COLLOQUE FRB / ACTES

Petits et percutants :
des projets de recherche sur la biodiversité

///// MERCREDI 4 DÉCEMBRE 2013 /////

MAISON DE LA CHIMIE, PARIS

Liberté • Égalité • Fraternité
RÉPUBLIQUE FRANÇAISE
Ministère de l'Écologie, du Développement durable et de l'Énergie

Liberté • Égalité • Fraternité
RÉPUBLIQUE FRANÇAISE
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE

FRB
FONDATION POUR LA RECHERCHE SUR LA BIODIVERSITÉ

Petits et percutants :
des projets de recherche sur la biodiversité

///// MERCREDI 4 DÉCEMBRE 2013 /////

MAISON DE LA CHIMIE, PARIS

Colloque de restitution de l'appel à projets lancé en 2009 par la Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité, le Ministère de l'Écologie, du Développement durable et de l'Énergie, et le Ministère de l'Enseignement supérieur et de la Recherche.

FRB
FONDATION POUR LA RECHERCHE SUR LA BIODIVERSITÉ

REMERCIEMENTS

Depuis 2009, l'organisation de l'appel à projets innovants a mobilisé tous les membres du conseil scientifique 2008–2013 de la FRB. Nous les remercions vivement pour leur investissement dans le développement du projet, le processus d'évaluation des propositions, puis le suivi des projets financés.

Nous souhaitons remercier les membres du comité d'organisation du colloque, qui ont rendu possible la préparation de cet événement : Thierry Bourgoin, Isabelle Doussan, Martine Hossaert, Jean-François Silvain, Hélène Soubelet et Simon Tillier.

Nous souhaitons tout particulièrement remercier le Ministère de l'Écologie, du Développement durable et de l'Énergie et le Ministère de l'Enseignement supérieur et de la Recherche qui, par leurs contributions financières ciblées sur ce programme et leur investissement, ont permis de soutenir un plus grand nombre de projets issus de cet appel qu'initialement prévu.

Un grand merci aussi aux membres de l'équipe de la FRB qui ont contribué à la préparation et au suivi de cet appel à projets depuis 2009, ainsi qu'à la préparation de cette brochure et du colloque de restitution.

Patrick Duncan
Président de la FRB

©FRB 2013

DIRECTEUR DE PUBLICATION : Bénédicte Herbinet

COORDINATION : Anne-Marie Le Bastard, Mathilde Letard, Elisabeth Paymal et Flora Pelegrin
DIRECTION ARTISTIQUE : Elisabeth Paymal
DESIGN GRAPHIQUE : Mathilde Letard
CRÉDITS PHOTOS : sauf indication contraire, les photos appartiennent aux chercheurs des projets. Les contacter pour toute demande de reproduction. Photos de couverture extraites des projets décrits.
Cartes géographiques d'après freevectormaps.com.
COUVERTURE : d'après un concept de MH Design / Maro Haas
IMPRIMÉ PAR : PROMOPRINT

SOMMAIRE

La Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité (FRB) > p.6

Les ministères qui ont soutenu directement ce programme > p.7

Programme de la journée > p.8

Le mot du président du Conseil Scientifique de la FRB 2008–2013 > p.10

L'appel à projets 2009 > p.12

Les projets proposés en quelques chiffres > p.13

Les projets financés en quelques chiffres > p.14

Liste des 56 projets financés par milieux et par thèmes > p.16

Index des projets par ordre alphabétique > p.17

LA FONDATION POUR LA RECHERCHE SUR LA BIODIVERSITÉ (FRB)

La Fondation pour la recherche sur la biodiversité (FRB) constitue un point de convergence entre les différents acteurs scientifiques et de la société concernés par la biodiversité. La FRB assure un dialogue entre pouvoirs publics, acteurs de la société et acteurs de la recherche sur la biodiversité, au niveau national, européen et international pour coordonner et soutenir la recherche scientifique dans ce domaine, en lien avec les enjeux de la société. Développer études, prospectives et synthèses, mobiliser l'expertise interdisciplinaire, et diffuser les connaissances sont autant d'actions au cœur de son dispositif. La FRB a été fondée en 2008, suite au « Grenelle de l'environnement », par les Ministères en charge de la recherche et de l'écologie, et créée par huit établissements publics de recherche (BRGM, CIRAD, CNRS, IFREMER, INRA, IRD, IRSTEA, MNHN). Une centaine de structures, associations, entreprises, gestionnaires ou collectivités, ont rejoint la FRB autour d'un but : relever ensemble les défis scientifiques de la biodiversité.

The Foundation for Research on Biodiversity (FRB) is an interface between different scientific and society stakeholders in biodiversity issues. FRB fosters a dialogue between public authorities, social and scientific stakeholders in the field of biodiversity, at the national, European and international levels. It coordinates and supports scientific research on the dynamics of biodiversity. Its programmes cover data, syntheses and modelling for scenarios of change, using cross-disciplinary approaches; and dissemination of knowledge is also at the heart of its activity. FRB was launched in 2008, after the «Grenelle de l'Environnement» by the ministries in charge of research and ecology, its founder members are 8 public research institutions (BRGM, CIRAD, CNRS, IFREMER, INRA, IRD, IRSTEA, and MNHN). Over one hundred of institutions, associations, industries, and managers or public organisations have joined FRB and share one goal : resolving the scientific challenges of biodiversity.

LES MINISTÈRES QUI ONT SOUTENU DIRECTEMENT CE PROGRAMME

MINISTÈRE DE L'ÉCOLOGIE, DU DÉVELOPPEMENT DURABLE ET DE L'ÉNERGIE

La préservation et la restauration de la biodiversité constituent depuis longtemps une politique importante du ministère en charge de l'écologie (MEDDE). L'enjeu principal est de réussir à mettre en œuvre, de façon cohérente et efficace, tous les outils disponibles pour éviter les impacts, réduire les pressions ou compenser les pertes sur la biodiversité avec l'aide d'acteurs multiples (opérateurs, usagers, décideurs).

Il s'agit également d'évaluer correctement les dommages subits par la biodiversité, mais aussi les services qu'elle rend pour infléchir l'élaboration des politiques publiques, tant au niveau français qu'européen ou international, afin que la préservation de la biodiversité soit prise en compte à chaque instant et qu'elle demeure un enjeu majeur.

La progression des connaissances scientifiques est à ce titre une absolue nécessité qui a été confortée par la récente Stratégie Nationale pour la Biodiversité (2011–2020) réaffirmant l'importance du soutien et de l'animation des activités de recherche sur la biodiversité et leur valorisation, dans les domaines biologique, socio-économique et juridique.

Le MEDDE a donc soutenu techniquement et financièrement l'appel à projets lancé en 2009 par la fondation pour la biodiversité, véritable partenaire du MEDDE dans le dialogue science/société/décideurs ainsi que dans la production de données et d'analyses scientifiques validées, actualisées et robustes. Le MEDDE a également financé directement trois projets supplémentaires sur l'adaptation de la micro flore des récifs coralliens au changement climatique, la biodiversité ordinaire, et les services éco systémiques.

MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE

Fondée en 2008 dans le cadre de la loi-programme pour la recherche, la FRB a pour objectif de permettre l'action collective des organismes de recherche et des entreprises dans un domaine scientifique émergent où les acteurs sont géographiquement et institutionnellement dispersés. Au-delà des actions de coordination et d'appui à la recherche communes à toutes les fondations de coopération scientifique (FCS), la FRB permet une réponse collective aux besoins scientifiques des politiques publiques, en subsidiarité avec ses fondateurs, notamment au niveau international.

L'efficacité de la FRB dans l'accomplissement de ses missions requiert à la fois que les chercheurs prennent conscience de leur appartenance à une même communauté scientifique, que cette communauté soit visible, et qu'elle s'approprie l'outil que constitue la FRB pour le développement et la mise en valeur des recherches que mènent ses membres. L'appel à projets de 2009 a permis l'un des premiers pas, suivi de beaucoup d'autres, vers ces objectifs. Très largement ouvert et suivi d'une procédure de sélection rigoureuse, il a mis en évidence la richesse et la qualité d'une recherche française sur la biodiversité à présent pleinement reconnue.

Quatre ans après l'AAP, le paysage national et international de la recherche sur la biodiversité a changé mais la FRB s'adapte : à l'Alliance pour l'Environnement AllEnvi lancée en 2011, elle fournit une structure opérationnelle collective pour coordonner et appuyer la recherche sur la biodiversité ; à la plate-forme française de l'IPBES, elle apporte son savoir-faire en matière de soutien scientifique à la participation française aux initiatives internationales. Comme dans toutes les initiatives scientifiques, ce sont l'investissement et la qualité des chercheurs qui font la qualité du service rendu. Les résultats de l'AAP 2009, tels qu'ils apparaissent ici, montrent que ceux-ci sont au rendez-vous.

PROGRAMME

MERCREDI 4 DÉCEMBRE 2013

9h00 — **Accueil des participants**

9h30
Ouverture

- **Patrick Duncan,** président de la Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité (FRB)
- **Didier Hoffschir,** conseilleur scientifique auprès du Directeur général de la Recherche et de l'Innovation, Ministère de l'Enseignement supérieur et de la Recherche
- **Claire Hubert,** chef du service de la recherche, Commissariat général au développement durable, Ministère de l'Écologie, du Développement durable et de l'Énergie
- **Jean-François Silvain,** président du Conseil Scientifique de la FRB 2008–2013

10h10
Projets

Modérateur
Francis Garrido,
BRGM

- ARCHEVIR Métagénome et diversité des virus d'archées (Archéovirus) hyperhalophiles (Lac Rose, Sénégal)
  François Enault, UMR CNRS 6023, Université Blaise Pascal, Clermont-Ferrand 2, Aubière
- DiVaLor Valorisation de la diversité bactérienne des sols et de son service écologique rendu : application à la protection de cultures légumières afin de limiter l'utilisation de produits phytosanitaires toxiques
  Denis Faure, Institut des Sciences du Végétal, CNRS, Gif-sur-Yvette
- DNAworm Tracking earthworm communities from DNA remains in soil samples using next generation sequencers
  Pierre Taberlet, UMR 5553, Laboratoire d'Écologie Alpine, Université Joseph Fourier, CNRS, Grenoble
- EVDYSEM Evolutionary Dynamics of Seminal Peptides in Drosophila
  Paul Millares, UPR 9034-CNRS, Laboratoire Évolution, Génomes et Spéciation, Gif-sur-Yvette
- BIOWOOD Biodiversity of deep-sea sunken wood ecosystems
  Sarah Samadi, UMR 7138, Systématique Adaptation Évolution, MNHN, Paris

11h10 — **Pause café**

11h40
Projets

Modérateur
Christophe Thébaud,
Université de Toulouse

- POP-MED Populations de post-larves en Méditerranée
  Séverine Pristchepa, Écocean, Saint Clément de Rivière
- VORTEX Extinctions chez les hyménoptères : gènes, comportements, et dynamique des populations goulotées
  Xavier Fauvergue, UMR ISA (Institut Sophia Agrobiotech), INRA-CNRS-UNSA, Sophia-Antipolis
- TRIFONGI Tripartisme et fongiculture dans les interactions entre plantes myrmécophytes et fourmis du genre *Allomerus*
  Jérome Orivel, UMR Écologie des Forêts de Guyane, Kourou, Guyane française
- RESPIRS Root Economics Spectrum and InfraRed Spectroscopy
  Catherine Roumet, UMR 5175, CEFE, CNRS, Montpellier
- ADEPOL Adaptation des systèmes de reproduction des plantes face au déclin des pollinisateurs
  Michel Thomann, UMR 5175, CEFE-CNRS 1919, Montpellier

12h40 — **Déjeuner**

14h10
Projets

Modérateur
François Sarrazin,
UPMC

- MARMIPED Marqueurs biogéochimiques des Migrations des Poissons d'Eau Douce en Amazonie
  Marc Pouilly, UMR Biologie des Organismes et Ecosystèmes Aquatiques, MNHN, IRD, CNRS, UPMC, Paris
- I3iaSEAB Introducing 3-item analysis in the study of South East Asia Biogeography
  Visotheary Riviere-Ung, UMR 7207 CNRS, UPMC, MNHN, Paris
- RESICOD Résilience des communautés : rôle du couplage entre diversités taxonomique et fonctionnelle, les poissons de récif pour modèle
  Michel Kulbicki, UR 227 CoReUs, IRD, Banyuls-sur-Mer
- FABIO L'indépendance spatiale des différentes facettes de la biodiversité : un nouveau challenge pour la conservation
  Vincent Devictor, UMR5554, Institut des Sciences de l'Evolution, Université Montpellier 2, Montpellier

15h00
Projets

Modérateur
Isabelle Mauz,
Irstea

- PROWILLAP Méthodologie pour traduire et démontrer la biocomplexité d'écosociosystèmes : application à l'évolution de la biodiversité de la Baie Willapa
  Guy Fontenelle, UMR ESE 0985 Pôle halieutique, Agrocampus Ouest, Rennes
- SENTIMIEL Des abeilles et des hommes : savoirs locaux naturalistes, apicollecte et changement global
  Edmond Dounias, CNRS, UMR 5175 CEFE, IRD, Montpellier ET UMR Gouvernance Risque Environnement Développement, IRD, Montpellier
- COREPOM Exploration de diverses collections de ressources génétiques de pommier pour la construction d'une core collection représentative de la biodiversité cultivée à l'échelle nationale
  Charles-Éric Durel, UMR1345 INRA, Institut de Recherche en Horticulture et Semences (IRHS), Beaucouzé-Angers
- BIOMER Modélisation bioéconomique, théorie des jeux, et co-viabilité pour la gestion des pêches et de la biodiversité marine
  Jean-Christophe Pereau, UMR 5113, Université de Bordeaux, GRETHA, CNRS, Bordeaux
- BREDOMAT La biodiversité en réseaux : de la décision aux outils ou comment mailler le territoire ?
  Magalie Franchomme, UFR de Géographie et Aménagement, Laboratoire Territoires, Villes, Environnement et société, Université de Lille 1, Villeneuve d'Ascq

16h00 **Pause café**

16h20
Bilan et intérêt de l'AAP 2009

Thierry Bourgoin, MNHN, et Isabelle Doussan, INRA, membres du Conseil Scientifique de la FRB

16h40
Table ronde

Animateur
Jane Lecomte,
Université Paris-Sud

Flora Pelegrin, responsable du pôle Stratégie et Animation scientifiques, FRB
Hélène Soubelet, chef de la mission biodiversité et gestion durable des milieux, service de la recherche Commissariat général au développement durable, Ministère de l'Écologie, du Développement durable et de l'Énergie
François Letourneux, président du Conseil d'Orientation Stratégique (COS) de la FRB
Benoit Fauconneau, secrétaire exécutif, AllEnvi
un membre du Conseil Scientifique de la FRB

17h20
Conclusion

Patrick Duncan, président de la FRB

LE MOT DU PRÉSIDENT DU CONSEIL SCIENTIFIQUE DE LA FRB 2008–2013

JEAN-FRANÇOIS SILVAIN
Président du conseil scientifique de la FRB
2008–2013

En mai 2009, à l'instigation du conseil scientifique de la FRB, celle-ci a ouvert, avec des soutiens fléchés des ministères de l'écologie et de la recherche, un appel à projets innovants sur la biodiversité. L'idée de lancer un appel très ouvert, visant à soutenir des projets scientifiquement innovants sur la biodiversité, prise au sens large, avait germé dans les derniers temps du conseil scientifique de l'IFB (Institut français de la biodiversité). Cette idée a été reprise par le conseil scientifique de la FRB au printemps 2009 avec l'aval de la direction de la fondation et de son Conseil d'administration. Le conseil scientifique voyait dans cet appel un moyen simple et direct d'apporter à la communauté scientifique française l'aide dont elle semblait avoir besoin pour tester ou conforter des projets de recherche originaux « à risque » dans le champ de l'étude de la biodiversité ; projets qui ne pouvaient pas être financés sur les budgets récurrents des unités de recherche et qui ne pouvaient pas non plus faire l'objet de projets type ANR de par leur caractère trop exploratoire. L'autre idée était de préparer des équipes à la mise sur pieds de projets de plus grande envergure, projets qui pourraient être soumis à l'ANR qui avait alors un programme biodiversité spécifique, ou à d'autres guichets financiers. Derrière tout cela, il y avait aussi l'idée de lancer une opération emblématique qui permettrait de faire connaître la FRB dans les laboratoires français.

Preuve que cet appel ciblait effectivement un manque important pour la communauté scientifique, l'appel à projets a connu un succès considérable, avec 418 projets reçus. Le conseil scientifique s'est alors retrouvé devant un véritable défi : assurer, en un temps limité, l'évaluation scientifique de ces projets, couvrant un éventail très large de thématiques scientifiques. Dans le même temps, la direction de la FRB a travaillé à élargir la base financière de cet appel, ce qui a été rendu possible grâce à la participation du ministère de l'écologie et du ministère de la recherche, la FRB augmentant dans le même temps sa mise de fond de manière à ce qu'un nombre significatif de projets puissent être financés. Au terme de cette forte mobilisation, tant pour l'évaluation que pour la recherche de financement, 53 projets de recherche ont pu être soutenus, chiffre auquel on doit ajouter trois projets de la liste complémentaire directement financés par le MEDDE. Même si la proportion de projets retenus reste faible au regard du nombre de candidats, l'appel a aussi le mérite d'avoir fait connaître la FRB dans un très grand nombre de laboratoires français, tant universitaires que relevant des différents instituts de recherche qui constituent la trame du dispositif français et dans la plupart des régions de France métropolitaine et d'outre-mer.

Le conseil scientifique (CS) de la FRB a bien été conscient du fait que lancer un tel appel à projets thématiquement « blanc », dans le jargon de la recherche, ouvrait la porte à des critiques. Critiques de certains instituts fondateurs qui ont pu mal comprendre qu'un tel appel ne tire pas bénéfice

des premières priorités thématiques de la prospective sur la recherche française en biodiversité que le CS avait élaborée, critiques aussi du Conseil d'Orientation Scientifique (COS) de la FRB qui n'a pas été directement associé à cette initiative. Mais face au succès considérable de l'appel, les membres du conseil scientifique, tout en les prenant en compte, ont relativisé ces critiques considérant que le très grand nombre des réponses montrait combien une telle initiative était attendue dans le champ de la recherche sur la biodiversité.

Aujourd'hui, plus de trois ans après la notification des financements, nous pouvons nous livrer à l'exercice d'évaluation et de restitution des projets retenus en 2009, ainsi qu'à une analyse globale de la valeur ajoutée de cet appel, objet de la table ronde organisée en fin de journée. L'essentiel des rapports finaux des projets a fait l'objet d'une analyse critique par les membres du CS, analyse complétée par une étape d'identification des projets réussis les plus emblématiques de l'appel. Ce travail mené par deux membres du CS a été présenté au comité de pilotage du colloque, associant la FRB et les ministères concernés, afin de choisir les 19 projets qui seront présentés lors de cette journée devant les scientifiques et les porteurs d'enjeux.

Nous allons donc tous ensemble pouvoir estimer si l'appel à projet 2009, au-delà de son succès quantitatif, aura été aussi un succès au plan scientifique, faisant avancer la science dans le champ si diversifié de la biodiversité et ayant permis aux chercheurs impliqués d'utiliser cette aide pour aller porter leurs interrogations scientifiques, confortées et étayées au travers de consortium de plus grande ampleur, vers d'autres systèmes de financement nationaux ou internationaux. Personnellement je ne doute pas de ce succès au vu des comptes-rendus de projets que j'ai pu lire.

Demain se posera la question de l'éventualité d'un autre appel à projets de ce type. De nombreux chercheurs y seraient très favorables, même si le contexte budgétaire s'y prête mal. Bien évidemment un tel appel ne pourrait pas être la copie de celui dont nous allons discuter car beaucoup de choses ont changé dans le paysage de la recherche, mais on doit garder cette option à l'esprit.

Je terminerai en remerciant tous les acteurs qui ont permis le succès de cet appel à projet : de son montage, à l'évaluation des projets et à la mise en place des financements et des conventions, jusqu'au suivi des projets, dont la vie a parfois été semée de difficultés. Je remercie également ceux qui ont assuré la collecte des rapports finaux, leur évaluation et leur analyse, et ceux qui ont permis l'organisation de cette journée. Donc merci à toutes et à tous pour ce travail de grande ampleur au service de la recherche sur la biodiversité.

L'APPEL À PROJETS 2009

OBJECTIFS ET MISE EN ŒUVRE

A l'instigation de son Conseil scientifique, la FRB a lancé en 2009, avec le soutien des ministères de l'écologie et de la recherche un appel à projets de recherche (AAP) « innovants » sur la biodiversité, avec un financement de l'ordre de 40 000 € par projet.

Les objectifs étaient de :

- permettre de tester ou conforter des projets originaux « à risque »,
- préparer les équipes à la mise sur pieds de projets de plus grande envergure.

Cet appel était volontairement très ouvert, posant comme seules conditions pour les projets d'être scientifiquement innovants et de traiter de biodiversité au sens large : de la molécule à l'écosystème et au paysage, sans oublier les savoirs et les pratiques locaux, les services liés à la biodiversité et le rôle de l'évolution. Les approches tant fondamentales qu'appliquées, conceptuelles ou expérimentales étaient acceptées ; elles pouvaient relever aussi bien des disciplines biologiques que des sciences humaines et sociales et concerner la biodiversité domestique ou sauvage, marine ou terrestre, actuelle ou passée. Les projets associant chercheurs et acteurs de la société civile étaient souhaités.

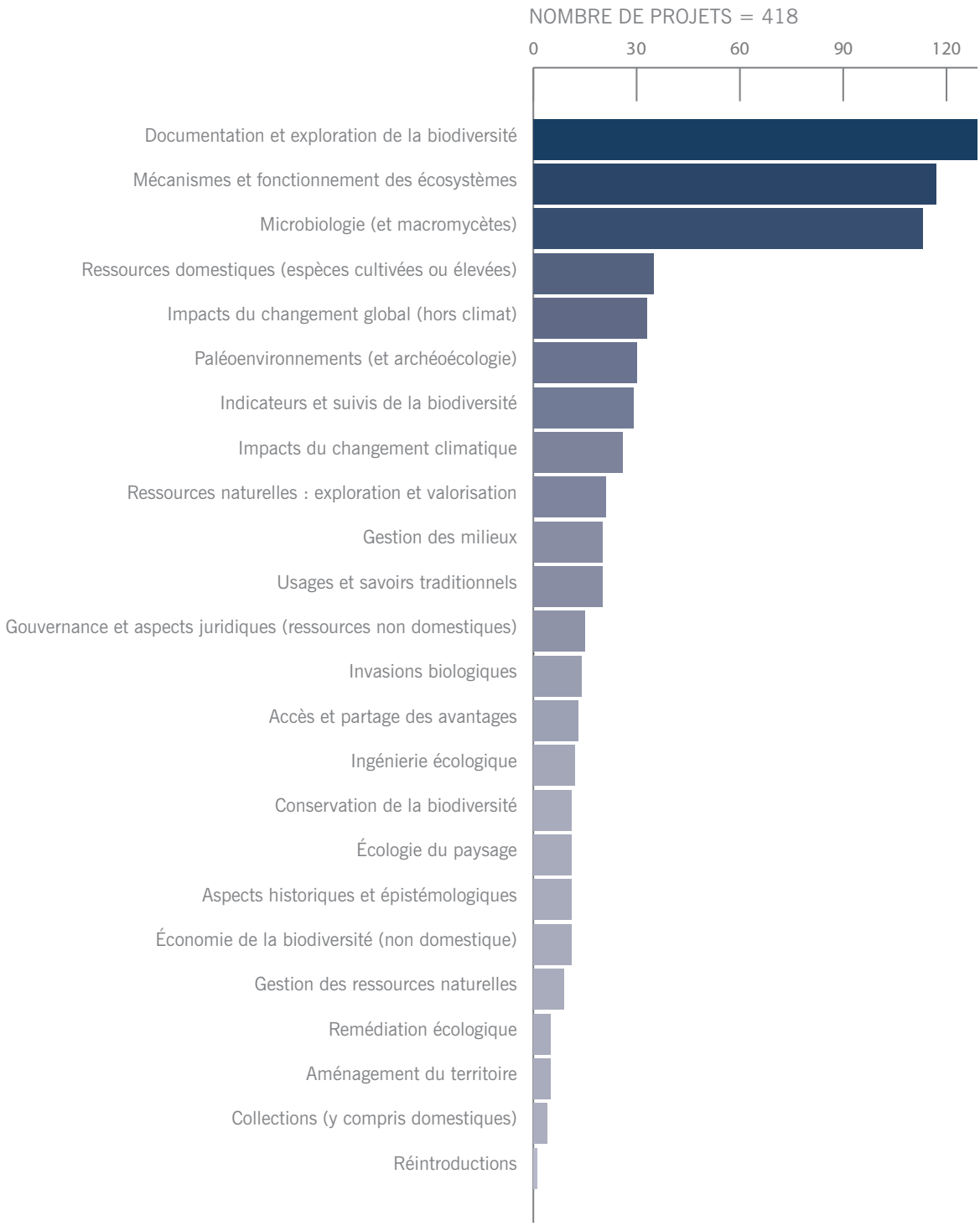
Lancé en mai 2009, l'AAP a connu un vif succès auprès de la communauté scientifique française, avec 418 projets soumis. Face au nombre considérable de dossiers, le conseil scientifique et l'équipe opérationnelle de la FRB se sont fortement mobilisés pour permettre une évaluation de qualité, faisant appel à des experts extérieurs, ainsi qu'à un rapporteur et un lecteur au sein du comité scientifique pour chaque dossier. Au total, plus de mille expertises ont été réalisées.

À l'issue du processus d'évaluation, et au regard du nombre de projets, la FRB s'est fortement mobilisée pour trouver des financements complémentaires permettant de soutenir le plus grand nombre de projets possible. Ce sont finalement 53 projets de recherche qui ont pu être soutenus, pour un financement de 1 701 390 €. Le Ministère de la recherche a apporté un soutien spécifique de 200 000 € (environ 12% de l'effort total) et le ministère de l'écologie un soutien de 600 000 € (environ 35% de l'effort). Celui-ci a aussi financé directement 3 projets supplémentaires.

Pour en savoir plus
www.fondationbiodiversite.fr/appel-a-projets/appels-a-projets-innovants-frb-2009

LES PROJETS PROPOSÉS EN QUELQUES CHIFFRES

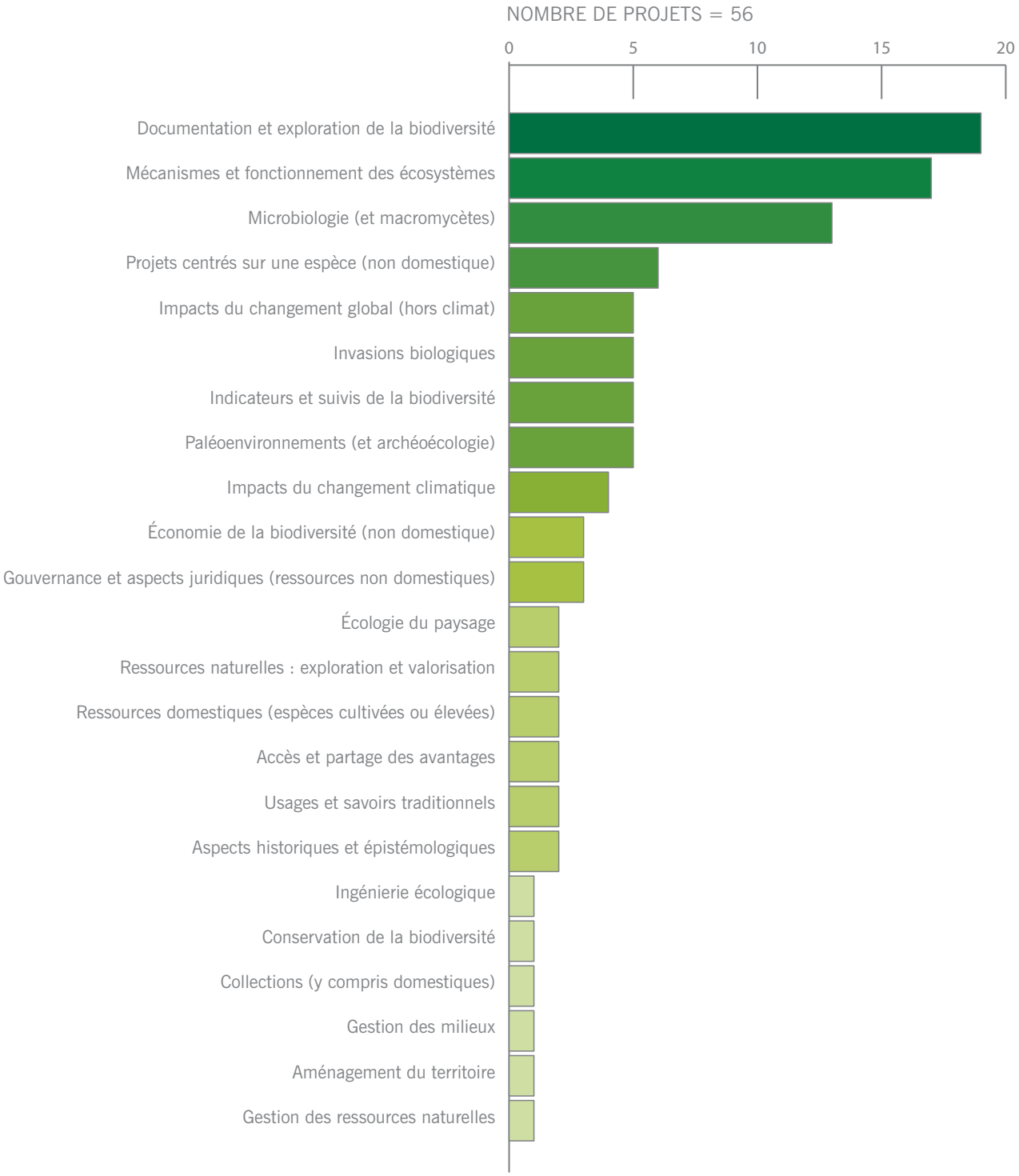
THÉMATIQUES SCIENTIFIQUES DES 418 PROJETS



Les projets peuvent être comptés plusieurs fois. Les catégories ne sont pas exclusives.

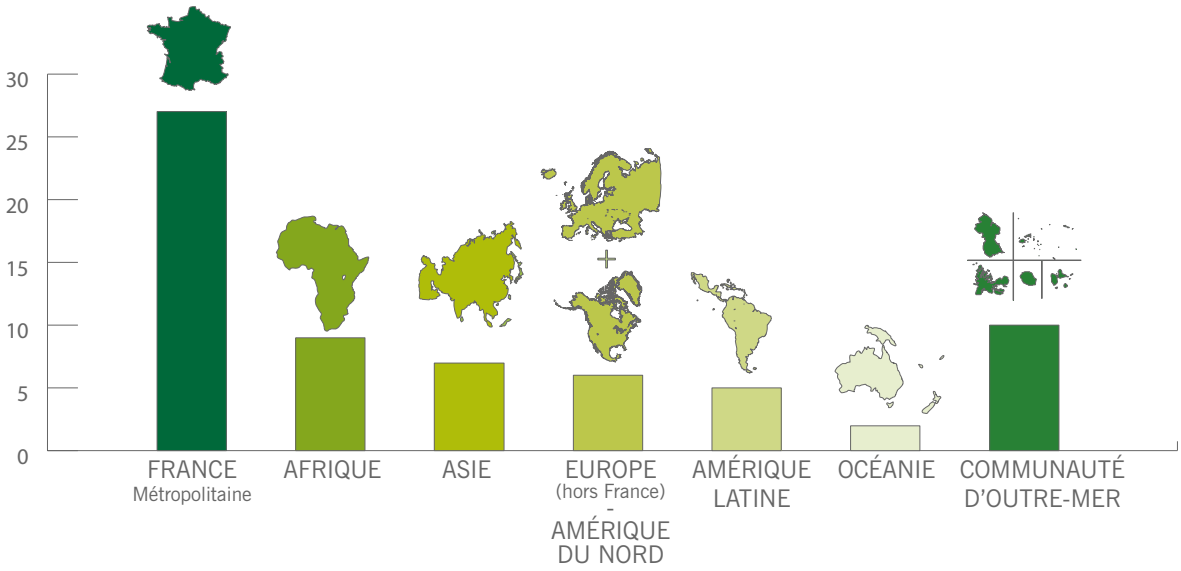
LES PROJETS FINANCÉS EN QUELQUES CHIFFRES

THÉMATIQUES SCIENTIFIQUES DES 56 PROJETS FINANCÉS

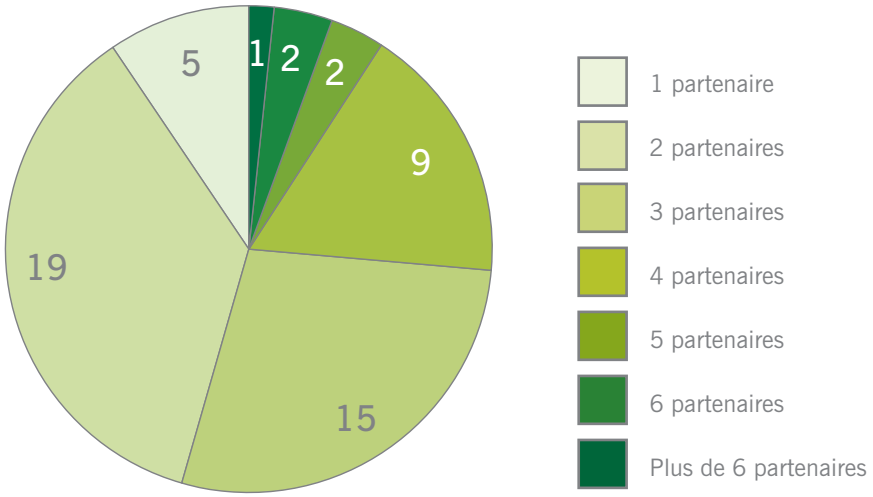


Les projets peuvent être comptés plusieurs fois. Les catégories ne sont pas exclusives.

RÉPARTITION GÉOGRAPHIQUE DES TERRAINS D'ÉTUDE DES PROJETS



RÉPARTITION DES PROJETS PAR NOMBRE DE PARTENAIRES



LISTE DES 56 PROJETS
PAR MILIEUX ET PAR THÈMES

Marin	BIODIVMED	p.24
	BIOMER	p.25
	BIOWOOD	p.27
	DIVVIR	p.41
	INVALEX	p.55
	PHYLODIV	p.61
	PICOPOP	p.62
	POP-MED	p.63
	PROWILLAP	p.64
	RESICOD	p.65
Insulaires	COTEAU	p.35
	IMMINV	p.53
	RESICOD	p.65
Forêt	ATROPHY	p.21
	BIOSOUND	p.26
	CERCODIV	p.30
	EMOTIF	p.44
	ENDOFYT	p.45
	FRENETIC	p.48
Milieux non exploités	BAGAM	p.22
	CERCODIV	p.30
	COMBIO	p.32
	CORSEPYR	p.34
	DREAMS	p.44
	EVDYSEM	p.46
	FABIO	p.47
	FYNBOS I	p.49
	FYNBOS II	p.50
	I3IASEAB	p.52
	MICBROME	p.57
	MIDACOR	p.58
	MORPHALE	p.60
	S-ALLEE	p.67
	TRIFONGI	p.70
	VORTEX	p.72
	WASPREY	p.73
Eaux douces	ANGIODRY	p.19
	ARCHEVIR	p.20
	COTEAU	p.35
	DIP	p.36
	MARMIPED	p.56
Sol	DIVALOR	p.38
	DNAWORM	p.42
	INDICS	p.54
	MIGRAMD	p.59
	RESPIRS	p.66
	TOPOBIOV	p.69
Milieux agricoles	ADEPOL	p.18
	BORADMIX	p.28
	COMBIO	p.32
	COREPOM	p.33
	DIPERSAP	p.37
	DIVALOR	p.38
	DIVAPHID	p.39
	DIVESTO	p.40
	FYNBOS II	p.50
	SENTIMIEL	p.68
	WASPREY	p.73
Milieu urbain	URBANGEN	p.71
Gouvernance Juridique	BIODISER	p.23
	BREDOMAT	p.29
	CLEVERT	p.31
	EMOTIF	p.44
	FABIO	p.47
	GBD-EXP	p.51

Un projet peut appartenir à plusieurs thèmes.

INDEX DES PROJETS
PAR ORDRE ALPHABÉTIQUE

ADEPOL	p.18	DIVALOR	p.38	MARMIPED	p.56
ANGIODRY	p.19	DIVAPHID	p.39	MICBROME	p.57
ARCHEVIR	p.20	DIVESTO	p.40	MIGRAMD	p.59
ATROPHY	p.21	DIVVIR	p.41	MORPHALE	p.60
BAGAM	p.22	DNAWORM	p.42	PHYLODIV	p.61
BIODIVMED	p.24	DREAMS	p.43	PICOPOP	p.62
BIOMER	p.25	EMOTIF	p.44	POP-MED	p.63
BIOSOUND	p.26	ENDOFYT	p.45	PROWILLAP	p.64
BIOWOOD	p.27	EVDYSEM	p.46	RESICOD	p.65
BORADMIX	p.28	FABIO	p.47	RESPIRS	p.66
BREDOMAT	p.29	FRENETIC	p.48	S-ALLEE	p.67
CERCODIV	p.30	FYNBOS I	p.49	SENTIMIEL	p.68
COMBIO	p.32	FYNBOS II	p.50	TOPOBIOV	p.69
COREPOM	p.33	GBD-EXP	p.51	TRIFONGI	p.70
CORSEPYR	p.34	I3IASEAB	p.52	URBANGEN	p.71
COTEAU	p.35	IMMINV	p.53	VORTEX	p.72
DIP	p.36	INDICS	p.54	WASPREY	p.73
DIPERSAP	p.37	INVALEX	p.55		

LES PROJETS DIRECTEMENT FINANCÉS PAR LE MINISTÈRE DE L'ÉCOLOGIE, DU DÉVELOPPEMENT DURABLE ET DE L'ÉNERGIE

BIODISER	p.23	CLEVERT	p.31	MIDACOR	p.58

ADEPOL // ADAPTATION DES PLANTES AU DÉCLIN DES POLLINISATEURS

PORTEUR DU PROJET : **PIERRE-OLIVIER CHEPTOU**,
UMR 5175, CEFE-CNRS 1919, MONTPELLIER

Contact : pierre-olivier.cheptou@cefe.cnrs.fr

Le projet ADEPOL visait à analyser la réponse adaptative des plantes sauvages face au déclin des pollinisateurs. En utilisant les graines anciennes des conservatoires, la différenciation entre populations avant déclin et populations actuelles a pu être analysée (en Belgique et dans le nord de la France où le déclin est avéré).

Travail expérimental : En cultivant en jardin commun les graines de trois espèces échantillonnées il y a quelques décennies et conservées par les conservatoires (populations ancestrales), et les graines échantillonnées en 2010 aux mêmes localités (populations actuelles), les changements évolutifs contemporains ont été analysés sur quatre classes de traits :

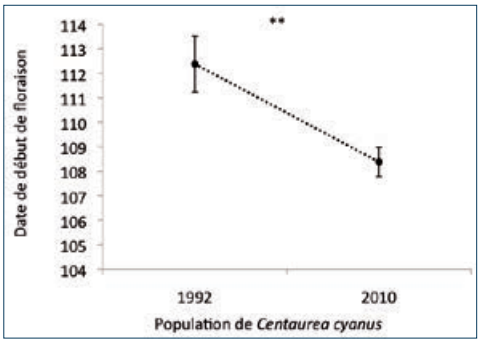
1. les traits floraux liés à l'attraction des pollinisateurs,
2. la capacité d'autofécondation autonome,
3. les traits liés à l'investissement femelle,
4. la phénologie de floraison.

Le résultat majeur est la mise en évidence de changements évolutifs contemporains, en particulier, l'avancée de la date de floraison pour les populations récentes. Les changements des traits floraux pour les différentes espèces suggèrent deux directions d'évolution :

1. renforcement de l'attraction des pollinisateurs,
2. affranchissement vis-à-vis des pollinisateurs (autofécondation).

Cette étude montre que les traits floraux sont susceptibles d'évolution rapide, en une vingtaine de générations seulement.

Travail bibliographique : En se basant sur l'abondante littérature concernant les systèmes de reproduction chez les plantes, notre revue bibliographique a analysé les possibilités d'adaptation face au déclin des pollinisateurs : force de la limitation pollinique exercée par le déclin des pollinisateurs, capacité des traits floraux à répondre à la sélection (héritabilité), influence sur la démographie des populations (taux d'accroissement, stochasticité démographique et environnementale). Ce travail montre que l'adaptation sur le court terme est possible, mais il suggère aussi que le maintien à long terme des populations pourrait être affecté.



Évolution de la date de début de floraison pour les populations anciennes (1992) et actuelles (2010) chez le bleuet.

Exemple d'espèce modèle étudiée : le bleuet (*Centaurea cyanus*) issu des collections du CBNB.

CONCLUSION

Des travaux théoriques sur l'évolution des traits de reproduction montrent que la limitation en pollinisateurs pourrait affecter non seulement les systèmes de reproduction mais aussi d'autres traits comme la dispersion. Néanmoins, le fait le plus marquant de ce travail est d'avoir mis en évidence des changements évolutifs contemporains des systèmes de reproduction sur plusieurs espèces « modèles » face aux changements globaux.

PUBLICATIONS

Thomann M, Imbert E, Devaux C, Cheptou P-O (2013) Flowering plants under global pollinator decline. *Trends in Plant Science*, 18(7) : 353-359.

Renoult J , Thomann M, Schaefer H.M, Cheptou P-O (2013) Selection on quantitative colour variation in *Centaurea cyanus:* the role of the pollinator's visual system, *Journal of Evolutionary Biology* (early view)

ANGIODRY // RÉPONSES PLASTIQUES DES ANGIOSPERMES AQUATIQUES AUX EXONDATIONS/ DÉTERMINISMES MORPHOLOGIQUES, ANATOMIQUES ET PHYLOGÉNÉTIQUES, ET CONSÉQUENCES DANS LE CONTEXTE DU CHANGEMENT CLIMATIQUE

PORTEUR DU PROJET : **BORNETTE GUDRUN**,
UMR CNRS 5023 ECOLOGY OF FLUVIAL HYDROSYSTEMS, UNIVERSITÉ C. BERNARD LYON 1, VILLEURBANNE

Contact : gudrun.bornette@univ-lyon1.fr

Les milieux aquatiques (lacs, étangs, rivières) sont fortement menacés par le changement global, et en particulier par des assèchements de plus en plus fréquents et intenses. Dans ces milieux, des plantes à fleurs assurent de nombreux services écologiques essentiels (nourriture pour les populations humaines et nourriture et abris pour les animaux, épuration des eaux, captation du CO2 atmosphérique, maintien d'eaux claires, de chaînes trophiques complexes et d'une faune et d'une flore diversifiée). La manière dont ces plantes peuvent résister aux assèchements liés au changement global est donc particulièrement importante pour la conservation de cette biodiversité. Cette résistance dépend en partie de leur plasticité phénotypique pour survivre dans l'air.

Le projet a permis de démontrer que de nombreuses espèces de plantes aquatiques étaient capables de présenter un phénotype terrestre, et que cette capacité était liée à :

1. leur appartenance phylogénétique, qui informe en partie sur l'ancienneté de leur présence dans le milieu aquatique,
2. leur forme de croissance, qui détermine l'organe sur lequel repose la nécessité d'ajustement phénotypique (feuille ou tige),
3. leur niche écologique, les espèces considérées comme hydrophytes dans la littérature, montrant une tendance à présenter des feuilles moins dissectées et une taille très inférieure en conditions émergées, tandis que les amphiphytes tendent en général à présenter une taille et une biomasse plus grande, et des feuilles plus larges en conditions émerses.

Le travail a également démontré de manière expérimentale que les espèces montrent des ajustements d'autant plus rapides et performants qu'elles sont caulescentes, et passées récemment à la vie aquatique.

Les caractéristiques biomécaniques des espèces relèvent de deux tactiques : soit une augmentation de la section transversale des organes soumis à l'exondation, soit une production de tissus plus denses et plus rigides. En parallèle, il a été démontré une augmentation importante de la concentration en hémicellulose et en lignine en conditions exondées. Ces deux composés renforçent la rigidité de la paroi cellulaire dans l'une des espèces étudiées.

Nuphar lutea ***(de grande taille, au premier plan), et*** **Luronium natans** ***(de petite taille, au second plan), 2 espèces à port en rosette sous forme émerse (G. Bornette, 2003).***

PUBLICATIONS

Hamann E, Puijalon S (2013). Biomechanical responses of aquatic plants to aerial conditions. *Annals of Botany.*

Wilde M, Sebei N, Puijalon S, Bornette G, Responses of macrophytes to dewatering: effect of phylogeny and phenotypic plasticity on species performance. *Evolutionary Ecology*. Soumis.

ARCHEVIR // MÉTAGÉNOME ET DIVERSITÉ DES VIRUS D'ARCHÉES (ARCHÉOVIRUS) HYPERHALOPHILES (LAC ROSE, SÉNÉGAL)

PORTEUR DU PROJET : **TÉLESPHORE SIME-NGANDO**,
UMR CNRS 6023, UNIVERSITÉ BLAISE PASCAL, CLERMONT-FERRAND 2, AUBIÈRE
Contact : telesphore.sime-ngando@univ-bpclermont.fr

Les virus aquatiques suscitent aujourd'hui un intérêt croissant dans le cadre général des sciences de l'environnement et de l'évolution adaptative de la vie cellulaire. Toutefois, notre connaissance de la diversité virale reste globalement rudimentaire dans les écosystèmes tropicaux. Ceci est particulièrement vrai pour les environnements aux conditions physicochimiques extrêmes, environnements riches en phénotypes viraux complexes, caractéristiques des archées (Figure 1). Le projet ARCHEVIR s'est ainsi intéressé à l'étude exploratoire et la caractérisation phénotypique et génotypique des virus dans des écosystèmes hypersalés tropicaux.

Pour cela, différents sites ont été échantillonnés au Sénégal en mai 2011 (Figure 2). Ces sites ont un gradient de salinité allant de 37 g/litre à la saturation (370 g/litre). Pour chacun de ces sites, des données de métagénomiques virales et microbiennes ont été générées et analysées.

- Les données environnementales des peuplements microbiens, hôtes potentiels des virus, ont mis en évidence une dominance d'archées hyperhalophiles. Certaines de ces archées correspondaient à des espèces connues appartenant aux genres *Haloquadratum, Halorubrum* et *Natronomonas*, mais la grande majorité des séquences génomiques correspondait à des nouveaux clades de microorganismes.
- Les viromes ont quant à eux permis de mettre en lumière la spécificité des communautés virales dans ce type d'environnement. Si une part importante de ces virus hypersalins est encore non identifiée, un certain nombre de clades ou groupes viraux typiques de ces milieux ont pu être mis en évidence, comme par exemple les Salterprovirus, ou encore différents clades au sein des Caudovirales. Une série de gènes visiblement spécifiques de ces milieux hypersalins a également été identifiée, gènes potentiellement intéressants d'un point de vue biotechnologique de par leur adaptation à ces milieux extrêmes. L'analyse de ces viromes a également conduit au développement d'un serveur web dédié à l'analyse de ces jeux de données.

De plus, afin de caractériser de nouveaux virus et protéines associés, des essais de culture des hôtes procaryotes ont été réalisés en collaboration avec une équipe finlandaise, afin d'isoler des archéovirus cultivables pour une caractérisation approfondie, dans le cadre des efforts scientifiques actuels visant à un 'screening' massif des virus d'archées de l'environnement, en relation avec les théories de l'évolution du vivant.

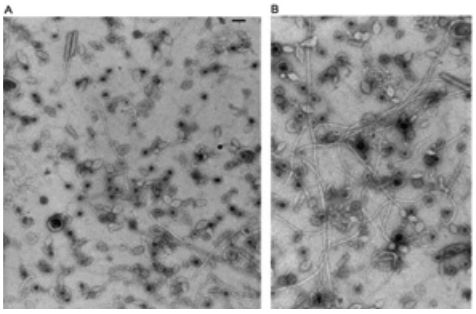


Figure 1. Diversité morphologique des virus et archéovirus hyperhalophiles du lac Rose, Sénégal. (A) Vue globale de particules d'allure virale de milieux aquatiques hypersalés tropicaux observées sous un microscope électronique, (B) et la présence de structures filamenteuses inédites.

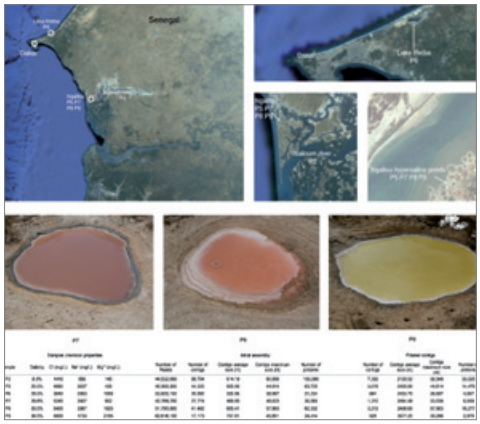


Figure 2. Localisation des points d'échantillonnage et illustration du gradient de salinité.

PUBLICATIONS

Roux S, Enault F, Ravet V, Vellet A, Bettarel Y, Auguet J.C, Bouvier T, Soizick L.S, Forterre P, Prangishvili D, Debroas D, Sime-Ngando T. *Meta-analysis of metagenomic data shows that halophilic viral pan-genome is consistent across time and space*. En préparation.

Roux S, Tournayre J, Mahul A, Debroas D, Enault F. METAVIR 2: virome comparative analysis and annotation of assembled genomic fragments. Soumis à *BMC Bioinformatics*.

ATROPHY // ADAPTATION DES ARBRES TROPICAUX AUX CHANGEMENTS CLIMATIQUES : SIGNAL PHYLOGÉNÉTIQUE LE LONG DE DEUX GRADIENTS TROPICAUX

PORTEUR DU PROJET : **JÉRÔME CHAVE**,
UMR 5174, LABORATOIRE ÉVOLUTION ET DIVERSITÉ BIOLOGIQUE, UNIVERSITÉ PAUL SABATIER, TOULOUSE

Contact : jerome.chave@univ-tlse3.fr

Les forêts d'Amérique du Sud renferment une grande diversité de types, en dépit de l'accent souvent placé sur la forêt Amazonienne. À l'heure où l'on prévoit des changements climatiques importants qui pourraient conduire à une aridification majeure des zones tropicales, il est important de mieux connaître les biomes de forêt sèche. En effet, les scénarios actuels reposent sur une représentation simpliste de la végétation de ce continent. De nombreux types de végétation intermédiaires entre la savane et la forêt tropicale humide existent et certains auteurs ont déjà proposé que par le passé des changements de type forestier avaient pu avoir lieu en réponse aux changements climatiques. Par exemple, tout en gardant un couvert forestier fermé, certaines espèces plus tolérantes à la sécheresse ont pu et pourraient encore devenir dominantes.

L'objectif du présent projet était de savoir si les forêts tropicales sont actuellement composées de clades qui peuvent constituer des réservoirs de fonctions correspondant à une bonne tolérance à la sécheresse. Pour ce faire des plantes ont été collectées dans deux dispositifs, l'un allant de la forêt Amazonienne vers une forêt sèche en Bolivie (géré par l'Instituto Boliviano Investigación Forestal), et l'autre mis en place par le projet BIOTA dans l'État de São Paulo au Brésil et qui inclut des forêts sèches et des forêts humides.

Au total, pour la partie bolivienne du projet, 186 séquences correspondant à 3 régions de l'ADN chloroplastique (matK, rbcLa, rbcLb), ont été générées. Au total, 93% des séquences ont pu être générées. La comparaison d'un arbre phylogénétique entre Bolivie et Guyane française (Figure 1) révèle que des différences significatives sont détectables. La flore arborée bolivienne témoigne d'une sur-représentation des Fabales, des Rosales, des Sapindales et des Malvales par rapport à la Guyane. Elle témoigne aussi d'une sous-représentation des Malpighiales, des Éricales et des Laurales. Cela suggère bien que le test proposé dans ce projet est pertinent au moins à l'échelle continentale.

Pour la partie brésilienne du projet, 331 arbres ont été échantillonnés sur le site Ilha do Cardoso (109 espèces), 347 arbres sur le site Carlos Botelho (255 espèces), et 243 sur le site Caetetus (162 espèces), pour un total de 526 espèces. Le travail de terrain pour le quatrième site n'a pas encore été réalisé (le plus sec, site Assis). Le travail de séquençage est achevé pour les trois sites, et plus de 300 séquences rbcL et matK ont été obtenues.

L'analyse comparative de ces données est en cours, mais une étude menée uniquement sur le site Ilha do Cardoso a déjà fait l'objet d'une analyse sur la structure phylogénétique de cette forêt côtière, correspondant à un type forestier très menacé au Brésil (de Oliveira et al., soumis).

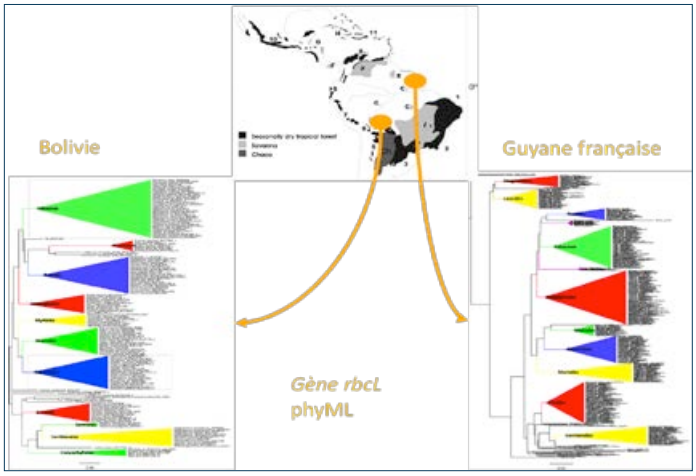


Figure 1. Arbre phylogénétique pour deux flores d'arbres en Bolivie et en Guyane. Cette analyse est fondée sur 1 gène (rbcL) et la reconstruction de l'arbre a été effectuée avec le logiciel phyML (paramètres par défaut).

PUBLICATIONS

ter Steege H, Pitman N, Sabatier D, Baraloto C, Salomão R, Guevara J.E, *et al.* (2013). Hyperdominance in the Amazonian tree flora. *Science*. En préparation.

Chave J (2013). Floristic shifts versus critical transitions in Amazonian forest systems. In *Forests and Global Change*, D Burslem & D Coomes eds, Cambridge University Press, Cambridge UK. In press.

BAGAM // BIOFILMS AMAZONIENS ISSUS DE LA BIODIVERSITÉ GUYANAISE POUR APPLICATIONS EN PILE MICROBIENNES

PORTEUR DU PROJET : **FLORENT ROBERT**,
LABORATOIRE MATÉRIAUX ET MOLÉCULES EN MILIEUX AMAZONIEN, UNIVERSITÉ DES ANTILLES ET DE LA GUYANE, CAYENNE, GUYANE FRANÇAISE

Contact : florent.robert@guyane.univ-ag.fr

À l'horizon 2020 dans le cadre du programme "énergie-climat" (2007) de l'Union Européenne, la France s'est engagée à 20% de réduction de ses émissions de gaz à effet de serre et à l'intégration de 23% d'énergie renouvelable.

La recherche sur de nouvelles sources d'énergie non polluantes conduit à de nouveaux axes de réflexions notamment la production d'électricité à partir de ressources renouvelables. C'est dans ce contexte que s'inscrit l'ensemble des travaux visant au développement et à l'optimisation des piles à combustibles microbiennes (PACM). Les PACM constituent une piste sérieuse de production d'électricité par conversion directe de l'énergie électrique issue de l'oxydation d'une grande variété de matières organiques de bas coût à partir de microorganismes (sous forme de biofilms). Une PACM (figure 1) est constituée d'une anode, d'une membrane échangeuse de protons ou cations, d'une cathode et d'un circuit électrique. Dans le compartiment anodique, il n'y a pas d'oxygène (milieu anaérobie) et dans le compartiment cathodique il y a présence d'oxygène (milieu aérobie). Ces biofilms électroactifs font l'objet d'une recherche internationale récente et très active. De nombreux développements concrets sont envisageables.

Dans un premier temps notre objectif était de cribler et d'identifier à partir de la biodiversité de l'environnement Guyanais des microorganismes capables de présenter des activités électriques intéressantes. Cette recherche exploratoire visant à la production d'électricité par dégradation biologique microbienne de la matière organique est nécessaire pour la sélection des biofilms les plus performants. Ce projet a permis de mettre en évidence l'électroactivité de microorganismes issus d'un environnement particulier : la mangrove. Globalement la mangrove est un milieu très contraignant : variablement salé, périodiquement submergé par les eaux et où l'oxygène est rare, voire inexistant. Cette biomasse est peu consommable, voire toxique et très sélective vis-à-vis des microorganismes. D'un point de vue électrochimique, ce milieu de départ est donc parfaitement légitime puisqu'il contient une faible oxygénation donc des bactéries adaptées à vivre en milieu anaérobie, et une salinité permettant une bonne conductivité ionique naturelle dans les compartiments électrochimiques. Ce travail a permis de mettre en évidence des bactéries capables de produire des densités de courants (figure 1.c) supérieures à 6 A/m^2 pendant plus de 100 jours.

Figure 1 : Exemple d'un montage de pile microbienne avec mangrove A) en laboratoire, B) in-situ sur le littoral guyanais, C) densités de courant obtenues à partir de la mangrove en fonction des jours.

PUBLICATIONS

Valorisation de la biodiversité microbienne des sols de mangroves de Guyane en tant que source d'énergie renouvelable pour l'alimentation de capteurs autonomes.
Projet accepté dans le cadre de l'appel à projets de recherche 2013 du Ministère des Outre-mer.

BIODISER // CONSERVER LA BIODIVERSITÉ OU GÉRER SES SERVICES ? IMPLICATIONS SCIENTIFIQUES, POLITIQUES ET ÉTHIQUES

projet financé par le MEDDE

PORTEUR DU PROJET : **VIRGINIE MARIS**,
UMR 5175, CEFE, MONTPELLIER

Contact : virginie.maris@cefe.cnrs.fr

PROJET EN COURS

La conservation de la biodiversité et la gestion des services écosystémiques sont souvent présentées comme des objectifs conjoints mais cette convergence ne va pas forcément de soi. L'approche par services écosystèmiques opère une mutation dans les sciences de la conservation qui pourrait modifier significativement la façon traditionnelle de considérer la protection de la biodiversité. Ce projet interdisciplinaire, auquel participent des experts en histoire des sciences, philosophie, écologie, économie et sciences politiques, propose une étude de ces transformations afin d'évaluer dans quelles mesures elles sont ou non souhaitables.

Si la notion de services écosystémiques a donné lieu à une importante littérature en écologie et en économie, elle reste peu étudiée par les autres disciplines. Ce projet offre une perspective doublement originale de collaboration entre écologie scientifique et sciences humaines.

En 1861, la forêt de Fontainebleau était déclarée réserve artistique, devenant la première réserve naturelle au monde. Ce lieu qui a inspiré des générations d'artistes, d'intellectuels et de naturalistes dans leur rapport à la nature est aujourd'hui considéré comme un pourvoyeur de services culturels. (© CNRS Photothèque - PONTAILLER Jean-Yves)

PUBLICATIONS

Ce projet étant en cours, les résultats ne sont pas encore publiables. Il a cependant contribué à l'organisation de plusieurs évènements scientifiques sur la notion de services écosystémiques, notamment un séminaire AllEnvi en partenariat avec la FRB et l'IRSTEA en novembre 2012, et une école thématique en partenariat avec l'INEE et l'INRA en juin 2013. Virginie Maris est l'auteur d'un ouvrage à paraître dans la collection Sciences en question chez Quae en janvier 2014 (Titre provisoire : *Nature à vendre – les services écosystémiques sauveront-ils la biodiversité ?*) et co-éditrice d'un ouvrage collectif rassemblant une trentaine d'auteurs dont tous les membres du projet BIODISER qui sera édité au printemps 2014 par *Quae* (Titre provisoire : *Valeurs de la biodiversité et services écosystémiques*). Un article collectif est en cours de resoumissions dans une revue internationale d'écologie (*Conservation Letters*).

BIODIVMED // MODÉLISATION DE SCÉNARIOS D'ÉVOLUTION DE LA BIODIVERSITÉ ICHTYOLOGIQUE MÉDITERRANÉENNE FACE AU CHANGEMENT GLOBAL : CONSÉQUENCE POUR LES PÊCHERIES ET STRATÉGIE DE POSITIONNEMENT DES AIRES MARINES PROTÉGÉES

PORTEUR DU PROJET : **DAVID MOUILLOT**,
UMR 5119, LABORATOIRE ECOLAG, CNRS-UM2-IFREMER-IRD, UNIVERSITÉ MONTPELLIER 2, MONTPELLIER
Contact : david.mouillot@univ-montp2.fr

La mer Méditerranée contiendrait plus de 17 000 espèces et contribuerait à hauteur de 7% de l'ensemble de la biodiversité marine, ce qui est considérable sachant qu'elle représente moins de 1% de la surface de l'océan mondial. De plus cette biodiversité inclut une forte proportion d'espèces endémiques dont certaines sont emblématiques comme le phoque moine ou constituent des habitats uniques comme la posidonie. Cette biodiversité est très inégalement répartie spatialement avec quelques « points chauds » au nord-ouest de la Méditerranée et des zones de faible densité d'espèces comme le sud-est, comme le montre la Figure 1A pour les poissons côtiers.

La mer Méditerranée est aussi l'un des espaces maritimes où l'action de l'homme est la plus marquée avec une forte pression de pêche (Figure 1C). Pour contrecarrer cette pression humaine des AMP (Aires Marines Protégées) ont été créées, elles couvrent actuellement 9 910 km^2, soit seulement 0,4% de la surface totale méditerranéenne (Figure 1B). Outre ce faible pourcentage, la création d'AMP était généralement liée à un contexte politique et socio-économique local particulier et ne résultait pas d'une stratégie régionale menée à l'échelle méditerranéenne. Ce projet a permis d'évaluer la pertinence du réseau actuel des AMP et a permis de montrer qu'il ne protège que partiellement l'ensemble de la biodiversité méditerranéenne. Une stratégie a donc été proposée pour sélectionner de futurs emplacements d'AMP qui met en évidence deux zones prioritaires : la côte nord-ouest africaine et la mer Adriatique.

Au-delà de la pression humaine directe via la pêche, le changement global, avec une température moyenne de l'eau de surface qui devrait augmenter de 3,1°C d'ici 2100 en Méditerranée, entrainerait une modification de la biodiversité et aurait des conséquences sur les pêcheries via la disparition d'espèces commerciales. Nos modèles, basés sur la niche climatique des espèces, indiquent une extension de l'aire de répartition géographique des espèces thermophiles et une disparition progressive des espèces d'eau froide situées au nord du bassin avec une perte potentielle de 25 espèces de poissons endémiques (Figure 1D). Plus globalement, BIODIVMED montre une forte perte d'espèces pour l'ensemble du pourtour méditerranéen et notamment pour le bassin ouest alors que la rive sud accusera surtout une perte d'espèces commerciales de grande taille avec un fort préjudice pour la pêche artisanale des pays africains déjà en déclin.

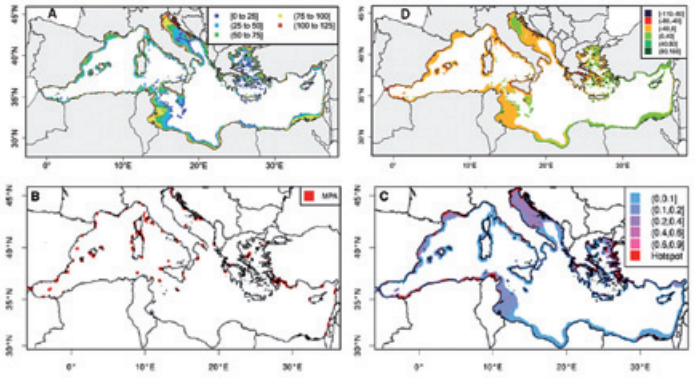


Figure 1. Gradient de richesse spécifique en poissons côtiers méditerranéens (A), emplacement des 100 aires marines protégées en Méditerranée (B), gradient des pressions de pêche sur une échelle de 0 à 1 (C) et différences de richesse spécifique en poissons modélisée entre la période actuelle et le futur (2080-2099) selon le scénario A2 de l'IPCC (D).

PUBLICATIONS ET COMMUNICATIONS

Mouillot D, Albouy C, Guilhaumon F, Ben Rais Lasram F, Coll M, Devictor V, Meynard C.N, Pauly D, Tomasini J.A, Troussellier M, Velez L, Watson R, Douzery E.J.P, Mouquet N (2011). Protected and threatened components of fish biodiversity in the Mediterranean Sea. *Current Biology*, 21 : 1044–1050.

Albouy C, Guilhaumon F, Leprieur F, Ben Rais Lasram F, Somot S, Aznar R, Velez L, Le Loc'h F, Mouillot D (2013). Projected climate change and the changing biogeography of coastal Mediterranean fishes. *Journal of Biogeography*, 40 : 534–547.

Communiqué de presse : http://www2.cnrs.fr/presse/communique/2212.htm
Repris par de nombreux articles de vulgarisation et par les médias.

BIOMER // MODÉLISATION BIO-ÉCONOMIQUE, THÉORIE DES JEUX, ET CO-VIABILITÉ POUR LA GESTION DES PÊCHES ET DE LA BIODIVERSITÉ MARINE

PORTEUR DU PROJET : **JEAN-CHRISTOPHE PEREAU**,
UMR 5113, UNIVERSITÉ DE BORDEAUX, GRETHA, CNRS, BORDEAUX
Contact : jean-christophe.pereau@u-bordeaux4.fr

Le projet BIOMER a mené des recherches théoriques et empiriques sur le cas de la pêche côtière en Guyane Française dont le défi à venir est de concilier des objectifs de sécurité alimentaire, de profitabilité des flottilles et de préservation de la biodiversité.

Le premier apport de BIOMER a été de calibrer un modèle multi-espèces proies-prédateurs (13 espèces) et multi-flottilles (4 flottilles soit 200 bateaux), et de simuler différents scénarios de pêche, allant de la fermeture totale à la maximisation économique, en passant par le maintien de la situation actuelle (*status-quo)* et par la co-viabilité (compromis entre préservation et gains). Les résultats montrent que le scénario du *statu-quo* actuel n'est pas soutenable sur le plan écologique et que le scénario de maximisation économique implique un coût social important du fait de la fermeture de plusieurs flottilles. En revanche, il existe un scénario de co-viabilité montrant des trajectoires de prélèvement et de stock qui concilient :

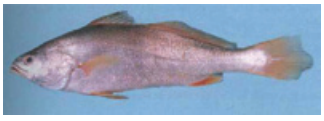
- des objectifs d'approvisionnement minimum pour satisfaire une demande croissante,
- des objectifs de profitabilité pour chacune des flottilles,
- des objectifs écologiques (maintien au moins de 11 espèces sur 13 faute de pouvoir les maintenir toutes).

Le second apport de BIOMER a été, en combinant les apports respectifs de la viabilité et de la théorie des jeux, de montrer que la coopération entre des agents hétérogènes est un déterminant de la co-viabilité en favorisant la soutenabilité de la ressource. Plus la coopération est forte, plus la coalition est grande et plus la viabilité est importante. En revanche, quand l'état de la ressource est faible, les exploitants les plus efficaces économiquement jouent un rôle important dans la préservation de la ressource. A l'extrême, tout peut ne reposer que sur l'exploitant le plus efficace qui détient alors un droit de veto sur l'usage de la ressource.

Enfin, le dernier apport de BIOMER a été de favoriser l'interdisciplinarité entre l'écologie, l'économie et la modélisation mathématique et numérique sur la question de la gestion de la pêche et de la biodiversité marine.

BIOMER recommande la pérennisation de la collecte de données biologiques et socio-économiques réalisée par l'Ifremer Guyane avec le soutien des professionnels pour améliorer les étapes de calibration et de simulations du modèle. BIOMER propose des pistes de recherche :

1. sur la nécessaire coopération avec les pays frontaliers pour une gestion durable de la ressource,
2. la mesure de l'impact du changement climatique sur le fonctionnement de l'écosystème,
3. les instruments de gouvernance de ce type de pêcherie artisanale.



PUBLICATIONS

Cissé A, Gourguet S, Doyen L, Blanchard F, Pereau J.C (2013). A bio-economic model for the ecosystem-based management of the coastal fishery in French Guiana, *Environmental and Development Economics*, 18(3) : 245-269

Doyen L, Pereau J.C (2012). Sustainable coalitions in the commons, *Mathematical Social Sciences*, 63 : 57-64

Travaux pratiques informatiques sur le logiciel SCILAB

BIOSOUND // LISTEN TO BIODIVERSITY: DEVELOPMENT OF AN ACOUSTIC APPROACH TO ESTIMATE BIODIVERSITY DYNAMICS

ÉCOUTER LA BIODIVERSITÉ : DÉVELOPPEMENT D'UNE APPROCHE ACOUSTIQUE POUR ÉVALUER LA DYNAMIQUE DE LA BIODIVERSITÉ

PORTEUR DU PROJET : **JÉRÔME SUEUR**,
UMR 7205 ORIGINE STRUCTURE ET ÉVOLUTION DE LA BIODIVERSITÉ, MNHN, PARIS

Contact : sueur@mnhn.fr

L'estimation de la biodiversité animale est une nécessité pour la connaissance et la conservation des milieux naturels. Estimer la biodiversité repose habituellement sur la capture ou la détection visuelle de spécimens. L'approche acoustique repose sur une identification spécifique plus ou moins automatisée des vocalisations. Cependant, cette reconnaissance est particulièrement difficile quand plusieurs espèces chantent en même temps.

Le projet BIOSOUND a été entrepris afin d'essayer d'estimer la dynamique de la diversité acoustique animale sans essayer d'identifier les espèces présentes mais en fournissant des indicateurs globaux de complexité et de dissimilarité sonores. La cible d'étude n'est plus l'individu ou l'espèce mais la communauté ou le paysage. Ce changement d'échelle constitue une innovation à part entière.

Figure 1 – Magnétophone numérique autonome installé en Inde avec un microphone placé à hauteur d'homme et un autre placé à environ 15 m de hauteur afin de tester la différence entre la diversité acoustique de sous-bois et de la canopée

Grâce à BIOSOUND, des réseaux de capteurs acoustiques ont pu être déployés dans des milieux tropicaux difficiles d'accès et où la diversité est difficile à estimer. La mise en place de réseaux (24 microphones) a permis d'acquérir des données exceptionnelles par leur taille et par l'information écologique qu'elles renferment. L'analyse de dizaines de milliers de fichiers sonores collectés nous a contraint à des développements informatiques permettant des traitements en lots sans avoir recours à des infrastructures informatiques lourdes. Les données acoustiques obtenues ont pu être ensuite analysées par des méthodes statistiques adaptées aux matrices de distance.

Les résultats indiquent que la diversité acoustique animale représente partiellement la diversité phylogénétique et la diversité fonctionnelle mais qu'elle est surtout une composante à part entière de la biodiversité qu'il convient de mesurer, analyser et conserver. Les analyses sur les différents sites ont révélé une variabilité spatio-temporelle importante de la diversité acoustique. Il a ainsi pu être observé des différences acoustiques significatives :

1. entre des sites de Nouvelle-Calédonie à fort taux de micro-endémisme,
2. au sein d'une parcelle de forêt tropicale de Guyane française,
3. entre différentes agro-forêts en Inde et, enfin, des cycles sonores diurnes/nocturnes sur les trois sites.

Cette hétérogénéité locale ou régionale, quotidienne ou saisonnière laisse donc entrevoir un dynamisme important des espèces dont il reste à déterminer les modalités et les causes précises. Il semble qu'écouter les communautés acoustiques, sans les perturber, permet d'apporter des informations non négligeables sur l'état et l'évolution de la diversité animale, mais un travail immense reste à fournir.

PUBLICATIONS

Gasc, A, Sueur J, Pavoine S, Pellens R, Grandcolas P (2013). Biodiversity sampling using a global acoustic approach: contrasting sites with microendemics in New Caledonia. *PLoS ONE*, 8 : e65311.

Rodriguez A, Gasc A, Pavoine S, Grandcolas P, Gaucher P, Sueur J. Temporal and spatial dynamics of animal sound within a neotropical forest. *Ecological Informatics*. In press.

BIOWOOD // BIODIVERSITY OF DEEP-SEA SUNKEN WOOD ECOSYSTEMS

BIODIVERSITÉ DES ÉCOSYSTÈMES DES BOIS COULÉS EN MILIEU MARIN PROFOND

PORTEUR DU PROJET : **SARAH SAMADI**,
UMR 7138 SYSTÉMATIQUE ADAPTATION ÉVOLUTION, MNHN, PARIS

Contact : sarah@mnhn.fr

Le cœur du projet fut la campagne BIOPAPUA réalisée en 2010 en Papouasie Nouvelle Guinée, dans une zone à ce jour inexplorée pour la faune benthique profonde. En quelques chiffres, 156 stations échantillonnées dont 84 comportant des bois coulés et faune associée. La figure 1 illustre la diversité de la faune associée aux bois coulés échantillonnés. Parmi les organismes nouveaux collectés à plus de 700 m de profondeur, il y a un champignon appartenant probablement à un nouveau genre (Fig 1G). Ces taxons peu connus en milieu profond doivent pourtant, aux côtés des bactéries, jouer un rôle majeur dans la dégradation du bois. Une illustration des travaux en court sur les mollusques et les crustacés péracarides associés aux bois coulés est proposée.

MOLLUSQUES

Les nouveaux échantillons récoltés ont permis de finaliser l'analyse de l'histoire phylogénétique des moules des milieux réducteurs profonds et de finaliser la révision complète de cette sous-famille. Cette étude montre une colonisation répétée des milieux hydrothermaux à partir de lignées associées aux bois coulés. Ces travaux ont également permis de préciser, pour ces moules, la frontière entre deux grandes provinces biogéographiques dans le Pacifique Ouest. Sur une des espèces l'hypothèse d'un régime alimentaire mixte basée à la fois sur la présence dans les branchies de bactéries symbiotiques autotrophes et sur une nutrition par filtration a pu être confirmée.

Les Chitons (mollusques polyplacophores) forment une lignée spécialisée sur les bois coulés dans laquelle un ensemble d'espèces nouvelles a été mis en évidence (Fig 1A). L'analyse phylogénétique des Buccinidae récoltés sur le bois montre en revanche une utilisation opportuniste au cours de l'évolution de cet habitat par les espèces de ce taxon. Le genre *Pectinodonta* est quant à lui spécialisé sur le bois coulé sur lequel il est très diversifié.

PÉRACARIDES

L'amphipode du genre *Bathyceradocus* (Fig. 1I) était connu en terme de répartition mondiale par seulement trois espèces dont une en milieu hydrothermal. Grâce à une étude morphologique, les organismes prélevés sont révélés consommateurs de bois. La découverte d'importantes colonies bactériennes sur les appendices buccaux et dans le système digestif suggère un régime alimentaire strictement xyplophage. Enfin des travaux de systématique moléculaire ont montré une plus grande diversité de ce genre avec huit potentielles nouvelles espèces dont trois pour la zone Papouasie Nouvelle-Guinée. Les amphipodes du genre *Onesimoides* semblent également consommateurs de bois impliquant également des symbioses digestives. De même, une diversité spécifique, bien supérieure aux cinq espèces décrites pour la zone Indo-pacifique, a été mise en évidence.

Figure 1. Photo prise sur le pont lors de la campagne Biopapua. (A) Chiton, **Ferreiraella sp.** ***(B) Cataegidae,*** **Cataegis sp.** ***(C) Mytilidae,*** **Adipicola longissima** ***logent dans une noix de palmier Nypa. (D) Fissurellidae,*** **Puncturella sp.** ***(E) Pectinodontidae,*** **Pectinodonta sp.** ***(F) Chiton*** **Leptochiton sp.** ***(G) Champignon marin non décrit. (H)*** **Munidopsidae Galacantha sp.** ***(I) Maeridae,*** **Bathyceradocus sp.** ***Extrait de Pante et al. (2012). Exploration of the deep-sea fauna of Papua New Guinea.*** **Oceanography, 25:** ***http://dx.doi.org/10.5670/oceanog.2012.65.***

PUBLICATIONS

Pante E, Corbari L, Thubaut J, Chan TY, Mana R, Boisselier MC, Bouchet P, Samadi S (2012). Exploration of the deep-sea fauna of Papua New Guinea. *Oceanography*, 25 : 214-225.

Thubaut J, Corbari L, Gros O, Duperron S, Couloux A, Samadi S. (2013). Integrative Biology of *Idas iwaotakii* (Habe, 1958), a 'Model Species' Associated with Sunken Organic Substrates. *PLoS ONE*, 8 : e69680.

BORADMIX // ÉTUDE GÉNÉTIQUE FINE ET RECHERCHE DE SIGNATURES DE SÉLECTION DANS LA POPULATION BOVINE BORGOU

PORTEUR DU PROJET : **SOPHIE THEVENON**,
UMR 17 TRYPANOSOMES, CIRAD BIOS, CAMPUS INTERNATIONAL DE BAILLARGUET, MONTPELLIER
Contact : sophie.thevenon@cirad.fr

Depuis leur domestication, les bovins ont colonisé des milieux extrêmement variés et ont été élevés dans des systèmes de production diversifiés. Leur génome s'est donc adapté à des pressions environnementales et humaines différentes, et les outils actuels de la génomique offrent l'opportunité de détecter des polymorphismes génétiques à l'origine de ces adaptations.

L'Afrique de l'Ouest possède de nombreuses races bovines, qui sont de types taurin, zébu et métisses taurin x zébu. Une des caractéristiques des races taurines ouest-africaines est leur aptitude à tolérer les effets pathogènes des trypanosomoses (maladies transmises par les mouches tsé-tsé) : elles sont dites «trypanotolérantes». Les zébus, quant à eux, sont très sensibles aux trypanosomoses, mais bien adaptés au climat sahélien.

Parmi les races métisses, la race ouest-africaine Borgou (Bénin) constitue un modèle de choix pour identifier des régions du génome, d'origine taurine et/ou zébu, conférant une adaptation au milieu, et elle représente une ressource très intéressante pour réaliser un programme d'amélioration génétique.

Le projet BORADMIX avait pour objectifs d'identifier :

1. les zones du génome soumises à sélection,
2. les principales voies biologiques dans lesquelles les gènes sous sélection sont impliqués.

Pour atteindre ces objectifs, 158 bovins Borgou de deux zones du Bénin, ont été échantillonnés. Après un marquage moléculaire dense du génome des Borgou, leurs génotypes ont été analysés conjointement aux génotypes d'animaux de 20 autres races bovines (issus de notre base de données de référence). Une vingtaine de régions ont été identifiées comme présentant une signature de sélection chez ces animaux (Figure 1). Ces régions comportent des gènes codant des protéines, notamment impliquées dans la régulation du métabolisme et la réponse immunitaire. Ce projet a également permis de vérifier que les trypanosomes et leurs vecteurs, les mouches tsé-tsé, sont toujours présents dans les zones d'élevage.

Pour mieux interpréter les résultats et proposer des polymorphismes candidats dans les régions sous sélection, un répertoire exhaustif des variants génomiques a été réalisé au sein de la race Somba (race taurine trypanotolérante à l'origine de la race Borgou), par séquençage complet de l'ADN génomique d'un pool de 44 individus Somba. Cette approche a permis d'avoir directement accès aux fréquences alléliques des variants et de prédire leurs effets sur la transcription et l'expression des gènes.

Vaches Borgou, par GK Dayo Boradmix

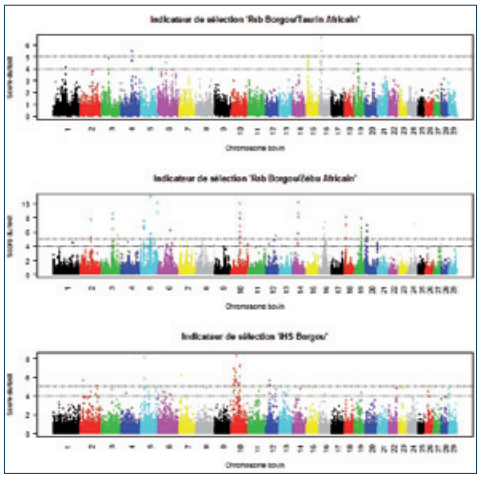


Figure 1 : Régions du génome présentant des signatures de sélection dans la race bovine Borgou, avec les valeurs des statistiques de signatures de sélection* iHS *et* Rsb *(Borgou versus AFT-Taurins africains- et Borgou versus AFZ-Zébus africains). Les points représentent l'ensemble des SNP génotypés, positionnés le long des chromosomes bovins (BTA). Les lignes en tirets et en pointillés s'interprètent comme les seuils de $log_{10}(1/P)=4$ et $log_{10}(1/P)=5$ respectivement, P étant la p-value.

PUBLICATIONS

Admixture mapping and footprints of selection in a West African taurine/indicine cross-bred cattle. En préparation.

From the identification of an exhaustive list of variants by deep sequencing pools of densely genotyped individuals to their functional annotation: illustration in a West-African cattle population. En préparation.

BREDOMAT // LA BIODIVERSITÉ EN RÉSEAUX : DE LA DÉCISION AUX OUTILS OU COMMENT MAILLER LE TERRITOIRE ?

PORTEUR DU PROJET : **MAGALIE FRANCHOMME**,
UFR DE GÉOGRAPHIE ET AMÉNAGEMENT, LABORATOIRE TERRITOIRES, VILLES, ENVIRONNEMENT ET SOCIÉTÉ, UNIVERSITÉ DE LILLE 1, VILLENEUVE D'ASCQ

Contact : magalie.franchomme@univ-lille1.fr

La biodiversité dite « ordinaire » offre de nombreux services et fonctions indispensables. Dans la région Nord-Pas de Calais, les acteurs ont fait preuve d'initiative et fait approuver, en 2007, un schéma régional d'aménagement et de développement du territoire (SRADT) incluant un volet sur la trame verte et bleue (TVB). Plusieurs questions émergent :

- **Comment se construit ce réseau écologique à l'échelle locale ?**
- **Qui sont les acteurs de ce nouvel outil de planification ? De quels moyens disposent-t-ils ?**
- **Comment et sur quel foncier agir pour mettre en place la trame verte et bleue en milieu fortement artificialisé ?**

Des chercheurs en sciences humaines et sociales ont travaillé autour de trois objectifs :

1. appréhender la structure et les composantes de la TVB à l'échelle locale,
2. identifier les motivations des acteurs publics, privés et autres porteurs d'enjeux,
3. élaborer une méthode pour mailler les lieux de biodiversité ordinaire et renforcer la connectivité en zone urbaine dense.

En croisant plans locaux d'urbanisme et données techniques, il ressort que les éléments constitutifs de la TVB se composent surtout d'espaces artificialisés, bâtis et agricoles et que seul un tiers des corridors recouvre des zones naturelles et forestières. Ces résultats démontrent que les documents de planification locaux actuels intègrent partiellement les notions de connectivité et de réservoirs introduites par les lois « Grenelle ».

En parallèle, le projet a cherché à mieux comprendre le réseau d'acteurs du Nord-Pas de Calais. La dimension mouvante du système de « gouvernance » de la biodiversité a été étudiée dans le projet par le biais d'entretiens. Cette étude a mis en évidence la diversité des approches entre acteurs, et donc la difficulté à faire émerger une définition commune de la TVB.

Enfin le projet a permis l'élaboration d'une méthode originale d'identification et de cartographie de continuités en zone urbaine et périurbaine en prenant en compte le potentiel de biodiversité, les documents d'urbanisme, le foncier, les outils techniques et financiers. Le sud de la ville de Lille a servi de terrain d'expérimentation et révèle que 5 corridors sont potentiellement susceptibles d'être créés ou renforcés par des actions ciblées des gestionnaires (Figures 1 et 2).

Le programme BREDOMAT s'est donc déroulé dans un contexte administratif et politique en forte évolution avec le « verdissement » du code de l'urbanisme, et les résultats obtenus témoignent d'une volonté d'approfondissement ciblé par les organismes publics partenaires du programme.

Figure 1 : Connecter les espaces verts du centre de Lille aux espaces agricoles du Sud de la métropole : exemple du scénario numéro 2 « Trame active ».

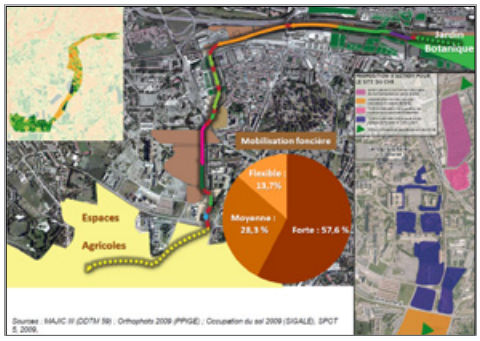


Figure 2 : Évaluation de la mobilisation foncière du scénario 3 « Trame en santé » et proposition d'actions.

PUBLICATIONS

Franchomme M, Bonnin M, Hinnewinkel C (2013). La biodiversité « aménage-t-elle » les territoires ? Vers une écologisation des territoires, Revue *Développement durable et territoires* [En ligne], Vol. 4, n°1 | Avril 2013, mis en ligne le 22 avril 2013. URL : http://developpementdurable.revues.org/9749.

Franchomme M, Schmitt G, Hinnewinkel C (2013). Mailler le territoire : de l'écologie du paysage aux contraintes et opportunités d'aménagement (Sud de la métropole lilloise). Séminaire « *La Trame verte et bleue à l'heure de sa mise en œuvre* », 27 mars, Lille. Résumé.

CERCODIV // MÉCANISMES MOLÉCULAIRES IMPLIQUÉS DANS LA DIVERSIFICATION CHROMOSOMIQUE DES CERCOPITHÈQUES

PORTEUR DU PROJET : **FLORENCE RICHARD**,
UMR 7205, MNHN CNRS, PARIS
Contact : frichard@mnhn.fr

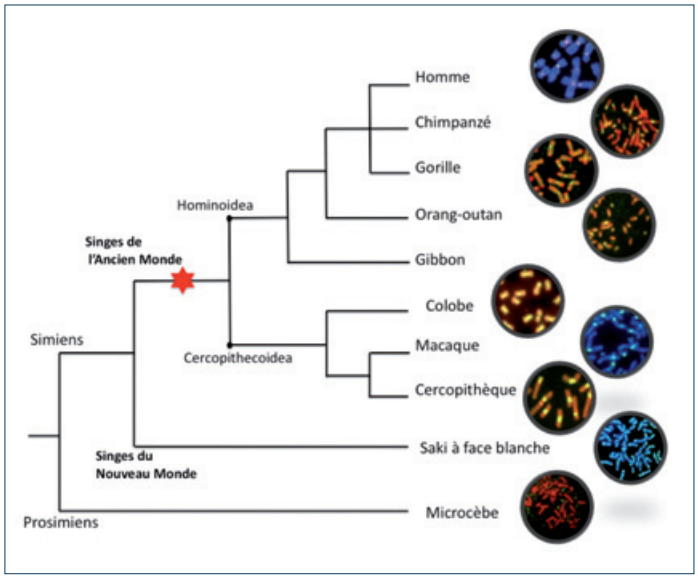
Les cercopithèques, singes africains dont la survie est menacée, se différencient les uns des autres, entre autres, par leurs chromosomes. Leur diversification est, en effet, liée à des réarrangements chromosomiques particuliers, les fissions (cassure d'un chromosome en deux). La survenue de ce type de remaniement nécessite la formation de nouveaux centromères (structure du chromosome indispensable à la bonne répartition des chromosomes lors de la division cellulaire) et télomères (structure localisée à l'extrémité des chromosomes, les protégeant de la dégradation). Ce type d'évolution chromosomique n'a jamais été étudié au niveau moléculaire. La présence de structures de type centromérique et télomérique, favorables à l'établissement de ces fissions non-centromériques, a été recherchée dans le génome de différents cercopithèques.

Tout d'abord, la présence de télomères inactifs en position interstitielle (ITS) a été observée chez certains cercopithèques à faible nombre de chromosomes, à l'aide de courtes sondes oligonucléotidiques. Ces ITS correspondent dans 70 à 85 % des cas à un site de fission évolutif. Leur présence permet d'expliquer l'évolution particulière des Cercopithèques par fission chromosomique.

D'autre part, des résultats préliminaires montrent des localisations de séquences d'ADN répétées centromériques en dehors de la région centromérique, correspondant parfois à des sites potentiels de nouveau centromère. D'autres localisations ont été observées au niveau de certaines régions hétérochromatiques, suggérant un mécanisme en 2 étapes, amplification de ces séquences dans les régions hétérochromatiques puis déplacement vers un site fonctionnel centromérique lors de la fission. De plus, l'une des courtes sondes oligonucléotidiques utilisée a permis de détecter, pour la première fois, des séquences répétées spécifiques des régions centromériques de tous les singes de l'Ancien Monde étudiés.

Enfin, la présence de structures centromériques en position anormale a été recherchée avec des anticorps dirigés contre différentes protéines centromériques. Un plus grand nombre d'observations doit dorénavant être poursuivi pour cartographier leur position et valider ou invalider leur co-localisation avec les séquences répétées centromériques.

Ces informations sur les mécanismes d'évolution chromosomique des Cercopithèques pourront être utilisées à des fins de conservation des espèces alors que leur habitat, la forêt équatoriale, est de plus en plus fragmentée.



Phylogénie simplifiée des Primates présentant en bout de branche, les espèces chez lesquelles la sonde centromérique a été testée (sauf le gibbon). À droite de chaque nom d'espèce, chromosomes correspondants, présentant un signal centromérique chez les singes de l'Ancien Monde alors qu'aucun signal n'est observé chez les singes du Nouveau Monde et les Prosimiens. Étoile rouge : acquisition du motif centromérique spécifique aux singes de l'Ancien Monde.

PUBLICATIONS

Tocqueville S, Gerbault-Seureau M, Escudé C, Richard F. *Interstitial Telomeric Sequences (ITS) and their implication for Cercopithecini chromosomal evolution*. En préparation.

Toutirais G, Loll F, Richard F, Escudé C. In-situ *analysis of single nucleotide variations in human centromeric repeats using LNA-modified oligonucleotide probes*. En préparation.

CLEVERT // CONDITIONS SOCIOENVIRONNEMENTALES POUR LA RÉHABILITATION DE LA BIODIVERSITÉ ORDINAIRE

projet financé par le MEDDE

PORTEUR DU PROJET : **FLORENT KOHLER**,
UMR 7227, CREDA, PARIS

Contact : florent.kohler@univ-tours.fr

Le projet CLEVERT s'est déroulé dans trois communes rurales de 600 à 1700 habitants. La méthodologie participative visait à la fois à impliquer les habitants et à observer un éventuel changement de disposition des équipes municipales à l'égard de l'environnement, notamment en termes de réhabilitation de la nature dite ordinaire. Un travail de recherche participative a permis, en amont, d'identifier ces enjeux, et en aval, de sensibiliser les habitants à l'état réel de l'environnement de leur commune, facilitant ainsi l'adoption de scénarios favorables à la biodiversité ordinaire.

Chaque commune étant considérée sous l'angle de son histoire propre, des facteurs pertinents ont été cherchés pour mettre en relation dynamiques sociales et état environnemental. Ces facteurs pertinents semblent être :

1. la structure de la propriété foncière avant le remembrement. Les petits propriétaires exploitants (Saints-en-Puisaye) ont arraché moins de haies que les fermiers et métayers ayant brusquement accédé à la propriété (Genétouze).
2. la proximité des centres administratifs et industriels. En fonction des politiques municipales plus ou moins favorables à l'extension urbaine, les communes ont maintenu (Saints-en-Puisaye) ou réduit considérablement (la Genétouze) les capacités de régénération des écosystèmes.
3. les communes étudiées ont une histoire qui a forgé un ensemble de représentations collectives. En dépit des changements de majorité, ou des mutations sociales et démographiques, une grande homogénéité de vue est observée entre habitants d'origine locale ou régionale et nouveaux habitants d'origine urbaine ou plus lointaine.

Le programme s'est achevé sur un constat, permettant d'expliquer un paradoxe apparent : tandis que les agriculteurs (actifs ou retraités, bio ou non-bio) se déclarent davantage « connectés » à la nature que les autres habitants (Figure 1), ils réclament pour la nature « sauvage » une place bien plus réduite que celle que les non-agriculteurs seraient prêts à laisser (Figure 2). Ce paradoxe s'explique par le fait que les agriculteurs se perçoivent comme des « producteurs » de nature, et ne sont pas disposés à céder du terrain à une nature non domestiquée, perçue comme « sale » ou « mal entretenue ». Ce constat remet en question la notion de multifonctionnalité de l'agriculture évoquée dans la Loi d'Orientation Agricole de 1999.

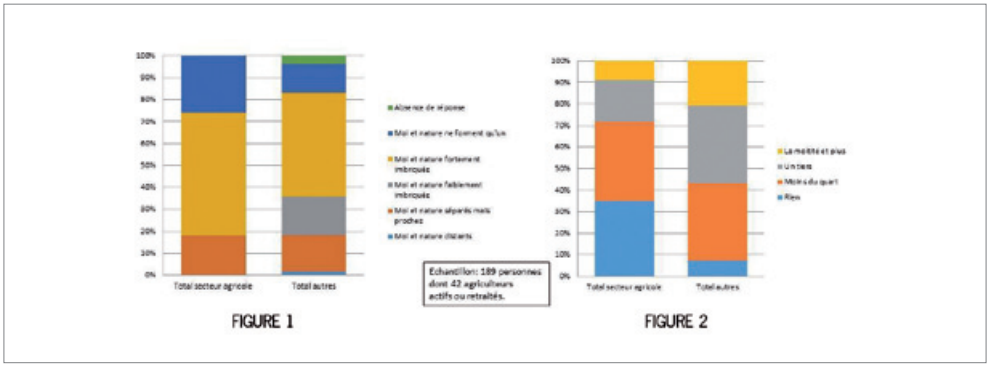


Figure 1 : relation avec la nature. Figure 2 : place de la nature souhaitée dans la commune.

PUBLICATIONS

Kohler F, Thierry C, Marchand G. « Multifunctional agriculture and farmers' attitude : two case studies in rural France », *Human Ecology*. En préparation.

Kohler F, Marchand G, Léna P, Thierry C (2013). "Conditions socio-environnementales pour la réhabilitation de la biodiversité ordinaire : un exemple d'approche participative", *Cahier des Amériques Latines,* 72 : 85-106.

COMBIO // EFFET DE COMPENSATION DE LA BIODIVERSITÉ SUR LES CONSÉQUENCES NÉGATIVES DE LA FRAGMENTATION DES POPULATIONS

PORTEUR DU PROJET : **ANDRÉ PORNON**,
UMR CNRS-UPS 5174, LABORATOIRE ÉVOLUTION ET DIVERSITÉ BIOLOGIQUE,
UNIVERSITÉ PAUL SABATIER - TOULOUSE 3, TOULOUSE

Contact : andre.pornon@univ-tlse3.fr

En diminuant la taille des habitats et en augmentant leur isolement, la fragmentation est l'une des principales causes d'érosion de la biodiversité. Elle agit directement ou indirectement via les interactions biotiques sur les caractéristiques des populations. Toutefois, les conséquences écologiques et évolutives et les mécanismes impliqués sont encore peu connus, particulièrement chez les espèces entomogames (plantes dont la pollinisation est assurée par les insectes) et autocompatibles.

Dans le projet COMBIO, les conséquences de la fragmentation des populations de Rhododendron ferrugineum sur la limitation en pollen, les taux d'autogamie, l'évolution du système de reproduction sexuée et la capacité de la communauté environnante à compenser les effets négatifs ont été mesurées.

Cette étude montre que la fragmentation des populations entraine une diminution de l'abondance et de la diversité des pollinisateurs, et cause aussi une augmentation du taux de visites des fleurs. Même vivant en très petites populations isolées, cette espèce de rhododendron à floraison massive est capable de monopoliser les pollinisateurs dont la présence est favorisée par la communauté environnante. Dans un contexte de manque de partenaires sexuels (petits «patches»), l'autogamie favorisée par les pollinisateurs et la geitonogamie réduisent la limitation en pollen (assurance reproductive). Dans les grands «patches», la compétition pour le service des pollinisateurs accroit la limitation en pollen tout en maintenant un niveau élevé d'allogamie.

Néanmoins, près de 90 % des individus issus de l'autogamie sont éliminés par la dépression de consanguinité, annulant en grande partie l'assurance reproductive mais permettant de maintenir une diversité génétique élevée au sein des patchs tout en conservant le bénéfice d'une forte attractivité. Finalement ces résultats suggèrent un effet élevé de la présence R. ferrugineum sur la structure phylogénétique de la communauté végétale environnante.

Geitonogamie : forme particulière de reproduction sexuée des plantes en fleurs

L'allogamie correspond à la fécondation croisée (ou interfécondation) entre deux individus distincts. Cette notion s'oppose à celle d'autogamie, où les gamètes femelles sont fécondés par les gamètes mâles provenant d'un même individu (une fleur hermaphrodite effectuant une autopollinisation par exemple).

Figure 1 : Les campagnes de capture-marquage-recapture ont permis d'étudier le comportement des pollinisateurs dans la communauté végétale.* Bombus ruderatus *(n°59) et* Bombus wurfleini *(n°5) capturés sur* R. ferrugineum *et retrouvés sur* R. ferrugineum *et* Ajuga *reptens respectivement.

PUBLICATIONS

Delmas C. E. L, Escaravage N, Pornon A (2013). Massive floral display affects insect visits but not pollinator-mediated pollen transfer in *Rhododendron ferrugineum*. *Plant Biology*, doi:10.1111/plb.12039

Delmas C.E. L, Lhuillier E, Pornon A, et al. (2011). Isolation and characterization of microsatellite loci in *Rhododendron ferrugineum* (Ericaceae) using pyrosequencing technology. *American Journal of Botany*, 98 : E120-E122.

COREPOM // EXPLORATION DE DIVERSES COLLECTIONS DE RESSOURCES GÉNÉTIQUES DE POMMIER POUR LA CONSTRUCTION D'UNE CORE COLLECTION REPRÉSENTATIVE DE LA BIODIVERSITÉ CULTIVÉE À L'ÉCHELLE NATIONALE

PORTEUR DU PROJET : **CHARLES-ÉRIC DUREL**,
UMR1345 INRA-AGROCAMPUS-OUEST-UA, INSTITUT DE RECHERCHE EN HORTICULTURE ET SEMENCES (IRHS), BEAUCOUZÉ-ANGERS

Contact : charles-eric.durel@angers.inra.fr

Le projet CorePom a rassemblé 15 partenaires impliqués dans la conservation et la valorisation des ressources génétiques de pommier en France. Il a eu pour objectif d'analyser la diversité et la structuration génétique de variétés, majoritairement anciennes, conservées au sein d'un réseau national de collections de pommier domestique. Plus de 2000 accessions ont été caractérisées génétiquement à l'aide de marqueurs moléculaires (microsatellites).

Un premier fait marquant a été de confirmer la forte fréquence chez les variétés anciennes des variétés triploïdes (20% des variétés) alors qu'il s'agit d'évènements rares en sélection de variétés modernes (diploïdes pour la plupart).

Un second fait marquant réside dans l'identification de très nombreuses situations de redondance entre accessions portant pourtant des noms différents et provenant de collections différentes. Dans un certain nombre de cas, il s'agissait de situations de synonymie déjà connues (noms différents donnés à une même variété) mais des erreurs ou des changements de dénomination ont aussi pu arriver au cours des décennies.

L'analyse de la diversité moléculaire a révélé une faible structuration génétique des accessions étudiées, et l'absence de structuration régionale. Trois sous-groupes d'accessions ont été mis en évidence, coïncidant partiellement avec leurs caractéristiques d'âge (variétés anciennes/récentes) et d'usage (variétés à couteau/à cidre) (Figure 1).

Un autre fait marquant a été la capacité d'inférer (identifier) les parents potentiels de plusieurs variétés anciennes en se basant sur la transmission héréditaire des marqueurs. Ainsi, l'identification des parents de la variété ancienne Dülmener Rosenapfel, très résistante à la tavelure, va permettre de reproduire le croisement lui ayant donné naissance pour approfondir l'étude génétique de sa résistance.

Enfin les données moléculaires ont permis d'effectuer le choix d'une sous-collection optimisée pour sa diversité génétique (core collection) sur laquelle des études génétiques plus poussées vont être entreprises (projet européen FruitBreedomics).

Le projet CorePom a aussi renforcé les échanges et collaborations entre les membres du réseau national « Ressources génétiques – Fruits à pépins ». Des «données passeport» ont été rassemblées sur 6243 accessions et doivent être partagées en ligne par l'intermédiaire de la base de données du réseau.

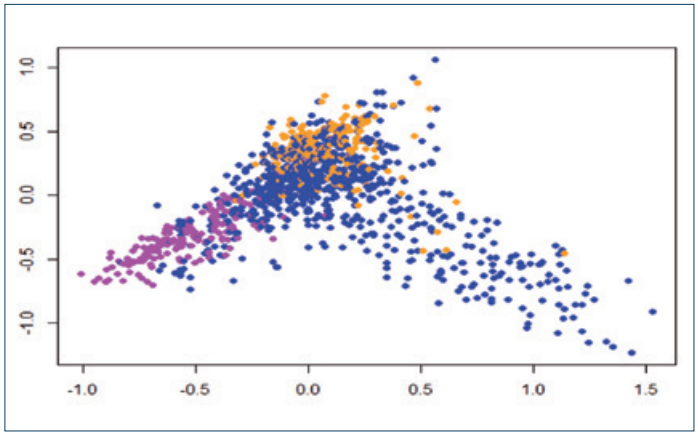


Figure 1 : Diversité génétique des variétés de pomme analysées par marqueurs moléculaires (AFC) : variétés à couteau anciennes (bleu) ; variétés à cidre anciennes (orange) ; variétés récentes (rose).

PUBLICATIONS

Durel C.E, Denancé C, Ravon E, Feugey L, Guyader A, Guisnel R, Lassois L, Lateur M, Houben P, Tartarini S, Dondini L, Paprstein F, Sedlak J, Ordidge M, Fernandez-Fernandez F, Evans K, Nybom H, Gustavsson L, Laurens F (2013). *Genetic diversity and structuration within 6 European apple germplasm collections assessed by microsatellite markers*. ISHS Symposium on Molecular Markers in Horticulture, 25-27 September 2013, Riva del Garda, Italy, oral communication.

Lassois L, Denancé C, Feugey L, Lasserre-Zuber P, Poncet C, Ravon E, Durel C.E (2013). *Genetic diversity, population structure, parentage analysis and construction of nested core collections in the French apple germplasm based on microsatellite markers*. En préparation.

CORSEPYR // ESPÈCE ANCIENNE VERSUS RÉCENTE EN CORSE : COMPARAISON DES PATRONS DE DIVERSIFICATION PAR SÉQUENÇAGE À HAUT DÉBIT (PYROSÉQUENÇAGE) DE LEUR GÉNOME

PORTEUR DU PROJET : **CLAUDINE MONTGELARD** ,
UMR 5175 CNRS, CENTRE D'ÉCOLOGIE FONCTIONNELLE ET ÉVOLUTIVE, BIOGÉOGRAPHIE ET ÉCOLOGIE DES VERTÉBRÉS (EPHE), MONTPELLIER

Contact : claudine.montgelard@cefe.cnrs.fr

La faune actuelle des îles de la Méditerranée a été largement façonnée par l'arrivée de l'Homme qui s'est traduite par l'extinction massive de la plupart des mammifères autochtones. En revanche, la plupart des reptiles et des amphibiens ont persisté mais cette situation est cependant précaire en raison de l'implantation croissante de nouvelles espèces sur les îles. Un des objectifs de ce projet porte sur l'analyse de la diversité génétique de quatre taxons corses (le lézard de Bedriaga, le lézard tyrrhénien, le lézard des ruines ainsi que la tortue d'Hermann). Le premier résultat important obtenu est l'acquisition par pyroséquençage d'une banque de locus microsatellites pour chacun des taxons à partir de laquelle 16 à 19 locus ont été mis au point par espèce.

Fig1. Localisation des populations de* Testudo hermanni hermanni *étudiées, nombre d'individus analysés et répartition des trois lignées mises en évidence.

Pour les lézards, plusieurs groupes génétiques ont été mis en évidence pour chaque espèce : quatre groupes (sud, ouest, centre et nord) pour *Podarcis tiliguerta* (145 individus analysés) ; trois groupes (sud, est, ouest) pour *Archaeolacerta bedriagae* (77 individus) ; trois groupes (sud, ouest + nord et sud-est) pour *Podarcis siculus* (96 individus). Pour les trois taxons, le groupe observé à l'extrême sud de l'île se rattache au groupe de Sardaigne. Pour le lézard des ruines, les résultats obtenus suggèrent que l'actuelle distribution du lézard des ruines (groupes ouest + nord et sud-est) résulte de deux évènements d'introduction indépendants.

Lézard des ruines

Pour la tortue d'Hermann, l'échantillonnage de 386 individus a permis de couvrir l'ensemble de l'aire de répartition de la sous-espèce *T. h. hermanni* (Figure 1). Le premier fait marquant est que les populations insulaires montrent une diversité génétique importante, généralement bien supérieure à celle observée en situation continentale. La population des Albères se singularise par une très faible diversité génétique qui est à mettre en liaison avec l'important déclin démographique enregistré dans cette population. L'analyse du nombre de groupes a révélé la présence de trois grandes lignées (voir figure) : une majoritairement continentale (en jaune) et deux insulaires (en bleu et rouge). Le deuxième fait marquant concerne la population de Minorque qui fait apparaître deux lignées : une lignée proche de la population des Albères et une lignée apparentée aux deux autres groupes insulaires observés (Corse et Sardaigne-Sicile).

Tortue d'Hermann

PUBLICATIONS

Zenboudji S (2011). Différentiation génétique chez la tortue d'Hermann, T*estudo hermanni hermanni* : apport des marqueurs microsatellites. *Master EPHE Biologie Santé Écologie*, p. 31.

Schwartz C (2012). Structure génétique du lézard de Bedriaga (*Archaeolacerta bedriagae*), endémique du bloc Corso-Sarde. *Master EPHE Biologie Santé Écologie*, p. 26.

COTEAU // CONNECTIVITÉ TERRE-EAU : IMPORTANCE DES APPORTS TERRESTRES DANS LE MAINTIEN DE LA BIODIVERSITÉ EN CRUSTACÉS ET POISSONS DES RIVIÈRES ANTILLAISES

PORTEUR DU PROJET : **DOMINIQUE MONTI**,
UFR SEN, LABORATOIRE DE BIOLOGIE MARINE, UNIVERSITÉ DES ANTILLES ET DE LA GUYANE,
POINTE-À-PITRE, GUADELOUPE

Contact : dominique.monti@univ-ag.fr

Cette étude a été menée en Guadeloupe sur un tronçon de rivière à forte naturalité et ripisylve préservée. Elle a permis d'identifier trois processus générateurs de matière végétale submergée susceptible d'être assimilée par les organismes aquatiques, et confirme le lien fort existant entre présence des espèces et habitats hydrodynamiques.

Les signatures isotopiques des sources alimentaires à la base du réseau trophique permettent d'isoler quatre sources principales de nourriture primaires :

1. une matière allochtone à forte mobilité (litière fraîche, litière sèche) à signature azotée la plus élevée et carbonée la plus faible,
2. une matière particulaire dérivante, allochtone, en position azotée et carbonée intermédiaire,
3. une matière allochtone proximale et résidente à signature azotée et carbonée faibles,
4. une source de matière autochtone, le biofilm épilithique, à signature carbonée la plus élevée.

Les résultats obtenus montrent aussi l'existence d'un lien fort entre faciès hydromorphodynamiques et alimentation, avec des régimes alimentaires d'une nette plasticité chez la majorité des espèces. Ils révèlent aussi un couplage important entre terre et eau du point de vue des ressources consommables dans les rivières antillaises. Ces éléments constituent des arguments en faveur de la protection des ripisylves dans ces îles tropicales.

COMMUNICATION

Colloque ISOECOL Brest 2012.
Lepoint G, Marichal N[1], Troupin C[2], Monti D[3]. Stable isotope compositions at microhabitat scale of macrofauna inhabiting a tropical freshwater stream (Pérou River, Guadeloupe).

[1]MARE center, Laboratory of Oceanology, University of Liège, Liège, Belgium, [2] MARE Center, GHER, University of Liège, Belgium, [3] DYNECAR, University of Antilles and Guyana, France (Guadeloupe)

DIP // EXPLORER ET ÉTUDIER LA BIODIVERSITÉ DE L'ICHTYOFAUNE ASSOCIÉE AUX KARSTS DE PAPOUASIE

PORTEUR DU PROJET : **LAURENT POUYAUD ET RÉGIS HOCDÉ**,
UR 175, GAMET IRD, MONTPELLIER

Contact : laurent.pouyaud@ird.fr, regis.hocde@ird.fr

L'isthme de la péninsule de la Tête d'Oiseau qui relie l'extrême nord de la Papouasie-Occidentale avec le reste de l'île de Nouvelle-Guinée est l'une des régions du monde la moins bien connue d'un point de vue biologique, archéologique et même géographique. Cette région se caractérise par des reliefs karstiques accidentés et des écosystèmes forestiers encore intacts et extrêmement développés, typiques des zones tropicales humides.

Les chercheurs de l'IRD et leurs partenaires indonésiens (LIPI, APSOR) ont montré, lors de précédentes missions, dont la mission « Projet DIP : Lengguru-Kaimana 2010 », une richesse biologique exceptionnelle au sein de ces zones karstiques de Papouasie-Occidentale et notamment concernant la faune en poissons d'eau douce.

La mission « Lengguru-Kaimana 2010 » constituait la première phase d'un projet international et pluridisciplinaire ambitieux ayant vocation à explorer le massif de Lengguru dans ses différentes dimensions (karsts et milieux souterrains, rivières, lacs endoréiques, forêts, milieu marin dont estuaires, baies, récifs coralliens et pentes externes). Cette première campagne scientifique visait à inventorier les poissons d'eau douce et à initier une première évaluation de la biodiversité notamment sur la faune en invertébrés des eaux douces et des systèmes souterrains de cette région.

Des chercheurs de différentes disciplines : botanique, biologie marine et terrestre, géologie, karstologie, hydrogéologie, paléontologie, anthropologie, archéologie sont aujourd'hui mobilisés dans l'organisation du projet d'expédition Lengguru 2014 et dans la préparation de futures expéditions plus thématiques (i.e. archéologie, ethnobotanique, pharmacologie). Cette approche intégrée permettra de mieux comprendre les liens existant entre l'évolution géologique des unités karstiques, les processus de diversification biologique et le développement des sociétés humaines.

Une telle aventure scientifique, dans un contexte général d'érosion massive de la biodiversité planétaire, sera l'occasion d'informer et de communiquer vers le grand public notamment à travers un film documentaire et la mise en place d'un site web interactif destiné entre autres aux élèves et professeurs des écoles, collèges et lycées. Cette initiative respecte le protocole APA *(sur l'accès aux ressources et le partage des avantages tirés de la biodiversité)* adopté à l'issu de la Conférence de Nagoya sur la biodiversité en 2010.

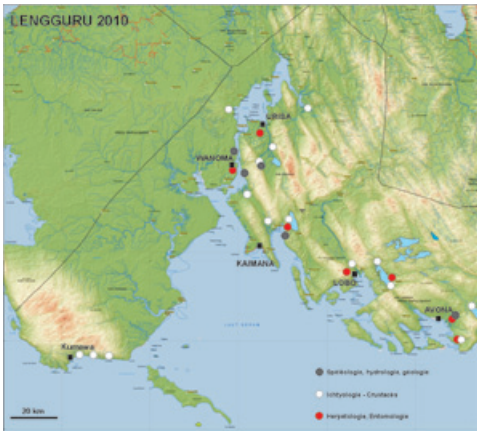


Figure 1 : Carte de Lengguru 2010

Figure 2 : Lac de Sewiki - Lengguru

PUBLICATIONS

Kadarusman K, Hadiaty R, Segura G, Setia Wibawa G, Caruso D, Pouyaud L (2012). Four new species of Rainbowfishes (Melanotaeniidae) from Arguni Bay, West Papua, Indonesia. *Cybium*, 36(2) : 369-382.

Pouyaud L, Kadarusman K, Hadiaty R, Lembrouck J, Lemauk N, Kusumah R.V, Keith P (2012). *Oxyeleotris colasi* (Teleostei: Eleotridae), a new blind cave fish from Lengguru in West Papua, Indonesia. *Cybium*, 36(4) : 521-529.

DIPERSAP // VALORISATION DE LA BIODIVERSITÉ PÉRUVIENNE : RECHERCHE DE MÉTABOLITES SECONDAIRES ANTILEISHMANIENS

PORTEUR DU PROJET : **MOHAMED HADDAD**,
UMR152 PHARMA-DEV. IRD, LIMA, PÉROU
Contact : mohamed.haddad@ird.fr

Le Pérou est un pays mégadivers, considéré comme un des pays les plus riches de la planète en matière de diversité biologique. Malheureusement, l'Amérique latine et en particulier le Pérou, connaissent un grave problème de santé publique en raison de l'existence d'une maladie appelée leishmaniose. Cette maladie se soigne par divers traitements lourds et très coûteux. Des études récentes menées sur une plante péruvienne de la famille des *Myrsinaceae* ont conduit à l'isolement de métabolites secondaires très prometteurs, possédant des propriétés leishmanicides très puissantes. Le Pérou est un des pays les plus riches en plantes de cette même famille.

Le projet DIPERSAP proposait une étude dont l'objectif était double : la valorisation d'une biodiversité péruvienne méconnue au travers d'une étude chimique et biologique de métabolites secondaires particulièrement intéressants issus de plantes de la famille des *Myrsinaceae* collectées dans la forêt amazonienne.

Ce projet a permis :

- Un enrichissement des bases de données botaniques et une meilleure connaissance de la flore péruvienne.
- Un enrichissement des bases de données phytochimiques par l'isolement de plus de 30 métabolites secondaires isolés pour la première fois et dont certains ont démontré de très bonnes propriétés biologiques. Ce projet aura permis la découverte et l'isolement de 2 molécules aux structures nouvelles, isolées pour la première fois dans la nature : elles ont été nommées Magnoside A et Magnoside B.
- La mise à profit d'un dispositif original afin de préserver la biodiversité : au Pérou, un programme d'inventaire systématique, de suivi phénologique et de collecte d'échantillons de parcelles permanentes a été mis en place conjointement par l'IRD et le IIAP (Instituto de Investigacion de la Amazonia Peruana). Ce biotope de haute biodiversité et d'un haut degré d'endémicité est protégé par le statut de parc national, situé au sein de la réserve nationale d'Allpahuayo-Mishana. À partir de ce dispositif de terrain, une véritable chimiothèque vivante est à notre disposition et a pu être exploitée pour ce travail.
- Ce projet aura permis un renforcement de l'impact au niveau international de l'équipe de recherche péruvienne partenaire.
- Le projet de recherche DIPERSAP a été inséré dans le programme du Laboratoire Mixte International « Laboratoire Ando-Amazonien de chimie du Vivant » (LMI LAVI) créé par l'IRD en 2010, pour étudier et valoriser la flore andine et amazonienne ainsi que les savoir-faire et pratiques associés.

Vue du jardin de plantes médicinales, dans la réserve nationale d'Allpahuayo-Mishana

Collecte des plantes de la famille des* Myrsinaceae *(premier plan : Mohamed Haddad, porteur du projet DIPERSAP)

PUBLICATIONS

Haddad M, Le Lamer A.C, Vasquez-Ocmin P.V, Vaisberg A, Sauvain M, Castillo D, Rojas R (2013). Cytotoxic 13,28-epoxy-oleanane triterpene saponins from *Cybianthus magnus* (Mez) Pipoly, *Phytochemistry lettres*, 6 : 128-133.

Girardi C, Vásquez-Ocmín P, Castillo D, Sauvain M, Rojas R, Fabre N, Haddad M (2012). Biological activities of 13,28-epoxyoleanane triterpene saponins from two Peruvian Myrsinaceae. *Revista de la Sociedad de Quimica del Peru*, 78 : 188-197.

DIVALOR // VALORISATION DE LA DIVERSITÉ BACTÉRIENNE DES SOLS ET DE SON SERVICE ÉCOLOGIQUE RENDU : APPLICATION À LA PROTECTION DE CULTURES LÉGUMIÈRES AFIN DE LIMITER L'UTILISATION DE PRODUITS PHYTOSANITAIRES TOXIQUES.

PORTEUR DU PROJET : **DENIS FAURE**,
INSTITUT DES SCIENCES DU VÉGÉTAL, CNRS, GIF-SUR-YVETTE
Contact : faure@isv.cnrs-gif.fr

Le projet DiValor s'inscrit dans l'objectif de réduction des agents chimiques qui sont utilisés en agriculture pour protéger les cultures de plants de pommes de terre contre des bactéries pathogènes. Il illustre les efforts de transfert et d'évaluation environnementale d'une nouvelle éco-technologie : la biostimulation des populations bactériennes de la rhizosphère par l'introduction de nouveaux intrants biodégradables couplés avec un agent biologique à des fins de protection de cultures légumières contre le phytopathogène Pectobacterium. Le Comité Nord Plants de Pomme de terre (CNPPT) est le partenaire agronomique du projet, et l'Équipe Écologie de la Rhizosphère (CNRS, Gif-sur-Yvette) et le laboratoire Ampère (École Centrale-CNRS-Université de Lyon) en sont les partenaires académiques.

Ce projet d'ingénierie écologique s'est articulé autour de deux actions. La première a évalué en serres le devenir des agents introduits dans des macrocosmes de sol (rhizosphère de plants de pommes de terre), et l'impact (et sa rémanence) sur la structure des communautés bactériennes de la rhizosphère. La seconde a évalué cette écotechnologie en parcelles expérimentales au regard de son efficacité de protection contre les pathogènes *Pectobacterium* en l'adaptant aux pratiques culturales.

En serres, plusieurs combinaisons de traitements ont été comparées et ont permis de mettre en évidence la sélectivité des traitements, ainsi que leur faible impact sur les communautés indigènes dans les macrocosmes de sol. En parcelles expérimentales, l'utilisation de cette écotechnologie a permis de mettre en évidence une diminution des symptômes liés au pathogène *Pectobacterium*.

Ce projet se poursuit dans le cadre d'un partenariat CNRS-LABEX SPS-CNPPT avec le soutien du Ministère de l'Écologie dans le cadre du programme EcoPhyto 2018.

Essais en parcelles expérimentales de traitements sur plants de pommes de terre

PUBLICATIONS

Cirou A *et al.* (2012). Efficient biostimulation of the native and introduced quorum-quenching *Rhodococcus erythropolis* is revealed by a combination of analytical chemistry, microbiology and pyrosequencing. *Applied and Environmental Microbiology*, 78:481-492.

DIVAPHID // GÉNÉTIQUE DE L'ADAPTATION DU PUCERON DU POIS À SES HÔTES FABACÉES

PORTEUR DU PROJET : **JEAN-CHRISTOPHE SIMON**,
UMR 1349 IGEPP INRA-AGROCAMPUS OUEST-UNIVERSITÉ RENNES, LE RHEU
Contact : jean-christophe.simon@rennes.inra.fr

Dans ce projet, les connaissances accumulées récemment sur le complexe de races d'hôtes du puceron du pois, modèle en spéciation écologique, ont été utilisées pour déterminer l'architecture génétique sous-tendant la spécialisation écologique et l'isolement reproducteur, et poser les premières hypothèses sur les mécanismes moléculaires impliqués dans la spécialisation des pucerons vis-à-vis de leurs plantes-hôtes.

La sélection naturelle est une force évolutive pouvant induire une divergence adaptative entre deux populations sympatriques soumises à des pressions écologiques différentes. Ce processus de sélection divergente peut conduire à la mise en place de barrières reproductrices en l'absence de barrières géographiques et ainsi aboutir à la formation de nouvelles espèces selon un mode de spéciation écologique. L'identification de signatures de sélection et leur organisation à l'échelle du génome constituent une approche pertinente pour tester un mode de spéciation écologique et ainsi relier adaptation et spéciation.

Une approche de balayage génomique *(genome scan)* a été utilisée pour rechercher des régions génomiques impliquées dans l'adaptation à la plante-hôte chez le puceron du pois, *Acyrthosiphon pisum*. Cet insecte constitue un organisme modèle dans l'étude de la spéciation écologique car il présente un complexe de races d'hôtes génétiquement différenciées, chacune étant spécialisée sur une ou quelques espèces de légumineuses. La diversité et la différentiation génétique sur 384 marqueurs microsatellites pour des individus issus de populations se nourrissant respectivement du pois, du trèfle ou de la luzerne ont été évaluées. Cela a permis de confirmer que la structuration génétique des individus était fortement influencée par la plante de prélèvement et relativement peu par l'origine géographique des pucerons (Figure 1).

Ensuite, 11 marqueurs qui s'écartaient des attendus neutres théoriques ont été identifiés. Quatre de ces marqueurs étaient situés à proximité de gènes qui présentent des homologies avec des séquences codant pour des récepteurs chémosensoriels (récepteurs olfactifs et gustatifs) et des protéines des glandes salivaires. Ces récepteurs sensoriels sont impliqués dans la reconnaissance de la plante et les protéines salivaires constituent vraisemblablement des effecteurs de l'interaction des pucerons avec leurs hôtes.

Ces résultats sont donc très encourageants dans la perspective d'identifier les gènes impliqués dans la spécialisation alimentaire des différentes races d'hôtes du puceron du pois.

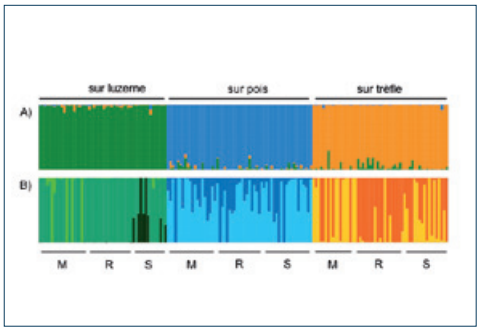


Figure 1 : Structuration génétique des populations du puceron du pois en relation avec la plante de prélèvement et l'origine géographique. En vert, populations prélevées sur la luzerne, en bleu, sur le pois et en orange, sur le trèfle. M, R et S correspondent à trois sites de prélèvement distants de 100–200 km.

PUBLICATIONS

Jaquiéry J, Stoeckel S, Nouhaud P, Mieuzet L, Mahéo F, Legeai F, Bernard N, Bonvoisin A, Vitalis R, Simon J.C (2012). Genome scans reveal candidate regions involved in the adaptation to host plant in the pea aphid complex. *Molecular Ecology,* 21 : 5251–5264.

Vitalis R (2012). DetSel : a R-package to detect marker loci responding to selection, in Data Production and Analysis in Population Genomics : Methods and Protocols (Pompanon F et Bonin A, eds), pp. 277–293. *Methods in Molecular Biology*, vol. 888, Humana Press, USA.

DIVESTO // ÉMERGENCE ET STRUCTURE DE LA DIVERSITÉ STŒCHIOMÉTRIQUE

PORTEUR DU PROJET : **TANGUY DAUFRESNE**,
INRA-CEFS, CASTANET-TOLOSAN

Contact : tanguy.daufresne@supagro.inra.fr

Le projet DIVESTO vise à mieux comprendre comment les différentes espèces diffèrent dans leurs aptitudes compétitives pour les ressources, et dans la composition chimique de leur biomasse.

Le projet reposait sur le développement d'un modèle mathématique visant à reconstruire la structure théorique de la diversité stœchiométrique chez les bactéries, à partir des contraintes de base du fonctionnement cellulaire. Ce modèle montre qu'un compromis d'allocation des nutriments (carbone, azote, …) vers les 4 grandes fonctions cellulaires (acquisition des ressources, synthèse de biomasse, structure, défense) engendre une structuration des niches écologiques le long de 2 compromis émergeants. Il y a d'une part le compromis glaneur–opportuniste « GO » qui sépare les espèces ayant la capacité de survivre dans des milieux pauvres en nutriments (glaneurs) de celles ayant un taux de croissance exponentielle très élevé dans les milieux riches en nutriments (opportunistes). Et d'autre part, le compromis de compétitivité pour les ressources « CR » qui sépare les espèces compétitives pour différents nutriments (ex : N ou P).

Les hypothèses étaient les suivantes :

- **H1**–le compromis GO devrait être plus marqué chez les espèces à forte croissance exponentielle,
- **H2**–le long du compromis GO, les glaneurs devraient avoir une demande plus élevée en N, et moins élevée en P que les opportunistes,
- **H3**–le long du compromis CR les espèces devraient avoir une demande moins élevée pour le nutriment pour lequel elles sont les plus compétitives,
- **H4**–les compromis (GO et CR) devraient apparaître plus marqués chez les espèces phylogénétiquement proches.

Résultats :

Le développement du modèle a permis de mettre en évidence la notion de « niche stoechiométrique », et de préciser les attendus concernant la détection des compromis. Dans la ligne de l'hypothèse H4, du fait du caractère multidimensionnel des compromis d'allocation de nutriments vers les fonctions physiologiques, l'émergence de compromis à l'échelle des traits compétitifs n'était pas garantie, en particulier pour un jeux d'espèces éloignées sur le plan phylogénétique (Figure 1).

Les résultats des mesures de traits R* et P* effectués sur 70 souches bactériennes montrent une absence de corrélation entre ces deux traits. Ce résultat suggère, comme montré sur la figure 1 par la surface grise, que ces souches diffèrent dans leurs stratégies d'allocation pour les 4 grandes fonctions cellulaires.

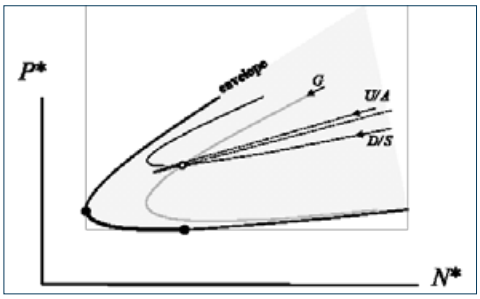


Figure 1. Co-variation théorique entre la capacité à croître sur des concentrations très faibles en azote (N*) et phosphore (P*), prévue par le modèle. Les courbes G, U/A, et D/S montrent la co-variation pour un gradient de ratio d'allocation aux fonctions croissance vs persistance, acquisition vs synthèse, et défense vs structure, respectivement. La surface grise montre toutes les stratégies possibles si l'allocation varie simultanément entre ces 4 fonctions. Cette surface est délimitée par la courbe enveloppe, qui marque les limites physiologiques et démographiques des stratégies biologiquement réalisables.

En conclusion, le projet DIVESTO a permis de développer des outils innovants et performants pour l'étude des traits fonctionnels chez les microorganismes.
Nous sommes en train de constituer un jeu de données unique sur les traits fonctionnels et la phylogénie d'un échantillon de 70 bactéries.

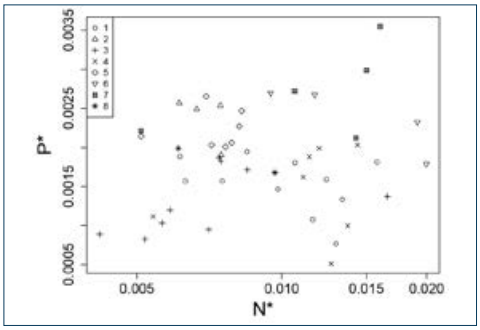


Figure 2. Co-variation observée entre la capacité à croître sur des concentrations très faibles en azote (N*) et phosphore (P*) chez 70 bactéries marines originaires de Méditerranée occidentale, et mises en culture dans le cadre du projet DIVESTO.

PUBLICATIONS

Daufresne T. *Reconstructing the niche from physiological and demographic constraints: a stoichiometric approach*. En revue.

Daufresne T et al. *A test of the Gleaner-Opportunits trade-off in phytoplancton*. En préparation.

DIVVIR // DIVERSITÉ VIRALE ASSOCIÉE AUX ÉCOSYSTÈMES HYDROTHERMAUX ET SÉDIMENTS MARINS PROFONDS

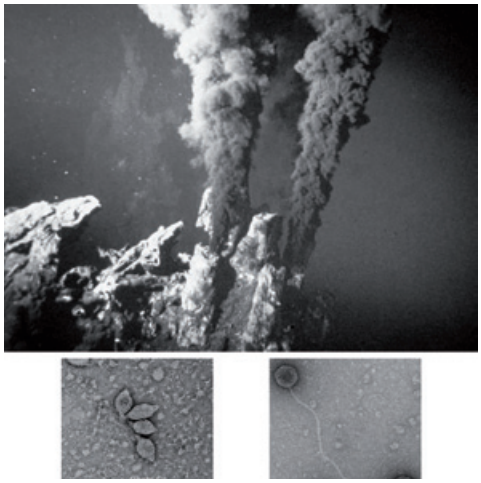
PORTEUR DU PROJET : **GESLIN CLAIRE**,
UMR6197, LABORATOIRE DE MICROBIOLOGIE DES ENVIRONNEMENTS EXTRÊMES, CNRS, UBO, IFREMER, PLOUZANE

Contact : claire.geslin@univ-brest.fr

Aujourd'hui, il est admis que les virus constituent la composante majeure en terme d'abondance de la biosphère. De récentes études ont mis en lumière qu'ils jouent un rôle important dans les grands cycles biogéochimiques (recyclage du carbone et de l'azote,…) et les échanges génétiques, et donc dans la diversité des hôtes cellulaires qui les abritent. Ainsi les virus représentent un énorme réservoir en termes de biodiversité. Par ce projet, la diversité virale associée aux environnements extrêmes que sont les sources hydrothermales et les sédiments marins profonds a été explorée.

Le caractère innovant de DIVVIR reposait notamment sur le fait que l'étude de la diversité virale au sein de ces écosystèmes extrêmes est récente et peu documentée. En effet, avant ce projet, PAV1 était le seul virus hyperthermophile marin décrit, isolé d'une archée. Cette étude élargie s'est intéressée aux sédiments marins très profonds et chauds, situés à des milliers de mètres sous la mer et des centaines de mètres sous le plancher océanique. Les deux écosystèmes étudiés sont caractérisés par des conditions physico-chimiques particulières: absence de lumière, fortes pressions, forts gradients de températures, disponibilité variable en nutriments avec présence de méthane et de sulfure d'hydrogène. Si l'exploration de la diversité virale au niveau de sédiments marins profonds n'a pas abouti dans le cadre de ce projet, deux nouveaux virus ont été découverts au sein de sources hydrothermales océaniques. L'un d'eux a été isolé d'une bactérie thermophile, anaérobie et piezophile car sa croissance optimale est obtenue à une pression hydrostatique de 40 MPa (Pression atmosphérique= 0.1 MPa). Des études ont été menées pour mesurer l'impact du facteur pression hydrostatique sur la structure et l'infectiosité du virus.

Par l'étude de ces deux domaines du vivant (Archées et Bactéries), la diversité virale au niveau de ces écosystèmes si particuliers a ainsi pu être mieux appréhendée. De plus, les conditions extrêmes nécessaires aux procaryotes pour se développer dans de telles niches écologiques font de leurs éléments génétiques mobiles (virus, plasmides,…) de bons modèles pour étudier leurs mécanismes d'adaptation au niveau moléculaire et biochimique. Les virus sont, par exemple, une source potentielle d'enzymes et particulièrement d'ADN et d'ARN polymérases.



Cheminée hydrothermale océanique et les virus qui la colonisent. Virus PAV1 (virus en forme de citron).

PUBLICATIONS

Gorlas A, Koonin EV, Bienvenu N, Prieur D, Geslin C (2012). TPV1, the first virus isolated from the hyperthermophilic genus Thermococcus. *Environ Microbiol*, 14 : 503-516.

Gorlas A, Geslin C (2013). A simple procedure to determine the infectivity and host range of viruses infecting anaerobic and hyperthermophilic microorganisms. *Extremophiles,* 17(2) : 349-55.

DNAWORM // TRACKING EARTHWORM COMMUNITIES FROM DNA REMAINS IN SOIL SAMPLES USING NEXT GENERATION SEQUENCERS

ÉTUDE DES COMMUNAUTÉS DE VERS DE TERRE À PARTIR DE RESTES D'ADN PRÉSENTS DANS LE SOL, EN UTILISANT LES SÉQUENCEURS DE NOUVELLE GÉNÉRATION

PORTEUR DU PROJET : **PIERRE TABERLET**,
UMR 5553, LABORATOIRE D'ÉCOLOGIE ALPINE, UNIVERSITÉ JOSEPH FOURIER, CNRS, GRENOBLE

Contact : pierre.taberlet@ujf-grenoble.fr

Les vers de terre sont connus pour leur rôle important dans le fonctionnement des écosystèmes, et leur diversité peut être utilisée comme indicateur de la qualité de ces écosystèmes. Pour l'instant, la diversité des vers de terre était étudiée de manière traditionnelle, soit par extraction manuelle du sol, soit à l'aide de produits tels que les extraits de moutarde utilisés pour les faire remonter en surface. Ces méthodes sont coûteuses en temps, et souvent difficiles à mettre en œuvre.

L'approche «DNA metabarcoding», couplée avec le séquençage d'ADN de nouvelle génération, facilite grandement l'identification des vers de terre présents dans un sol à partir des traces d'ADN qu'ils laissent derrière eux, c'est-à-dire sans les capturer et même sans les voir.

La première étape des expérimentations a consisté à créer une base de données de référence pour 14 espèces présentes dans les Alpes françaises. A partir de cette base de référence, deux couples d'amorces ont été conçus en amplifiant des fragments très courts, et permettant une identification des espèces sans ambiguïté. Cette approche a été testée sur des échantillons de sols provenant de deux localités (deux parcelles par localité, huit échantillons de sol par parcelle). Les deux régions d'ADN amplifiées ont permis l'identification d'un total de huit espèces de vers de terre. Les communautés de vers de terre sont bien différenciées entre les deux localités, et les résultats sont cohérents avec ceux obtenus avec les méthodes traditionnelles. L'approche ADN a permis l'identification de deux espèces endogées que les méthodes traditionnelles ont manqué.

La possibilité d'estimer la composition des communautés de vers de terre à partir de centaines, voire de milliers d'échantillons de sols par l'analyse de traces d'ADN va sans aucun doute stimuler les recherches sur l'écologie de ces organismes. L'analyse *in silico* du système ADN d'identification des vers de terre développé durant ce projet a montré que l'approche ADN est applicable sur les cinq continents. En utilisant le même extrait d'ADN, notre étude illustre aussi le potentiel de l'ADN environnemental pour étudier les autres organismes endogés.

Cette approche pourrait être utilisée à grande échelle pour évaluer par exemple la qualité des sols, sachant que des sols pollués vont être moins riches en espèces de vers de terre que des sols sains.

Vers de terre de l'espèce* Aporrectodea caliginosa *(photo Sébastien de Danieli)

PUBLICATIONS

Bienert F, de Danieli S, Miquel C, Coissac E, Poillot C, Brun JJ, Taberlet P (2012). Tracking earthworm communities from soil DNA. *Molecular Ecology*, 21 : 2017-2030.

Taberlet P, Coissac E, Bienert F, Miquel C (2011). Amorces universelles et leur utilisation pour la détection et l'identification d'espèces oligochètes. Déposé le 26 mai 2011 auprès de l'INPI. Numéro de demande FR 11/54615.

DREAMS // DECRYPTING RELATIONSHIPS BETWEEN EXOTIC SPECIES AND MASS EXTINCTIONS

COMPRENDRE LES RELATIONS ENTRE LES ESPÈCES EXOTIQUES ENVAHISSANTES ET LES EXTINCTIONS DE MASSE

PORTEUR DU PROJET : **ERIC VIDAL**,
IMBE UMR CNRS7263, INSTITUT MÉDITERRANÉEN DE BIODIVERSITÉ ET D'ÉCOLOGIE MARINE ET CONTINENTALE, IRD237, AMU, UAPV, NOUMÉA, NOUVELLE-CALÉDONIE

Contact : eric.vidal@ird.fr

Face à la disparition et la raréfaction accélérées d'espèces, il est important de connaître les espèces les plus menacées ainsi que d'identifier les causes de leur déclin. Le projet DREAMS a visé à mieux comprendre les phénomènes d'extinction et de raréfaction des communautés d'oiseaux des îles de Polynésie Française (PF), avec une attention particulière accordée à mieux comprendre les interactions entre espèces invasives et avifaune insulaire, à la fois dans une analyse macro-écologique et par le biais d'un cas d'étude détaillé (île de Niau, Tuamotu) et d'une approche de type écologie trophique.

Le premier volet a consisté à constituer puis analyser quatre bases de données qui n'étaient pas disponibles pour la PF :

1. géographiques des 119 îles principales,
2. avifaune (éteinte, présente, introduite),
3. des « traits d'histoire de vie » de l'avifaune,
4. des vertébrés terrestres introduits sur les îles.

Ces bases de données ont été réalisées en synthétisant l'ensemble des données disponibles, en complétant par des investigations de terrain pour échantillonner les espèces animales invasives.

L'analyse a permis de mettre en évidence deux vagues bien distinctes d'extinctions de l'avifaune en fonction des peuplements humains (polynésien d'abord, puis européen). Plus de 50% des oiseaux terrestres de PF se sont définitivement éteints. Si certains caractères biologiques (poids corporel élevé, nidification au sol, productivité faible) ont constitué des facteurs de plus grande vulnérabilité, l'introduction combinée ou successive de nombreuses espèces de vertébrés invasifs, notamment de prédateurs, fragilisent actuellement les populations restantes.

Second volet – cas de l'île de Niau (Tuamotu)

Ce programme a été l'occasion de mettre au point et de tester, sur une île (Niau, Tuamotu) qui héberge l'une des espèces d'oiseaux les plus menacées au monde, l'approche de type « barcoding alimentaire» amélioré et validé, sur des fèces et des contenus stomacaux de prédateurs introduits, les rats *(R. rattus et R. exulans)* et les chats harets. Les méthodologies plus « traditionnelles » présentent souvent des limites d'identification taxinomique. Cette méthodologie a permis d'améliorer significativement à la fois la détection d'évènements de prédation (nécessairement rares dans le cadre d'espèces-proies à effectifs faibles), mais également l'identification des espèces consommées, ouvrant ainsi la voie à une meilleure quantification de l'impact des prédateurs introduits sur les espèces d'oiseaux menacées.

Photo 1 – Martin-chasseur de Niau* Todiramphus gambieri, *classé en danger critique d'extinction (CR) et dont la dernière population existante (moins de 200 individus) est cantonnée à la seule île de Niau (archipel des Tuamotu). (Crédit photo : IMBE)

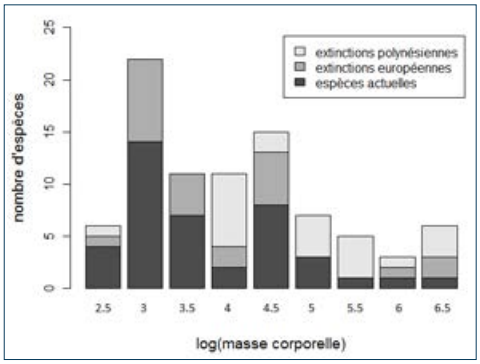


Figure 1. Distribution des différentes catégories d'espèces d'oiseaux terrestres natifs de Polynésie française (espèces éteintes en période polynésienne, n=22 ; espèces éteintes en période européenne, n=23 ; espèces toujours présentes actuellement, n=41) en fonction de leur masse corporelle moyenne.

PUBLICATIONS

Zarzoso-Lacoste D, Corse E, Vidal E (2013). Improving PCR detection of prey in molecular diet studies: importance of group-specific primer set selection and extraction protocol performances. *Molecular Ecology Resources*, 13 : 117-127.

Nogales M, Vidal E, Medina F.M, Bonnaud E, Tershy B.R, Campbell K.J, Zavaleta E (2013). Feral cats and biodiversity conservation : the urgent prioritization of Island management. *BioScience*, 63 : 804-810.

Medina F, Bonnaud E, Vidal E, Nogales M. Underlying impacts of invasive cats on islands: not only a question of prédation. *Biodiversity and Conservation.* Final revision.

EMOTIF // DE L'ADÉQUATION ENTRE MOTIVATIONS DES ACTEURS, MÉCANISMES INCITATIFS ET INSTITUTIONS EN FAVEUR DE LA BIODIVERSITÉ EN FORÊT

PORTEUR DU PROJET : **STÉPHANE ROBIN**,
UMR 5824, GATE, CNRS ET UNIVERSITÉ LYON 2, ECULLY
Contact : robin@gate.cnrs.fr

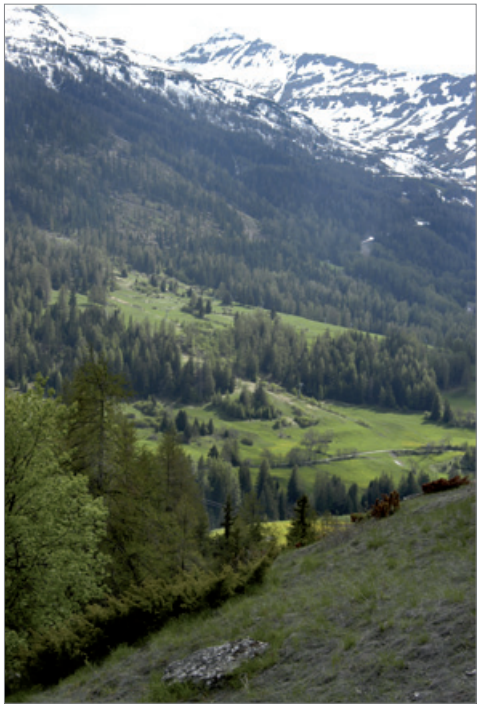
Le projet EMOTIF avait pour objectif de préparer un projet d'ampleur sur les mécanismes incitatifs en faveur de la biodiversité en forêt. Il s'agissait d'identifier le périmètre de recherche, de caractériser la problématique et les méthodologies associées, et de constituer une équipe pluridisciplinaire. L'étude porte sur l'articulation entre les motivations monétaires et non monétaires qui pèsent sur les décisions en matière de gestion des forêts, les mécanismes mis en place pour assurer la protection de la biodiversité, les institutions dans lesquelles ils s'insèrent et leur adéquation aux comportements individuels.

L'hypothèse de départ était de considérer que l'efficacité des mécanismes d'incitations reposait sur l'adéquation entre les comportements individuels et les institutions où ils se trouvent formalisés et codifiés. Ce projet associait sciences économiques et politiques pour caractériser la relation entre les mécanismes d'incitations, leur impact sur les comportements, leur gouvernance et leur insertion dans les territoires. Cette approche devait permettre de contextualiser les leviers d'action généralement abordés de façon abstraite (architectures institutionnelles, jeux d'acteurs...) et se plaçait dans une perspective d'utilisation par les décideurs publics.

Une réponse à l'appel à propositions de recherche sur la biodiversité et les services écosystémiques en 2011 (ERA net BiodivERsA) a été rédigée : BIOMOTION (Motivations for and Effects of Voluntary Actions and Biodiversity Policies on Ecosystem Services). Ce projet n'a pas été retenu pour financement. Un second projet Forest LAnd Ownership Changes in Europe: Significance for Management And Policy (FACESMAP) a été proposé dans le cadre du programme européen COST new action et a été retenu pour financement.

EMOTIF a permis la préparation de ces deux projets, et, au delà, la constitution d'un réseau de scientifiques au niveau européen qui se retrouvent notamment dans le COST FACESMAP.

Un atelier a été organisé à la fin d'EMOTIF. Les participants au workshop ont décidé d'organiser une session spéciale intitulée «Forêts et foresterie : Savoirs et motivations» dans le cadre de la 50ème conférence de l'Association Régionale De Langue Français organisée à Mons, Belgique (2013).



Paysage dans le parc national de la Vanoise © VERT

COMMUNICATION

Colloque ASDRLF, Mons 8–9 juillet 2013, *Il n'y a pas que l'argent dans la vie … des propriétaires forestiers privés !* par Francis Bigot de Morogues sur demande à francis.de.morogues@fcba.fr.

ENDOFYT // FUNGAL ENDOPHYTES OF *CEPHALOTAXUS HARRINGTONIA* FROM GENOTYPE TO BIOCHEMICAL DIVERSITY

ENDOPHYTES FONGIQUES DE *CEPHALOTAXUS HARRINGTONIA* :
DU GÉNOTYPE À LA DIVERSITÉ BIOCHIMIQUE

PORTEUR DU PROJET : **JOËLLE DUPONT**,
UMR OSEB 7205, MNHN, PARIS

Contact : joelle.dupont@mnhn.fr

Les arbres hébergent des champignons microscopiques, appelés endophytes, qui ne provoquent aucune maladie. Chez les Graminées, ils peuvent produire des toxines qui repoussent les herbivores. Chez le Cacao, ils permettent de lutter contre une maladie causée par un autre champignon. Mais dans la majorité des plantes, leur rôle est inconnu. Le but de ce projet était l'analyse de la diversité des champignons endophytes de *Cephalotaxus harringtonia* et des molécules produites, ainsi que l'interaction entre les champignons et les autres microorganismes qui interagissent avec la symbiose plante-champignons.

Les communautés d'endophytes d'arbres échantillonnés dans l'aire naturelle au Japon ont été comparées à celles d'arbres introduits en France (Muséum national d'Histoire naturelle).

Au Japon, les arbres hébergent des espèces endémiques d'endophytes alors qu'en France ils contiennent des espèces cosmopolites. Les communautés d'endophytes sont homogènes dans les conditions naturelles au Japon, alors qu'elles sont plus variables en France. La diversité numérique et taxonomique de ces endophytes est surprenante. Dans les deux pays, les communautés comportent en abondance des espèces de la famille des Xylariacées, sans rôle bénéfique démontré.

Dans le but de déterminer le rôle écologique putatif, certaines souches ont été sélectionnées pour leur faculté à inhiber la croissance de phytopathogènes communs. L'étude chimique a été initiée sur les endophytes français. *Paraconiothyrium variabile* s'avère être un puissant compétiteur du pathogène *Fusarium oxysporum*. Une étude chimique de ses métabolites secondaires a permis de mettre en évidence le rôle primordial de lipides oxygénés endophytes, les oxylipines, dans la compétition microbienne. *P. variabile* est également capable d'inhiber la croissance de bactéries endophytes isolées des feuilles. Des molécules originales appartenant à la famille des acides tétroniques ont été caractérisées et se sont avérées responsables des antibioses observées entre le champignon *P. variabile* et les souches bactériennes. Mais la limite entre parasitisme et mutualisme est encore mal connue. Un certain nombre d'endophytes de *C. harringtonia* isolés sont également des phytopathogènes. C'est le cas de *Biscogniauxia nummularia*, décrit comme responsable du déclin du hêtre dans le bassin méditerranéen. L'étude chimique a révélé des guaines sesquiterpènes originaux fortement phytotoxiques constituant ainsi la première description de mycotoxines pour ce type de pathogène.

***Interactions entre champignons endophytes qui ont poussé à partir d'une aiguille de* C. harringtonia.**

Cette étude a permis de mieux caractériser le rôle de certains endophytes vis-à-vis de microorganismes tiers et de mieux appréhender leur relation avec la plante hôte.

PUBLICATIONS

Combès A, Ndoye I, Bance C, Bruzaud J, Djediat C, Dupont J, Nay B, Prado S (2012). Chemical communication between the endophytic fungus *Paraconiothyrium variabile* and the phytopathogen *Fusarium oxysporum*. *Plos ONE*, 7: e0047313.

Langenfeld A, Prado S, Nay B, Porcher E, Cruaud C, Lacoste S, Bury E, Hachette F, Hosoya T, Dupont J (2013). Geographic locality greatly influences fungal endophyte communities in *Cephalotaxus harringtonia*. *Fungal Biology*, 117: 124-136.

EVDYSEM // EVOLUTIONARY DYNAMICS OF SEMINAL PEPTIDES IN DROSOPHILA

DYNAMIQUES ÉVOLUTIVES DES PROTÉINES SÉMINALES CHEZ LES DROSOPHILES

PORTEUR DU PROJET : **DOMINIQUE JOLY**,
UPR 9034-CNRS, LABORATOIRE ÉVOLUTION, GÉNOMES ET SPÉCIATION, GIF-SUR-YVETTE

Contact : dominique.joly@legs.cnrs-gif.fr

Les protéines séminales (Acps) garantissent aux mâles une meilleure assurance de paternité en limitant le réaccouplement des femelles et en augmentant la ponte. Or la polyandrie procure aux femelles des bénéfices qui expliquent qu'elle soit très répandue dans la nature.

Les protéines impliquées dans la réponse postcopulatoire des femelles ont été caractérisées et leurs rôles chez des espèces / populations ayant des régimes d'appariement différents ont été comparés. Deux populations de *D. melanogaster* (Canton S et Chavroches) et *D. santomea*, une espèce proche, ont été étudiées. Les pourcentages de réaccouplement obtenus à 1 et 4 jours suggèrent que Chavroches et *D. santomea* sont monoandres, contrairement à la population Canton S de *D. melanogaster*.

La réceptivité des femelles après injection des Acps a été étudiée. L'Acp70A synthétisée est injectée, afin de discriminer son rôle, dont on sait qu'il a un effet majeur sur la réceptivité femelle chez *D. melanogaster*.

Les Acps (gcs, gcha), comme le peptide de synthèse (pmel), baissent la réceptivité femelle dans les 2 populations de *D. melanogaster* mais pas chez *D. santomea*. Il semble donc que l'Acp70A joue un rôle majeur chez *D. melanogaster*. Il est par ailleurs intéressant de constater que les Acps de *D. santomea* ont des effets significatifs chez *D. melanogaster* alors que celles de *D. melanogaster* ne provoquent pas de baisse de réceptivité chez *D. santomea*.

L'inventaire protéomique des Acps a été réalisé par spectrométrie de masse. La recherche d'orthologie a été faite à partir de la banque de *D. yakuba*, espèce sœur de *D. santomea* et séquencée, sur la banque de *D. melanogaster*. Entre 179 et 316 protéines ont été identifiées et montrent une plus grande similarité entre les 2 populations de *D. melanogaster* (Figure 1), malgré la différence de polyandrie. Parmi les 5 protéines annotées « Reproduction » et partagées par les monoandres, 2 correspondent à des peptidases qui pourraient être impliquées dans la baisse de réceptivité (les autres sont de fonction inconnue).

Ces résultats montrent que la monoandrie de *D. santomea* ne semble pas être imputable aux Acps et que d'autres facteurs sont en jeu. La différence de régime de polyandrie des 2 populations de D. melanogaster suggère que les Acps ont une action plus durable chez Chavroches par rapport à Canton S, ou que d'autres facteurs maintiennent la baisse de réceptivité. Ce travail souligne la diversité des protéines séminales et celle de leur fonction. Il révèle également une évolution moléculaire rapide tant entre espèces qu'entre populations d'une même espèce.

Accouplement de drosophile au cours duquel le fluide séminal est transféré avec les spermatozoïdes.

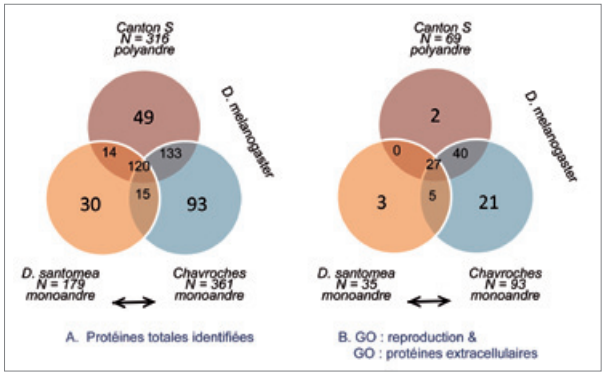


Figure 1 : Diagramme de Venn représentant les identifications protéiques partagées par les 2 populations de* D. melanogaster *(Canton S et Chavroches) et* D. santomea*. A gauche, identification des protéines totales ; à droite, identification des protéines annotées « Reproduction ».

OUTILS DÉVELOPPÉS

Injection intra-abdominale chez les drosophiles.

Pipe-line bioinformatique utilisable pour des inventaires protéiques d'autres espèces de drosophiles.

PUBLICATIONS EN PRÉPARATION :

Joly D, Lepennetier G, Chevelie C, Le Rouzic A, Wicker-Thomas C, Claisse G, Denis B. *Female remating and differential effect of male accessory gland proteins on female receptivity in closely related species of* Drosophila.

Millares P, Claisse G, Denis B, Le Caër J.P, Joly D. *Shotgun proteomic of the accessory glands in* Drosophila *species: comparative analysis in relation to their post-mating behaviour.*

FABIO // L'INDÉPENDANCE SPATIALE DES DIFFÉRENTES FACETTES DE LA BIODIVERSITÉ : UN NOUVEAU CHALLENGE POUR LA CONSERVATION

PORTEUR DU PROJET : **VINCENT DEVICTOR**,
UMR5554, INSTITUT DES SCIENCES DE L'ÉVOLUTION, UNIVERSITÉ MONTPELLIER 2, MONTPELLIER
Contact : vincent.devictor@univ-montp2.fr

Les espèces ne sont pas égales face aux changements globaux, qu'il s'agisse du changement climatique ou de la transformation et de la destruction des habitats liées aux activités humaines. En effet, les perturbations induites par les changements globaux exercent des filtres sur des espèces ayant certaines stratégies écologiques, certains traits fonctionnels ou appartenant à certaines lignées évolutives. Les objectifs du projet FABIO étaient de tester comment les changements globaux pouvaient affecter la biodiversité en intégrant les différences écologiques, fonctionnelles ou phylogénétiques entre les espèces et d'évaluer notre capacité à protéger ces différentes facettes. Une première étude clef du projet a permis de révéler que ces différentes facettes de la biodiversité estimées pour les communautés d'oiseaux en France n'étaient pas totalement congruentes (Figure1).

Cette première étude (publiée dans la revue *Ecology Letters*) plaide en faveur d'une vision plus intégrative de la conservation de la biodiversité et doit attirer l'attention sur des zones à conserver qui se trouvent dans la matrice anthropisée et non protégée. D'autre part, un deuxième résultat a permis de montrer que la conservation de la biodiversité doit s'envisager de façon dynamique et en tenant compte des interactions entre les espèces. Le déplacement des communautés d'oiseaux et des papillons européens en réponse au changement climatique a été estimé (Figure 2).

Cette deuxième approche (publiée dans la revue *Nature Climate Change*) a permis de montrer que les communautés d'oiseaux et de papillons avaient changé rapidement au cours de ces deux dernières décennies en France et en Europe. L'analyse a révélé que le rythme du changement de composition observé était probablement trop lent pour que les communautés « suivent » correctement l'augmentation des températures. En effet, alors que les températures moyennes se sont « déplacées » de 250 km vers le nord durant les 20 dernières années, la composition des communautés d'oiseaux s'est seulement déplacée de 37 km, et celle des papillons de 114 km.

Ces deux études confirment la nécessité de renforcer les liens entre l'écologie et la conservation pour favoriser une meilleure prise en compte de la complexité de la biodiversité et de ses dynamiques spatiales et temporelles dans un monde changeant.

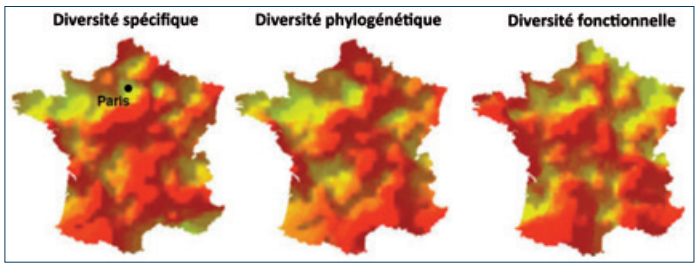


Figure 1. Distribution spatiale de trois différentes formes de la diversité des oiseaux en France. Les zones rouges sont les zones où la diversité est plus forte. On remarque des zones dans lesquelles certaines formes de diversité sont concentrées indépendamment des autres formes.

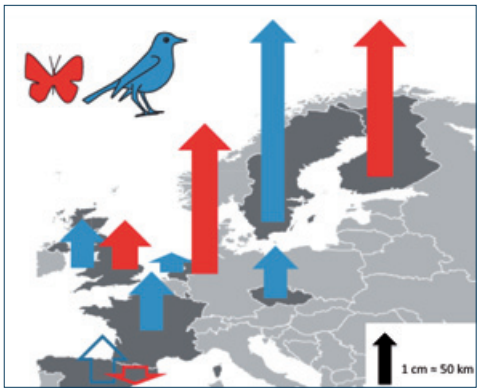


Figure 2. Vitesses de déplacement relatives des oiseaux et des papillons liées au réchauffement climatique dans différents pays européens mesurées sur la période 1990–2010

PUBLICATIONS

Devictor V, Mouillot D, Meynard C, Jiguet F, Thuiller W, Mouquet N (2010). Spatial mismatch and congruence between taxonomic, phylogenetic and functional diversity: the need for integrative conservation strategies in a changing world. *Ecology Letters,* 13 : 1030–1040.

Devictor V, van Swaay C, Brereton T, Brotons L, Chamberlain D, Heliölä J, Herrando S, Julliard R, Kuussaari M, Lindström Å, Reif J, Roy D.B, Schweiger O, Settele J, Stefanescu C, Van Strien A, Van Turnhout C, Vermouzek Z, WallisDeVries M, Wynhoff I, Jiguet F (2012). Differences in the climatic debts of birds and butterflies at a continental scale. *Nature Climate Change,* 2 :121–124.

FRENETIC // DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE ET FONCTIONNELLE AU SEIN D'UN COMPLEXE D'ESPÈCES *FRAXINUS EXCELSIOR* L. ET *FRAXINUS ANGUSTIFOLIA* VALH. IMPORTANCE DE L'HYBRIDATION DANS UNE PERSPECTIVE DE CHANGEMENT CLIMATIQUE ET DE GESTION FORESTIÈRE

PORTEUR DU PROJET : **CLAIRE DAMESIN**,
LABORATOIRE ÉCOLOGIE, SYSTÉMATIQUE ET ÉVOLUTION, UNIVERSITÉ PARIS 11, ORSAY
Contact : claire.damesin@u-psud.fr

La capacité des arbres à faire face aux variations climatiques est une question essentielle pour la gestion forestière. Ce projet propose d'étudier un complexe d'espèces de frênes européens à travers leur adaptation à la sécheresse. Ce complexe est constitué de *Fraxinus excelsior* (frêne commun, espèce économiquement exploitée), et sa variante méditerranéenne *F. angustifolia* (frêne oxyphylle, peu rentable et peu exploitée), toutes deux présentes en France ainsi que leurs hybrides. L'hybridation, observée *in natura*, notamment dans les vallées de la Sâone et de la Loire, pourrait permettre l'apparition d'individus combinant une productivité importante (caractéristique *F. excelsior*) ainsi que des capacités de tolérance face aux nouvelles conditions climatiques.

Les objectifs du projet sont :

1. de caractériser à la fois génétiquement, morphologiquement et physiologiquement le statut parental ou hybride de jeunes plants issus de 6 populations naturelles françaises,
2. de déterminer les modalités et la diversité des réponses écophysiologiques à la sécheresse du complexe d'espèces « frêne » ainsi que les gènes impliqués dans cette réponse.

En comparaison à *F. excelsior*, l'espèce méditerranéenne F. angustifolia présente :

1. une meilleure assimilation du carbone,
2. un meilleur maintien de conductivité hydraulique,
3. une meilleure efficacité d'utilisation de l'eau en cas de contrainte hydrique. Les hybrides ont souvent un fonctionnement intermédiaire aux parents, avec cependant une forte variabilité au sein des populations.

Ainsi des individus affiliés à l'une des espèces parentales peuvent présenter une morphologie et/ou un fonctionnement caractéristiques de l'autre espèce. L'étude du transcriptome montre que le pool de gènes impliqués lors de la réponse à la sécheresse diffère selon les populations.

L'approche pluri-disciplinaire développée lors de cette étude a permis une caractérisation des capacités adaptatives des arbres. Elle a démontré une importante diversité génétique et fonctionnelle des individus hybrides. Ainsi, bien que leur utilisation soit actuellement contre-indiquée, ils apparaissent comme un réservoir naturel intéressant pour les plantations forestières. Le couplage de mesures écophysiologiques (tolérance à la sécheresse) et de caractérisation génétique des provenances apparaît comme une démarche très importante pour exploiter la diversité naturelle des semences à la veille des changements climatiques attendus.

Feuilles d'arbres adultes du frêne commun (à gauche), du frêne oxyphylle méditerranéen (à droite) et d'un hybride (au centre). L'hybride présente ici une morphologie foliaire intermédiaire à celles des espèces parentales.

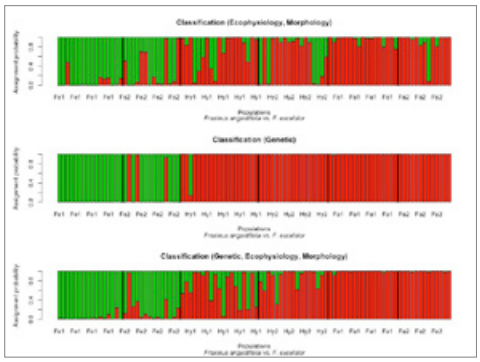


Figure. Classification statistique des individus des 6 populations de frêne étudiées (Fe1, Fe2, Hyb 1, Hy 2, Fa 1, Fa2) en 2 groupes selon différents critères (écophysiologiques en haut, génétiques au milieu et les deux simultanément en bas). La classification a été réalisée par une DAPC (discriminant analysis of principal components) et résulte en la discrimination des deux espèces parentales (F. excelsior en vert et F. angustifolia en rouge). En couplant les données écophysiologiques et de genétique des populations (graphe du bas), la position relative de certains individus par rapport aux espèces parentales (notamment chez les hybrides Hy) diffère de celle obtenue avec les classifications considérant uniquement l'une des deux approches (graphes du haut et milieu).

PUBLICATION ET OUTILS DÉVELOPPÉS

Joseph R*, Gwendal R*, Takvorian N, Fernandez J, Damesin C, Frascaria N. Ash hybrid population as a reservoir of adaptative variability: new insights from a combined ecophysiological and genetic approach. En préparation. Sera soumis à *New Phytologist*, * co-premiers auteurs.

Ce qui a été développé ici c'est le couplage d'une approche écophysiologique (croissance, fonctionnement photosynthétique foliaire) et de deux approches génétiques (caractérisation des individus selon leur statut parental ou hybride, ainsi que réponse en terme d'allumage de gènes lors de la sécheresse).

FYNBOS I // RECONSTRUIRE LE PASSÉ POUR PRÉDIRE L'AVENIR : MÉCANISMES DE DIVERSIFICATION DANS LE FYNBOS SUD-AFRICAIN, L'EXEMPLE DU GENRE *LEUCADENDRON*

PORTEUR DU PROJET : **ISABELLE OLIVIERI**,
UMR 5554, UNIVERSITÉ MONTPELLIER 2, MONTPELLIER
Contact : isabelle.olivieri@univ-montp2.fr

Le projet avait pour but de comprendre l'extraordinaire diversité végétale de la région du Cap en Afrique du Sud, en s'appuyant sur l'étude d'un genre particulier de plantes (le genre Leucadendron qui est particulièrement diversifié avec 90 espèces ou sous-espèces). L'écosystème du fynbos (formation végétale de cette région) est géré par des feux naturels, dont la fréquence augmente avec l'anthropisation des milieux.

Cette étude cherchait à comprendre, en utilisant des outils de modélisation, comment se faisait l'adaptation des populations à un régime de feux donné. Il a également été montré que la moyenne mais aussi la variance du temps séparant deux événements de feux successifs avaient de lourdes conséquences pour les traits d'histoire de vie optimaux et la survie des populations adaptées à un régime donné (Figures 1). En particulier, la « sérotinie », aptitude particulière de certaines populations et espèces à maintenir une banque de graines dans la canopée (à l'intérieur de cônes) est une stratégie adaptée à des régimes de feux relativement fréquents et surtout dont la variance des intervalles de feux est faible (feux intervenant régulièrement).

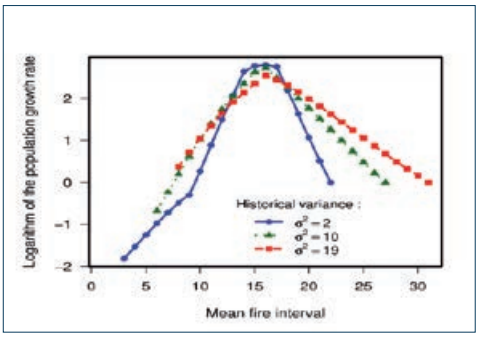


Figure 1. Effet du changement de la moyenne (μ) de la distribution de probabilité des intervalles de feux (distribution Uniforme) sur le logarithme du taux d'accroissement géométrique de trois populations sérotineuses adaptées à différents regimes de feux historiques. Pour chaque population, l'histoire de vie est optimisée pour un intervalle de feu moyen de 16 ans, et une variance d'intervalle de spécifique. On suppose que la probabilité de feu deux années successives est nulle.

Les espèces adaptées à de tels régimes de feux sont vouées à disparaître si les feux deviennent très fréquents ou très rares, ou surviennent de façon plus irrégulière. Un ensemble d'outils moléculaires a été développé permettant de reconstruire l'histoire évolutive du genre (Figure 2). Il a ainsi été montré que la plupart des traits d'histoire de vie, comme la sérotinie, ont évolué plusieurs fois, et que la répartition des espèces (et les traits d'histoire de vie associés) est liée au régime de feux et au climat.

Enfin, les flux de gènes entre populations sont limités par la distance, si bien que chaque population évolue de façon relativement indépendante des autres populations de la même espèce.

En conséquence, la survie de chaque espèce est étroitement liée à celle de chacune des populations qui la constituent, et donc au maintien de conditions écologiques locales adéquates.

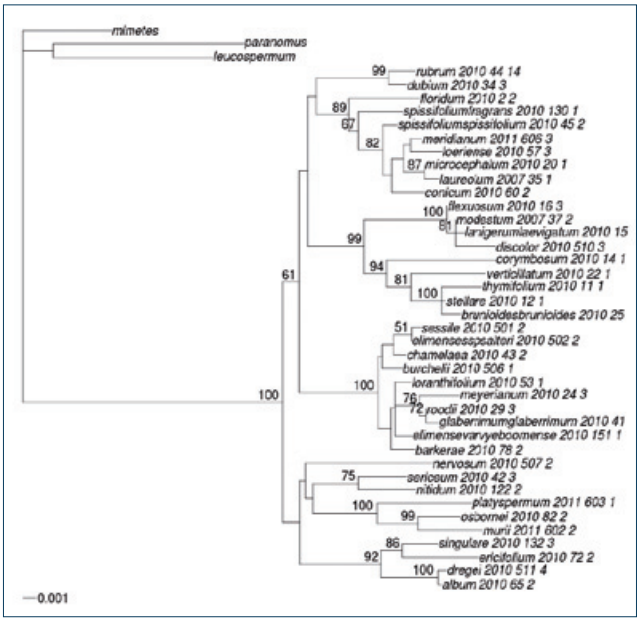


Figure 2. Reconstruction phylogénétique préliminaire du genre* Leucadendron *(seuls les taxons communs avec l'étude de Barker et al. (2004) sont représentés).

Région du Cap en Afrique du Sud (écosystème du Fynbos)

FYNBOS II // GEO-METAGENOMICS: DECIPHERING THE SPATIAL BIODIVERSITY OF PLANT VIRUSES ASSOCIATED WITH THE UNIQUE FYNBOS ECOSYSTEM OF SOUTHERN AFRICA AND ITS NEIGHBOURING AGRO-ECOSYSTEM

LA GÉO-MÉTAGÉNOMIQUE : COMPRENDRE LA DIVERSITÉ ET LA DYNAMIQUE SPATIALE DES PHYTOVIRUS ASSOCIÉS À UN ÉCOSYSTÈME REMARQUABLE, LE FYNBOS DU CAP, ET AUX AGROSYSTÈMES VOISINS

PORTEUR DU PROJET : **PHILIPPE ROUMAGNAC**,
UMR BGPI, CIRAD, CAMPUS INTERNATIONAL DE MONTFERRIER-BAILLARGUET, MONTPELLIER

Contact : philippe.roumagnac@cirad.fr

L'hypothèse de base de ce projet est structurée autour de l'idée que les perturbations anthropiques ont des effets qualitatifs et quantitatifs sur la biodiversité des écosystèmes « naturels », entrainant la possible apparition de pathogènes émergents aux multiples impacts non négligeables, d'ordres écologiques, sociaux ou économiques. Le déplacement d'espèces de plantes exotiques par l'agriculture peut se traduire par une perturbation de la diversité ainsi que des dynamiques démographiques et évolutives des communautés virales qui sont hébergées par les écosystèmes « naturels ».

Les agro-écosystèmes situés en bordure de zones conservées faisant partie des points chauds de biodiversité recensés au niveau mondial représentent des modèles d'étude idéaux pour analyser les dynamiques spatio-temporelles, démographiques et évolutives des biodiversités phytovirales, et pour essayer de comprendre les conditions de l'émergence de nouvelles maladies. A ce titre, les agro-écosystèmes du Fynbos Sud-Africain semblent remarquablement bien adaptés à ce type d'études car ils sont constitués de zones encore conservées et de larges zones agricoles.

Ce projet a développé une approche de métagénomique de deuxième génération, la géo-métagénomique, qui s'est attachée à relier les séquences issues du pyroséquençage à un hôte végétal géo-référencé. La géo-métagénomique est basée sur le marquage à l'aide d'étiquettes des acides nucléiques amplifiés destinés au pyroséquençage. Ces étiquettes permettent d'associer les séquences aux conditions biotiques (plante hôte) et abiotiques (localisation géographique) (Figure1).

Le projet a eu pour but de caractériser la diversité virale présente à la fois au sein d'un écosystème sauvage, le fynbos du Cap, mais aussi au sein des agrosystèmes qui jouxtent cet écosystème sauvage. L'approche de géo-métagénomique proposée s'est traduite par des analyses qualitatives et quantitatives de la diversité virale dans les deux habitats, par l'estimation de paramètres évolutifs et démographiques et par la cartographie spatiale de tous les phytovirus présents.

Cette approche innovante permettra d'inventorier, cartographier, analyser et comparer les biodiversités phytovirales de ces territoires. Outre son aspect exploratoire, ce travail aidera à mieux cerner l'impact environnemental et sanitaire de l'agriculture sur les biodiversités phytovirales du Fynbos et de Camargue. Réciproquement, ces travaux chercheront aussi à comprendre l'impact de zones sauvages à forte biodiversité sur des zones agricoles proches peuplées pour l'essentiel d'espèces exotiques.

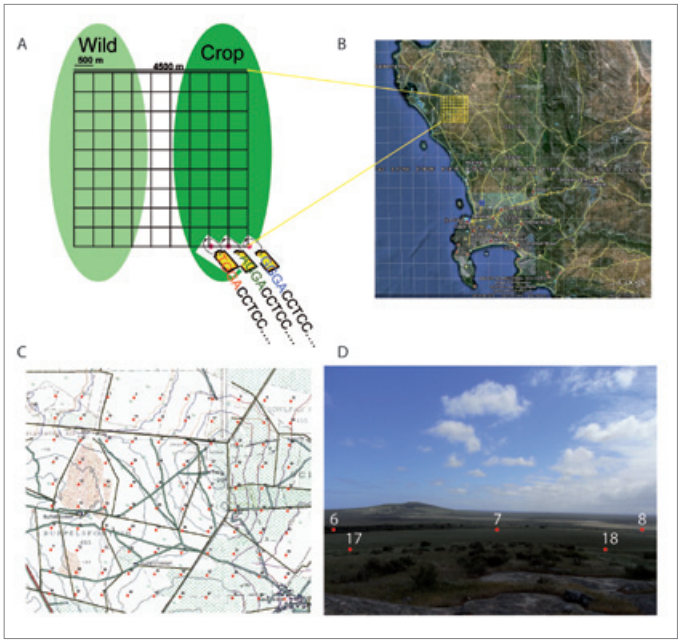


Figure 1: (A) schéma d'échantillonnage théorique.
(B) Utilisation des données satellitaires pour identifier une zone appropriée d'échantillonnage caractérisée par la présence de zones de fynbos (zones sauvages) bordées par des zones d'agriculture intensive. La photo montre la grille d'échantillonnage placée au niveau de la région du Swartland (80 kilomètres au Nord de Cape Town)
(C) 100 points théoriques (points rouges) à échantillonner disposés a priori sur la base de données d'information géographique par satellite
(D) Photo prise pendant la campagne d'échantillonnage montrant une interface entre zones sauvages et cultivées, et notamment les points 6 (fynbos), 7 (fynbos), 8 (céréales), 17 (prairie) et 18 (prairie).

PUBLICATION

Bernardo P, Golden M, Akram M, Naimuddin K, Nadarajan N, Fernandez E, Granier M, Rebelo AG, Peterschmitt M, Martin DP, Roumagnac P (2013). Identification and characterisation of a highly divergent geminivirus: evolutionary and taxonomic implications. *Virus Res*, 177(1) : 35-45.

GDB-EXP // GOUVERNANCE DE LA BIODIVERSITÉ, DROIT ET EXPERTISE SCIENTIFIQUE

PORTEUR DU PROJET : **ÈVE TRUILHÉ-MARENGO**,
CERIC, AIX-EN-PROVENCE

Contact : eve.truilhe@gmail.com

Comment s'articulent au plan international, européen et français, les connaissances scientifiques et la décision publique en matière de biodiversité ? Le projet portait sur la sélection des experts impliqués dans la prise de décision, leurs modalités de travail, le poids des études produites par la société civile, et la normativité des éléments scientifiques. Convaincu de la pertinence des outils juridiques face au phénomène de l'externalisation de l'expertise et aux critiques dont il fait l'objet, le projet pose la question des conditions d'un meilleur encadrement de l'expertise scientifique.

Les travaux des membres de l'équipe étaient articulés autour d'un axe double. L'analyse institutionnelle visant l'organisation du dialogue entre droit et science était insuffisante pour « saisir » la réalité de la relation droit/science. Elle a été doublée d'un questionnement sur la portée normative des travaux scientifiques et de l'influence de l'expertise sur le droit en matière de biodiversité.

La question centrale de notre projet portait sur les conditions (aussi bien formelles que matérielles) de la normativité des données scientifiques en matière de biodiversité. Pour embrasser un sujet si riche, une méthodologie fondée sur des études de cas a été choisie. La « Plateforme intergouvernementale scientifique et politique sur la biodiversité et les services écosystémiques » (IPBES), des comités scientifiques qui œuvrent pour l'application de la Convention CITES ou encore pour les commissions de pêche en Méditerranée ont notamment servi d'exemples pour étudier des difficultés qui existent à mettre en place ce type d'expertise.

Aux difficultés propres à l'appréhension de la complexité du vivant se sont rapidement ajoutées celles qui découlent de l'internationalisation de la problématique. Souveraineté, égalité des états, difficultés presque insurmontables des pays en développement à participer aux instances internationales… les obstacles sont nombreux à la construction d'une gouvernance internationale de la biodiversité.

La recherche a permis de mettre en lumière une tendance à une meilleure appréhension de la complexité du vivant par le droit. Il ressort finalement des travaux de l'étude que les procédures et processus de création normative sont plus que jamais une priorité dont dépendent la légitimité et donc l'effectivité des textes adoptés.

PUBLICATIONS

Numéro spécial du *Journal international de bioéthique* (1/2014), Gouvernance de la biodiversité et expertise scientifique, sous la direction de Truilhé-Marengo E.

Gouvernance de la biodiversité, droit et expertise scientifique, *Les notes du pôle*, disponible sur http://pddtm.hypotheses.org

I3IASEAB // INTRODUCING 3-ITEM ANALYSIS IN THE STUDY OF SOUTH EAST ASIA BIOGEOGRAPHY

INTRODUCTION DE L'ANALYSE À TROIS ÉLÉMENTS (3IA) DANS L'ÉTUDE DE LA BIOGÉOGRAPHIE DU SUD-EST ASIATIQUE

PORTEURS DU PROJET : **RENÉ ZARAGÜETA I BAGILS, VISOTHEARY UNG**
UMR 7207 CNRS, UPMC, MNHN, PARIS

Contact : visotheary.riviere-ung@snv.jussieu.fr

La biogéographie est la science qui étudie les relations existant entre les organismes (animal ou végétal) et le lieu qu'ils habitent. L'histoire géologique complexe du Sud-Est asiatique en fait une région de choix pour les biogéographes. Une nouvelle approche, cladistique, est proposée pour l'étude de cette région située autour de la célèbre "Ligne de Wallace", en nous plaçant dans le paradigme de la vicariance où la spéciation apparaît suite à la mise en place d'une barrière géographique (par opposition au modèle dispersaliste à partir d'un centre d'origine). Les résultats attendus sont une meilleure connaissance de l'histoire évolutive de la région ainsi que des traits d'histoire de vie des taxons qui la peuplent.

L'approche cladistique proposée n'a été rendue possible que grâce à la finalisation d'un logiciel dédié à cette nouvelle méthode : l'analyse à 3 éléments (3ia). Ce logiciel, LisBeth (Laboratory of Informatics and Systematics program for Biogeography and Evolutionnary studies implementing THree-item analysis), est le seul à implémenter dans son intégralité la méthode 3ia. Il a fait l'objet d'un dépôt logiciel auprès de l'Agence pour la Protection des Programmes en 2010 et d'une publication scientifique (Zaragüeta-Bagils et al. 2012). Le logiciel est en constante évolution mais il est d'ores et déjà mis à la disposition de toute la communauté scientifique. La partie interface utilisateur a particulièrement été soignée afin de le rendre le plus intuitif possible et il est librement et gratuitement téléchargeable depuis notre site web : http://infosyslab.fr/downloadlisbeth/LisBeth.exe.

Le Sud-est asiatique, avec son histoire géologique mouvementée, a été le siège de nombreux évènements de vicariance et présente donc une répartition des espèces des plus intéressantes. L'approche proposée recherche des « patterns » généraux, étant entendu que si des taxons non-apparentés présentent un même pattern de distribution celui-ci est vraisemblablement dû à des évènements communs, i.e. de vicariance.

Non moins de 35 cladogrammes de taxons non-apparentés (animaux et végétaux) ont été rassemblés avec la mise en évidence d'un cladogramme d'aires, i.e. un aréagramme présentant les relations de parenté entre les 18 aires d'endémisme sélectionnées (Figure 2).

Ces résultats préliminaires sont encourageants. Ils révèlent l'adéquation de la méthode 3ia dans la recherche de patterns généraux et, par là même, dans la recherche de l'existence d'une classification naturelle des aires d'endémisme.

Figure 1 : Interface de LisBeth et son logo

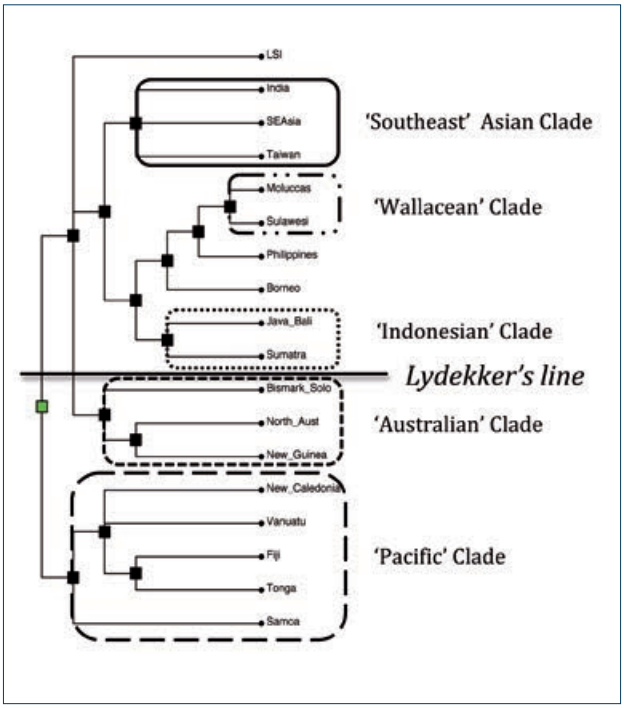


Figure 2 : Aréagramme montrant les relations de parenté entre les aires d'endémisme. La ligne de Lydekker est indiquée.

PUBLICATIONS

Zaragüeta-Bagils R, Ung V, Grand A, Vignes-Lebbe R, Cao N, Ducasse J (2012). LisBeth : New cladistics for phylogenetics and biogeography. *C.R Palevol,* 11(8) : 563-566.

Ung V, Zaragüeta Bagils R, Williams D.M (2013). Comparative biogeography of Southeast Asia and the West Pacific région. *Journal of Biogeography*. En révision.

IMMINV // IMMUNOÉCOLOGIE ET INVASION BIOLOGIQUE : LE CAS DU MERLE À LUNETTES AUX PETITES ANTILLES

PORTEUR DU PROJET : **BRUNO FAIVRE**,
UMR 5561, BIOGÉOSCIENCES, CNRS, UNIVERSITÉ DE BOURGOGNE, DIJON
Contact : bruno.faivre@u-bourgogne.fr

La colonisation des nouveaux espaces par les populations est un des mécanismes qui a façonné la biodiversité. Néanmoins, ce phénomène peut induire des conséquences négatives sur les espèces natives (voire leur disparition). Sa généralisation actuelle participe à une homogénéisation de la biodiversité au niveau global et à son érosion.

Une des clefs des invasions biologiques se trouve sans doute au niveau des interactions entre les espèces invasives et les autres espèces, en particulier avec les prédateurs et parasites. Les objectifs du projet étaient d'explorer deux propositions :

- avec la perte d'ennemis naturels, les populations colonisatrices sont «soulagées» d'une partie de leurs parasites habituels et restent peu infectées par les nouvelles espèces de parasites,
- au sein des colonisateurs, la sélection a favorisé les phénotypes investissant moins dans les défenses anti-parasitaires, et en particulier le compartiment couteux de l'immunité qu'est l'inflammation ; les ressources non affectées à ces défenses peuvent être investies vers d'autres fonctions comme la reproduction. Ainsi, ces individus se répandraient davantage.

Merle à lunettes (Cayenne Mars 2011, B Faivre)

Ces deux propositions ont été explorées sur le Merle à lunettes *Turdus nudigensis* en comparant les populations natives (Guyane) aux populations colonisant depuis peu l'arc antillais. Deux approches ont été utilisées : une approche descriptive comparant des parasites sanguins, ainsi que les niveaux «naturels» d'une protéine marqueur d'inflammation (l'haptoglobine), et une approche expérimentale visant à quantifier la réponse inflammatoire.

Les résultats valident la première prédiction : les parasites sanguins sont moins présents aux Antilles qu'en Guyane. Ces résultats confirment les configurations de faibles pressions parasitaires sur des terres nouvellement colonisées. En ce qui concerne la seconde prédiction, l'approche descriptive montre clairement des niveaux de base d'inflammation plus faibles aux Antilles qu'en Guyane. Les résultats expérimentaux montrent que le déclenchement d'une inflammation ne produit pas de réponse très visible en Martinique relativement aux populations guyanaises (Figure 1). Ce résultat concorde avec la seconde prédiction.

La prise en compte couplée des résultats descriptifs et expérimentaux obtenus ici apporte sans doute un des soutiens les plus convaincants aux hypothèses à la base de ce travail.

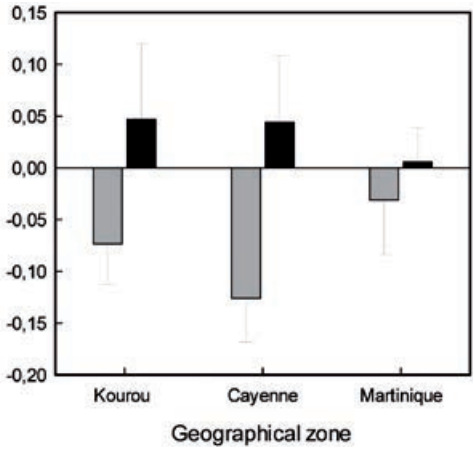


Figure 1. Changement des niveaux d'haptoglobine après injection de LPS (en noir) ou de PBS (contrôle, en gris). Kourou (LPS, n=10; PBS, n=10), Cayenne (LPS, n=18; PBS, n=16), Martinique (LPS, n=19; PBS, n=20)

COMMUNICATIONS

Le projet FRB IMMINV a été le support d'une émission scientifique de la Radio Télévision Suisse «*Impatience*» dédiée à l'immuno-écologie en 2012. Elle incluait notamment un reportage effectué à Kourou (Guyane) lors d'une des missions mise en place pour la réalisation du projet FRB IMMINV.

Le Merle à lunettes a été mentionné comme une des causes potentielles de la quasi-disparition sur l'île de Sainte-Lucie d'une espèce de Turdidés, la Grive à pieds jaunes *Cichlherminia lherminieri*, endémique de 4 îles des petites Antilles (Montserrat, Guadeloupe, Martinique, Ste Lucie). Notre étude a contribué à alerter sur le caractère invasif du Merle à lunettes sur l'île de Ste Lucie. Ceci s'est notamment produit à travers notre contribution à un ouvrage de sensibilisation et de communication intitulé «*Stop the Invasion of Alien Species*» dont l'élaboration a été coordonnée par le Centre for Agricultural Bioscience International (CABI, UK). Le public visé inclut notamment les acteurs locaux de l'environnement de manière à les sensibiliser à certaines espèces invasives et le cas échéant aux moyens de lutte mis en place.

INDICS // INDICATEURS PARTICIPATIFS DE LA BIODIVERSITÉ ET DES SERVICES ÉCOSYSTÉMIQUES DU SOL

PORTEUR DU PROJET : **PATRICK LAVELLE**,
UMR 211 BIOEMCO, IRD, CALI, COLOMBIE
Contact : patrick.lavelle@ird.fr

Un obstacle important à la mise en place de mécanismes de paiement des services écosystémiques (SE) aux petits agriculteurs est le manque de moyens fiables pour les évaluer.

Une nouvelle approche a été explorée de la mesure des SE. Elle teste la valeur d´espèces animales ou végétales indicatrices connues des producteurs en référence aux mesures scientifiques effectuées avec des méthodes innovantes mises au point dans des projets antérieurs.

Dans les sites brésiliens du projet IFBANR AMAZ BD, une étude initiale a montré qu´il existait bien des espèces de macroinvertebrés du sol, connues des producteurs, qui sont des indicateurs fiables de classes de valeurs de nos indicateurs de SE.

Le pouvoir indicateur est mesuré avec une formule (IndVal) qui multiplie la spécificité (maximale quand l´espèce n´est trouvée que pour un seul intervalle de valeur de l´indicateur de SE) par la fidélité (maxi quand l´espèce est toujours présente quand la valeur de l´indicateur de SE est dans un certain intervalle de valeurs). 19 espèces d´invertébrés du sol (6 vers de terre, 9 fourmis et 4 termites) ont ainsi été reconnues comme indicatrices d´au moins un SE.

Les producteurs, quant à eux, reconnaissaient 10 espèces indicatrices, seules 5 d´entre elles étant communes aux deux approches : les vers de terre *Andiorrhinus sp*. (indicateur d´une biodiversité élevée) et *Pontoscolex corethrurus* (indicateur d'un sol fortement agrégé), la fourmi *Solenopsis sp*. (stockage de C et agrégation du sol), et les termites *Nasutitermes sp*. (bonnes qualités physiques du sol et stockage de C) et *Rhinotermes marginalis* (bonne fertilité chimique). Dans les savanes colombiennes, une étude comparable limitée aux fourmis a permis d´isoler 16 espèces sur un total de 92 sélectionnées comme indicatrices des valeurs de l´un des 5 indicateurs mesures.

À Somotillo (Nicaragua), 13 espèces différentes (deux termites, deux arachnides, un lombric, trois fourmis, quatre coléoptères et un chilopode) ont été associées à des valeurs particulières des SE ; 5 d´entre elles ont été reconnues et associées à un service par les producteurs. Dans le site de Condega, des 11 espèces reconnues comme indicatrices par la méthode IndVal (deux espèces de termites, quatre coléoptères, un arachnide, un dermaptère, 1 diploure, un lombric ainsi qu'un chilopode) 7 sont associées à un SE spécifique par les producteurs.

Cette étude montre la capacité de certaines espèces de la faune du sol à être de bons indicateurs de niveaux des SE. Un savoir local comparable existe, mais il devra être renforcé si la méthode proposée devient une norme reconnue dans les mécanismes de paiement de SE.

PUBLICATIONS

Rousseau L, Fonte S.J, Téllez O, van der Hoek R, Lavelle P (2013). Soil macrofauna as indicators of soil quality and land use impacts in smallholder agroecosystems of western Nicaragua. *Ecological Indicators*, 27 : 71-82.

Tselouiko S (2010). Video Youtube AMAZ Biodiversite : www.youtube.com/watch?v=P-IQ6wLGgP8.

INVALEX // DYNAMIQUE DE L'INVASION DU COMPLEXE *ALEXANDRIUM TAMARENSE* (DINOFLAGELLÉ) EN MÉDITERRANÉE

PORTEUR DU PROJET : **ESTELLE MASSERET**,
UMR 5119 ECOSYM-CC093, UNIVERSITÉ MONTPELLIER 2, MONTPELLIER

Contact : estelle.masseret@univ-montp2.fr

La prolifération d'organismes phytoplanctoniques, producteurs de toxines ou pouvant être la cause de nuisances prenant des formes multiples, est connue sous le terme anglo-saxon « Harmful Algal Bloom » (HAB). Les HABs, dont certaines espèces sont considérées comme invasives (classement par l'IUCN), connaissent une expansion inquiétante. Depuis 1970, 5 fois plus de zones sont touchées par des HABs de type PSP (Paralytic Shellfish Poisoning) (Figure 1). Depuis les années 1980, l'augmentation de leur fréquence et de leur l'intensité est observée en Méditerranée (Penna et al 2005).

La valorisation des zones côtières et lagunaires, par l'aquaculture et la conchyliculture au Nord et au Sud de la Méditerranée répond aux défis démographiques, palie les déficiences des productions halieutiques, et génère des ressources économiques. Cette valorisation semble à terme gravement menacée par l'expansion des microalgues invasives du complexe *Alexandrium tamarense (A.catenella/tamarense)*, producteurs de toxines PSP, via l'importation de coquillages, et des eaux et sédiments de ballast.

Les conséquences écologiques se traduisent souvent par une érosion de la biodiversité locale transitoire voire pérenne. Le fonctionnement de l'écosystème peut être également perturbé par des crises d'anoxie résultant des processus de dégradation des floraisons liées à de très fortes biomasses.

Le projet INVALEX a initié la première étude biogéographique du complexe *A. tamarense* en Méditerranée à l'aide de marqueurs microsatellites. Il a permis le développement :

1. de collaborations fortes avec nos collègues en Algérie et en Tunisie,
2. d'une nouvelle méthode d'étude de la diversité sur kyste unique afin d'appréhender la diversité d'*Alexandrium* dans les sédiments,
3. de marqueurs microsatellites nouveaux.

L'étude de la variabilité physiologique chez *A. tamarense* a montré de larges variations de la « fitness » intraspécifique chez les individus composant une efflorescence. Ainsi, cette espèce a les capacités de s'adapter à un large éventail de conditions climatiques et écologiques.

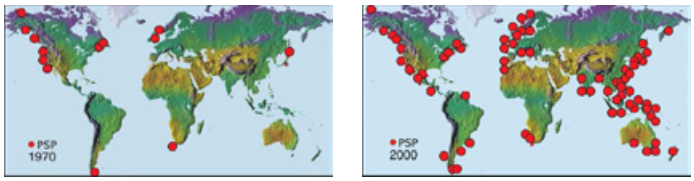


Figure 1. Expansion des événements toxiques de type PSP (Glibert et al 2005)

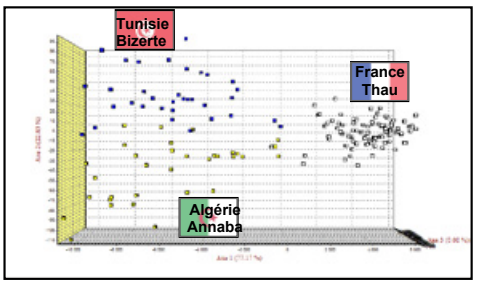


Figure 2. Description de la diversité intraspécifique des différentes populations méditerranéennes. Il existe clairement une différence entre les populations issues du nord et du sud de la Méditerranée attestée par les valeurs de Fst élevées et significatives (P<0.001). Les analyses complémentaires permettront d'explorer l'existence de flux géniques entre les différentes populations.

PUBLICATIONS

Anderson D M, Alpermann T J, Cembella A.D, Collos Y, Masseret E, Montresor M (2012). The globally distributed genus *Alexandrium*: Multifaceted roles in marine ecosystems and impacts on human health. *Harmful Algae*, 14 : 10-35.

Hadjadji I, Masseret E, Plisson B, Laabir M, Cecchi P, Collos Y (2012). Clonal variation in physiological parameters of *Alexandrium tamarense*: implications for biological invasions and maintenance. *Cah. Biol*. Mar. 53 : 357-363.

MARMIPED // MARQUEURS BIOGÉOCHIMIQUES DES MIGRATIONS DES POISSONS D'EAU DOUCE EN AMAZONIE

PORTEUR DU PROJET : **MARC POUILLY**,
UMR BIOLOGIE DES ORGANISMES ET ECOSYSTÈMES AQUATIQUES, MNHN, IRD, CNRS, UPMC, PARIS
Contact : pouilly@ird.fr

Dans les systèmes fluviaux complexes comme l'Amazonie, les migrations des poissons sont essentielles pour le maintien de la biodiversité. Leur connaissance est importante pour la gestion des pêches et de la biodiversité. Le projet MARMIPED a pour objectif l'identification de marqueurs biogéochimiques et le développement d'une technique non-létale pour déterminer la rivière d'origine des poissons et pour retracer leurs mouvements et les habitats occupés au cours de leur vie. Cet approche consiste à comparer la composition géochimique des eaux à celle de la matière composant les stries de croissance des écailles et des otolithes*, intégrant l'histoire de vie des poissons. Le couplage hydrogéochimie et biogéochimie est essentiel dans ce type d'approche.

Le projet explore le potentiel d'utilisation des écailles car elles présentent plusieurs avantages :

- leur extraction est non létale
- elles permettent l'expérimentation par le suivi d'un même individu
- leur échantillonnage et leur préparation sont plus rapides et plus faciles que d'autres techniques.

Le strontium est un élément rare dont la composition isotopique dans l'eau dépend de la géologie du bassin versant. Il s'incorpore naturellement dans les écailles et les otolithes des poissons en se substituant au calcium qui les compose normalement. Les résultats montrent une forte corrélation entre les valeurs du rapport isotopique du strontium ($^{87/86}$Sr) dans l'eau et dans les écailles et les otolithes des poissons d'eau douce d'Amazonie (Figure 1). Ce rapport permet d'identifier la rivière d'origine des poissons.

Les variations du $^{87/86}$Sr ont été évaluées le long des otolithes et des écailles grâce à des techniques avancées couplant une ablation laser et un spectromètre de masse multi collecteur (LAfs-MC-ICMPS). Les résultats montrent le potentiel du $^{87/86}$Sr pour détecter les mouvements des poissons (Figure 2). *Brachyplatystoma rousseauxii* est un grand poisson-chat migrant tout au long des 5000 km de l'Amazone et présentant une grande importance commerciale. Les populations pêchées dans les hauts bassins de l'Amazonie (Pérou et Bolivie) occupent des habitats différents lors de leur période de croissance dans l'estuaire Amazonien (Brésil). Une telle ségrégation n'était pas connue jusqu'à présent et, si elle se confirme, serait de nature à influencer la gestion des pêches de l'espèce.

*Otolithe : concrétion minérale située dans l'oreille interne des poissons

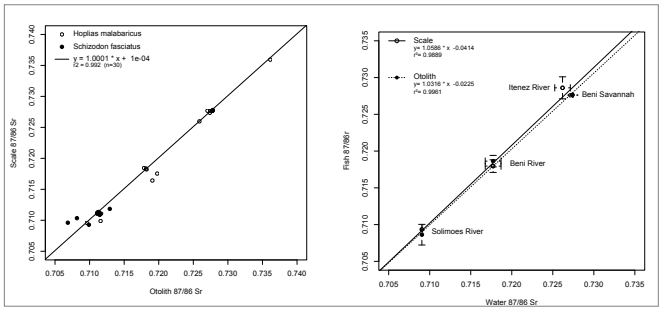


Figure 1. Corrélation des valeurs du rapport isotopique $^{87/86}$Sr A) entre écailles et otolithes de poissons d'eau douce amazonienne (n=30) et B) entre eaux et otolithes dans trois bassins amazoniens ; entre eaux et écailles dans quatre bassins amazoniens.

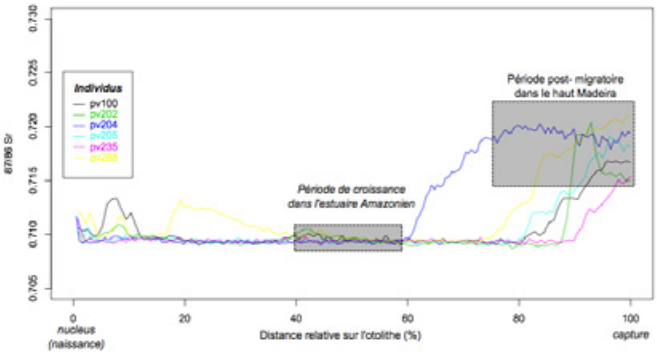


Figure 2.Variation du rapport isotopique $^{87/86}$Sr le long d'un transect nucleus (naissance) – bordure (capture) sur les otolithes de Brachyplatystoma rousseauxii pêchés dans le haut Madeira (río Mamoré, Bolivie).

PUBLICATIONS

Duponchelle F, Pouilly M, Donard A, Pecheyran C, Bérail S, Point D, Sondag F, Santos R, Garcia A, Carvajal F, Fabre N, Alonso J.C, Renno J.F. *Are Otolith $^{87/86}$Sr ratios good markers to depict Brachyplatystoma rousseauxii migration patterns along the Amazon rivers?* En préparation.

Pouilly M, Point D, Sondag F, Santos R.V. *Detection of Amazonian freshwater fish geographical origin by $^{87Sr/86}$Sr isotope ratios in scales and otoliths*. Soumis.

MICBROME // DIVERSITÉ MICROBIENNE AQUATIQUE DES BROMELIACÉES ÉPIPHYTES À RÉSERVOIRS DE GUYANE

PORTEUR DU PROJET : **JEAN-FRANÇOIS CARRIAS**,
UMR 6023 CNRS, LABORATOIRE MICROORGANISMES : GÉNOME ET ENVIRONNEMENT,
UNIVERSITÉ BLAISE PASCAL (CLERMONT 2), AUBIÈRE

Contact : j-francois.carrias@univ-bpclermont.fr

Quel écologue aquatique ne rêve pas de pouvoir observer, dans un seul prélèvement, toute la biodiversité d'un écosystème ? Les broméliacées-citerne offrent cette opportunité incroyable.

L'objectif du projet MICBROME a été d'analyser la diversité des communautés de microorganismes (Bactéries, algues, champignons) présents dans les broméliacées citerne en Guyane française. En forêt néotropicale les mares terrestres sont rares et les broméliacées citerne, (Figure 1) par leur agencement de feuilles, forment de véritables petites mares, lieux privilégiés pour le développement d'une très grande diversité d'organismes aquatiques (Figure 2).

Figure 1. Exemple de broméliacées-citerne. **Catopsis berteroniana** ***est une broméliacée épiphyte se développant dans des biotopes de savane-roche, milieux dépourvus de sol et très exposés au rayonnement solaire (ici sur*** **Clusia minor** ***sur l'inselberg des Nouragues en Guyane française). Contrairement aux autres broméliacées, la matière organique qu'elle recueille au sein de ses réservoirs est animale. Elle a en effet la particularité de piéger des insectes, mais ne possédant pas d'enzymes digestifs, sa nutrition dépend exclusivement de l'activité des microorganismes de son réservoir.***

Les résultats soulignent une remarquable diversité taxinomique bactérienne en lien avec la diversité des plantes et les gradients environnementaux dans lesquels ces dernières sont situées. Il apparaît ainsi que chaque microbiote est propre à chaque plante.

Les résultats du clonage-séquençage révèlent une diversité taxinomique bactérienne intermédiaire entre les écosystèmes aquatiques et terrestres. Les séquences présentent moins de 50% d'identité avec celles référencées dans les bases de données. Un résultat inattendu et d'un grand intérêt scientifique est la présence de bactéries phototrophes anoxygéniques, soulignant un métabolisme photohétérotrophe prépondérant dans l'activité de dégradation de la matière organique et caractéristique des plantes de milieux fermés. En effet, la bacteriochlorophylle a pourrait être un pigment clé du fonctionnement de l'écosystème bromélien, et plus généralement des biotopes aquatiques détritiques sous faibles conditions lumineuses.

La présence d'algues, même dans des plantes recevant une faible énergie lumineuse, constitue un point fort de ce projet, dans la mesure où ces microorganismes photosynthétiques étaient jusque là considérés comme négligeables dans ces écosystèmes. Ce résultat remet en question l'idée selon laquelle le réseau trophique aquatique bromélien est uniquement basé sur la matière organique allochtone (litière essentiellement). Une voie «verte » aquatique au sein même de la forêt tropicale est donc possible et ouvre de très larges perspectives d'études.

L'approche culturale a porté prioritairement sur les algues et les cyanobactéries avec plus de 100 souches en cours de caractérisation taxonomique. Le laboratoire possède actuellement plus de 500 souches de microorganismes (bactéries, cyanobactéries, champignons, algues) de ces écosystèmes broméliens.

Pour le laboratoire LMGE, un des axes prioritaires est la recherche de nouvelles biomolécules d'intérêt, produites par ces microorganismes ; l'objectif étant de valoriser la biodiversité microbienne en tant que bioressource.

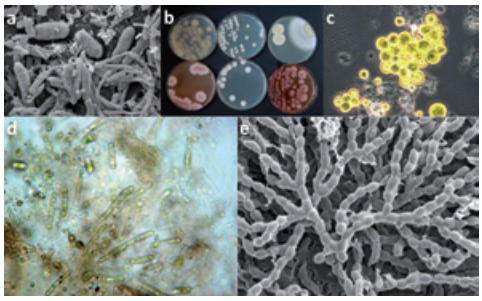


Figure 2. Aperçu de la diversité microbienne aquatique des broméliacées de Guyane française. a : bactéries observées en microscopie électronique à balayage, b : champignons cultivés en boîtes de pétri, c : algue chlorophycée, d : algue ochrophyte se développant dans une broméliacée proto-carnivore, c : cyanobactérie filamenteuse inconnue (non encore décrite) observée en microscopie électronique à balayage.

PUBLICATIONS

Le Jeune A.H, Mallet C, Batisson I, Brouard O, Pelozuelo L, Corbara B, Leroy C, Dejean A, Céréghino R, Carrias J.F. *Patterns of bacterial diversity in two sun-exposed tank-bromeliads*. En préparation.

Le Jeune A.H, Carrias J.F, Hagger J.P, Céréghino R, Leroy C, Lehours A.C. *Bacteriochlorophyll a: the main photosynthetic pigment in bromeliad tanks, micro-ecosystems of the Amazonian rain forest.* En préparation.

projet financé par le MEDDE

MIDACOR // TROPICAL BORING MICROFLORA UNDER CLIMATE CHANGE: CONSEQUENCES OF THEIR DIVERSITY AND METABOLIC VARIABILITY ON CORAL REEF FUNCTIONING AND MAINTENANCE

MICROFLORE PERFORANTE TROPICALE DANS LE CONTEXTE DU CHANGEMENT CLIMATIQUE : CARACTÉRISATION DE SA DIVERSITÉ, DE SA VARIABILITÉ ET DE SON RÔLE FONCTIONNEL DANS LES RÉCIFS CORALLIENS

PORTEUR DU PROJET : **ALINE TRIBOLLET**,
UMR IPSL-LOCEAN, IRD, NOUMÉA, NOUVELLE-CALÉDONIE

Contact : aline.tribollet@ird.fr

PROJET EN COURS

Les organismes microperforants, comprenant des cyanobactéries, des micro-algues et des champignons, jouent un rôle majeur dans la dissolution biogénique des carbonates récifaux (des sédiments aux squelettes coralliens). Ces microorganismes sont en effet capables de creuser activement les carbonates par voie chimique pour former des galeries. En conditions contrôlées et sur une durée de 3 mois, une étude récente a montré que les taux de dissolution des squelettes coralliens mesurés par des techniques de microscopie et d'analyses d'image (reconstitution des volumes érodés) augmentent de 50% sous pCO_2 élevée (c.a.d. 750 ppm, la pCO_2 prédite pour 2100) et que cela semble résulter de la croissance de l'algue verte microperforante du genre *Ostreobium*. Mais qu'en est-il en milieu naturel, c'est-à-dire dans des récifs naturellement acidifiés ? Quelles espèces d'*Ostreobium* réagissent à l'acidification de l'eau de mer ? Comment réagissent-elles aux effets couplés de différents facteurs (ex: T°C/pH/nutriments) et quelles conséquences cela peut-il avoir sur le fonctionnement et le maintien des récifs coralliens? Quelle quantité d'alcalinité la dissolution biogénique produit-elle et peut-elle compenser l'acidification de l'eau de mer ?

C'est dans ce contexte que le projet international MIDACOR (2010–2014) a vu le jour avec des expériences développées dans l'Océan Indo-Pacifique (Ile de la Réunion et Nouvelle- Calédonie) et dans l'Océan Atlantique (Bermudes) en collaboration avec des laboratoires français et américains. Des expériences en conditions contrôlées (en aquariums ou microcosmes) ont également été réalisées, notamment au Friday Harbor Laboratory (USA) afin de tester différentes pCO_2 sur des cultures monospécifiques d'organismes microperforants (Figure 1).

Les premiers résultats montrent que :

1. la diversité d'*Ostreobium* est bien plus importante que prévue à l'échelle des récifs coralliens, et plus généralement, des écosystèmes côtiers du monde (approches moléculaires et microscopiques réalisées sur des échantillons de Calédonie, Réunion, Hawaii, et Puget Sound prélevés à différentes profondeurs),
2. il ne semble pas y avoir de différences significatives entre les métabolismes de deux espèces d'*Ostreobium* cultivées sous conditions contrôlées,
3. la réponse à l'augmentation de la pCO_2 dans l'eau de ces 2 espèces d'*Ostreobium* est similaire,
4. l'alcalinité produite par la dissolution biogénique est très importante.

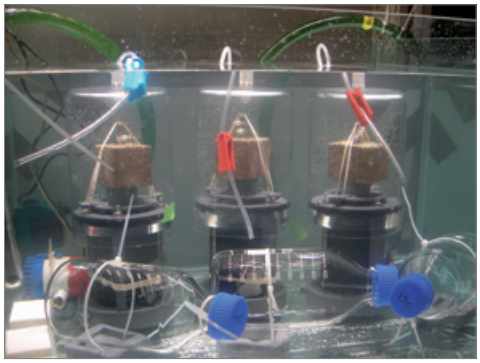


Figure 1. Expérience en conditions contrôlées

PUBLICATIONS

Plusieurs articles sont en préparation, notamment un sur la diversité phylogénique d'*Ostreobium* de Nouvelle-Calédonie, et un autre sur le rôle des microperforants dans le bilan des carbonates à l'échelle récifale. Un article est actuellement en révision dans *Journal of European Phycology* : O'Kelly CJ, Mottet G.J, Santoni S, Tribollet A. Cultured-based studies on the carbonate microboring chlorophyte Ostreobium (Ulvophycea, Bryopsidales) reveal novel diversity in temperate marine waters.

MIGRAMD // MICROBIAL BIOGEOGRAPHY OF ACID MINE DRAINAGE: A STUDY OF GENETIC DIVERSITY AND SPECIES DIVERSITY FROM AN EVOLUTIONARY PERSPECTIVE

BIOGÉOGRAPHIE DES COMMUNAUTÉS BACTÉRIENNES DE DRAINAGES MINIERS ACIDES : ÉTUDE DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE ET SPÉCIFIQUE DANS UNE PERSPECTIVE ÉVOLUTIVE

PORTEUR DU PROJET : **BÉATRICE LAUGA**,
UMR-CNRS-IPREM 5254, ÉQUIPE ENVIRONNEMENT ET MICROBIOLOGIE, UNIVERSITÉ DE PAU ET DES PAYS DE L'ADOUR, PAU

Contact : beatrice.lauga@univ-pau.fr

Les drainages miniers acides (DMA) (Figure 1) constituent un des problèmes majeurs de l'activité minière à travers le monde. Ils sont caractérisés par des pH très acides et des concentrations élevées en fer et métaux toxiques (aluminium, manganèse, plomb, …) et des métalloïdes (arsenic et sélénium). Ce sont des milieux extrêmes. Du fait de la fragmentation de ces habitats, ils apparaissent être de bons candidats pour aborder un certain nombre de questions fondamentales de biogéographie microbienne. En tant qu'environnements extrêmes, les DMA fournissent des communautés simplifiées qui peuvent être comparées plus facilement. Dans cette étude les méthodes de séquençages haut-débit ont été utilisées pour étudier de façon approfondie et par une approche comparative les assemblages microbiens de 12 DMA localisés dans trois régions minières : française, hispano-portugaise et bolivienne. L'objectif de ce projet visait à mettre en lumière des éléments expliquant l'origine de leur peuplement et les facteurs gouvernant leur assemblage afin d'aboutir finalement à une meilleure compréhension des facteurs susceptibles de modeler l'évolution des microorganismes.

Parmi les résultats frappants, il a été montré que la composition des communautés microbiennes à chaque site ne pouvait s'expliquer par leur proximité géographique (Figure 2). La dispersion ne serait donc pas un facteur majeur permettant d'expliquer les patrons observés. La composition des communautés à chaque site a indiqué que les organismes qui colonisent ces milieux possèdent des capacités spécifiques vis-à-vis de l'acidité et de la contamination métallique, en particulier l'arsenic. L'ébauche de relations interspécifiques a été établie pour la communauté de ces DMA. Finalement les résultats soulignent la pertinence de ces données pour refléter l'histoire contemporaine des sites.

Les variations spatio-temporelles ont été étudiées sur un seul site, celui de Carnoulès (France). Les résultats ont confirmé une structuration amont-aval des communautés bactériennes associée à un fort gradient spatial des conditions physico-chimiques. Des microorganismes ayant une très faible abondance ont été détectés mais ils représentent pourtant près de 68% des organismes identifiés. L'ensemble de l'étude a révélé la présence d'organismes incultivables et nouvellement décrits.

Figure 1 : Exploitation minière en Espagne dans la région du Rio Tinto et son cortège de drainages miniers acides

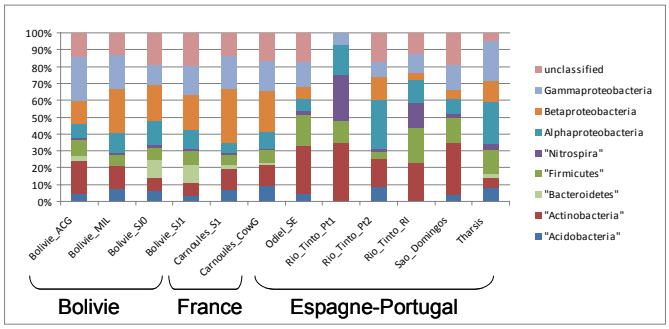


Figure 2 : Phylums bactériens présents dans 12 drainages miniers acides. Des OTUs correspondant à de nouveaux taxons ont été dévoilés (classification phylogénétique établie à partir des séquences du gène de l'ARNr 16S, les séquences présentant 97% de similarité sont regroupées en OTUs).

PUBLICATIONS

Javerliat F, Bruneel O, Volant A, Casiot C, Laoudi S, Paroissien C, Bru N, Fahy A, Karama S, Sarmiento A.S, Iñiguez V, Bouchez O, Nieto J.M, Duran R, Lauga B. *In pursuit of drivers of communities assemblage in AMD: a comparative biogeographic approach.* Soumis.

Volant A, Bruneel O, Desoeuvre A, Héry M, Casiot C, Bru N, Delpoux S, Fahy A, Javerliat F, Duran R, Bertin P, Elbaz-Poulichet F, Lauga B. *Spatiotemporal dynamic of bacterial community composition: physicochemical drivers in acid mine drainage.* Soumis.

MORPHALE // DIVERSITÉ MORPHOLOGIQUE DES PÉTALES : RÔLE ÉVOLUTIF, CONTRÔLE GÉNÉTIQUE ET DÉVELOPPEMENTAL CHEZ LES RENONCULACÉES

PORTEUR DU PROJET : **CATHERINE DAMERVAL**,
UMR DE GÉNÉTIQUE VÉGÉTALE, GIF-SUR-YVETTE

Contact : catherine.damerval@moulon.inra.fr

La nigelle de Damas (*Nigella damascena L.*) est une espèce annuelle de la famille des Renonculacées, utilisée comme plante ornementale dans les jardins et les prairies fleuries. Certaines populations présentent un dimorphisme floral : le premier morphe comporte des sépales pétaloïdes le plus souvent bleus et des petits pétales nectarifères bleu très sombre ; l'autre est dépourvu de pétale, et comporte un grand nombre de tépales (terme utilisé lorsqu'il n'y a qu'un seul type de pièces stériles) pétaloïdes bleus.

Le projet visait à :

- comprendre l'origine génétique et moléculaire du dimorphisme floral
- comparer le développement floral des deux morphes
- comparer le succès reproducteur et la valeur adaptative des deux morphes en conditions naturelles.

Le projet a permis de vérifier que le dimorphisme est contrôlé par un locus à deux allèles, celui conditionnant la formation des pétales étant dominant. Par une approche moléculaire de type « gène candidat », quatre homologues des gènes *Apetala3* et *Pistillata*, responsables de l'identité « pétale » chez Arabidopsis ont pu être caractérisés.

Un faisceau d'arguments a conduit à supposer un rôle essentiel d'un de ces gènes, *NdAP3-3* dans le dimorphisme :

- il était exprimé dans le morphe avec pétales mais pas dans le morphe sans pétale
- il a été mis en évidence une co-ségrégation complète d'un polymorphisme d'insertion/délétion dans ce gène avec le génotype au locus contrôlant le type floral.

L'inactivation de l'expression de ce gène chez des plantes du génotype « avec pétales » a pour résultat la production de fleurs typiques du morphe sans pétale. Il semble donc bien que ce gène NdAP3-3 soit responsable du dimorphisme floral, même s'il reste à expliquer les mécanismes responsables de son inactivation dans le morphe sans pétale.

L'étude du développement floral est en cours par visualisation des contours cellulaires au microscope confocal, ce qui sera utile pour identifier en 3D les territoires morphogénétiques dans le jeune pétale en développement.

Trois populations expérimentales comportant des plantes de chaque type floral ont été implantées, en région parisienne et à Montpellier. Les hyménoptères visitent préférentiellement les fleurs avec pétales. Une étude comparée de la vigueur et du succès reproducteur des plantes est en cours. Ces caractères pourront être reliés à l'efficacité de la pollinisation par les hyménoptères et l'ensemble de l'analyse permettra de proposer des hypothèses quant au maintien (ou non) du dimorphisme en conditions naturelles. Ces populations seront suivies sur plusieurs années afin d'observer l'évolution *in situ* du morphe-ratio.

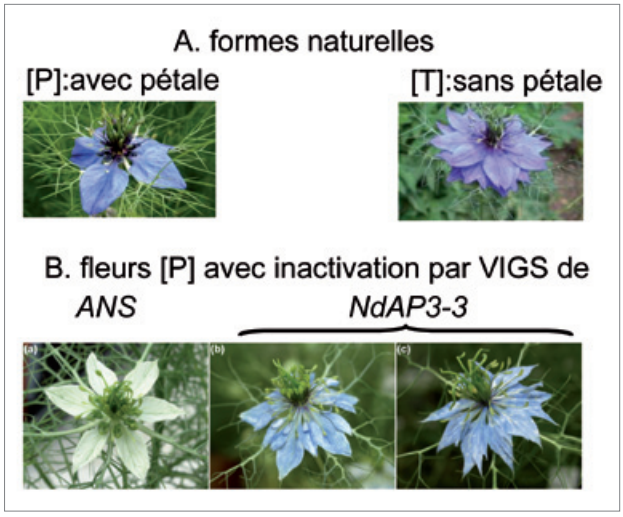


Figure 1. Dimorphisme floral chez la nigelle et inactivation fonctionnelle du gène responsable. A. Les deux morphes trouvées dans la nature. B. Inactivation par Virus Induced Gene Silencing (VIGS) de l'expression gène NdAP3-3, responsable du dimorphisme: a. inactivation de l'ANS, un marqueur de coloration; b, c: inactivation tardive (b) et précoce (c) au cours du développement floral de NdAP3-3, montrant le gradient de transformation : l'inactivation précoce transforme totalement le phénotype [P] en phénotype [T].

PUBLICATIONS ET OUTILS DÉVELOPPÉS

Gonçalves B, Nougué O, Jabbour F, Ridel C, Morin H, Laufs P, Manicacci D, Damerval C (2013). An Apetala3 homolog controls both petal identity and floral meristem patterning in *Nigella damascena L.* (Ranunculaceae). *The Plant Journal*, doi: 10.1111/tpj.12284.

Mise au point du Virus Induced Gene Silencing (VIGS), méthode d'inactivation transitoire de l'expression de gènes cibles, chez *Nigella damascena*.

PHYLODIV // BIODIVERSITÉ PHYLOGÉNÉTIQUE DES COMMUNAUTÉS ANIMALES : LA PERSPECTIVE PALÉONTOLOGIQUE

PORTEUR DU PROJET : **ARNAUD BRAYARD**,
UMR CNRS 5561 BIOGÉOSCIENCES UNIVERSITÉ DE BOURGOGNE, DIJON
Contact : arnaud.brayard@u-bourgogne.fr

Dans le sillage de la biologie de la conservation, un intérêt grandissant s'est fait sentir pour les mesures phylogénétiques (degré de parenté entre les groupes d'organismes) de la biodiversité. Ce vaste et dynamique champ d'investigation est relativement peu étudié avec les données fossiles. L'objectif est de comprendre les processus reliant l'histoire phylogénétique des organismes à leurs propriétés écologiques et évolutives à l'échelle des temps géologiques.

Trois questions majeures y sont abordées :

1. Quelle est l'influence de la phylogénie sur la probabilité d'extinction ?
2. Quels sont les liens entretenus entre la diversité phylogénétique et les autres facettes de la biodiversité, notamment lors de grands changements environnementaux ?
3. Quels sont les processus évolutifs et écologiques impliqués dans ces fluctuations ?

En étudiant des groupes de mammifères et de mollusques méso-cénozoïques, l'objectif principal du projet PHYLODIV était de décrire et comparer la structure phylogénétique des communautés fossiles au cours du temps et dans différents contextes environnementaux et évolutifs (extinctions, radiations).

Les résultats montrent que la sensibilité phylogénétique aux extinctions est fréquente à différentes échelles temporelles, spatiales et phylogénétiques (Hardy et al. 2012 ; Figure 1), notamment pour les ammonites (mollusques céphalopodes). Il a également été découvert de nouvelles communautés fossiles datées du Smithien (Trias inférieur) dans l'Ouest de l'Utah et du Nevada, ce qui a permis d'établir la première zonation et corrélation biostratigraphique précise pour cette région. De plus, les premiers récifs à métazoaires (éponges) datés du Trias inférieur ont été mis à jour. Cette découverte inattendue montre que les communautés marines se sont restructurées très rapidement après l'extinction en masse de la fin du Permien, contrairement aux hypothèses existantes (Brayard et al. 2011). En plus d'ouvrir de nouvelles perspectives de recherche, ce projet a permis de mieux comprendre les mécanismes contrôlant la dynamique de la biodiversité sur le long terme, et notamment d'évaluer l'impact de différents facteurs environnementaux et de leurs fluctuations.

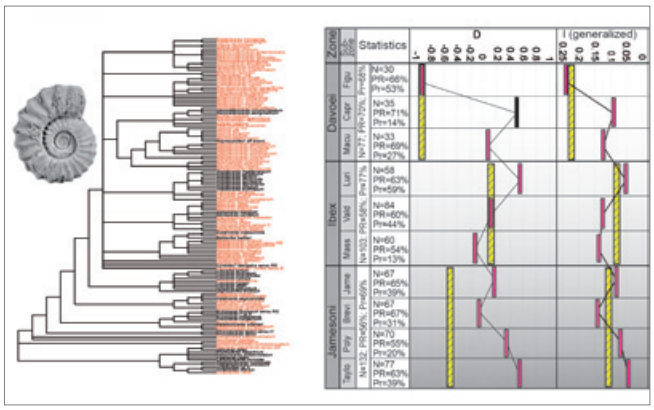


Figure 1. Distribution phylogénétique des extinctions chez les ammonites pour Pliensbachien inférieur (Jurassique). Les mesures statistiques présentées sur la droite montrent que le groupement phylogénétique des extinctions est significatif pour tous les intervalles étudiés, sauf un (barre noire). D'après Hardy et al. (2012).

PUBLICATIONS

Brayard A, Vennin E, Olivier N, Bylund K.G, Jenks J, Stephen D.A, Bucher H, Hofmann R, Goudemand N, Escarguel G (2011). Transient metazoan reefs in the aftermath of the end-Permian mass extinction. *Nature Geoscience*, 4 : 693-697.

Hardy C, Fara E, Laffont R, Dommergues J.L, Meister C, Neige P (2012). Deep-time phylogenetic clustering of extinctions in an evolutionarily dynamic clade (Early Jurassic ammonites). *PLoS ONE*, 7(5) : e37977.

PICOPOP // DIVERSITÉ ET ADAPTABILITÉ DES ESPÈCES PICOPLANCTONIQUES DANS LE GOLFE DU LION

PORTEUR DU PROJET : **GWENAËL PIGANEAU**,
UMR 7621, LABORATOIRE D'OCÉANOGRAPHIE BIOLOGIQUE CNRS-UPMC, BANYULS-SUR-MER
Contact : gwenael.piganeau@obs-banyuls.fr

Les picoalgues marines représentent un réservoir inexploité de diversité génétique et un fort potentiel biotechnologique par leur production de lipides qui sont à la fois des suppléments alimentaires pour l'homme (de type «oméga») et une source potentielle de biocarburant. Pour faire progresser la connaissance sur l'estimation de la biodiversité de ces microalgues, des approches bioinformatiques ont été combinées avec des approches de terrain, en échantillonnant plus d'une centaine de nouvelles souches sur le Golfe du Lion (Figure 1).

PICOPOP a tout d'abord procédé à l'étude de la résolution taxonomique du marqueur moléculaire le plus utilisé pour estimer la biodiversité des picoalgues; le gène codant pour le 18S rDNA. L'analyse bioinformatique des données génomiques et de 18S disponibles a mis en évidence une sous-estimation de la diversité par ce marqueur, en particulier pour les picoalgues. Le couplage de ces observations avec la théorie de la génétique des populations a permis de proposer une hypothèse sur les mécanismes populationnels impliqués dans cette sous-estimation, qui concerne tous les organismes unicellulaires : la taille efficace des populations et la distribution des effets des mutations (Figure 2, Piganeau et al. 2011).

L'échantillonnage de picoalgues sur 12 sites du golfe du Lion (Figure 1) a permis d'évaluer la prévalence des picoalgues de la classe des Mamiellophyceae, les plus petites cellules eucaryotes qui ont la taille de bactéries (~1μm) sur 12 sites de prélèvement dans le Golfe du Lion. Grâce à ces prélèvements, une population d'une nouvelle espèce de picoalgue, *O. mediterraneus* (Subirana et al. 2013), a été caractérisée, dont le génome est en cours de séquençage au Génoscope.

L'analyse des génomes complets d'une population de 12 souches de l'espèce d'*O. tauri*, obtenus en collaboration avec le partenaire de ce projet (Joint Genome Institute, USA) est toujours en cours.

Une analyse préliminaire a permis de caractériser le cycle de vie de cette picoalgue et notamment le mode de transmission du chloroplaste (Blanc-Mathieu et al. 2013), l'organelle intracellulaire qui réalise la photosynthèse, la production d'énergie à partir de la lumière et du CO_2.

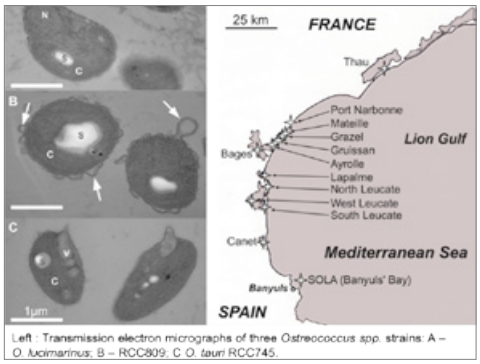


Figure 1 : Morphologie des Mamiellophyceae du genre Ostreococcus et sites de prélèvements des nouvelles souches dans le Golfe du Lion (modifié d'après Subirana et al. 2013).

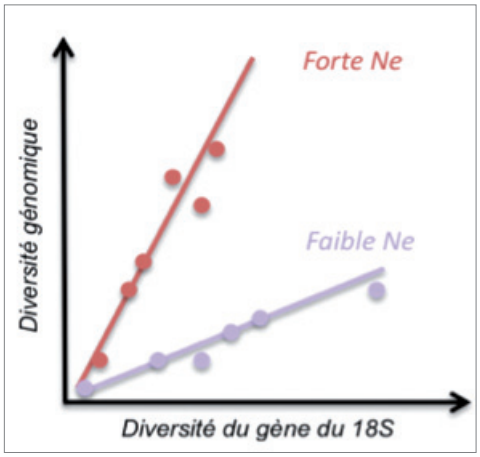


Figure 2 : Relation entre la taille efficace (Ne) des espèces et la diversité génétique du gène marqueur utilisé pour estimer la biodiversité des picoalgues (modifié d'après Piganeau et al. 2011).

PUBLICATIONS

Piganeau G, Eyre-Walker A, Jancek S, Grimsley N, Moreau H (2011). How and why DNA barcodes underestimate the diversity of microbial eukaryotes. *Plos One*, 6(2) : e16342.

Subirana L, Péquin B, Michely S, Escande M.L, Meilland J, Derelle E, Piganeau G, Desdevises Y, Moreau H, Grimsley N (2013). Morphology, genome plasticity, and phylogeny in the genus *Ostreococcus* reveal a cryptic species O. mediterraneus (sp. nov., Mamiellales, Mamiellophyceae). *Protist*, 164 : 643-59.

Blanc-Mathieu R, Sanchez-Ferandin S, Eyre-Walker A, Piganeau G (2013). Organellar Inheritance in the Green Lineage: Insights from O*streococcus tauri. Genome Biology and Evolution*, 5(8) : 1503-11.

POP-MED // POPULATIONS DE POST-LARVES EN MÉDITERRANÉE

PORTEUR DU PROJET : **GILLES LECAILLON**,
ECOCEAN, SAINT-CLÉMENT-DE-RIVIÈRE
Contact : gilles.lecaillon@ecocean.fr

Le projet POP-MED, basé sur la technique de la PCC (Post-larvae Capture and Culture), avait pour objectifs d'étudier pour la première fois les espèces arrivant sur la côte Agathoise (Hérault) à l'état de post-larves, d'établir un histogramme de recrutement sur une année, et d'éditer le premier guide des post-larves de Méditerranée.

POP-MED s'est appuyé sur un autre projet d'Ecocean, BioRestore, démonstrateur d'un procédé de restauration et de suivi de biodiversité marine (Hérault).

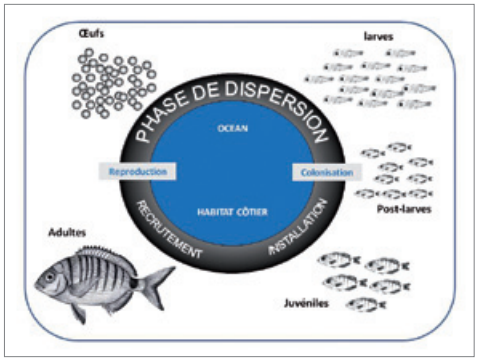
Dans cette zone de pêche, le taux de capture moyen de post-larves a été très faible : 10 fois moins que dans nos prévisions initiales. Plusieurs hypothèses ont alors été émises :

- profil géomorphologique défavorable de la zone : côte sableuse avec un plateau continental large,
- température de l'eau ? Agde est une masse d'eau particulièrement froide,
- faible abondance en diversité et abondance de poissons adultes?
- technique inappropriée en milieu tempéré ? Cette dernière hypothèse a été écartée : en effet, des engins de pêche identiques ont capturé de nombreuses post-larves dans d'autres zones de la Méditerranée aux mêmes périodes de l'année.

Le projet POP-MED a permis de poser de nouvelles questions quant au cycle de vie des poissons marins côtiers. De très nombreux échanges avec le CEFREM, laboratoire de l'université de Perpignan partenaire du projet et avec des universités espagnole (Murcia) et italienne (Cagliari) ont eu lieu afin de proposer des premières pistes de réponses. POP-MED a également permis d'établir un état de référence de la zone pour les études suivantes : en effet, pour pouvoir étudier la connectivité des post-larves à l'échelle de la Méditerranée française, le CEFREM est désormais porteur d'un projet, appelé SUBLIMO, financé par l'Europe dans le cadre du programme Life+ Biodiversité. Ce projet de 3 ans concerne 7 sites de pêche, dont 3 situés dans le Golfe du Lion. Deux de ces sites ont été déjà échantillonnés au cours de POP-MED. A l'issue de ce nouveau projet, les scientifiques disposeront donc de 6 années de données sur les post-larves dans cette zone.

Enfin, conscients de la méconnaissance de cette phase larvaire essentielle, le projet POP-MED a édité le premier guide d'identification des post-larves méditerranéennes, depuis distribué et envoyé en version pdf à plus de 1000 personnes. Ce guide est téléchargeable sur le site d'Ecocean (www.ecocean.fr). Une seconde version en est envisagée comme un livrable du projet SUBLIMO (www.sublimo-life.fr).

Guide d'identification des post-larves méditerranéennes



Cycle de vie des poissons côtiers (auteur : Ph. Lenfant/ CEFREM)

PUBLICATION

Guide d'identification des post-larves méditerranéennes : téléchargeable sur le site d'Écocean. (www.ecocean.fr).

PROWILLAP // MÉTHODOLOGIE POUR TRADUIRE ET DÉMONTRER LA BIOCOMPLEXITÉ D'ÉCOSOCIOSYSTÈMES : APPLICATION À L'ÉVOLUTION DE LA BIODIVERSITÉ DE LA BAIE WILLAPA

PORTEUR DU PROJET : **GUY FONTENELLE**,
UMR ESE 0985 PÔLE HALIEUTIQUE, AGROCAMPUS OUEST, RENNES

Contact : guy.fontenelle@agrocampus-ouest.fr

La recherche développée dans ce projet tente de s'affranchir des barrières disciplinaires afin de mieux décrire pour des publics élargis comment évoluent tous les écosystèmes dits « naturels ». La « biocomplexité » (Figure 1) est apparue comme une approche pertinente. Les occidentaux n'ont plus vraiment d'image de référence d'un écosystème naturel. Ce que nous disons « naturel » est le résultat programmé et/ou accidentel de diverses activités humaines interagissant avec les propriétés intrinsèques de la Terre. L'objet de ce travail est de comprendre ces connexions multi-échelles, les exprimer et les présenter au public pour les convaincre de toujours considérer ces évolutions dynamiques.

La Baie Willapa (Etat de Washington) et son bassin versant est le modèle de ce projet. Encore « intact » en 1830, cet écosystème de dimension modeste et son relatif isolement a fait l'objet d'une exploitation progressive de sa biodiversité terrestre et aquatique.

Au travers de l'évolution de trois groupes de ressources vivantes (forêts, saumons et huitres) comme autant de témoins, nous avons cherché les interactions entre diverses forces (*drivers* et *pressions*) : celles liées au climat, à la météorologie ou à des événements majeurs (séismes, incendies, tsunamis,…), aux exploitations humaines, aux institutions et réglementations (de niveau fédéral, de l'Etat de Washington, Comté du Pacifique), à des événements particuliers (crises économiques, guerres, marchés,…), et à certaines innovations technologiques.

La collecte et la confrontation des informations des possibles forces exogènes et endogènes ayant interagi depuis deux siècles sur cet écosociosystème constituent le socle d'une analyse diachronique. Une métabase qualitative et en partie quantitative depuis 1700 a ainsi été constituée. Cette petite région est passée en quelques décennies d'une situation quasi intacte à une situation où sa résilience a basculé vers un néosystème après une quasi-éradication des essences forestières, des huitres indigènes et d'une grande partie de la biomasse en saumons. L'analyse tente de mettre en évidence les forces ayant poussé les humains à s'approprier ce système (biens et services) pour le transformer. Les comportements de ces nouveaux habitants induisant de nombreux stress se sont combinés au cours du temps non seulement à des crises écosystèmiques en modifiant les populations animales et végétales, mais aussi aux comportements des parties prenantes sur fond de controverses et/ou de conflits. Une succession de schémas synthétiques est proposée pour illustrer l'évolution incessante de cet éco-sociosystème (Figure 2).

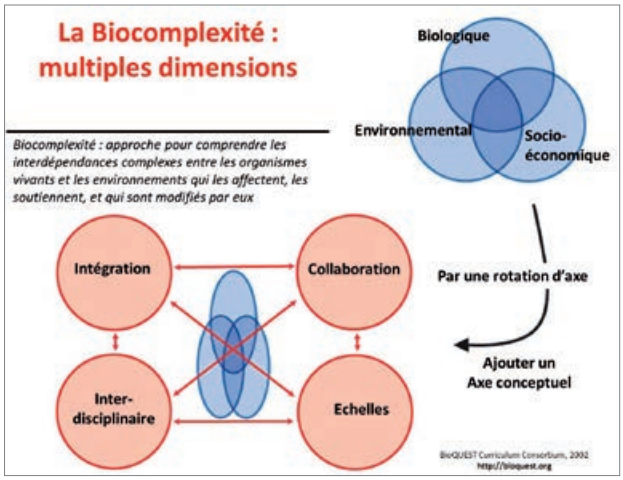


Figure 1. Illustration de la définition de la biocomplexité (d'après bioQuest, 2002)

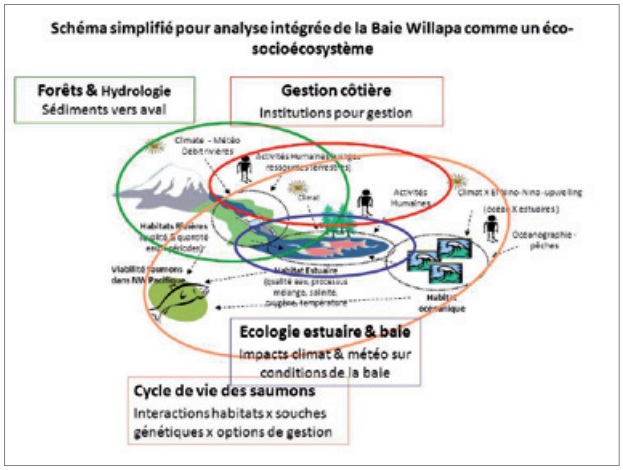


Figure 2. Représentation conceptuelle (simplifiée) des principales interactions en action au niveau de l'écosystème de la Baie Willapa et son bassin versant (modifiée d'après Snover 2008.)

COMMUNICATION

Fontenelle G (2011). *Surprises et fuites en avant…ou comment la résilience d'un écosystème côtier de la côté nord-ouest américaine (Willapa Bay, WA, USA) a dû répondre sur 150 ans aux multiples pressions des usagers*. Forum Association Française d'Halieutique, Boulogne / mer, 1-2 juillet.

RESICOD // RÉSILIENCE DES COMMUNAUTÉS : RÔLE DU COUPLAGE ENTRE DIVERSITÉS TAXONOMIQUE ET FONCTIONNELLE, LES POISSONS DE RÉCIF POUR MODÈLE

PORTEUR DU PROJET : **MICHEL KULBICKI**,
UR 227 COREUS, IRD, BANYULS-SUR-MER
Contact : michel.kulbicki@ird.fr

Ce projet avait pour objectif d'analyser les relations entre la diversité des espèces et la diversité des fonctions écologiques qu'elles assurent. Une même fonction écologique peut être assurée par plusieurs espèces au sein d'un même système, c'est la « redondance fonctionnelle ». Quand les espèces se succèdent, il y a en général un maintien de leur fonction grâce à cette redondance. Cette étude a pris pour exemple les communautés de poissons coralliens du Pacifique sud, car très diversifiées (plusieurs centaines d'espèces).

La relation qui lie la diversité fonctionnelle à la diversité spécifique est extrêmement stable spatialement et temporellement. Cette relation est quasi-linéaire à faible diversité et s'amortit aux diversités les plus fortes. Ces résultats suggèrent que d'une part les fonctions sont peu sensibles aux perturbations, et d'autre part que la redondance fonctionnelle est fixée par la compétition entre espèces.

Les relations prédateurs-proies, l'analyse de la diversité et abondance des prédateurs en fonction de la diversité totale montre d'une part une richesse en prédateurs supérieure à celle des modèles théoriques, mais aussi, qu'à mesure que le nombre de prédateurs augmente, le nombre et la diversité des proies pour chaque prédateur augmentent. Autrement dit plus il y a de prédateurs et plus ils ont chacun à manger ! Ce résultat est très général pour les poissons coralliens.

Suivant les conditions du milieu un biotope peut comporter plus ou moins d'espèces. Une étude montre qu'il existe une succession, les zones les moins diversifiées étant dominées par des espèces de petite taille, en général soit herbivores, soit mangeant de petits invertébrés (benthiques ou pélagiques), la taille des espèces et le niveau trophique croissant avec la diversité spécifique. En particulier les espèces les plus mobiles ou les plus élevées dans la chaine alimentaire apparaissent de préférence dans les zones abritant une forte diversité.

Les analyses montrent que la plupart des espèces rares appartiennent à des groupes fonctionnels peu redondants (comportant peu d'espèces) ou à espèce unique. Dans ce cas, la disparition de l'espèce signifie la disparition de la fonction, ce qui peut avoir de graves conséquences sur le fonctionnement du système si cette fonction est importante pour sa pérennité. A l'opposé, l'analyse des espèces endémiques montre que ces espèces ne participent pas de façon importante à des groupes fonctionnels peu redondants. Les régions « périphériques » (sur le bord de la région Pacifique) ont tendance à avoir une plus grande diversité d'espèces endémiques et ces dernières sont en général des espèces abondantes. Au centre du Pacifique, les espèces endémiques sont peu fréquentes et dans l'ensemble très peu abondantes.

Photo 1 : capture de poissons de récif corallien montrant la diversité en espèces- Tuamotu, Polynésie Française - Photo M.Kulbicki – IRD

PUBLICATIONS

Mouillot D, Bellwood D.R, Baraloto C, Chave J, Galzin R, *et al*. (2013). Rare Species Support Vulnerable Functions in High-Diversity Ecosystems. *PLoS Biol,* 11(5) : e1001569. doi:10.1371/journal.pbio.1001569.

Guillemot N, Kulbicki M, Chabanet P, Vigliola L (2011). Functional Redundancy Patterns Reveal Non-Random Assembly Rules in a Species-Rich Marine Assemblage. *PLoS ONE*, 6(10) : e26735. doi:10.1371/journal.pone.0026735.

RESPIRS // ROOT ECONOMICS SPECTRUM AND INFRARED SPECTROSCOPY

FONCTIONNEMENT DES SYSTÈMES RACINAIRES : APPROCHE PAR LA SPECTROSCOPIE EN PROCHE INFRAROUGE

PORTEUR DU PROJET : **CATHERINE ROUMET**,
UMR 5175, CEFE, CNRS, MONTPELLIER

Contact : catherine.roumet@cefe.cnrs.fr

Dans le contexte des changements climatiques, un des enjeux est de limiter l'augmentation de CO_2 atmosphérique en séquestrant du carbone (C) dans les sols. Les racines jouent un rôle central dans ce processus puisqu'elles constituent la principale voie d'entrée du C dans le sol. Toutefois seule une faible fraction du C alloué aux racines reste dans le sol: une partie est perdue au cours de la vie de la plante par respiration et exsudation racinaire, une autre partie est perdue à la mort des racines par décomposition. L'importance des pertes de C par les racines varie en fonction des espèces et de leurs caractéristiques morphologiques et chimiques. Comprendre les causes des variations entre espèces des vitesses de respiration et de décomposition permettrait d'évaluer les potentialités des espèces à stocker du C dans les sols.

Dans le projet RESPIRS, en utilisant les données de 80 espèces, réparties dans six grandes zones climatiques, un schéma général de fonctionnement des racines fines fondé sur la gestion du carbone («Root economics spectrum») a été mis en évidence. Les espèces possédant des racines très fines, riches en eau et en azote ont une forte activité respiratoire et se décomposent rapidement, ce qui entraine une perte de masse importante comme le montre la figure 1.

À l'opposé, des racines de diamètre important pauvres en azote mais denses ont des vitesses de respiration et de décomposition lentes ; elles perdent moins de C ce qui suggère qu'elles ont un potentiel de stockage du C plus important. Les deux processus à l'origine de pertes de carbone par les racines, i.e. la respiration et la décomposition racinaire, sont fortement corrélés (Figure 1b) et peuvent être prédits à partir de deux traits principaux, la teneur en azote et la teneur en matière sèche.

Le projet RESPIRS a également permis de démontrer qu'il était possible de déterminer certaines caractéristiques racinaires par spectrométrie en proche infrarouge (SPIR). Ces derniers résultats représentent une avancée considérable et novatrice dans l'étude des systèmes racinaires.

La SPIR est en effet une méthode simple, rapide et peu couteuse, qui offre la possibilité de travailler sur un très grand nombre d'espèces et de généraliser les résultats obtenus dans le projet RESPIRS.

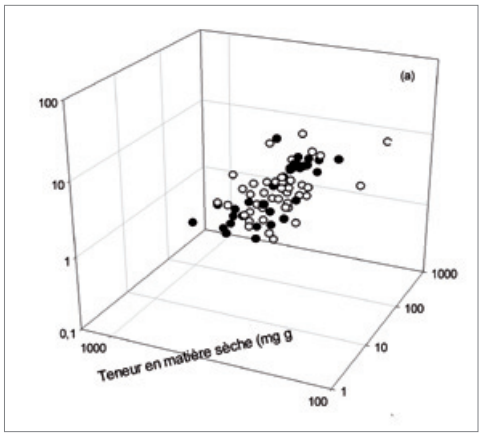


Figure 1. Relation entre vitesse de respiration racinaire et a) concentration en azote et teneur en matière sèche des racines et b) masse restante après 12 semaines d'incubation (i.e. égal à l'inverse de la vitesse de décomposition). Chaque point représente une espèce : monocotylédone, dicotylédone.

PUBLICATIONS ET OUTILS DÉVELOPPÉS

Birouste M, Zamora-Ledezma E, Bossard C, Pérez-Ramos I, Roumet C (2013). Measurement of fine root tissue density: a comparison of three methods reveals the potential of root dry matter content. *Plant and Soil*. In press.

Birouste M, Kazakou E, Blanchard A, Roumet C (2012). Plant traits and decomposition: are the relationships for roots comparable to those for leaves? *Annals of Botany,* 109 : 463–472.

S-ALLEE // L'EFFET S-ALLEE EN GÉNÉTIQUE DE LA CONSERVATION : INVENTAIRE DES ALLÈLES D'AUTO-INCOMPATIBILITÉ CHEZ DES ESPÈCES VÉGÉTALES NON MODÈLES À L'AIDE DES NOUVELLES TECHNOLOGIES DE SÉQUENÇAGE

PORTEUR DU PROJET : **XAVIER VEKEMANS**,
UMR 8016 LABORATOIRE DE GÉNÉTIQUE ET ÉVOLUTION DES POPULATIONS VÉGÉTALES, CNRS,
UNIVERSITÉ DE LILLE 1, VILLENEUVE D'ASCQ

Contact : xavier.vekemans@univ-lille1.fr

L'objectif principal du projet était de mettre en œuvre un protocole expérimental utilisant les technologies innovantes de pyroséquençage à très haut débit pour la réalisation d'un inventaire des allèles au locus S chez des espèces menacées. Cet inventaire permettrait d'étudier l'influence de la fragmentation de l'habitat sur la diversité allélique au locus S, de quantifier la disponibilité en partenaires compatibles en populations naturelles, et ainsi d'évaluer l'importance de l'effet S-Allee (réduction de la production de graines par manque de disponibilité en partenaires compatibles en petites populations). Sur un plan appliqué, il permettrait aussi d'orienter les programmes de renforcement en biologie de la conservation, en guidant le choix des génotypes à introduire dans une population donnée.

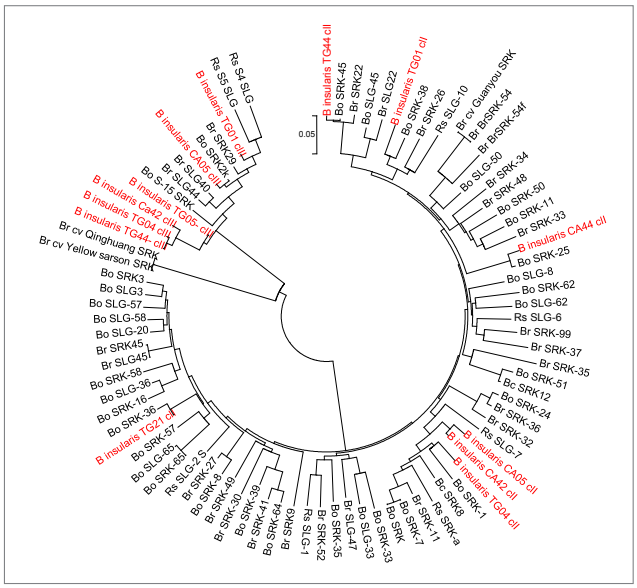
Le projet devait se dérouler en trois phases :

1. Préparation des échantillons de populations naturelles et vérifications par séquençage classique,
2. Mise au point du protocole de séquençage par pyroséquençage 454,
3. Application du protocole de pyroséquençage aux échantillons de populations naturelles et analyse bioinformatique des résultats.

La première phase du projet a été menée à bien et a conduit à l'obtention de résultats originaux (séquences ADN de nouveaux allèles au locus S) sur les modèles biologiques suivants : *Biscutella neustriaca* ; *Biscutella laevigata* (individus tétraploïdes, collaboration avec Christian Parisod, Université de Neuchatel) ; *Brassica insularis* (collaboration avec Agnès Mignot, ISEM, Montpellier); et *Cakile maritima*. Cependant, les séquences obtenues ont montré un tel niveau de variabilité au sein du locus S qu'il n'a pas été possible d'obtenir des amorces PCR permettant d'amplifier des séquences de taille inférieure à 800 nucléotides.

Ceci a posé un problème fondamental pour la réalisation de la seconde phase du projet, à savoir la mise au point du protocole de séquençage par la technologie 454 (Roche).

En effet, la nouvelle génération de séquenceurs 454 permettant d'amplifier des fragments de 800 à 1000 nucléotides n'a jamais pu être mise en place par les sociétés de service de séquençage haut-débit. La conjonction de ces deux éléments inattendus a conduit à l'impossibilité technique de la réalisation des phases 2 et 3 du projet, malgré l'obtention d'un amendement ayant permis de retarder de deux mois la fin du projet. Par conséquent le projet s'est achevé sans ces 2 phases et la majeure partie du financement n'a pas été utilisée.



***Phylogénie des séquences du gène* SRK *de classes I et II obtenues chez* Brassica insularis *(en rouge) en comparaison avec les séquences disponibles dans la littérature pour les espèces cultivées des genres* Brassica *et* Raphanus. *Bo* Brassica oleracea, *Br* Brassica rapa, *Bc* Brassica campestris, *Rs* Raphanus sativus.**

PUBLICATIONS

Leducq J.B, Gosset C.C, Gries R, Calin K, Castric VX. *Self-incompatibility in Brassicaceae: identification and characterization of SRK-like sequences linked to the S-locus in the tribe Biscutelleae. Vekemans*. En préparation.

SENTIMIEL // DES ABEILLES ET DES HOMMES : SAVOIRS LOCAUX NATURALISTES, APICOLLECTE ET CHANGEMENT GLOBAL

PORTEUR DU PROJET : **EDMOND DOUNIAS ET GENEVIÈVE MICHON**,
UMR 5175 CEFE, IRD, MONTPELLIER ET UMR GOUVERNANCE RISQUE ENVIRONNEMENT DÉVELOPPEMENT, IRD, MONTPELLIER

Contact : edmond.dounias@ird.fr

Aujourd'hui menacée, l'abeille nous alerte sur les atteintes que l'homme inflige aux écosystèmes terrestres. Face à la disparition massive des colonies d'abeilles, les efforts de recherche et de développement s'intensifient, mais concernent presque exclusivement l'abeille domestique *Apis mellifera mellifera*, en contexte d'apiculture intensive des pays développés. L'exploration de la grande diversité des savoirs "experts" locaux — dans des sociétés à économie de subsistance du Sud où sont présentes d'autres espèces d'abeilles mellifères, et chez de petits apiculteurs marginaux du Nord —, leur mise en réseau et l'analyse pluridisciplinaire de ces savoirs dans un même projet est une entreprise inédite. À travers leur observation régulière de l'activité des insectes mellifères, les collecteurs de miel sont détenteurs d'observations et de données précieuses pour comprendre l'incidence des changements globaux sur leur environnement.

Sentimiel s'est donné pour objectifs :

- d'explorer les interrelations entre développement, biodiversité et changement climatique (recherches en France, au Maroc et au Cameroun),
- de mobiliser les savoirs locaux naturalistes à travers un réseau d'initiatives intervenant sur des chantiers géographiques complémentaires,
- de s'appuyer sur ce premier réseau pour concevoir un projet de plus grande envergure.

Les recherches ont été conduites :

- dans les Cévennes, pour caractériser les savoirs et les pratiques locales relatifs à l'abeille noire cévenole et aux ruchers-tronc, tester les relations entre les pratiques apicoles et les sous-espèces d'abeilles domestiques, et diagnostiquer des attentes et besoins des apiculteurs,
- au mont Lozère, avec une étude sur le miel de callune (*Calluna vulgaris*),
- au Maroc, avec trois thématiques : une étude des mutations liées à l'introduction de ruches modernes, une étude des modes de transmission des connaissances, et une étude sur les matières apicoles,
- au Cameroun, avec une étude des insectes comme indicateurs biotemporels.

À terme, tous les passionnés du monde apicole pourront ainsi se retrouver dans une action mutuelle valorisant leurs connaissances et contribuant à une gestion internationale plus respectueuse de la nature.

Site Internet de l'Initiative Sentimiel : http://www.cefe.cnrs.fr/en/interactions-bioculturelles/sentimiel

Rucher traditionnel au Maroc (© A. Garcia 2010)

Rucher-tronc en Cévennes (© A. Lehébel-Péron 2011)

COMMUNICATION

Reportage Projet Pédagogique : «*Les petits débrouillards*» : expérience de journalisme associé à l'ethnobiologie (focus sur l'apiculture)
http://www.dailymotion.com/video/xrhdzg_reportage-projet-pedagogique-les-petits-debrouillards_tech

L'ethnologie à la rencontre de l'abeille jaune saharienne et des apiculteurs du Sud Marocain.
Canal IRD, reportage de Markiw L.
http://www.ird.fr/la-mediatheque/videos-en-ligne-canal-ird/l-ethnologie-a-la-rencontre-de-l-abeille-jaune-saharienne-et-des-apiculteurs-du-sud-marocain

TOPOBIOV // TOLÉRANCE AUX POLLUANTS AU SEIN DE LA BIODIVERSITÉ VÉGÉTALE DE SITES CONTAMINÉS

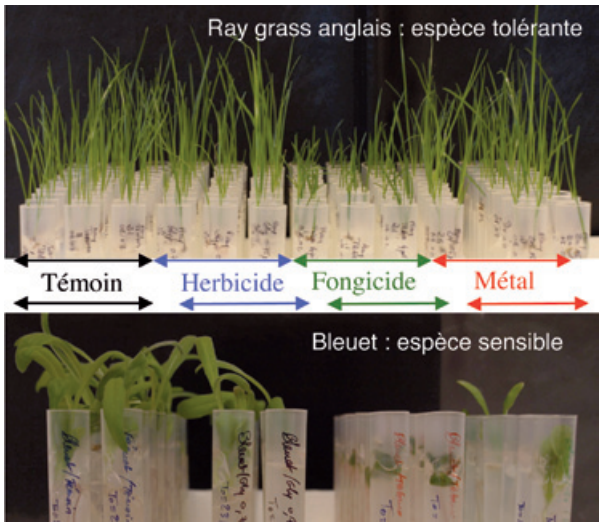
PORTEUR DU PROJET : **CÉCILE SULMON**,
UMR UR1, CNRS 6553 ECOBIO, UNIVERSITÉ DE RENNES 1, RENNES
Contact : cecile.sulmon-maisonneuve@univ-rennes1.fr

Le projet ToPoBiov avait pour objectif de caractériser, au sein de la biodiversité végétale de sites potentiellement contaminés, des espèces présentant des tolérances générales à une large gamme de polluants. Différentes espèces de plantes connues pour se développer en bord de parcelles agricoles ou dans des milieux perturbés ou contaminés ont été criblées sur des traitements représentatifs de contaminations agricoles (pesticides) et industrielles (métaux, hydrocarbure).

La première étape a consisté à déterminer les concentrations de contaminants induisant une inhibition de 50% (EC50) de la croissance racinaire chez une plante de référence sensible (*Arabidopsis thaliana,* Col0), le paramètre racinaire s'étant révélé le plus pertinent lors d'expériences préliminaires. Une toxicité hétérogène des contaminants a été mise en évidence, les molécules mères de pesticides étant les plus toxiques, suivis des métaux, puis des produits de dégradation des pesticides, et enfin de l'hydrocarbure. L'étude des réponses de cette plante sensible à une multicontamination résiduelle agricole (molécules mères et des produits de dégradation de pesticides) a également mis en évidence des effets cryptiques de ces polluants, ainsi que des effets d'interactions entre polluants en termes de perturbations du métabolisme, et de remaniements de l'expression des gènes.

Le criblage des espèces par une approche d'écotoxicologie (EC50) a permis d'isoler plusieurs espèces potentiellement tolérantes à une large gamme de polluants. Le ray grass anglais (*Lolium perenne*) a été sélectionné pour caractériser les mécanismes impliqués dans cette tolérance générale. Les résultats sont encore en cours d'analyse du fait de la masse de données générée par les approches utilisées. Les techniques de métabolomique (analyse simultanée d'un grand nombre de métabolites cellulaires) et de transcriptomique (analyse de l'expression des gènes) par séquençage permettent en effet d'étudier de façon intégrative et sans *a priori* les réponses d'un organisme à des conditions particulières. Pour le Lolium en situation de stress chimiques simple ou complexe (polluants seuls ou en mélange) ces travaux aboutiront à l'identification d'étapes clés impliquées dans le développement de sa tolérance aux polluants.

L'identification des mécanismes de tolérance aux stress chimiques permettra d'isoler des marqueurs métaboliques et moléculaires applicables à la sélection d'espèces utilisables dans la remédiation des milieux (sites industriels, agricoles).



Réponses contrastées de deux espèces de plantes aux polluants

PUBLICATIONS

Serra AA, Nuttens A, Larvor V, Renault D, Couée I, Sulmon C*, Gouesbet G* (2013). Low environmentally relevant levels of bioactive xenobiotics and associated degradation products cause cryptic perturbations of metabolism and molecular stress responses in *Arabidopsis thaliana*. *J Exp Bot*. 64 : 2753-2766.

Serra AA, Couée I, Renault D, Gouesbet G*, Sulmon C*. Metabolic profiling of multi-pollutant tolerance in *Lolium perenne*. *Plant Physiol*. Under review.

*signifie que les auteurs ont contribué de manière identique au travail

TRIFONGI // TRIPARTISME ET FONGICULTURE DANS LES INTERACTIONS ENTRE PLANTES MYRMÉCOPHYTES ET FOURMIS DU GENRE *ALLOMERUS*

PORTEUR DU PROJET : **JÉRÔME ORIVEL**,
UMR ÉCOLOGIE DES FORÊTS DE GUYANE, KOUROU, GUYANE FRANÇAISE
Contact : jerome.orivel@ecofog.gf

Les interactions mutualistes entre des fourmis et des plantes constituent des modèles de référence pour de nombreuses études en écologie et en biologie évolutive. Ces associations, souvent obligatoires, sont qualifiées de mutualismes de protection car elles reposent essentiellement sur la protection indirecte des plantes par les fourmis en échange de logements. Cependant, l'implication d'autres partenaires, notamment des champignons a récemment été mise en évidence. L'objectif de ce projet portait sur l'étude d'un système d'interaction mutualiste tripartite entre des fourmis, des plantes et un champignon, et plus particulièrement sur la caractérisation de l'interaction entre les fourmis et le champignon et sur la détermination du rôle trophique du champignon pour les plantes hôtes des colonies de fourmis.

Dans les modèles étudiés, la majorité des colonies de fourmis était associée à une unique souche de champignon (monoculture) et cette souche était génétiquement différente en fonction de l'espèce de fourmis. Cette sélection des cultivars associée à la monoculture témoigne de l'existence de processus d'agriculture chez les fourmis en question.

Le champignon n'est cependant pas uniquement en interaction avec les fourmis qui le cultivent, mais il joue aussi un rôle de médiateur dans les transferts nutritifs vers la plante. Dans ce projet, ces travaux ont été étendus afin de savoir si ces transferts étaient sous la dépendance de l'espèce de fourmis associée à la plante. Les résultats obtenus ont permis de démontrer des différences dans le fonctionnement de l'interaction en fonction de l'espèce de fourmis associée à la plante, ce qui se répercute sur la croissance végétative des plantes. Il a également été mis en évidence que les échanges trophiques se faisaient grâce à l'intégration d'hyphes du champignon dans les tissus de la plante et la fusion des parois de ces deux organismes.

Dans leur ensemble, ces résultats ont permis de préciser les détails de l'interaction entre le champignon et les deux autres partenaires du système en interaction. Dans une perspective intégrative, ces résultats sont importants dans la compréhension du fonctionnement et de la persistance évolutive des mutualismes entre plantes et fourmis. En effet, la prise en compte de ce troisième partenaire remet en question les bases de ces associations plantes/fourmis en modulant les conflits d'intérêts observés par la dimension trophique apportée par le champignon (Figure 1).

Galerie construite par les fourmis* Allomerus *sous les tiges de leur plante hôte à partir des poils de la plante et grâce au champignon qu'elles cultivent.

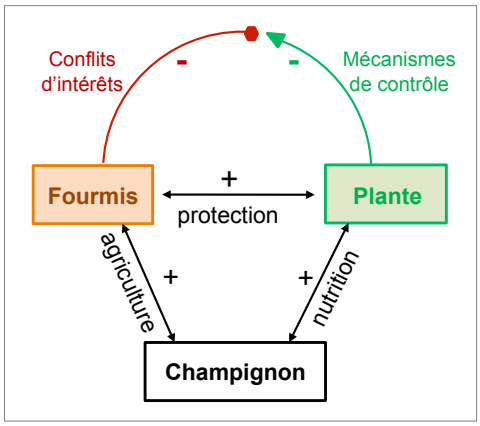


Figure 1. Synthèse de la résultante des interactions dans le système tripartite* Hirtella/Allomerus/Trimmatostroma. *Les objectifs du présent projet étaient de caractériser les interactions impliquant le champignon afin d'obtenir une vision intégrative du fonctionnement du système. Les résultats concernant l'interaction entre la plante et les fourmis proviennent de travaux non financés par ce projet.

PUBLICATIONS

Lauth J, Ruiz-González M.X, Orivel J (2011). New findings in insect fungiculture: Have ants developed non-food, agricultural products? *Communicative and Integrative Biology*, 4 : 728-730.

Malé P.J.G, Ferdy J.B, Leroy C, Roux O, Lauth J, Avilez A, Dejean A, Quilichini A, Orivel J (2013). Retaliation in response to castration promotes a low level of virulence in an ant-plant mutualism. *Evolutionary Biology*, DOI 10.1007/s11692-013-9242-7.

URBANGEN // ÉTUDE DE LA CONNECTIVITÉ DU PAYSAGE ET DES FLUX DE GÈNES EN MILIEU URBAIN : REGARDS CROISÉS ENTRE ÉCOLOGUES, GÉOGRAPHES ET SOCIOLOGUES

PORTEUR DU PROJET : **STÉPHANIE MANEL**,
UMR LPED - UMR151 AIX-MARSEILLE UNIVERSITÉ, MARSEILLE
Contact : stephanie.manel@univ-amu.fr

Les flux de gènes entre les populations assurent le maintien de la diversité génétique, l'une des trois composantes de la biodiversité. La fragmentation du paysage affecte ces échanges entre populations, l'urbanisation représentant une forme de fragmentation extrême du paysage. L'objectif du projet URBANGEN est de répondre à la question : est-ce que l'urbanisation (bâti, mode de gestion…) a un impact sur la diversité génétique des populations de papillons ?

Pour répondre à cette question, les flux de gènes de deux espèces, l'une mobile (la piéride de la rave, *Pieris rapae*, photo 1) et l'autre peu mobile (*le Tircis*, *Pararge aegeria*, photo 2) ont été simulés dans le paysage urbain marseillais. Les simulations seront validées par des données empiriques.

Quels sont les facteurs prédominants (distances géographiques, sociales, densité de bâtis) qui facilitent, limitent, ou empêchent ces flux de gènes ?

L'analyse des données empiriques le long d'un gradient d'urbanisation dans la ville de Marseille sur l'espèce la plus mobile, *Pieris rapae*, montre que :

- les populations urbaines sont légèrement différenciées génétiquement des populations naturelles, mais des flux de gènes maintiennent des échanges génétiques importants,
- les sites situés dans le centre de Marseille montrent une diversité génétique plus faible que les sites situés dans la périphérie de Marseille ou en zone rurale,
- la taille des ailes est significativement plus grande dans les sites urbains et périphériques par rapport aux sites agricoles.

L'analyse des données simulées a montré que la corrélation entre distance génétique et distance géographique décroit plus rapidement pour une espèce mobile que pour une espèce peu mobile : le mouvement des espèces peu mobiles est rendu plus difficile par l'urbanisation.

Ce résultat nécessite d'être validé par des données génétiques sur l'espèce non mobile, mais représente un premier résultat écologique important à considérer dans la gestion de la connectivité des milieux urbains.

Photo 1 : Piéride de la rave, **Pieris rapae**

Photo 2 : Tircis, **Pararge aegeria**

PUBLICATIONS

Lizee MH, Manel S, Mauffrey J.F, Tatoni T, Deschamps-Cottin M (2012). Matrix configuration and patch isolation influences override the species-area relationship for urban butterfly communities. *Landscape Ecology,* 27 : 159-169.

Manel S, Holderegger R (2013). Ten years of landscape genetics. *Trends Ecol Evol*, 28 : 614-621.

Schoville *et al*. Adaptive genetic diversity along a urban gradient. In révision, *Plos One*.

VORTEX // EXTINCTIONS CHEZ LES HYMÉNOPTÈRES : GÈNES, COMPORTEMENTS, ET DYNAMIQUE DES POPULATIONS GOULOTÉES

PORTEUR DU PROJET : **XAVIER FAUVERGUE**,
UMR ISA (INSTITUT SOPHIA AGROBIOTECH), INRA-CNRS-UNSA, SOPHIA-ANTIPOLIS
Contact : xavier.fauvergue@sophia.inra.fr

Chez de nombreux insectes hyménoptères, la complémentarité des allèles à un gène unique (CSD, pour *Complementary Sex Determiner)* détermine le sexe et peut conduire les populations goulotées dans un vortex d'extinction. Le mécanisme à l'origine de ce vortex est que les individus homozygotes à ce gène, plus fréquents à faible effectif, se développent en mâles stériles.

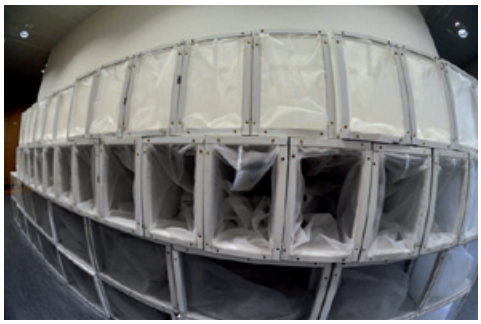
Le projet VORTEX est basé sur quatre approches différentes du problème de l'extinction :

1. une approche d'écologie théorique visant à prédire l'effet du gène CSD pour les systèmes hôte-parasitoïde,
2. une approche d'écologie moléculaire dont l'objectif est de mettre au point des marqueurs microsatellites et des marqueurs spécifiques du gène CSD,
3. une approche d'écologie chimique et comportementale dont l'objectif est d'étudier comment les choix des partenaires sexuels peut mitiger la baisse d'hétérozygotie au gène CSD,
4. une approche de biologie des populations pour étudier l'effet des goulots d'étranglement et de la fragmentation d'habitat sur la génétique et la dynamique des populations.

Les faits marquants du projet VORTEX sont les suivants :

- Un modèle théorique combinant démographie et génétique suggère que la détermination du sexe de type CSD chez les hyménoptères parasitoïdes a un effet opposé à l'effet prédit pour les espèces « libres ». Le CSD crée une baisse d'efficacité des parasitoïdes qui tend à stabiliser les oscillations propres aux systèmes hôte-parasitoïde.
- 45 298 séquences d'ADN de *Venturia canescens* ont été obtenues par pyroséquençage, permettant la mise au point de 19 marqueurs microsatellites.
- Une étude biostatistique sur plusieurs espèces d'Hyménoptères a permis de démontrer que le gène CSD n'est pas unique à la lignée des abeilles ; il est apparu avant la divergence de l'infra-ordre des Aculéates (120 millions d'années).
- Les recherches sur les comportements sexuels de *Venturia canescens* ont montré que les femelles peuvent choisir leur partenaire sexuel sur la base de composés organiques volatils émis par les mâles. La fréquence des accouplements décroit avec l'augmentation de l'apparentement génétique.
- Au niveau des populations, une méthode expérimentale sur une centaine de populations a permis de révéler les effets conjoints de la diversité génétique initiale, de la connectivité entre populations, et de la capacité de charge de l'habitat sur l'évolution génétique et démographique en quelques dizaines de générations.

Une femelle de* Venturia canescens *à la recherche d'hôtes sur une feuille de caroubier dans l'arrière-pays niçois



Plus de 100 cages à populations ont été construites et sont encore en cours d'utilisation

PUBLICATIONS ET OUTILS DÉVELOPPÉS

Fauvergue X, Vercken E, Malausa T, Hufbauer R (2012). The biology of small introduced populations with special reference to biological control. *Evolutionary Applications*, 5 : 424-443.

Schmieder S, Colinet D, Poirié M (2012). Tracking back the nascence of a new sex determination pathway to the ancestor of bees and ants. *Nature Communications*, 3 : 895.

WASPREY // PREMIÈRE ÉVALUATION DE L'IMPACT DU FRELON INVASIF *VESPA VELUTINA* SUR LA BIODIVERSITÉ

PORTEUR DU PROJET : **CLAIRE VILLEMANT**,
UMR 7205 ORIGINE, STRUCTURE ET ÉVOLUTION DE LA BIODIVERSITÉ, MNHN-CNRS, PARIS
Contact : villeman@mnhn.fr

Le frelon asiatique à pattes jaunes, *Vespa velutina nigrithorax*, a été introduit avant 2004 via le commerce horticole international, et signalé en France en 2005. Il s'est depuis répandu dans 66 départements de quatre pays Européens (360 000 km²) ; son éradication est désormais impossible. Une modélisation récente montre que dans la majeure partie de l'Europe, les conditions climatiques sont proches de celles de l'aire d'origine de la variété invasive.

La densité des nids de *V. velutina* en France (INPN 2013) comme sa prédation sur les insectes et surtout les abeilles sont inquiétantes. L'impact sur l'entomofaune en terme de diversité et de biomasse est difficile à évaluer mais des résultats préliminaires montrent qu'il varie selon la saison et le type d'habitat.

Ce projet avait pour but d'évaluer l'impact de *V. velutina* sur la biodiversité et plus particulièrement sur la faune des pollinisateurs, avec trois objectifs:

1. établir le spectre de proies dans différents habitats,
2. évaluer la taille et la biomasse d'une colonie,
3. estimer l'importance de l'activité de fourragement.

L'objectif était de quantifier la perte de biodiversité liée à la nourriture nécessaire au développement d'une colonie.

L'espèce apparaît relativement opportuniste dans son choix alimentaire, avec des variations principalement dues à la disponibilité des proies sociales ou grégaires. L'étude de la biologie et de la dynamique de ses colonies très populeuses a permis de quantifier le nombre d'individus produits au cours d'une saison ainsi que le déroulement de l'apparition des différentes castes au sein du nid. Le nombre de femelles sexuées (futures reines) a ainsi pu être déterminé. De plus, les études comportementales ont permis de quantifier l'activité de fourragement ainsi que la part de temps allouée à la construction et au maintien en bon état du nid durant la saison.

Figure : Frelon asiatique à pattes jaunes,* Vespa velutina, *chassant devant une ruche (en haut) ; Ouvrière de* V. velutina *décortiquant une abeille domestique (en bas à droite) ; Boulettes de proies collectées devant les nids (en bas à droite).

PUBLICATIONS

Villemant C, Barbet-Massin M, Perrard A, Muller F, Gargominy O, Jiguet F, Rome Q (2011). "Predicting the Invasion Risk by the Alien Bee-hawking Yellow-legged Hornet *Vespa velutina nigrithorax* Across Europe and Other Continents with Niche Models." *Biological Conservation* 144(9) : 2142–2150. doi:10.1016/j.biocon.2011.04.009.

Monceau K, Maher N, Bonnard O, Thiéry D (2013). Predation pressure dynamics study of the recently introduced honeybee killer *Vespa velutina*: learning from the enemy. *Apidologie*, 44: 209-221.

Achevé d'imprimer en décembre 2013
Imprimé en France par :
PROMOPRINT

La Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité (FRB) a pour mission de favoriser les activités de recherche sur la biodiversité en lien avec les acteurs de la société. Susciter l'innovation, développer et soutenir des projets, diffuser les connaissances et mobiliser l'expertise sont au cœur de ses actions.

A l'instigation de son Conseil scientifique, la FRB a lancé en 2009, avec le soutien des ministères de l'écologie et de la recherche un appel à projets (AAP) innovants sur la biodiversité, dont les objectifs étaient de :

- permettre de tester ou conforter des projets originaux « à risque »;
- préparer les équipes à la mise sur pieds de projets de plus grande envergure.

Cet AAP était volontairement très ouvert, ne posant aucune condition préalable d'éligibilité pour les projets soumis, hormis d'être scientifiquement innovants et de traiter de biodiversité au sens large. L'appel a connu un vif succès avec 418 projets soumis.

A l'issue du processus d'évaluation par le Conseil Scientifique de la FRB, celle-ci a finalement soutenu 53 projets de recherche, soit un financement de 1 701 390 €. Le ministère de l'écologie a en outre financé directement 3 projets supplémentaires.

Ce colloque est l'occasion de pouvoir estimer si cet appel à projet a été un succès au plan scientifique, faisant avancer la science dans le champ si diversifié de la biodiversité et ayant permis aux chercheurs impliqués d'utiliser cette aide pour aller porter leurs interrogations scientifiques, confortées et étayées au travers de consortium de plus grande ampleur, vers d'autres systèmes de financement nationaux ou internationaux.

Lors de ce colloque, une sélection de projets est présentée pour leurs résultats marquants et leur originalité. Une table ronde discutant l'intérêt et l'impact d'un tel appel conclut la journée.

FONDATION POUR LA RECHERCHE SUR LA BIODIVERSITÉ
195 rue Saint-Jacques
75005 PARIS
www.fondationbiodiversite.fr

FRB
FONDATION POUR LA RECHERCHE SUR LA BIODIVERSITÉ

LES MEMBRES FONDATEURS DE LA FRB

brgm · cirad · cnrs · Ifremer · INRA SCIENCE & IMPACT · IRD Institut de recherche pour le développement · irstea