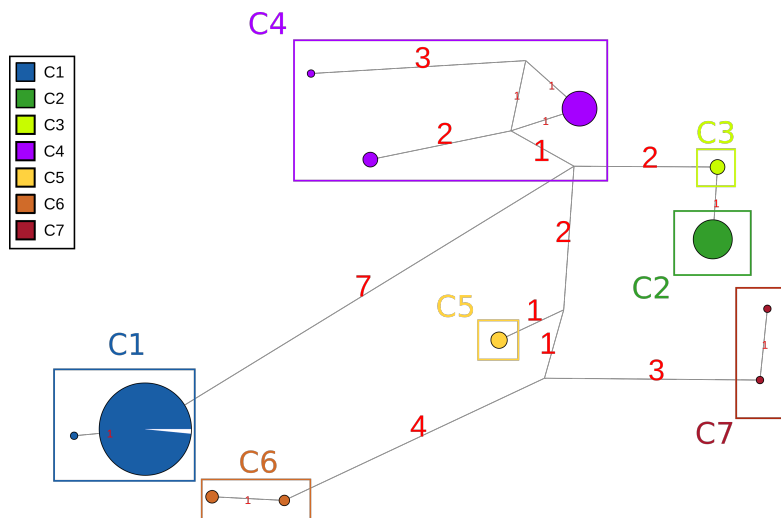


Figure .17. – Haplotype network for the psbA marker using 273 sequences (MiSeq sequencing) of 356 base pairs.

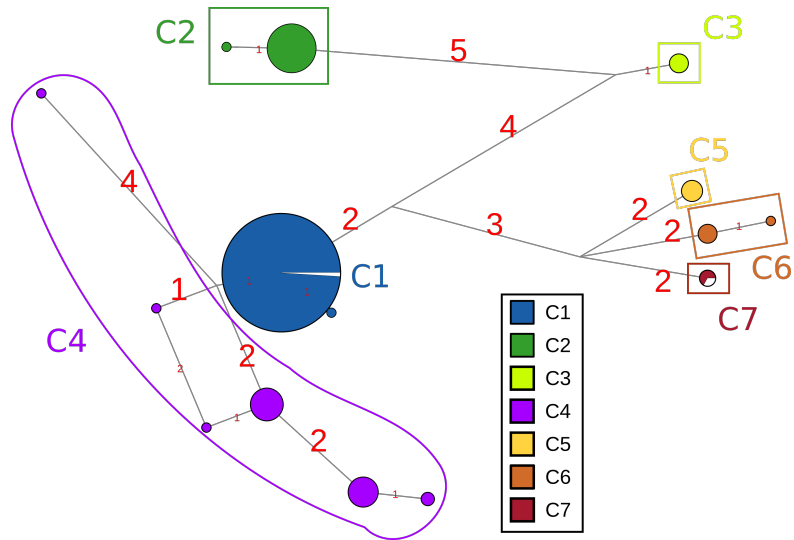


Figure .18. – Haplotype network for the 28S marker using 273 sequences (MiSeq sequencing) of 425 base pairs.

	<b>C1</b>	<b>C2</b>	<b>C3</b>	<b>C4</b>	<b>C5</b>	<b>C6</b>
<b>C2</b>	0.041					
<b>C3</b>	0.035	0.011				
<b>C4</b>	0.038	0.017	0.017			
<b>C5</b>	0.046	0.036	0.032	0.032		
<b>C6</b>	0.053	0.039	0.035	0.037	0.020	
<b>C7</b>	0.053	0.033	0.032	0.034	0.019	0.018

Tableau .23. – Mean Kimura distances between individuals from the different haplogroups for the psbA marker 744base pairs.

<b>Clade</b>	<b>Intra haplogroup distances</b>
<b>C1</b>	0.0002
<b>C2</b>	0
<b>C3</b>	0.0008
<b>C4</b>	0.001
<b>C5</b>	0
<b>C6</b>	0.002
<b>C7</b>	0.003

Tableau .24. – Mean Kimura distances between individuals from the same haplogroup for the psbA marker 744 base pairs.

	<b>C1</b>	<b>C2</b>	<b>C4</b>	<b>C5</b>	<b>C6</b>
<b>C2</b>	0.013				
<b>C4</b>	0.004	0.017			
<b>C5</b>	0.011	0.018	0.014		
<b>C6</b>	0.007	0.015	0.010	0.005	
<b>C7</b>	0.010	0.018	0.012	0.008	0.003

Tableau .25. – Mean Kimura distances between individuals from the different haplogroups for the 28S marker 802 base pairs.

<b>Clade</b>	<b>Intra haplogroup distances</b>
<b>C1</b>	0.003
<b>C2</b>	0
<b>C4</b>	0.0004
<b>C5</b>	0.0006
<b>C6</b>	n/c
<b>C7</b>	n/c

Tableau .26. – Mean Kimura distances between individuals from the same haplogroup for the 28S marker 802 base pairs. n/c : not calculated

	<b>C1</b>	<b>C5</b>	<b>C6</b>
<b>C5</b>	0.103		
<b>C6</b>	0.105	0.072	
<b>C7</b>	0.104	0.079	0.090

Tableau .27. – Mean Kimura distances between individuals from the different haplogroups for the COI marker 594 base pairs.

<b>C1</b>	<b>0.0008</b>
<b>C5</b>	0
<b>C6</b>	n/c
<b>C7</b>	0.009

Tableau .28. – Mean Kimura distances between individuals from the same haplogroups for the COI marker base pairs. n/c : not calculated

## C.5. Tables des PERMANOVAs

### Appendix V. PERMANOVA and PERMANCOVA complete tables for all designs.

Permanova design with Locality as random effect factor and depth category as a fixed effect factor

#### Resemblance worksheet

Name: Resem4  
 Data type: Similarity  
 Selection: All  
 Standardise Samples by Total  
 Transform: Square root  
 Resemblance: S17 Bray-Curtis similarity

Sums of squares type: Type III (partial)  
 Fixed effects sum to zero for mixed terms  
 Permutation method: Permutation of residuals under a reduced model  
 Number of permutations: 9999

#### Factors

Name	Abbrev.	Type	Levels
LOC	LO	Random	10
Depth	De	Fixed	2

#### PERMANOVA table of results

Source	df	SS	MS	Pseudo-F	P(perm)	Unique perms	P(MC)
LO	9	48376	5375,1	4,5652	0,0001	9922	0,0001
De	1	4240,6	4240,6	1,2074	0,2844	2990	0,3807
LOxDe**	2	7091,6	3545,8	3,0115	0,014	9958	0,0148
Res	174	2,0487E+05	1177,4				
Total	186	2,7029E+05					

\*\* Term has one or more empty cells

#### Details of the expected mean squares (EMS) for the model

Source	EMS
LO	$1*V(\text{Res}) + 17,073*V(\text{LO})$
De	$1*V(\text{Res}) + 14,926*V(\text{LOxDe}) + 44,777*S(\text{De})$
LOxDe	$1*V(\text{Res}) + 15,14*V(\text{LOxDe})$
Res	$1*V(\text{Res})$

#### Construction of Pseudo-F ratio(s) from mean squares

Source	Numerator	Denominator	Num.df	Den.df
LO	1*LO	1*Res	9	174
De	1*De	$0,98586*LOxDe + 0,014142*Res$	1	2,02
LOxDe	1*LOxDe	1*Res	2	174

#### Estimates of components of variation

Source	Estimate	Sq.root
V(LO)	245,87	15,68

S(De) 16,266 4,0331  
 V(LOxDe) 156,43 12,507  
 V(Res) 1177,4 34,313

Permanova design testing the effect of the depth category factor in the RMO, CAS and FTF localities.

*Resemblance worksheet*

Name: Resem4  
 Data type: Similarity  
 Selection: All  
 Standardise Samples by Total  
 Transform: Square root  
 Resemblance: S17 Bray-Curtis similarity

Sums of squares type: Type III (partial)  
 Fixed effects sum to zero for mixed terms  
 Permutation method: Permutation of residuals under a reduced model  
 Number of permutations: 9999

*Factors*

Name	Abbrev.	Type	Levels
LOC	LO	Random	10
Depth	De	Fixed	2

*PAIR-WISE TESTS*

Term 'LOxDe' for pairs of levels of factor 'Depth'

Within level 'CAS' of factor 'LOC'

Groups	t	P(perm)	Unique perms	P(MC)
D2, D1	2,1014	0,0067	8541	0,0076

*Denominators*

Groups	Denominator	Den.df
D2, D1	1*Res	37

*Average Similarity between/within groups*

	D2	D1
D2	33,593	
D1	34,375	49,993

Within level 'MOY' of factor 'LOC'

Groups	t	P(perm)	Unique perms	P(MC)
D2, D1	2,1203	0,0573	8	0,0439

*Denominators*

Groups	Denominator	Den.df
D2, D1	1*Res	28

*Average Similarity between/within groups*

	D2	D1
D2	100	
D1	84,207	72,102

Within level 'FTF' of factor 'LOC'

Groups	t	P(perm)	Unique perms	P(MC)
D2, D1	1,3056	0,3359	12	0,1936

*Denominators*

Groups	Denominator	Den.df
D2, D1	1*Res	25

*Average Similarity between/within groups*

	D2	D1
D2	93,643	
D1	91,045	89,067

Permanova design with locality as random effect factor and slope as a fixed effect factor

*Resemblance worksheet*

Name: Resem4  
Data type: Similarity  
Selection: 1-17;19-150;152-187  
Standardise Samples by Total  
Transform: Square root  
Resemblance: S17 Bray-Curtis similarity

Sums of squares type: Type III (partial)  
Fixed effects sum to zero for mixed terms  
Permutation method: Permutation of residuals under a reduced model  
Number of permutations: 9999

*Factors*

Name	Abbrev.	Type	Levels
LOC	LO	Random	10
Pente	Pe	Fixed	4

*PERMANOVA table of results*

Source	df	SS	MS	Pseudo-F	P(perm)	Unique perms	P(MC)
LO	9	38278	4253,1	3,4335	0,0002	9895	0,0001
Pe	3	1280	426,66	0,33156	0,7645	9977	0,9391
LOxPe**	8	10693	1336,7	1,0791	0,3684	9936	0,3686
Res	164	2,0315E+05	1238,7				
Total	184	2,6947E+05					

\*\* Term has one or more empty cells

*Details of the expected mean squares (EMS) for the model*

Source	EMS
LO	$1 \cdot V(\text{Res}) + 12,873 \cdot V(\text{LO})$
Pe	$1 \cdot V(\text{Res}) + 3,5381 \cdot V(\text{LOxPe}) + 19,006 \cdot S(\text{Pe})$
LOxPe	$1 \cdot V(\text{Res}) + 7,1988 \cdot V(\text{LOxPe})$
Res	$1 \cdot V(\text{Res})$

*Construction of Pseudo-F ratio(s) from mean squares*

Source	Numerator	Denominator	Num.df	Den.df
LO	1*LO	1*Res	9	164
Pe	1*Pe	0,49149*LOxPe + 0,50851*Res	3	29,38
LOxPe	1*LOxPe	1*Res	8	164

*Estimates of components of variation*

Source	Estimate	Sq.root
V(LO)	234,17	15,303
S(Pe)	-45,26	-6,7275
V(LOxPe)	13,612	3,6895
V(Res)	1238,7	35,195

Permanova design with locality as random effect factor and orientation as a fixed effect factor

*Resemblance worksheet*

Name: Resem4  
 Data type: Similarity  
 Selection: 1-17;19-75;77-119;121-150;152-187  
 Standardise Samples by Total  
 Transform: Square root  
 Resemblance: S17 Bray-Curtis similarity

Sums of squares type: Type III (partial)  
 Fixed effects sum to zero for mixed terms  
 Permutation method: Permutation of residuals under a reduced model  
 Number of permutations: 9999

*Factors*

Name	Abbrev.	Type	Levels
LOC	LO	Random	10
Orientation	Or	Fixed	8

*PERMANOVA table of results*

Source	df	SS	MS	Pseudo-F	P(perm)	Unique perms	P(MC)
LO	9	43219	4802,1	3,9898	0,0001	9925	0,0001
Or	7	6762,8	966,12	0,76861	0,7176	9933	0,7303

LOxOr**	29	36994	1275,7	1,0599	0,3765	9880	0,352
Res	137	1,6489E+05	1203,6				
Total	182	2,6861E+05					

\*\* Term has one or more empty cells

*Details of the expected mean squares (EMS) for the model*

Source	EMS
LO	$1 * V(\text{Res}) + 11,008 * V(\text{LO})$
Or	$1 * V(\text{Res}) + 2,185 * V(\text{LOxOr}) + 11,363 * S(\text{Or})$
LOxOr	$1 * V(\text{Res}) + 2,9503 * V(\text{LOxOr})$
Res	$1 * V(\text{Res})$

*Construction of Pseudo-F ratio(s) from mean squares*

Source	Numerator	Denominator	Num.df	Den.df
LO	1*LO	1*Res	9	137
Or	1*Or	$0,74059 * \text{LOxOr} + 0,25941 * \text{Res}$	7	50,18
LOxOr	1*LOxOr	1*Res	29	137

*Estimates of components of variation*

Source	Estimate	Sq.root
V(LO)	326,9	18,08
S(Or)	-25,597	-5,0593
V(LOxOr)	24,426	4,9422
V(Res)	1203,6	34,693

Permanova design with locality as random effect factor and rugosity as a fixed effect factor

*Resemblance worksheet*

Name: Resem4  
 Data type: Similarity  
 Selection: 10-13;15;17;19-31;40-97;116-150;152-165;176-187  
 Standardise Samples by Total  
 Transform: Square root  
 Resemblance: S17 Bray-Curtis similarity

Sums of squares type: Type III (partial)  
 Fixed effects sum to zero for mixed terms  
 Permutation method: Permutation of residuals under a reduced model  
 Number of permutations: 9999

*Factors*

Name	Abbrev.	Type	Levels
LOC	LO	Random	10
Rugosity	Ru	Fixed	4



*PERMANOVA table of results*

Source	df	SS	MS	Pseudo-F	P(perm)	Unique perms	P(MC)
LO	9	33460	3717,8	3,1936	0,0003	9923	0,0002
Ru	3	1653,1	551,05	0,43177	0,7969	9963	0,8235
LOxRu**	11	14360	1305,5	1,1214	0,3407	9932	0,335
Res	114	1,3271E+05	1164,1				
Total	137	1,8824E+05					

\*\* Term has one or more empty cells

*Details of the expected mean squares (EMS) for the model*

Source	EMS
LO	$1 \cdot V(\text{Res}) + 9,4821 \cdot V(\text{LO})$
Ru	$1 \cdot V(\text{Res}) + 3,3034 \cdot V(\text{LOxRu}) + 16,794 \cdot S(\text{Ru})$
LOxRu	$1 \cdot V(\text{Res}) + 4,1646 \cdot V(\text{LOxRu})$
Res	$1 \cdot V(\text{Res})$

*Construction of Pseudo-F ratio(s) from mean squares*

Source	Numerator	Denominator	Num.df	Den.df
LO	$1 \cdot \text{LO}$	$1 \cdot \text{Res}$	9	114
Ru	$1 \cdot \text{Ru}$	$0,79323 \cdot \text{LOxRu} + 0,20677 \cdot \text{Res}$	3	16,62
LOxRu	$1 \cdot \text{LOxRu}$	$1 \cdot \text{Res}$	11	114

*Estimates of components of variation*

Source	Estimate	Sq.root
V(LO)	269,31	16,411
S(Ru)	-43,184	-6,5714
V(LOxRu)	33,946	5,8263
V(Res)	1164,1	34,119

Permanova design with locality as random effect factor and depth category, slope, orientation and rugosity as a fixed effect factors.

*Resemblance worksheet*

Name: Resem5 pas de données manquantes pour rug  
 Data type: Similarity  
 Selection: 1-55;57-81;83-138  
 Standardise Samples by Total  
 Transform: Square root  
 Resemblance: S17 Bray-Curtis similarity

Sums of squares type: Type III (partial)  
 Fixed effects sum to zero for mixed terms  
 Permutation method: Permutation of residuals under a reduced model  
 Number of permutations: 9999

*Factors*

Name	Abbrev.	Type	Levels
LOC	LO	Random	10
Pente	Pe	Fixed	4
Orientation	Or	Fixed	8
Depth	De	Fixed	1
Rugosity	Ru	Fixed	4

*PERMANOVA table of results*

Source	df	SS	MS	Pseudo-F	P(perm)	Unique perms	P(MC)
LO	0	0		No test			
Pe	0	0		No test			
Or	0	0		No test			
De	0	0		No test			
Ru	0	0		No test			
LOxPe**	1	594,6	594,6	0,47801	0,6156	9962	0,6342
LOxOr**	3	1845,8	615,26	0,49462	0,75	9960	0,7979
LOxDe	0	0		No test			
LOxRu**	1	636,15	636,15	0,51142	0,5183	9954	0,5897
PexOr**	0	0		No test			
PexDe	0	0		No test			
PexRu**	0	0		No test			
OrxDe	0	0		No test			
OrxRu**	0	0		No test			
DexRu	0	0		No test			
LOxPexOr**	0	0		No test			
LOxPexDe**	0	0		No test			
LOxPexRu**	0	0		No test			
LOxOrxDe**	0	0		No test			
LOxOrxRu**	0	0		No test			
LOxDexRu**	0	0		No test			
PexOrxDe**	0	0		No test			
PexOrxRu**	0	0		No test			
PexDexRu**	0	0		No test			
OrxDexRu**	0	0		No test			
LOxPexOrxDe**	0	0		No test			
LOxPexOrxRu**	0	0		No test			
LOxPexDexRu**	0	0		No test			
LOxOrxDexRu**	0	0		No test			
PexOrxDexRu**	0	0		No test			
LOxPexOrxDexRu**	0	0		No test			
Res	68	84585	1243,9				
Total	135	1,8737E+05					

\*\* Term has one or more empty cells

*Details of the expected mean squares (EMS) for the model*

Source	EMS
LO	
Pe	
Or	

De	
Ru	
LOxPe	$1*V(\text{Res}) + 3,6*V(\text{LOxPe})$
LOxOr	$1*V(\text{Res}) + 1,4328*V(\text{LOxOr})$
LOxDE	
LOxRu	$1*V(\text{Res}) + 1,7561*V(\text{LOxRu})$
PexOr	
PexDe	
PexRu	
OrxDe	
OrxRu	
DexRu	
LOxPexOr	
LOxPexDe	
LOxPexRu	
LOxOrxDe	
LOxOrxRu	
LOxDexRu	
PexOrxDe	
PexOrxRu	
PexDexRu	
OrxDexRu	
LOxPexOrxDe	
LOxPexOrxRu	
LOxPexDexRu	
LOxOrxDexRu	
PexOrxDexRu	
LOxPexOrxDexRu	
Res	$1*V(\text{Res})$

*Construction of Pseudo-F ratio(s) from mean squares*

Source	Numerator	Denominator	Num.df	Den.df
LO			0	0
Pe			0	0
Or			0	0
De			0	0
Ru			0	0
LOxPe	$1*LOxPe$	$1*Res$	1	68
LOxOr	$1*LOxOr$	$1*Res$	3	68
LOxDE			0	0
LOxRu	$1*LOxRu$	$1*Res$	1	68
PexOr			0	0
PexDe			0	0
PexRu			0	0
OrxDe			0	0
OrxRu			0	0
DexRu			0	0
LOxPexOr			0	0
LOxPexDe			0	0
LOxPexRu			0	0
LOxOrxDe			0	0
LOxOrxRu			0	0
LOxDexRu			0	0

PexOrxDe	0	0
PexOrxRu	0	0
PexDexRu	0	0
OrxDexRu	0	0
LOxPexOrxDe	0	0
LOxPexOrxRu	0	0
LOxPexDexRu	0	0
LOxOrxDexRu	0	0
PexOrxDexRu	0	0
LOxPexOrxDexRu	0	0

*Estimates of components of variation*

Source	Estimate	Sq.root
V(LO)	No test	
S(Pe)	No test	
S(Or)	No test	
S(De)	No test	
S(Ru)	No test	
V(LOxPe)	-180,36	-13,43
V(LOxOr)	-438,75	-20,946
V(LOxDe)	No test	
V(LOxRu)	-346,08	-18,603
S(PexOr)	No test	
S(PexDe)	No test	
S(PexRu)	No test	
S(OrxDe)	No test	
S(OrxRu)	No test	
S(DexRu)	No test	
V(LOxPexOr)	No test	
V(LOxPexDe)	No test	
V(LOxPexRu)	No test	
V(LOxOrxDe)	No test	
V(LOxOrxRu)	No test	
V(LOxDexRu)	No test	
S(PexOrxDe)	No test	
S(PexOrxRu)	No test	
S(PexDexRu)	No test	
S(OrxDexRu)	No test	
V(LOxPexOrxDe)	No test	
V(LOxPexOrxRu)	No test	
V(LOxPexDexRu)	No test	
V(LOxOrxDexRu)	No test	
S(PexOrxDexRu)	No test	
V(LOxPexOrxDexRu)	No test	
V(Res)	1243,9	35,269

Permanova design with locality as random effect factor and depth as a numerical covariable

*Resemblance worksheet*

Name: Resem5

Data type: Similarity

Selection: 1-17;19-75;77-119;121-150;152-175

Standardise Samples by Total

Transform: Square root

Resemblance: S17 Bray-Curtis similarity

*Covariables worksheet*

Name: Profondeur Lumière

Data type: Environmental

Sample selection: All

Variable selection: All

Sums of squares type: Type I (sequential)

Fixed effects sum to zero for mixed terms

Permutation method: Permutation of residuals under a reduced model

Number of permutations: 9999

*Factors*

Name	Abbrev.	Type	Levels
LOC	LO	Random	9

*Excluded terms*

LUM

lum\_2

Depth\_lum

LUMxlum\_2

LUMxProfondeur

LUMxDepth\_lum

LUMxLOC  
 lum\_2xProfondeur  
 lum\_2xDepth\_lum  
 lum\_2xLOC  
 ProfondeurxDepth\_lum  
 Depth\_lumxLOC  
 LUMxlum\_2xProfondeur  
 LUMxlum\_2xDepth\_lum  
 LUMxlum\_2xLOC  
 LUMxProfondeurxDepth\_lum  
 LUMxProfondeurxLOC  
 LUMxDepth\_lumxLOC  
 lum\_2xProfondeurxDepth\_lum  
 lum\_2xProfondeurxLOC  
 lum\_2xDepth\_lumxLOC  
 ProfondeurxDepth\_lumxLOC  
 LUMxlum\_2xProfondeurxDepth\_lum  
 LUMxlum\_2xProfondeurxLOC  
 LUMxlum\_2xDepth\_lumxLOC  
 LUMxProfondeurxDepth\_lumxLOC  
 lum\_2xProfondeurxDepth\_lumxLOC  
 LUMxlum\_2xProfondeurxDepth\_lumxLOC

*PERMANOVA table of results*

Source	df	SS	MS	Pseudo-F	P(perm)	Unique perms
LO	8	51448	6431,1	5,1888	0,0001	9907
Pr	1	7714,9	7714,9	6,2246	0,0015	9957
PrxLO	5	10941	2188,2	1,7655	0,0582	9923
Res	156	1,9335E+05	1239,4			
Total	170	2,6345E+05				

*Details of the expected mean squares (EMS) for the model*

Source	EMS
LO	$1 \cdot V(\text{Res}) + 18,395 \cdot V(\text{LO})$
Pr	$1 \cdot V(\text{Res}) + 101,45 \cdot S(\text{Pr})$
PrxLO	$1 \cdot V(\text{Res}) + 12,572 \cdot V(\text{PrxLO})$
Res	$1 \cdot V(\text{Res})$

*Construction of Pseudo-F ratio(s) from mean squares*

Source	Numerator	Denominator	Num.df	Den.df
LO	1*LO	1*Res	8	156
Pr	1*Pr	1*Res	1	156
PrxLO	1*PrxLO	1*Res	5	156

*Estimates of components of variation*

Source	Estimate	Sq.root
V(LO)	282,23	16,8
S(Pr)	63,831	7,9895
V(PrxLO)	75,469	8,6873
V(Res)	1239,4	35,205

## Permanova design with locality as random effect factor and PAR as a numerical covariable

Resemblance worksheet

Name: Resem5

Data type: Similarity

Selection: All

Standardise Samples by Total

Transform: Square root

Resemblance: S17 Bray-Curtis similarity

Covariables worksheet

Name: Profondeur PAR récent

Data type: Environmental

Sample selection: All

Variable selection: All

Sums of squares type: Type I (sequential)

Fixed effects sum to zero for mixed terms

Permutation method: Permutation of residuals under a reduced model

Number of permutations: 9999

Factors

Name	Abbrev.	Type	Levels
LOC	LO	Random	9

Excluded terms

Profondeur

ProfondeurxDepth\_lum

ProfondeurxLOC

ProfondeurxDepth\_lumxLOC

PERMANOVA table of results

Source	df	SS	MS	Unique Pseudo-F	P(perm)	perms	P(MC)
LO	8	51375	6421,9	5,2286	0,0001	9911	0,0001
De	1	6992,1	6992,1	5,6928	0,0019	9960	0,0033
DexLO	5	10299	2059,7	1,677	0,0773	9933	0,0735
Res	160	1,9652E+05	1228,2				
Total	174	2,6518E+05					

Details of the expected mean squares (EMS) for the model

Source EMS

LO  $1*V(\text{Res}) + 18,796*V(\text{LO})$

De  $1*V(\text{Res}) + 94,66*S(\text{De})$

DexLO  $1*V(\text{Res}) + 12,123*V(\text{DexLO})$

Res  $1*V(\text{Res})$

Construction of Pseudo-F ratio(s) from mean squares

Source	Numerator	Denominator	Num.df	Den.df
LO	1*LO	1*Res	8	160
De	1*De	1*Res	1	160
DexLO	1*DexLO	1*Res	5	160

Estimates of components of variation

Source	Estimate	Sq.root
V(LO)	276,32	16,623
S(De)	60,89	7,8032
V(DexLO)	68,586	8,2817
V(Res)	1228,2	35,046



## C.6. Distances inter et intra espèces basées sur les génotypes multiloci

Mean inter species Euclidean distances.

	C1	C2	C3	C4	C5	C6	C7	C8
C1	16,14							
C2	84,16	20,00						
C3	81,73	59,54	13,19					
C4	80,36	65,76	63,40	24,10				
C5	110,56	115,42	113,95	113,48	22,99			
C6	99,26	104,61	102,88	102,14	64,99	NA		
C7	105,85	111,63	110,08	109,04	71,98	56,11	23,90	
C8	104,15	110,54	108,98	107,73	69,65	53,64	52,76	20,00

Tableau .29. – Mean Euclidean distances among haplogroups between individual multilocus genotypes.

## C.7. $F_{ST}$ par paires

Pairwise  $F_{ST}$  between population on the C1 species.

Pop	CASD1	CASD2	COU	FTFD1	FTFD2	LPD
CASD2	0,0077					
COU	0,0324	0,0468				
FTFD1	0,0551**	0,0656**	0,0296			
FTFD2	0,0533**	0,0599**	0,0229	0,0121		
LPD	0,0500*	0,0591**	0,0626	0,0518*	0,0501	
RMO	0,0691	0,0823	0,0601	0,0452	0,0475	0,0911

Tableau .30. – Pairwise population differentiation ( $F_{ST}$ ).  $F_{ST}$  between two depths of the same locality are colored in grey. Populations with low numbers of individuals are colored in red. \*Significant results, \*\* highly significant results

## D. Annexes du chapitre 3

### D.1. Sites d'échantillonnage

Echantillonnage sur chaque localité. Les latitudes et longitudes sont Nord et Est respectivement.

Locality	Latitude	Longitude	N	Date d'échantillonnage
Cassidaigne – CAS	43.1799	5.5609		2013 & 2014
Couronne – COU	43.3069	5.1417		2014
Frioul – FTF	43.2777	5.2895		2014
Les Lecques pointe de Defens - LPD	43.1284	5.7494		2014
Lion de Mer – LDM	43.4067	6.7728		2015
Moyade – RMO	43.2004	5.4004		2013 & 2015
Toulon Sèche des pêcheurs – TSP	43.0433	5.8628		2014

Tableau .31. – Coordonnées GPS des localités échantillonnées. N : nombre individus de l'espèce C1

Locality	Latitude	Longitude	N	Year of collection
Ile Rousse Sec du Naso ISN	42.6491	8.9479		2014
Ile Rousse Bruschetu CIB	42.6453	8.9296		2014
Ile Rousse Grand tombant IRG	42.6504	8.9467		2014

Tableau .32. – Coordonnées GPS des localités échantillonnées en Corse. N : nombre individus de l'espèce C1

## D.2. Distribution du nombre de paires de reads bruts obtenus après séquençage

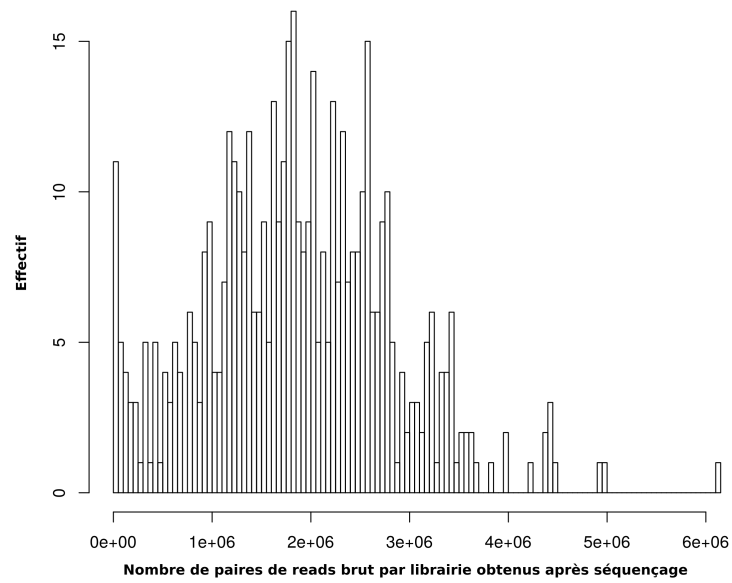


Figure .19. – Distribution du nombre de paires de reads bruts par librairie obtenus après séquençage.

### **D.3. Fréquences alléliques pour les loci "outliers"**

Nom de l'allèle	CCAD1	CCAD2	FTFD1	FTFD2	RMOD1	RMOD2	TSPD1	TSPD2
Contig62901462-95(REVERSESENSE)(Length :1368)_948.0	1	1	1	1	1	0.923	1	1
Contig62901462-95(REVERSESENSE)(Length :1368)_948.1	0	0	0	0	0	0.077	0	0
Contig5181500-226(REVERSESENSE)(Length :1275)_944.0	1	0.929	1	0.933	1	0.962	1	0.964
Contig5181500-226(REVERSESENSE)(Length :1275)_944.1	0	0.071	0	0.067	0	0.038	0	0.036
Contig5023154-1878(Length :1725)_919.0	0.8	0.857	0.969	0.833	0.839	0.75	0.788	0.796
Contig5023154-1878(Length :1725)_919.1	0.2	0.143	0.031	0.167	0.161	0.25	0.212	0.204
Contig152464747-134(REVERSESENSE)(Length :4614)_2385.0	1	0.962	1	0.962	1	0.962	1	1
Contig152464747-134(REVERSESENSE)(Length :4614)_2385.1	0	0.038	0	0.038	0	0.038	0	0
Contig8913-425(Length :423)_29.0	0.844	0.893	0.844	1	0.931	0.981	0.923	1
Contig8913-425(Length :423)_29.1	0.156	0.107	0.156	0	0.069	0.019	0.077	0
Contig5252635-72(REVERSESENSE)(Length :564)_512.0	1	1	1	0.967	1	0.827	1	1
Contig5252635-72(REVERSESENSE)(Length :564)_512.1	0	0	0	0.033	0	0.173	0	0
Contig3233481-5(REVERSESENSE)(Length :480)_306.0	1	1	1	0.933	0.982	0.885	1	1
Contig3233481-5(REVERSESENSE)(Length :480)_306.1	0	0	0	0.067	0.018	0.115	0	0
Contig10466206-1012(Length :807)_501.0	1	1	1	1	0.929	1	0.962	1
Contig10466206-1012(Length :807)_501.1	0	0	0	0	0.071	0	0.038	0
Contig12793150-1241(Length :1092)_699.0	0.964	1	1	1	0.946	1	1	1
Contig12793150-1241(Length :1092)_699.1	0.036	0	0	0	0.054	0	0	0
Contig148591133-354(REVERSESENSE)(Length :780)_408.0	1	1	1	1	0.9	1	1	1
Contig148591133-354(REVERSESENSE)(Length :780)_408.1	0	0	0	0	0.1	0	0	0
Contig1612727-599(Length :573)_534.0	1	1	1	1	1	1	0.833	1
Contig1612727-599(Length :573)_534.1	0	0	0	0	0	0	0.167	0
Contig47192-1102(Length :1101)_875.0	0.906	0.75	0.875	0.8	0.879	0.731	0.904	0.839
Contig47192-1102(Length :1101)_875.1	0.094	0.25	0.125	0.2	0.121	0.269	0.096	0.161
Contig8769213-1109(Length :897)_391.1	0.875	0.923	0.95	1	0.875	1	0.865	1
Contig8769213-1109(Length :897)_391.0	0.125	0.077	0.05	0	0.125	0	0.135	0
Contig105371-1920(Length :1920)_694.0	0.875	0.679	0.938	0.733	0.966	0.846	0.865	0.821

Nom de l'allèle	CCAD1	CCAD2	FTFD1	FTFD2	RMOD1	RMOD2	TSPD1	TSPD2
Contig105371-1920(Length :1920)_694.1	0.125	0.321	0.062	0.267	0.034	0.154	0.135	0.179
Contig5011795-124(REVERSESENSE)(Length :672)_149.0	1	1	1	1	0.897	1	1	1
Contig5011795-124(REVERSESENSE)(Length :672)_149.1	0	0	0	0	0.103	0	0	0
Contig12668444-1370(Length :927)_875.0	1	0.964	1	0.967	0.931	0.827	1	1
Contig12668444-1370(Length :927)_875.1	0	0.036	0	0.033	0.069	0.173	0	0
Contig123921300-224(REVERSESENSE)(Length :1077)_992.0	1	1	1	1	1	1	1	0.929
Contig123921300-224(REVERSESENSE)(Length :1077)_992.1	0	0	0	0	0	0	0	0.071
Contig218109-693(Length :585)_375.0	0.469	0.893	1	1	0.966	1	1	1
Contig218109-693(Length :585)_375.1	0.531	0.107	0	0	0.034	0	0	0
Contig12816838-188(REVERSESENSE)(Length :651)_203.0	0.906	0.821	0.967	0.9	0.931	0.942	0.981	0.893
Contig12816838-188(REVERSESENSE)(Length :651)_203.1	0.094	0.179	0.033	0.1	0.069	0.058	0.019	0.107
Contig5206158-1681(Length :1524)_660.0	1	1	1	1	1	1	1	0.929
Contig5206158-1681(Length :1524)_660.1	0	0	0	0	0	0	0	0.071
Contig512445-17(REVERSESENSE)(Length :429)_88.0	1	0.964	1	0.967	1	0.981	1	0.982
Contig512445-17(REVERSESENSE)(Length :429)_88.1	0	0.036	0	0.033	0	0.019	0	0.018
Contig3379898-53(REVERSESENSE)(Length :846)_365.0	1	0.821	1	1	1	1	1	1
Contig3379898-53(REVERSESENSE)(Length :846)_365.1	0	0.179	0	0	0	0	0	0
Contig1291723-205(REVERSESENSE)(Length :519)_126.0	0.844	0.714	0.885	0.8	0.907	0.827	0.769	0.714
Contig1291723-205(REVERSESENSE)(Length :519)_126.1	0.156	0.286	0.115	0.2	0.093	0.173	0.231	0.286
Contig150932-2440(Length :2439)_631.0	1	0.929	1	1	1	1	1	0.964
Contig150932-2440(Length :2439)_631.1	0	0.071	0	0	0	0	0	0.036
Contig128403-788(Length :786)_138.0	0.969	0.679	1	1	0.948	0.885	1	1
Contig128403-788(Length :786)_138.1	0.031	0.321	0	0	0.052	0.115	0	0
Contig48751270-5(REVERSESENSE)(Length :1269)_14.0	0.273	0.056	0.231	0.1	0.413	0.308	0.417	0.271
Contig48751270-5(REVERSESENSE)(Length :1269)_14.1	0.727	0.944	0.769	0.9	0.587	0.692	0.583	0.729
Contig7741743-6(REVERSESENSE)(Length :741)_218.0	0.906	0.929	0.906	0.767	0.931	0.808	0.981	0.839
Contig7741743-6(REVERSESENSE)(Length :741)_218.1	0.094	0.071	0.094	0.233	0.069	0.192	0.019	0.161

Nom de l'allèle	CCAD1	CCAD2	FTFD1	FTFD2	RMOD1	RMOD2	TSPD1	TSPD2
Contig95842333-282(REVERSESENSE)(Length :2052)_1681.0	0.469	0.786	1	1	0.981	1	1	1
Contig95842333-282(REVERSESENSE)(Length :2052)_1681.1	0.531	0.214	0	0	0.019	0	0	0
Contig289443-1122(Length :1080)_444.0	0.962	1	0.889	1	0.929	1	0.978	1
Contig289443-1122(Length :1080)_444.1	0.038	0	0.111	0	0.071	0	0.022	0
Contig18366413-1723(Length :1311)_919.0	1	0.929	1	1	1	1	1	1
Contig18366413-1723(Length :1311)_919.1	0	0.071	0	0	0	0	0	0
Contig12611144-1718(Length :1575)_237.0	1	1	1	1	1	1	1	0.821
Contig12611144-1718(Length :1575)_237.1	0	0	0	0	0	0	0	0.179
Contig10304126-1724(Length :1599)_690.0	1	1	1	1	1	0.923	1	1
Contig10304126-1724(Length :1599)_690.1	0	0	0	0	0	0.077	0	0
Contig8029238-1929(Length :1692)_1284.0	1	1	1	1	0.931	1	1	1
Contig8029238-1929(Length :1692)_1284.1	0	0	0	0	0.069	0	0	0
Contig44361574-141(REVERSESENSE)(Length :1434)_424.0	1	0.786	1	1	0.966	0.865	1	1
Contig44361574-141(REVERSESENSE)(Length :1434)_424.1	0	0.214	0	0	0.034	0.135	0	0
Contig160982430-697(REVERSESENSE)(Length :1734)_1671.0	0.75	1	0.833	0.967	0.914	0.981	1	1
Contig160982430-697(REVERSESENSE)(Length :1734)_1671.1	0.25	0	0.167	0.033	0.086	0.019	0	0
Contig35652880-1894(REVERSESENSE)(Length :987)_879.0	0.767	0.571	0.594	0.833	0.828	0.865	0.808	0.571
Contig35652880-1894(REVERSESENSE)(Length :987)_879.1	0.233	0.429	0.406	0.167	0.172	0.135	0.192	0.429
Contig1331894-1248(Length :1155)_471.0	1	0.75	1	1	1	1	1	1
Contig1331894-1248(Length :1155)_471.1	0	0.25	0	0	0	0	0	0
Contig112181603-803(REVERSESENSE)(Length :801)_444.0	0.781	1	0.875	0.933	0.759	0.846	0.846	0.768
Contig112181603-803(REVERSESENSE)(Length :801)_444.1	0.219	0	0.125	0.067	0.241	0.154	0.154	0.232
Contig178302172-259(REVERSESENSE)(Length :1914)_1068.0	0.938	1	0.875	1	0.948	1	1	1
Contig178302172-259(REVERSESENSE)(Length :1914)_1068.1	0.062	0	0.125	0	0.052	0	0	0
Contig10898396-824(Length :429)_221.0	0.967	1	0.923	1	0.978	1	1	1
Contig10898396-824(Length :429)_221.1	0.033	0	0.077	0	0.022	0	0	0
Contig208526-56(REVERSESENSE)(Length :471)_109.0	0.844	0.75	0.719	0.933	0.879	0.981	0.885	0.982

Nom de l'allèle	CCAD1	CCAD2	FTFD1	FTFD2	RMOD1	RMOD2	TSPD1	TSPD2
Contig208526-56(REVERSESENSE)(Length :471)_109.1	0.156	0.25	0.281	0.067	0.121	0.019	0.115	0.018
Contig85541580-168(REVERSESENSE)(Length :1413)_1165.0	0.656	0.786	0.733	0.633	0.732	0.769	0.808	0.75
Contig85541580-168(REVERSESENSE)(Length :1413)_1165.1	0.344	0.214	0.267	0.367	0.268	0.231	0.192	0.25
Contig2183130-729(Length :600)_472.0	1	1	1	0.9	0.914	0.904	1	0.964
Contig2183130-729(Length :600)_472.1	0	0	0	0.1	0.086	0.096	0	0.036
Contig31511225-266(REVERSESENSE)(Length :960)_331.0	0.938	0.923	1	0.967	0.981	0.942	1	0.889
Contig31511225-266(REVERSESENSE)(Length :960)_331.1	0.062	0.077	0	0.033	0.019	0.058	0	0.111
Contig39941-1092(Length :1092)_625.0	1	0.821	1	1	1	1	1	1
Contig39941-1092(Length :1092)_625.1	0	0.179	0	0	0	0	0	0
Contig15578464-126(REVERSESENSE)(Length :339)_70.0	1	1	1	1	1	1	1	0.893
Contig15578464-126(REVERSESENSE)(Length :339)_70.1	0	0	0	0	0	0	0	0.107

Tableau .33. – Fréquences alléliques des "outliers" détectés avec Bayenv



Nom de l'allèle	CCAD1	CCAD2	FTFD1	FTFD2	RMOD1	RMOD2	TSPD1	TSPD2
Contig132691092-43(REVERSESENSE)(Length :1050)_630.0	1	1	1	1	0.638	0.404	0.962	1
Contig132691092-43(REVERSESENSE)(Length :1050)_630.1	0	0	0	0	0.362	0.596	0.038	0
Contig14527874-191(REVERSESENSE)(Length :684)_394.0	0.969	1	0.906	0.733	0.569	0.154	1	1
Contig14527874-191(REVERSESENSE)(Length :684)_394.1	0.031	0	0.094	0.267	0.431	0.846	0	0
Contig78343207-10(REVERSESENSE)(Length :3198)_131.0	1	1	0.906	0.833	0.569	0.192	1	1
Contig78343207-10(REVERSESENSE)(Length :3198)_131.1	0	0	0.094	0.167	0.431	0.808	0	0
Contig7101638-19(REVERSESENSE)(Length :1620)_1300.1	1	1	0.167	0	0.075	0.136	1	1
Contig7101638-19(REVERSESENSE)(Length :1620)_1300.0	0	0	0.833	1	0.925	0.864	0	0
Contig4233267-1769(Length :1503)_479.0	0.312	0.393	0.938	1	0.966	1	0.981	1
Contig4233267-1769(Length :1503)_479.1	0.688	0.607	0.062	0	0.034	0	0.019	0
Contig543589-1633(Length :1545)_1449.0	0.094	0.071	1	0.967	0.879	0.827	0	0
Contig543589-1633(Length :1545)_1449.1	0.906	0.929	0	0.033	0.121	0.173	1	1
Contig115841288-521(REVERSESENSE)(Length :768)_342.0	1	1	1	1	0.621	0.75	1	1
Contig115841288-521(REVERSESENSE)(Length :768)_342.1	0	0	0	0	0.379	0.25	0	0
Contig157901179-40(REVERSESENSE)(Length :1140)_61.0	0.964	1	0.357	0.833	0.224	0.077	0.942	0.732
Contig157901179-40(REVERSESENSE)(Length :1140)_61.1	0.036	0	0.643	0.167	0.776	0.923	0.058	0.268
Contig16593680-111(REVERSESENSE)(Length :570)_522.0	1	1	0.906	1	0.414	0.712	1	1
Contig16593680-111(REVERSESENSE)(Length :570)_522.1	0	0	0.094	0	0.586	0.288	0	0
Contig910372-1418(Length :1347)_853.0	1	1	0.906	1	0.414	0.712	1	1
Contig910372-1418(Length :1347)_853.1	0	0	0.094	0	0.586	0.288	0	0
Contig665425-778(Length :354)_258.0	1	1	1	1	0.69	0.423	0.962	1
Contig665425-778(Length :354)_258.1	0	0	0	0	0.31	0.577	0.038	0
Contig16426707-15(REVERSESENSE)(Length :693)_462.0	0.969	1	0.267	0.833	0.224	0.019	0.904	0.732
Contig16426707-15(REVERSESENSE)(Length :693)_462.1	0.031	0	0.733	0.167	0.776	0.981	0.096	0.268
Contig154422427-805(REVERSESENSE)(Length :1623)_773.0	0.438	0.214	1	1	0.983	1	1	0.964
Contig154422427-805(REVERSESENSE)(Length :1623)_773.1	0.562	0.786	0	0	0.017	0	0	0.036
Contig17411182-2830(Length :2649)_142.0	1	1	0.969	1	0.724	0.423	1	1

Nom de l'allèle	CCAD1	CCAD2	FTFD1	FTFD2	RMOD1	RMOD2	TSPD1	TSPD2
Contig17411182-2830(Length :2649)_142.1	0	0	0.031	0	0.276	0.577	0	0
Contig848859-68(REVERSESENSE)(Length :792)_32.1	1	1	0	0	0.034	0.04	1	1
Contig848859-68(REVERSESENSE)(Length :792)_32.0	0	0	1	1	0.966	0.96	0	0
Contig9704782-195(REVERSESENSE)(Length :588)_435.0	0.136	0.077	1	1	0.92	0.87	0	0
Contig9704782-195(REVERSESENSE)(Length :588)_435.1	0.864	0.923	0	0	0.08	0.13	1	1
Contig125751-3657(Length :3657)_3321.0	1	1	1	1	0.724	0.423	0.962	1
Contig125751-3657(Length :3657)_3321.1	0	0	0	0	0.276	0.577	0.038	0

Tableau .34. – Fréquences alléliques des "outliers" détectés avec BayeScenv

Nom de l'allèle	CCAD1	CCAD2	FTFD1	FTFD2	RMOD1	RMOD2	TSPD1	TSPD2
Contig18780499-38(REVERSESENSE)(Length :462)_393.0	0.594	0.929	0.875	0.833	0.828	0.865	0.808	0.982
Contig18780499-38(REVERSESENSE)(Length :462)_393.1	0.406	0.071	0.125	0.167	0.172	0.135	0.192	0.018
Contig5252635-72(REVERSESENSE)(Length :564)_512.0	1	1	1	0.967	1	0.827	1	1
Contig5252635-72(REVERSESENSE)(Length :564)_512.1	0	0	0	0.033	0	0.173	0	0
Contig18084133-900(Length :771)_354.0	1	1	1	0.967	1	0.846	1	1
Contig18084133-900(Length :771)_354.1	0	0	0	0.033	0	0.154	0	0

Tableau .35. – Fréquences alléliques des "outliers" détectés avec LFMM

Nom de l'allèle	CCAD1	CCAD2	FTFD1	FTFD2	RMOD1	RMOD2	TSPD1	TSPD2
Contig140853-2264(Length :2262)_102.0	0.75	0.679	1	1	1	1	1	1
Contig140853-2264(Length :2262)_102.1	0.25	0.321	0	0	0	0	0	0
Contig1726389-868(Length :480)_133.0	0.75	0.607	1	1	1	1	1	1
Contig1726389-868(Length :480)_133.1	0.25	0.393	0	0	0	0	0	0
Contig118941022-339(REVERSESENSE)(Length :684)_442.1	0.714	0.667	1	1	1	1	1	1
Contig118941022-339(REVERSESENSE)(Length :684)_442.0	0.286	0.333	0	0	0	0	0	0
Contig13869253-1749(Length :1497)_450.0	0.567	0.607	1	0.9	0.911	0.865	0.942	0.982
Contig13869253-1749(Length :1497)_450.1	0.433	0.393	0	0.1	0.089	0.135	0.058	0.018
Contig4600638-219(REVERSESENSE)(Length :420)_104.0	0.5	0.679	1	1	0.983	1	1	1
Contig4600638-219(REVERSESENSE)(Length :420)_104.1	0.5	0.321	0	0	0.017	0	0	0
Contig132691092-43(REVERSESENSE)(Length :1050)_630.0	1	1	1	1	0.638	0.404	0.962	1
Contig132691092-43(REVERSESENSE)(Length :1050)_630.1	0	0	0	0	0.362	0.596	0.038	0
Contig14527874-191(REVERSESENSE)(Length :684)_394.0	0.969	1	0.906	0.733	0.569	0.154	1	1
Contig14527874-191(REVERSESENSE)(Length :684)_394.1	0.031	0	0.094	0.267	0.431	0.846	0	0
Contig78343207-10(REVERSESENSE)(Length :3198)_131.0	1	1	0.906	0.833	0.569	0.192	1	1
Contig78343207-10(REVERSESENSE)(Length :3198)_131.1	0	0	0.094	0.167	0.431	0.808	0	0
Contig6915189-2315(Length :2127)_89.0	0.844	0.538	1	1	0.983	1	1	1
Contig6915189-2315(Length :2127)_89.1	0.156	0.462	0	0	0.017	0	0	0
Contig91421505-219(REVERSESENSE)(Length :1287)_483.0	0.733	0.714	1	0.9	1	1	1	1
Contig91421505-219(REVERSESENSE)(Length :1287)_483.1	0.267	0.286	0	0.1	0	0	0	0
Contig27821544-1152(REVERSESENSE)(Length :393)_264.0	0.688	0.714	0.875	0.833	0.914	0.885	1	1
Contig27821544-1152(REVERSESENSE)(Length :393)_264.1	0.312	0.286	0.125	0.167	0.086	0.115	0	0
Contig7101638-19(REVERSESENSE)(Length :1620)_1300.1	1	1	0.167	0	0.075	0.136	1	1
Contig7101638-19(REVERSESENSE)(Length :1620)_1300.0	0	0	0.833	1	0.925	0.864	0	0
Contig4233267-1769(Length :1503)_479.0	0.312	0.393	0.938	1	0.966	1	0.981	1
Contig4233267-1769(Length :1503)_479.1	0.688	0.607	0.062	0	0.034	0	0.019	0
Contig543589-1633(Length :1545)_1449.0	0.094	0.071	1	0.967	0.879	0.827	0	0

Nom de l'allèle	CCAD1	CCAD2	FTFD1	FTFD2	RMOD1	RMOD2	TSPD1	TSPD2
Contig543589-1633(Length :1545)_1449.1	0.906	0.929	0	0.033	0.121	0.173	1	1
Contig18406459-818(Length :360)_153.0	0.844	0.571	1	1	1	1	1	1
Contig18406459-818(Length :360)_153.1	0.156	0.429	0	0	0	0	0	0
Contig10470805-287(REVERSESENSE)(Length :519)_75.0	0.469	0.571	0.938	1	0.966	1	0.981	1
Contig10470805-287(REVERSESENSE)(Length :519)_75.1	0.531	0.429	0.062	0	0.034	0	0.019	0
Contig8832285-749(Length :465)_373.0	0.531	0.536	1	1	0.983	1	1	1
Contig8832285-749(Length :465)_373.1	0.469	0.464	0	0	0.017	0	0	0
Contig102511231-236(REVERSESENSE)(Length :996)_774.0	0.406	0.286	1	1	1	1	1	0.946
Contig102511231-236(REVERSESENSE)(Length :996)_774.1	0.594	0.714	0	0	0	0	0	0.054
Contig1695291-951(Length :861)_630.0	0.607	0.654	0.833	1	0.944	0.88	1	1
Contig1695291-951(Length :861)_630.1	0.393	0.346	0	0	0	0	0	0
Contig1695291-951(Length :861)_630.2	0	0	0.167	0	0.056	0.12	0	0
Contig118281521-127(REVERSESENSE)(Length :1395)_690.0	0.75	0.429	0.938	0.9	0.983	0.981	0.885	0.875
Contig118281521-127(REVERSESENSE)(Length :1395)_690.1	0.25	0.571	0.062	0.1	0.017	0.019	0.115	0.125
Contig137291152-127(REVERSESENSE)(Length :1026)_292.0	0.438	0.893	1	1	0.983	1	1	1
Contig137291152-127(REVERSESENSE)(Length :1026)_292.1	0.562	0.107	0	0	0.017	0	0	0
Contig157901179-40(REVERSESENSE)(Length :1140)_61.0	0.964	1	0.357	0.833	0.224	0.077	0.942	0.732
Contig157901179-40(REVERSESENSE)(Length :1140)_61.1	0.036	0	0.643	0.167	0.776	0.923	0.058	0.268
Contig29362731-1373(REVERSESENSE)(Length :1359)_1243.0	0.594	0.893	0.969	1	0.966	1	1	1
Contig29362731-1373(REVERSESENSE)(Length :1359)_1243.1	0.406	0.107	0.031	0	0.034	0	0	0
Contig1167425-45(REVERSESENSE)(Length :381)_227.0	0.812	0.893	0.625	0.6	0.517	0.5	1	0.964
Contig1167425-45(REVERSESENSE)(Length :381)_227.1	0.188	0.107	0.375	0.4	0.483	0.5	0	0.036
Contig144342081-2944(Length :864)_371.0	0.875	0.857	0.933	0.933	0.87	0.942	0.5	0.5
Contig144342081-2944(Length :864)_371.1	0.125	0.143	0	0	0.111	0	0.5	0.5
Contig144342081-2944(Length :864)_371.2	0	0	0.067	0.067	0.019	0.058	0	0
Contig3871-606(Length :606)_122.0	0.719	0.75	0.969	1	1	1	1	1
Contig3871-606(Length :606)_122.1	0.281	0.25	0.031	0	0	0	0	0

Nom de l'allèle	CCAD1	CCAD2	FTFD1	FTFD2	RMOD1	RMOD2	TSPD1	TSPD2
Contig61662185-653(REVERSESENSE)(Length :1533)_326.0	0.688	0.679	1	1	1	1	0.962	1
Contig61662185-653(REVERSESENSE)(Length :1533)_326.1	0.312	0.321	0	0	0	0	0.038	0
Contig187731183-407(REVERSESENSE)(Length :777)_525.0	0.969	0.964	1	1	0.983	1	0.654	0.732
Contig187731183-407(REVERSESENSE)(Length :777)_525.1	0.031	0.036	0	0	0.017	0	0.346	0.268
Contig40772156-546(REVERSESENSE)(Length :1611)_95.0	0.812	0.5	0.906	1	0.983	1	1	1
Contig40772156-546(REVERSESENSE)(Length :1611)_95.1	0.188	0.5	0.094	0	0.017	0	0	0
Contig16806505-104(REVERSESENSE)(Length :402)_207.0	0.692	0.536	1	1	1	0.981	0.84	0.946
Contig16806505-104(REVERSESENSE)(Length :402)_207.1	0.308	0.464	0	0	0	0.019	0.16	0.054
Contig173542267-393(REVERSESENSE)(Length :1875)_453.0	0.594	0.679	0.938	1	0.983	1	1	1
Contig173542267-393(REVERSESENSE)(Length :1875)_453.1	0.406	0.321	0.062	0	0.017	0	0	0
Contig218109-693(Length :585)_375.0	0.469	0.893	1	1	0.966	1	1	1
Contig218109-693(Length :585)_375.1	0.531	0.107	0	0	0.034	0	0	0
Contig25391427-240(REVERSESENSE)(Length :1188)_183.0	0.594	0.643	1	1	1	0.981	1	1
Contig25391427-240(REVERSESENSE)(Length :1188)_183.1	0.406	0.357	0	0	0	0.019	0	0
Contig16426707-15(REVERSESENSE)(Length :693)_462.0	0.969	1	0.267	0.833	0.224	0.019	0.904	0.732
Contig16426707-15(REVERSESENSE)(Length :693)_462.1	0.031	0	0.733	0.167	0.776	0.981	0.096	0.268
Contig11139376-53(REVERSESENSE)(Length :324)_44.0	0.938	0.964	0.567	0.467	0.431	0.385	1	1
Contig11139376-53(REVERSESENSE)(Length :324)_44.1	0.062	0.036	0.433	0.533	0.569	0.615	0	0
Contig95842333-282(REVERSESENSE)(Length :2052)_1681.0	0.469	0.786	1	1	0.981	1	1	1
Contig95842333-282(REVERSESENSE)(Length :2052)_1681.1	0.531	0.214	0	0	0.019	0	0	0
Contig187611763-186(REVERSESENSE)(Length :1578)_828.0	0.167	0.357	0	0	0.04	0	0	0
Contig187611763-186(REVERSESENSE)(Length :1578)_828.1	0.833	0.643	1	1	0.96	1	1	1
Contig84001987-98(REVERSESENSE)(Length :1890)_699.0	0.594	0.357	1	1	1	1	1	0.946
Contig84001987-98(REVERSESENSE)(Length :1890)_699.1	0.406	0.643	0	0	0	0	0	0.054
Contig36911588-44(REVERSESENSE)(Length :1545)_912.0	0.344	0.429	1	1	1	1	1	0.964
Contig36911588-44(REVERSESENSE)(Length :1545)_912.1	0.656	0.571	0	0	0	0	0	0.036
Contig1354487-1346(Length :1260)_465.0	0.469	0.464	1	1	0.983	0.923	1	1

Nom de l'allèle	CCAD1	CCAD2	FTFD1	FTFD2	RMOD1	RMOD2	TSPD1	TSPD2
Contig1354487-1346(Length :1260)_465.1	0.531	0.536	0	0	0.017	0.077	0	0
Contig5665740-87(REVERSESENSE)(Length :654)_327.0	0.625	0.679	1	1	0.966	1	1	1
Contig5665740-87(REVERSESENSE)(Length :654)_327.1	0.375	0.321	0	0	0.034	0	0	0
Contig176581020-262(REVERSESENSE)(Length :759)_604.0	0.656	0.643	0.844	0.7	0.931	0.981	1	1
Contig176581020-262(REVERSESENSE)(Length :759)_604.1	0.344	0.357	0.156	0.3	0.069	0.019	0	0
Contig154422427-805(REVERSESENSE)(Length :1623)_773.0	0.438	0.214	1	1	0.983	1	1	0.964
Contig154422427-805(REVERSESENSE)(Length :1623)_773.1	0.562	0.786	0	0	0.017	0	0	0.036
Contig41061732-416(REVERSESENSE)(Length :1317)_339.0	0.5	0.607	0.062	0	0.121	0.038	0	0
Contig41061732-416(REVERSESENSE)(Length :1317)_339.1	0.5	0.393	0.938	1	0.879	0.962	1	1
Contig16416625-65(REVERSESENSE)(Length :561)_190.0	0.938	1	1	1	0.982	1	0.66	0.692
Contig16416625-65(REVERSESENSE)(Length :561)_190.1	0.062	0	0	0	0.018	0	0.34	0.308
Contig51712-538(Length :537)_436.0	1	1	0.821	0.733	0.635	0.409	1	0.946
Contig51712-538(Length :537)_436.1	0	0	0.179	0.267	0.365	0.591	0	0.054
Contig848859-68(REVERSESENSE)(Length :792)_32.1	1	1	0	0	0.034	0.04	1	1
Contig848859-68(REVERSESENSE)(Length :792)_32.0	0	0	1	1	0.966	0.96	0	0
Contig63312-946(Length :945)_165.0	0.656	0.679	0.969	0.893	0.931	0.923	1	1
Contig63312-946(Length :945)_165.1	0.344	0.321	0.031	0.107	0.069	0.077	0	0
Contig112611182-550(REVERSESENSE)(Length :633)_147.0	0.667	0.679	1	1	1	1	1	1
Contig112611182-550(REVERSESENSE)(Length :633)_147.1	0.333	0.321	0	0	0	0	0	0
Contig9704782-195(REVERSESENSE)(Length :588)_435.0	0.136	0.077	1	1	0.92	0.87	0	0
Contig9704782-195(REVERSESENSE)(Length :588)_435.1	0.864	0.923	0	0	0.08	0.13	1	1

Tableau .36. – Fréquences alléliques des "outliers" détectés avec PCAdapt

## **E. Annexes du chapitre 4**



## F. Génomique des populations du Bryozoaire *Myriapora truncata*

### F.1. Brève introduction

*Myriapora truncata* (PALLAS 1766) est un bryozoaire de la famille des cheilostomes, bio-constructeur animal majeur des habitats coralligènes dans la région de Marseille. La dispersion est effectuée par une larve lécitotrophe dont la durée de vie dans la colonne d'eau a été mesurée à une journée dans des conditions de laboratoires. Des expériences en laboratoire et des transplants milieu naturel ont révélé une sensibilité de cet invertébré au réchauffement et à l'acidification des eaux océaniques. Une étude préliminaire a montré la présence d'haplogroupes du gène COI très différenciés dans la région de Marseille. Ces haplogroupes étant présents en sympatrie, ils correspondraient potentiellement à des espèces cryptiques au sein de cette espèce nominale. Pour déterminer si ces haplogroupes correspondent à des espèces cryptiques et ensuite étudier la génomique des populations chez ce bryozoaire nous avons suivi une approche similaire à celle suivie pour l'étude de la génomique des populations chez *Lithophyllum stictiforme*.

### F.2. Matériel et Méthodes

Un échantillonnage allant de Gibraltar à la Crète avec un effort plus important dans la région de Marseille a été réalisé (Figure .20). Les individus ont été récoltés selon le protocole d'échantillonnage décrit en section 0.6. Le marqueur de barcoding classique COI a été séquencé pour de nombreux individus. De façon analogue à *Lithophyllum*, des transcriptomes ont été séquencés, puis des sondes de capture ont été conçues à partir de ces transcriptomes. Ensuite, la réaction de capture et le séquençage ont été effectués à l'ICM. Les analyses bio-informatiques sont similaires à celle réalisées pour *Lithophyllum* et des résultats préliminaires de génomique des populations sont présentés ici.

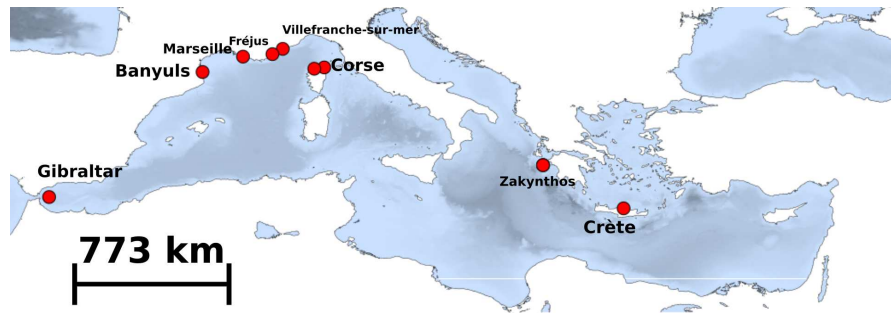


Figure .20. – Carte de la zone d'échantillonnage de *Myriapora truncata*.

### F.3. Premiers résultats

L'analyse des séquences de COI a montré la présence de différents haplogroupes correspondant partiellement à des origines géographiques différentes (Figure .21) :

- Les haplogroupes A, B et C sont trouvés en sympatrie sur les mêmes sites dans la région de Marseille.
- L'haplogroupe D n'est trouvé qu'à Banyuls.
- L'haplogroupe E n'est trouvé qu'à Gibraltar.
- L'haplogroupe F n'est trouvé que dans le bassin orientale.

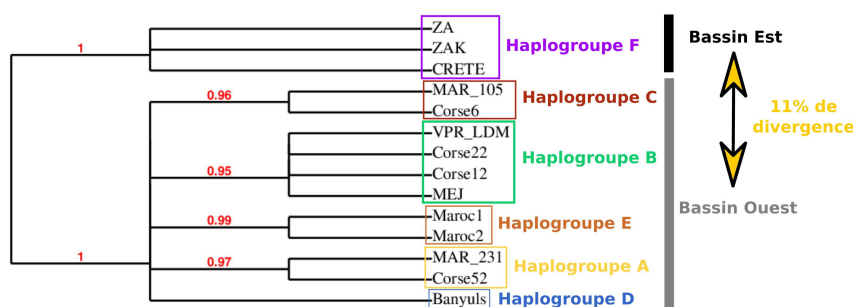


Figure .21. – Arbre phylogénétique du COI de *Myriapora truncata* réalisée avec la méthode du Neighbor-Joinning.

Les premiers résultats de génomique des populations montrent qu'on a une forte structure génétique à large échelle : forte différenciation entre les populations du bassin oriental et occidental (Figure .22). Dans le bassin occidentale ont a une forte différenciation entre les populations de Gibraltar de Banyuls de Corse et de Marseille (Figure .23). Lorsque l'on s'intéresse uniquement aux populations de Marseille (CCA et MEJ) et de Corse (BRL, IRG et ISN) la structure génétique est en adéquation avec la structure géographique (Figure .24). La différenciation génétique entre les deux populations de Marseille (CCA et MEJ) correspond à leur origine géographique et est indépendante de leur haplogroupe mitochondrial (Figure .25, Figure .26)

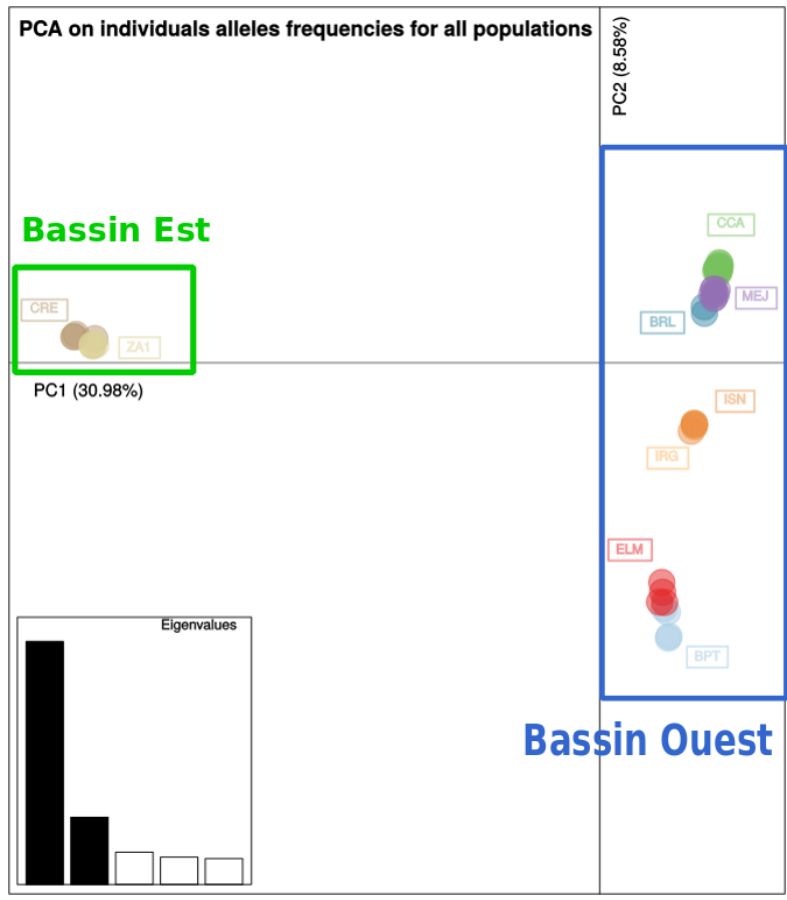


Figure .22. – ACP sur les génotypes multiloci de tous les individus de *Myriapora truncata*

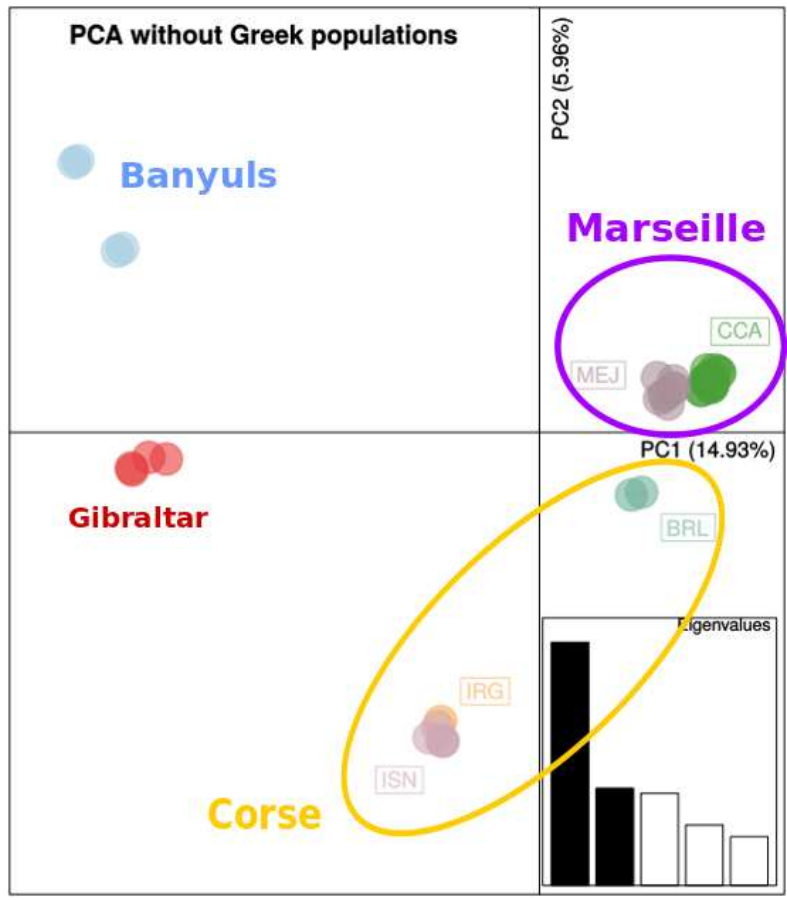


Figure .23. – ACP sur les géotypes multiloci des individus de *Myriapora truncata* du bassin ouest de la Méditerranée.

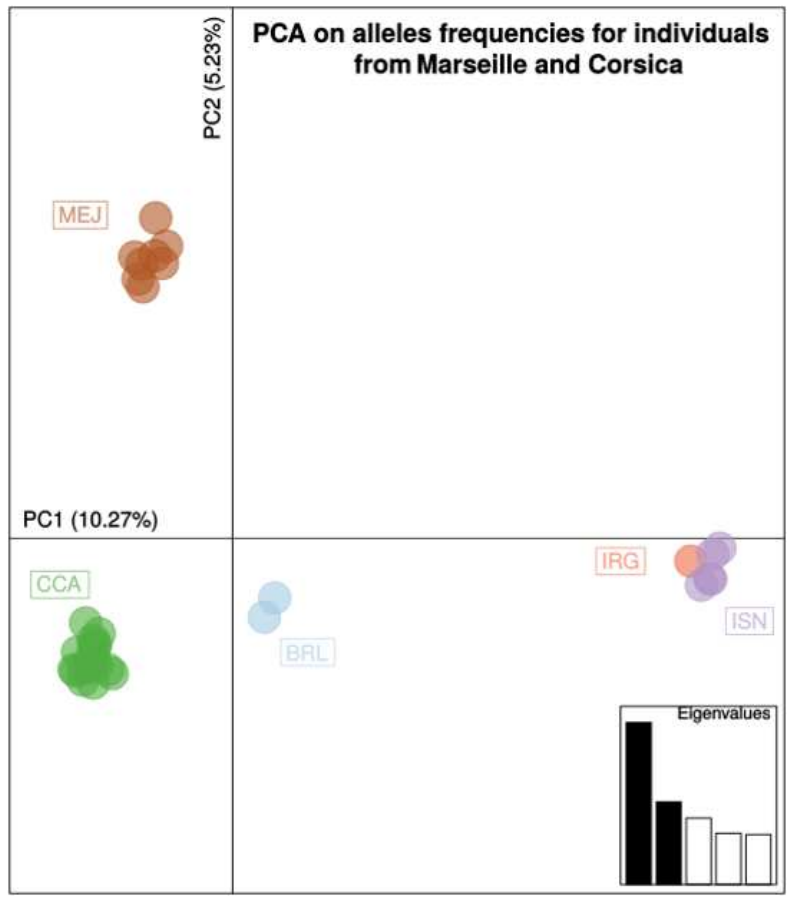


Figure .24. – ACP sur les génotypes multiloci des individus de *Myriapora truncata* de Marseille et de Corse.

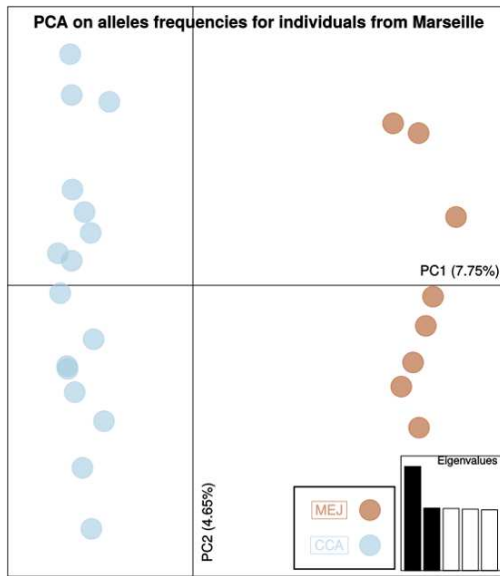


Figure .25. – ACP sur les génotypes multiloci des individus de *Myriapora truncata* des deux populations de Marseille. Les individus sont coloriés en fonction de leur origine géographique.

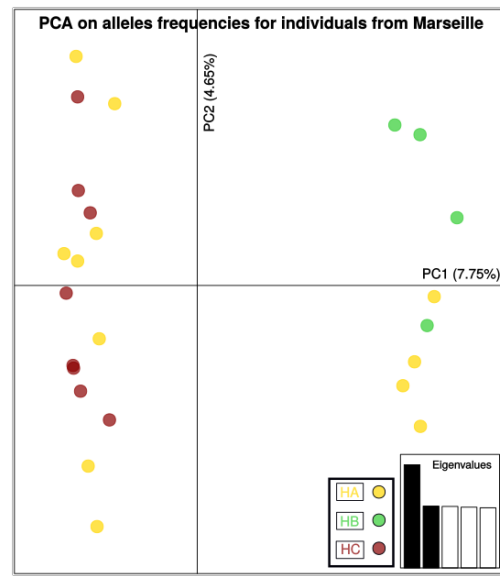


Figure .26. – ACP sur les génotypes multiloci des individus de *Myriapora truncata* des deux populations de Marseille. Les individus sont coloriés en fonction de leur haplogroupe mitochondrial.

## F.4. Discussion et perspectives

La forte différenciation entre les populations situées dans les bassins est et ouest de la Méditerranée suggère que ces lignées n'échangent plus de gènes depuis une période assez longue et que l'accumulation de différences génétiques entre elles puissent empêcher leur hybridation. On pourrait donc avoir des espèces cryptiques différentes dans les deux bassins.

Dans le bassin ouest la différenciation entre les populations de Corse, Marseille, Gibraltar et Banyuls résulte probablement de processus de dérive et de restriction de connectivité entre ces populations.

Dans les populations de Marseille, on observe des flux de gènes entre des haplogroupes mitochondriaux très divergents (entre l'haplogroupe A et l'haplogroupe C par exemple). Ce patron démontre que ce haplogroupe ne correspond pas à des espèces cryptiques différentes, mais pourrait être le résultat d'une divergence ancienne de ces populations suivi d'une remise en contact plus récente.

Environ 400 individus supplémentaires vont être génotypés. Nous pourrions ainsi tester le scénario de remise en contact et aussi tenter de détecter des loci sous sélection chez cette espèce. Enfin, la diversité génétique de ce bryzoaire sera aussi comparée avec la diversité génétique de *Lithophyllum stictiforme* et la diversité spécifique obtenue par métabarcoding.