

Biodiversité

Bilan de financement de la recherche (2005-2022)

DÉCEMBRE 2023





Présentation

Cette étude est née de la volonté conjointe de l'Agence nationale de la recherche (ANR) et du Conseil scientifique (mandature 2018-2021) de la Fondation pour la recherche sur la biodiversité (FRB) de mieux connaître les types de projets, les thématiques scientifiques et les volumes financiers associés aux projets de recherche portant sur la biodiversité et financés par l'ANR dans le cadre de son Plan d'action annuel ⁽¹⁾ depuis sa création en 2005.

Ce bilan thématique synthétique décrit donc la diversité des équipes et des travaux menés ainsi que les volumes financiers associés aux recherches sur la biodiversité. Il propose également d'identifier les thématiques explorées, de les comparer aux lacunes de connaissances, et met en avant les questions émergentes relevées dans les prospectives des organismes de recherche. L'étude a d'abord porté sur la période 2005-2019, puis s'est étendue à la période 2020-2022, période marquée par la pandémie de Covid, traitée séparément pour envisager sa dynamique potentiellement spécifique.

Si une définition de la biodiversité peut être tirée de son étymologie, de l'histoire de la notion ou du texte de la Convention sur la Diversité Biologique des Nations unies (CDB) ⁽²⁾, il n'en reste pas moins nécessaire de redéfinir ce terme pour capter les thématiques émergentes, les signaux faibles et les contributions marginales ainsi que les formules propres au contexte d'appels à projets.

À l'aide du thésaurus Biodiversité ⁽³⁾ nous avons pris en compte :

- la biodiversité dans une démarche large, depuis les gènes jusqu'aux écosystèmes, en passant par les attributs « structure », « fonction », « composition », « évolution » (au sens darwinien) (en incluant par exemple le fonctionnement des écosystèmes y compris dans une approche physique, mais en excluant la génomique fonctionnelle pure) ;
- la biodiversité sauvage, exploitée ou domestiquée ;
- tous les organismes (des virus aux invertébrés, en passant par l'espèce humaine).

La première partie de cette étude décrit les caractéristiques générales des projets financés par l'ANR entre 2005 et 2019, ainsi que la diversité des équipes et des travaux menés.

La deuxième partie présente et analyse les thématiques explorées au sein des projets de recherche, à travers une analyse lexicographique des résumés des projets et l'analyse des réponses à une enquête menée auprès de porteurs de projets financés depuis 2014. Un livret central synthétise les thématiques issues de cette analyse.

La troisième partie discute des résultats de ces analyses au regard des prospectives et des lacunes de connaissances.

Enfin une quatrième partie analyse la période 2020-2022 en regard des résultats issus de la période 2005-2019.

Figurent en annexes : un glossaire, la liste des acronymes utilisés et ceux des programmes et appels à projets de l'ANR ainsi que la méthodologie employée pour produire cette étude.

1. C'est-à-dire hors PIA et France 2030.

2. <https://www.cbd.int/doc/legal/cbd-fr.pdf>

3. Thésaurus Biodiversité, version 1.2 – <http://data.loterre.fr/ark:/67375/BLH>

Sommaire

P. 01 | PRÉSENTATION

P. 04 | INTRODUCTION DE LA BIODIVERSITÉ AUX SCIENCES DE LA BIODIVERSITÉ

Problématisation, mise en contexte
Sélection des projets et constitution du corpus analysé : une acception large, multidisciplinaire et écologique de la biodiversité

P. 08 | CHAPITRE 1 PRÉSENTATION DES PROJETS FINANCÉS (2005-2019)

P. 09 | 1. Caractéristiques générales des projets

P. 09 | Les aides financières allouées aux projets sur la période 2005-2019

P. 10 | Distribution des projets
« biodiversité » selon les appels à projets de l'ANR

P. 10 | Entre 2005 et 2013 : un tropisme marqué vers les appels thématiques

P. 13 | Entre 2014 et 2019, des projets entre environnement, ressources et interactions environnement-société

P. 16 | 1.1. Caractéristiques générales des équipes

P. 16 | Partenariats : des liens « recherche – recherche » privilégiés

P. 18 | Des relations internationales marquées par la diversité et la proximité de la région européenne

P. 21 | Des partenariats portés par les grands établissements de recherche et quelques universités

P. 22 | Les responsabilités scientifiques et une coordination des projets majoritairement masculines

P. 22 | Des projets interdisciplinaires... au sein des sciences de la vie

P. 25 | 1.2. Terrains d'étude et biodiversité étudiée

P. 25 | Des projets essentiellement multisites et menés principalement à une échelle internationale

P. 25 | Des terrains d'étude particulièrement situés en Europe

P. 26 | Des projets majoritairement focalisés sur les habitats artificiels, les forêts et les zones côtières

P. 26 | Un focus principalement sur la biodiversité d'aujourd'hui et de demain...

P. 27 | Différentes facettes de la biodiversité prises en compte

P. 29 | CHAPITRE 2 ANALYSE THÉMATIQUE DU CORPUS

P. 30 | 2. Vue générale du corpus et des discours

P. 30 | Lexicographie générale des résumés : une homogénéité relative

P. 30 | « Espèce » et « population » : des termes centraux dans les résumés

P. 31 | 2.1. Un corpus constitué de 19 « mondes lexicaux »

P. 31 | Deux grandes branches quasiment disciplinaires et 19 thématiques distinctes

P. 56 | « Génome », « biodiversité », « écosystème » : des formes structurantes du discours

P. 56 | Des approches théoriques dispersées au sein des classes

P. 57 | 2.2. Une évolution ténue des champs d'investigation au fil des ans

P. 62 | 2.3. Retour vers les projets

P. 62 | Analyse thématique des projets : des contributions variables aux classes de Reinert

P. 62 | Des financements de projets variables selon les classes

P. 65 | Quelques éclairages pour les projets non classés par IramuteQ

P. 65 | 2.4. Principaux éléments à retenir de l'analyse thématique

**P. 66 | CHAPITRE 3
REGARDS CROISÉS SUR LES
THÉMATIQUES DE RECHERCHE
ÉMERGENTES**

P. 67 | 3. À la lumière de documents stratégiques d'organismes de recherche

P. 67 | L'écologie et la biodiversité *sensu stricto*

P. 68 | Une approche par les socio-écosystèmes et les sciences humaines et sociales

P. 68 | Échelles temporelles, spatiales et intérêt à des milieux spécifiques

P. 69 | Pressions, services écosystémiques, risques

P. 70 | Méthodes et organisation de la recherche

P. 70 | 3.1. À la lumière de documents de politiques publiques concernant la recherche

**P. 74 | CHAPITRE 4
LE POINT SUR LA PÉRIODE 2020-2022**

P. 75 | 4. Une période marquée par le doublement des projets financés en moyenne chaque année

P. 76 | 4.1. La thématique des projets a-t-elle évolué ?

P. 78 | CONCLUSION & PERSPECTIVES

P. 82 | PANORAMA DE QUELQUES PROJETS FINANCÉS

P. 135 | ANNEXES

P. 136 | Annexe 1 | Définitions

P. 138 | Annexe 2 | Acronymes

P. 141 | Annexe 3 | Constitution du corpus de projets

P. 143 | Annexe 4 | Construction et préparation du fichier des partenaires

P. 144 | Annexe 5 | Enquête auprès des porteurs de projets

P. 146 | Annexe 6 | Méthodologie d'analyse lexicométrique

P. 149 | Annexe 7 | Liste des documents stratégiques et de prospective analysés

P. 150 | Annexe 8 | Liste des projets analysés et données synthétiques



Introduction

De la biodiversité aux sciences de la biodiversité

Enracinée dans le concept de nature dès l'Antiquité, la notion de « diversité biologique » apparaît pour la première fois, d'après Devictor⁽⁴⁾, dans l'ouvrage du biologiste Raymond Dasmann intitulé *A Different Kind of Country* publié en 1968, qui alerte sur les menaces pesant sur les écosystèmes et affectant en retour les sociétés humaines. Elle est contractée en « biodiversité » lors du premier forum américain sur la diversité biologique organisé en 1986 par le *National Research Council*. Ce néologisme commence à être popularisé en 1988 avec la diffusion du rapport de cette rencontre. Son emploi se généralise par la suite à l'occasion du Sommet de la Terre de Rio en 1992 et l'établissement de la Convention sur la Diversité Biologique (CDB) qui en est issue, ratifiée en 1993 par 168 pays⁽⁵⁾. L'Union internationale pour la conservation de la nature (UICN) et la CDB sont les principales références de la définition de la biodiversité comme la « variabilité des organismes vivants de toute origine y compris, entre autres, les écosystèmes terrestres, marins et autres écosystèmes aquatiques et les complexes écologiques dont ils font partie ; cela comprend la diversité au sein des espèces et entre espèces ainsi que celle des écosystèmes⁽⁶⁾ ».

Le terme de biodiversité est indissociable de l'idée de crise. Il ne s'agit pas seulement de la diversité du vivant, mais de la diversité du vivant en crise, puisque la notion de diversité biologique est apparue en relation avec les menaces pesant sur la nature, à une époque marquée par la prise de conscience de la finitude, voire de l'épuisement, des ressources naturelles face à une population humaine en augmentation exponentielle⁽⁷⁾.

Le champ scientifique qui a été le plus concerné et qui a rapidement investi les questions soulevées est celui de l'écologie scientifique puisant ses fondamentaux dans les sciences du vivant et de l'univers. La biodiversité est dès le départ une question sociétale, elle interroge les interactions entre l'humain et le non-humain, et entre les humains eux-mêmes. Comme le rappelle la CDB, « quel que soit le sens attribué à la nature, c'est la biodiversité qui semble désormais jouer le rôle de catalyseur pour penser les problèmes écologiques. La biodiversité est, de fait, devenue le moteur du déploiement de l'écologie scientifique »⁽⁸⁾.

Même si le terme émane d'une interpellation scientifique sur la vulnérabilité de la diversité biologique, le concept de biodiversité s'inscrit dans une histoire sociale à travers des crises : la vulnérabilité de la nature et des ressources qu'elle pourvoit à l'humanité ; une nature objet, qui devient tout à la fois réalité, concept, projet. De fait, l'apparition du mot « biodiversité » révèle un changement dans les représentations et les rapports éthiques, sociaux, scientifiques et politiques à la nature⁽⁹⁾. Ce faisant, elle questionne la distance occidentale entre humains et non-humains, explorée par Descola dans toute son œuvre. Au fil de l'appropriation du terme par la communauté scientifique, sa conceptualisation engage un foisonnement et une réorganisation partielle des sciences écologiques. L'écologie scientifique apparaît de plus en plus comme une science impliquée, un champ bouillonnant de recherche, en constante reconfiguration⁽¹⁰⁾. Une analyse sémantique, sur la période 1978-2002, des publications de cinq grandes revues spécialisées fait dire à Nobis⁽¹¹⁾ que ce foisonnement procède d'une véritable évolution disciplinaire, pluraliste et multifactorielle, et non d'une seule tendance à l'éclatement. Loreau⁽¹²⁾, en 2022, confirme cette analyse lorsqu'il témoigne de la pertinence scientifique à tenter d'hybrider les théories de l'évolution et de l'écologie. C'est en particulier nécessaire lorsque l'on veut comprendre les dynamiques de réponses des écosystèmes en contexte de pressions extrêmes ou soudaines. Dans son analyse, Nobis montre que les familles

thématiques qui émergent, par affinité de sous-disciplines mobilisées, sont l'écologie des paysages, l'écologie des communautés (que Nobis appelle « biodiversité »), l'étude des écosystèmes, la modélisation et la biologie de la conservation*. Elles se déclinent en trois orientations structurantes – biotique, abiotique et spatiotemporelle – sans qu'aucune sous-discipline ne domine les autres et sans rien enlever à son caractère de science de l'observation, avec un recours croissant à la modélisation et à la conceptualisation, nécessaires à une approche systémique du vivant.

Cette période (1978-2002) est également marquée par l'essor des sites ateliers et des grands programmes de type PIREN, visant à rassembler, sur des zones de référence, les nombreux efforts de recherche aussi diversifiés que possible et des projets menés par des équipes multidisciplinaires. On est passé de l'étude d'une « nature sauvage et intacte », représentant la nature dans ce qu'elle a de naturel, à celle d'une nature menacée dont il convient d'étudier la vulnérabilité et les réponses aux différentes formes de pressions anthropiques. Il y a aussi lieu d'étudier en quoi les sociétés humaines dépendent de la biodiversité et de tous ses niveaux d'organisation. Puis, de plus en plus, les approches systémiques et de gestion intégrée se développent. La publication du rapport du *Millennium Ecosystem Assessment* (MEA) en 2005⁽¹⁴⁾ marque l'essor du concept de service écosystémique* et son cortège de méthodes d'évaluation et de monétarisation des services rendus aux sociétés par la biodiversité. On entre alors dans l'ère de l'étude de la nature « au service de l'humanité ». Selon Mace⁽¹⁵⁾, cette vision utilitariste de la nature conduit ensuite, naturellement, à une vision des rétroactions entre les humains et la nature. Émerge alors la Plateforme intergouvernementale scientifique et politique sur la biodiversité et les services écosystémiques (IPBES), dont le cadre conceptuel permet de réconcilier les différentes visions de la biodiversité et de la nature⁽¹⁶⁾ et qui aboutit en 2022 à « l'évaluation des valeurs multiples de la biodiversité ».

4. Devictor V. (2015) *Nature en crise, penser la biodiversité*. Seuil, 368 p.

5. <https://www.cbd.int/history/>

6. Article 2 de la CDB.

7. *Ibid.*

8. *Ibid.*

9. *Ibid.*

10. Deléage J.-P. (2015) *Une histoire de l'écologie*, Seuil, 2015 [La Découverte, 1991] ; Deléage J.-P. (2015) L'écologie scientifique, une science impliquée ? *Écologie & politique*, 51, pp. 55-64. <https://doi.org/10.3917/ecopo.051.0055>

11. Nobis M., Wohlgemuth T. (2004) Trend words in ecological core journals over the last 25 years (1978–2002). *Oikos*, 106, pp. 411–421. <https://doi.org/10.1111/j.0030-1299.2004.13496.x>

12. Loreau M., Jarne, P. Martiny J.B.H. (2023) Opportunities to advance the synthesis of ecology and evolution. *Ecology Letters*, 00, 5 p. <https://doi.org/10.1111/ele.14175>

13. Programmes interdisciplinaires de recherche sur l'environnement, mis en place par le CNRS dans les années 1980.

14. <https://www.millenniumassessment.org/fr/Synthesis.html>

15. Mace G. M. (2014) Whose conservation? *Science*, 345(6204), pp. 1558–1560. <https://www.science.org/doi/10.1126/science.1254704>.

16. Diaz S., et al. (2015) The IPBES Conceptual Framework – connecting nature and people. *Current Opinion in Environmental Sustainability*, 14, pp. 1–16. <https://doi.org/10.1016/j.cosust.2014.11.002>

Cette description chronologique du concept de biodiversité montre comment, même dans l'univers scientifique, l'objet « biodiversité » devient et demeure un fait de société. Les méthodes d'études, notamment les approches écosystémiques, constituent de telles références qu'elles sont inscrites dans les formations académiques. De nouvelles disciplines s'emparent de l'objet et viennent s'intégrer à l'édifice (le droit de l'environnement, la psychologie de l'environnement, l'économie, la géographie, les ethnosciences ou l'anthropologie de l'environnement, etc.).

En parallèle, le Sommet de la Terre de Rio, en 1992, marque la montée en puissance des savoirs portés par les communautés locales, et plus généralement des savoirs non académiques sur la biodiversité. À travers cette appropriation, la biodiversité pénètre tous les territoires et les projets de développement, jusqu'à la ville avec l'apparition de l'écologie urbaine. Elle semble ainsi quitter définitivement le registre d'une nature « naturelle » pour révéler son adaptabilité et son imbrication au sein des sociétés humaines.

Enfin, à travers les conclusions de la dernière conférence des parties de la Convention-Cadre des Nations unies sur le changement climatique⁽¹⁷⁾, on perçoit que la représentation de la biodiversité s'émancipe d'une vision réifiée, par la prise de conscience de son imbrication, de son entrelacement complexe avec les dérèglements climatiques, et des rôles potentiellement bénéfiques (sources et puits de carbone, réserves à préserver) qu'elle peut jouer. Elle sort ainsi d'une simple « biodiversité en crise » pour devenir une sorte de « biodiversité partenaire », face aux crises globales qui s'annoncent.

Mace⁽¹⁸⁾ montre comment cette co-évolution entre les connaissances scientifiques et les changements de représentations sociétales rend compte d'un rapport en mutation au vivant, à la nature, d'une évolution du concept même de nature. On peut y voir le signe d'une émergence des contours de cette non-séparation entre humains et non-humains que Descola appelle de ses vœux, avec la nécessité d'inclure les humains dans la biodiversité, aspect reconnu par la Convention sur la Diversité Biologique dès son établissement.

La biodiversité apparaît donc tout à la fois comme une réalité, un concept et un projet. Elle est surtout un terme vivant, en constante évolution. Face au bouillonnement scientifique qui l'entoure, nous nous sommes interrogés sur la diversité des champs de recherche investis par la science et leurs éventuelles dynamiques au fil des ans : quelles sont les formes de biodiversité étudiées ? Quelles sont les communautés scientifiques impliquées et comment s'articulent-elles ou collaborent-elles ? Comment cette double valence scientifique et sociopolitique du terme biodiversité est-elle investie, et avec quelle nature de relation translationnelle ou entrelacée entre recherche et action, science et décision ou usage ?

Le rôle des formes de financement nous questionne également au regard de la recherche sur projet, mandat de l'ANR, qui demande l'explicitation de l'identité sociale des objets de recherche. Dans ce schéma, le concept de biodiversité est tellement approprié qu'il peut devenir un alibi, ou perdre en précision alors qu'il s'élargit et se transverse. Deux études⁽¹⁹⁾, conduites à 5 ans d'intervalle par AllEnvi Solutions évoquent le « probable effet de buzz » du mot « biodiversité », mais constatent que la part de la production scientifique française sur le sujet a plus que doublé entre 2015 et 2020, passant de 3,2 % à 6,95 % de l'ensemble des publications scientifiques mondiales répertoriées dans le *Web of Science* par le mot clé « biodiversité ». Selon les auteurs de ces deux analyses, cette progression serait principalement le fait de deux domaines interdisciplinaires : les sciences de l'environnement et les sciences sociales. L'analyse conduite ici, en ciblant les projets financés par l'ANR dans le cadre de ses plans d'action annuels, vise à explorer cette structuration et, en retour, à tester si le concept de biodiversité et son évolution ont modifié, au cours du temps, les recherches menées par la communauté française et leur financement par l'ANR.

17. Decision -/CP.27, Sharm el-Sheikh Implementation Plan ; Legendre, AEF n°682691, 21/11/22.

18. *Ibid.*

19. <https://allenvi-solutions.fr/thematique/biodiversite/>

Sélection des projets et constitution du corpus analysé : une acception large, multidisciplinaire et écologique de la biodiversité

Le travail d'analyse présenté ici a été conduit par un comité scientifique dédié composé de trois membres du comité scientifique de la FRB et de quatre experts de l'ANR et de la FRB. Il s'appuie sur trois sources d'information :

- un corpus constitué des résumés de 1 249 projets ⁽²⁰⁾ (dits projets « biodiversité ») construit à partir d'une méthodologie d'extraction et de sélection, dont les étapes sont détaillées en Annexe 2 ;
- le registre des partenaires associés contractuellement à ces 1249 projets, dont la construction est présentée en Annexe 3 ;
- les résultats d'une enquête menée auprès des porteurs de projets « biodiversité » financés entre 2014 et 2019, dont la méthodologie est décrite en Annexe 4.

Pour constituer le corpus, le comité scientifique a travaillé de façon itérative, en deux étapes. La première étape est cruciale. Elle a consisté à établir une liste de mots clés visant à extraire les projets des bases de données de l'ANR. Cette liste découle du thésaurus Biodiversité ⁽²¹⁾ dont on a retenu des termes (mots et expressions), ni trop généraux ni trop spécifiques, de sorte qu'ils puissent « capter » le vocabulaire susceptible d'être employé dans les résumés de dépôt de projets sur la biodiversité à l'ANR : les termes à usage multiple ont été écartés (comme écologie, montagne) pour éviter de faire remonter des projets sans rapport avec la biodiversité, et des combinaisons de mots se sont avérées nécessaires (voir Annexe 6).

La liste finale compte 582 mots clés ou associations de mots en anglais, (et 96 combinaisons de mots) et 537 mots clés ou associations de mots en français (et 105 combinaisons de mots). Elle a servi de filtre sur les titres et résumés des projets financés contenus dans les bases de données de l'ANR depuis sa création (2005), tous appels confondus ⁽²²⁾. Cela a permis d'extraire 7677 projets financés sur la période 2005-2019.

La seconde étape a consisté à trier ces projets, par classement itératif à dire d'experts, en croisant les visions et après définition collégiale des critères d'inclusion et d'exclusion visant une acception large de la biodiversité. Ce tri a abouti à une liste de 1 249 projets « biodiversité » financés par le Plan d'action de l'ANR entre 2005 et 2019. La nature trop souvent atypique des résumés des projets financés dans le cadre du MRSEI ⁽²³⁾ ont été écartés pour ne pas biaiser l'analyse lexicométrique envisagée.

La même démarche a été conduite sur la période 2020-2019, à l'aide de la même liste de mots clés, et a conduit à extraire 480 projets financés analysables.

L'enquête auprès des porteurs de projets visait à questionner plus précisément les disciplines mobilisées, les modes de collaboration mis en œuvre et la façon dont la biodiversité est abordée en prenant appui sur des référentiels internationaux de caractérisation. Le questionnaire élaboré par le comité scientifique de cette étude a été adressé aux porteurs des projets « biodiversité » ayant postulé à l'Appel à projets générique (AAPG) entre 2014 et 2019 pour constituer un pool homogène (voir Annexe 5).

20. Pour la période 2005-2019.

21. <http://data.loterre.fr/ark:/67375/BLH>

22. Les appels Blanc de 2005 à 2013, l'Appel à projets générique (AAPG) de 2014 à 2019, les appels spécifiques et les appels européens (par exemple les ERA-Net) et internationaux (comme le Belmont Forum) sur toute la période.

23. Le MRSEI – Montage de réseaux scientifiques européens ou internationaux – est un instrument de financement de l'ANR qui s'inscrit dans la composante « Construction de l'Espace européen de la recherche et attractivité internationale » de son Plan d'action. Soutenant le développement de réseaux de partenaires, cet instrument conduit à la rédaction de résumés plus orientés sur la logistique que la thématique, risquant de biaiser l'analyse lexicométrique.

Chapitre 1

Présentation des projets financés (2005-2019)

1. Caractéristiques générales des projets

Le financement sur projets de l'ANR se découpe en deux grandes périodes de programmation distinctes : celle de 2005 à 2013, régie par la politique des appels thématiques et des appels non thématiques (dits « appels Blanc », comportant toutefois des axes disciplinaires) et celle, de 2014 à nos jours, dominée par l'Appel à projets générique (AAPG) avec des axes de programmation disciplinaires et interdisciplinaires. Indifféremment distribués sur les deux périodes, interviennent les appels spécifiques^[24], aux thématiques généralement encadrées, et les appels européens et internationaux auxquels l'ANR est associée en tant qu'agence nationale de financement. Dans la suite du document, les projets financés sont catégorisés selon ces types d'appels.

24. Les appels spécifiques permettent de répondre à des priorités nouvelles fixées par l'État, à des problématiques scientifiques proposées par des financeurs externes, ou encore à des besoins et attentes des communautés scientifiques.

Les aides financières allouées aux projets sur la période 2005-2019

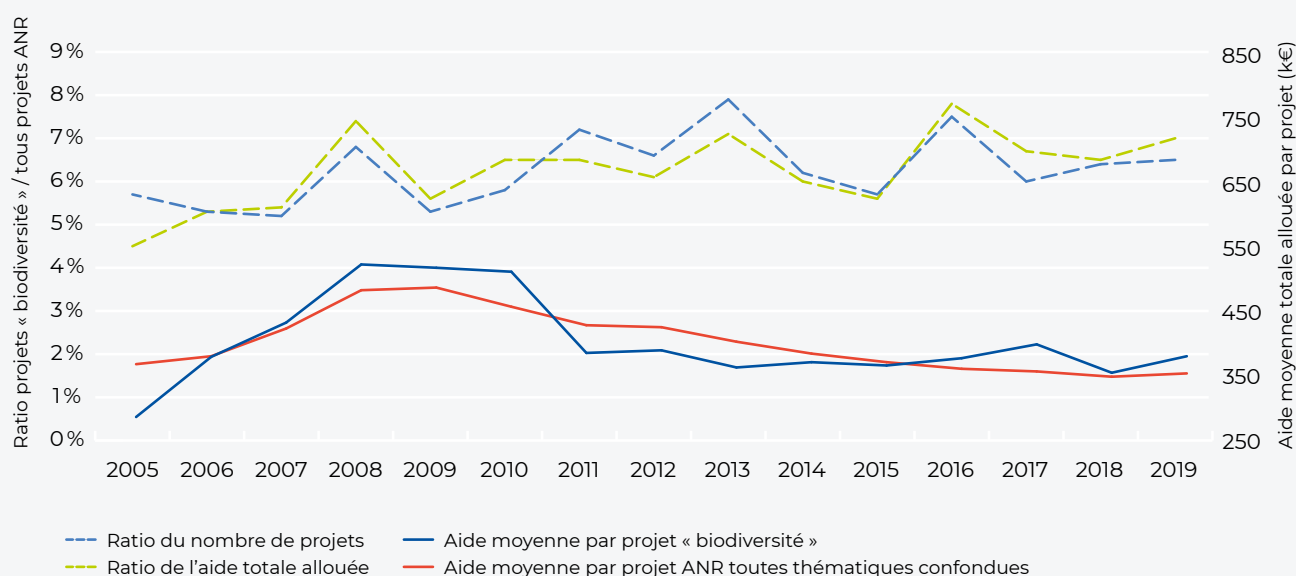
Depuis sa création jusqu'en 2019 près de 20 000 projets ont été financés par l'ANR dans le cadre de son Plan d'action, pour un financement total de plus de 8 M€, soit environ 1335 projets / an et une dotation moyenne annuelle de 539 M€.

Par comparaison sur la même période, nous comptons 1249 projets « biodiversité » financés et 504 M€ d'aide qui leur ont été alloués. Cela revient à un peu plus de 6 % en nombre comme en budget et correspond à environ 83 projets financés par an pour un total de 34 M€ chaque année.

Les variations dans le temps des aides moyennes annuelles par projet « biodiversité » montrent une augmentation du financement de 2005 à 2010, qui culmine entre 2008 et 2010 à environ 645 k€ par projet. Puis, l'aide moyenne par projet décroît pour se stabiliser à environ 350 k€ par projet entre 2018 et 2019. Cette tendance suit celle de l'ensemble des projets financés par l'ANR (voir Tableau 5 et Figure 27, Annexe 8).

De façon générale, sur l'ensemble de la période concernée, les appels thématiques ont financé moins de projets « biodiversité » que les appels génériques et non thématiques. Mais il s'agissait, en moyenne, de demandes de financement plus élevées (environ 545 k€ par projet dans le cadre d'appels thématiques, contre 419 k€ par projet dans le cadre de l'AAPG, et 317 k€ par projet dans le cadre d'appels non thématiques).

Figure 1 : Évolution, sur la période 2005-2019, des aides moyennes allouées par projet « biodiversité » et tous projets ANR et des ratios projets « biodiversité »/tous projets ANR en termes d'aides et de nombre de projets.



Distribution des projets « biodiversité » selon les grandes catégories d'appels à projets de l'ANR

84 % des projets « biodiversité » analysés ont été financés par les appels thématiques et non thématiques de la période 2005-2013, puis par l'AAPG à partir de 2014. Les appels européens et internationaux ont financé 15 % des projets « biodiversité ». Les autres projets ont été financés par des appels spécifiques.

On constate, autour du changement de programmation entre 2014 et 2015, une baisse du nombre de projets financés (respectivement 66 et 59 projets contre plus de 70 projets les années précédentes). À partir de 2016, le nombre de projets financés retrouve les niveaux antérieurs (voir Tableau 1).

En ramenant les chiffres à un même nombre d'années sur les deux périodes (avant et après le passage à l'AAPG) soit, pour chaque ligne de programmation total/nombre d'années, le changement de mode de programmation de l'ANR marque une baisse de 10 points du nombre de projets « biodiversité » financés par les appels nationaux de l'ANR (AAPG, appels thématiques et non thématiques, et appels spécifiques). Cette baisse est compensée par la hausse relative, sur la période 2014-2019, du nombre de projets financés dans le cadre des appels européens et internationaux (11 projets par an en moyenne avant 2014, 17 à 18 projets par an à partir de 2014) qui reflète la réorientation d'une partie des projets vers ces types de financement.

Les fluctuations interannuelles du nombre de projets « biodiversité » financés sont assez semblables à celles du nombre total de projets financés par l'ANR sur la période, même si le passage à l'AAPG en 2014 semble avoir légèrement plus impacté les projets « biodiversité », avec une baisse plus forte du nombre de projets « biodiversité » soutenus cette année-là.

Entre 2005 et 2013 : un tropisme marqué vers les appels thématiques

Sur la période 2005-2013, les projets « biodiversité » sont financés quasiment pour moitié par les appels non thématiques (335 projets) et pour moitié par les appels thématiques (330 projets). S'y ajoutent huit projets sélectionnés dans le cadre d'appels spécifiques⁽²⁵⁾ et 76 projets européens et internationaux (voir Tableau 2).

Les projets européens et internationaux sont en majorité issus d'appels ciblés thématiquement (59 projets, voir Figure 2), en particulier dans les domaines de la biodiversité (en bleu : 34 projets) et de la génétique/génomique (en orange : 18 projets).

Les 335 projets des appels non thématiques s'inscrivent dans 18 axes disciplinaires (l'appel Blanc est structuré en axes disciplinaires). L'axe « Biodiversité, évolution, écologie et agronomie » est le plus gros contributeur avec 207 projets, soit 62 % des projets des appels non thématiques. Avec les axes « Sciences de l'univers » et « Système

Tableau 1 : Récapitulatif des aides moyennes allouées aux projets « biodiversité » retenus pour cette étude et des aides moyennes allouées aux projets financés par l'ANR (projets « biodiversité » inclus)

Aide moyenne par projet (en k€)	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	Total
Projets « biodiversité »	291	382	434	522	517	511	388	392	366	374	369	380	401	358	383	404
Tous projets ANR	371	383	425	483	487	458	430	427	405	387	374	364	360	352	357	403

Tableau 2 : Évolution temporelle du nombre de projets « biodiversité » financés selon le type d'appel à projets

Types d'appels	Édition															Total
	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	
Appel non thématique	37	33	36	26	27	44	56	36	40							335
Appel thématique	46	48	38	54	41	31	18	30	24							330
AAPG										46	45	64	75	68	81	379
Appels spécifiques			1		1		3	2	1	2	1	4		2	6	23
Europe et international		5		11	2	5	16	18	19	18	13	26	8	24	17	182
Total hors Europe et international	83	81	75	80	69	75	77	68	65	48	46	68	75	70	87	1067
Total général	83	86	75	91	71	80	93	86	84	66	59	94	83	94	104	1249

terre », on constate que ces trois axes rassemblent 72 % des projets « biodiversité » financés par les appels non thématiques de l'ANR sur la période 2005-2013.

Sur cette même période, 330 projets des appels thématiques émergent à 47 appels différents. Ils ont été regroupés, pour la clarté de l'analyse, en 17 thèmes de recherche (voir Figure 3). On observe que plus de la moitié des projets sont financés dans les domaines de l'agriculture/agronomie/alimentation, de la santé et de l'environnement, et de la biodiversité. Ce chiffre atteint plus de 80 % lorsqu'on y ajoute les domaines de la génétique/génomique, de la biologie (système ou de l'adaptation) et de la société face aux changements.

Les fluctuations interannuelles du nombre de projets « biodiversité » financés (hors projets européens et internationaux) sont fortes. Elles semblent suivre une baisse tendancielle de l'ordre de deux projets par an (voir Figure 4). Cette baisse est ponctuellement compensée par les projets européens et internationaux (de six à onze projets en plus par an), provenant principalement de l'instrument de financement ERA-Net, et plus spécialement des ERA-Net Biodiversa⁽²⁶⁾ a successifs (45 %), qui lance un premier appel en 2008, puis annuellement à partir de 2011.

Jusqu'en 2010, les projets « biodiversité » sont davantage financés via les appels thématiques que par les appels non thématiques.

Ainsi, entre 2005 et 2009, c'est l'investissement sur les appels thématiques qui détermine chaque année la hausse ou la baisse du nombre total de projets financés par l'ANR. À partir de 2010, la tendance s'inverse et ce sont les appels non thématiques qui déterminent la fluctuation du volume total de projets « biodiversité » financés. Cette inversion coïncide avec une volonté politique de l'ANR de cesser progressivement les appels thématiques, en préfiguration de l'Appel à projets générique (AAPG) lancé en 2014. En conclusion de cette première période, les porteurs de projets « biodiversité » semblent avoir un tropisme en faveur des appels thématiques, probablement du fait de taux de réussite souvent plus élevés.

25. Appels Flash, retour Post-Doc, chaires d'Excellence, chaires industrielles ou sur financements externes.
26. Réseau de coordination et de support dédié à la recherche transnationale en biodiversité.

Figure 2 : Chronogramme des appels européens et internationaux ayant financé des projets retenus dans cette étude (via l'ANR en tant que contrepartie nationale). En vis-à-vis est rapporté le nombre total de projets financés sur la période. Le titre développé des appels est consultable dans l'Annexe 2.

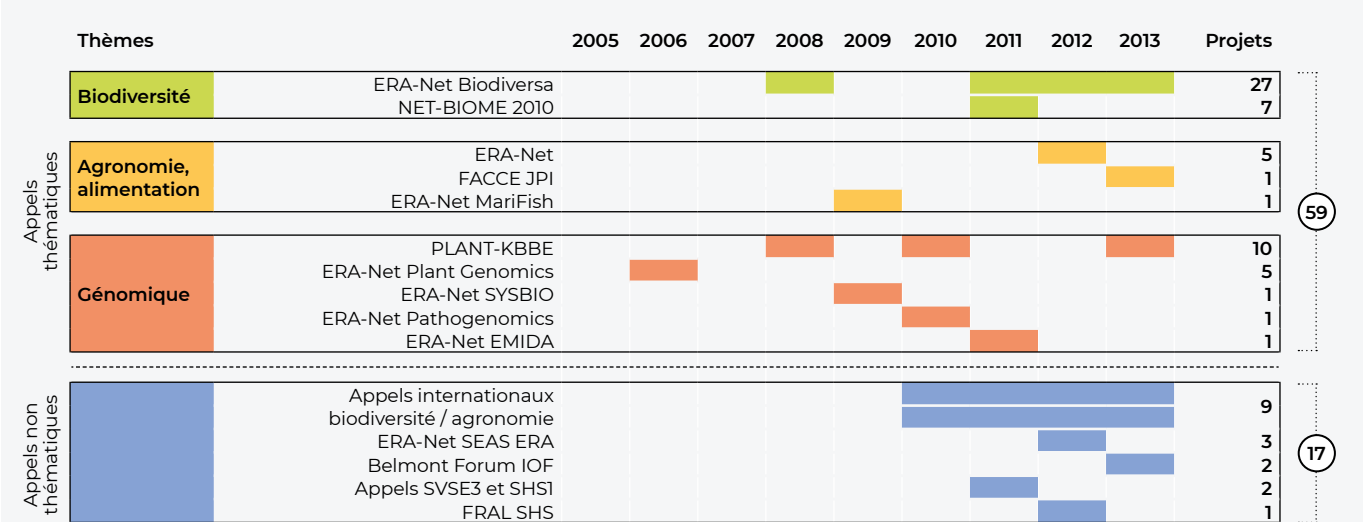


Figure 3 : Chronogramme des appels thématiques ayant financé des projets retenus dans cette étude, entre 2005 et 2013. Les acronymes des appels à projets sont regroupés par grands thèmes. En vis-à-vis est rapporté le nombre total de projets financés sur la période, par grand thème. Le titre développé des appels est consultable dans l'Annexe 2.

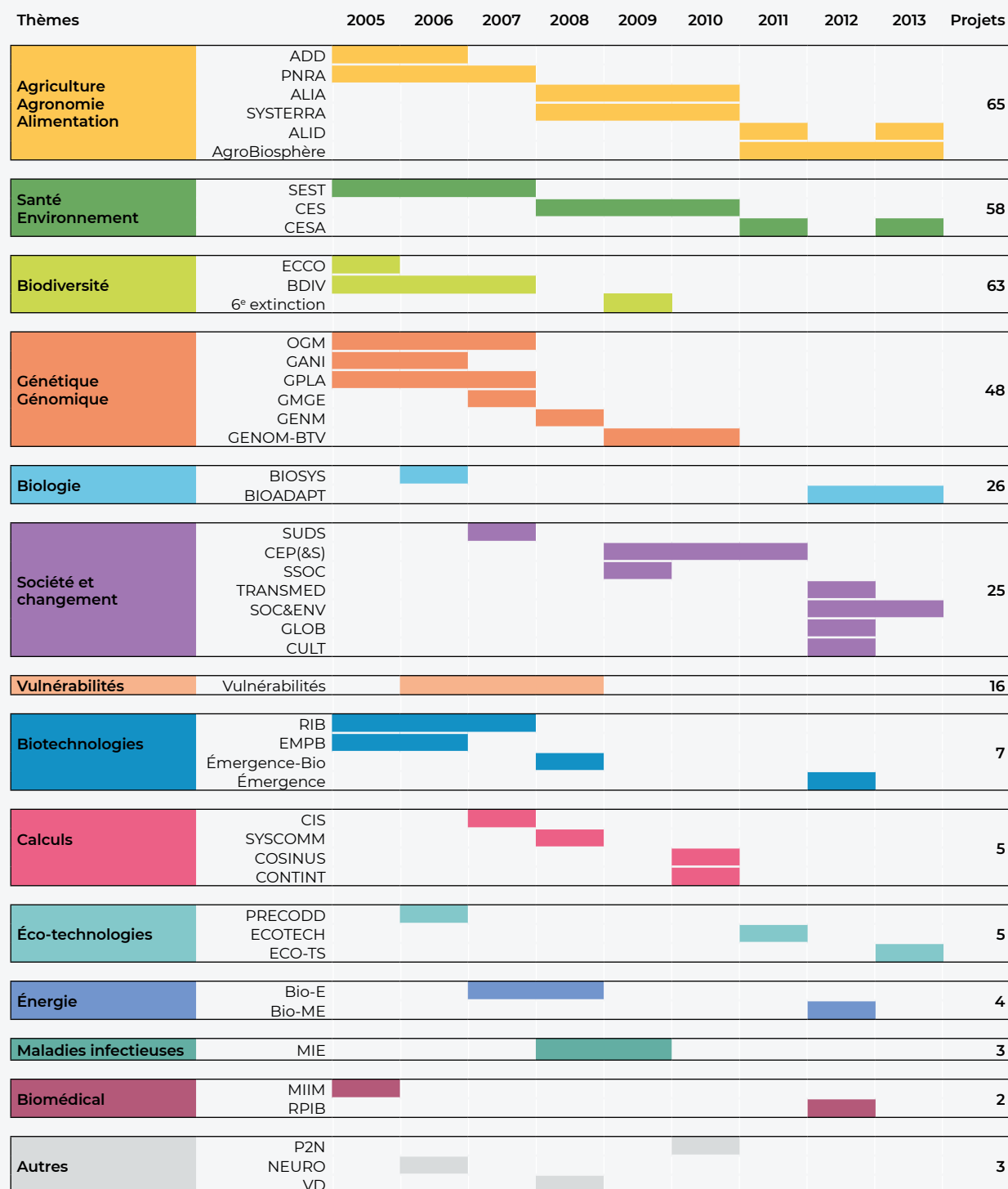
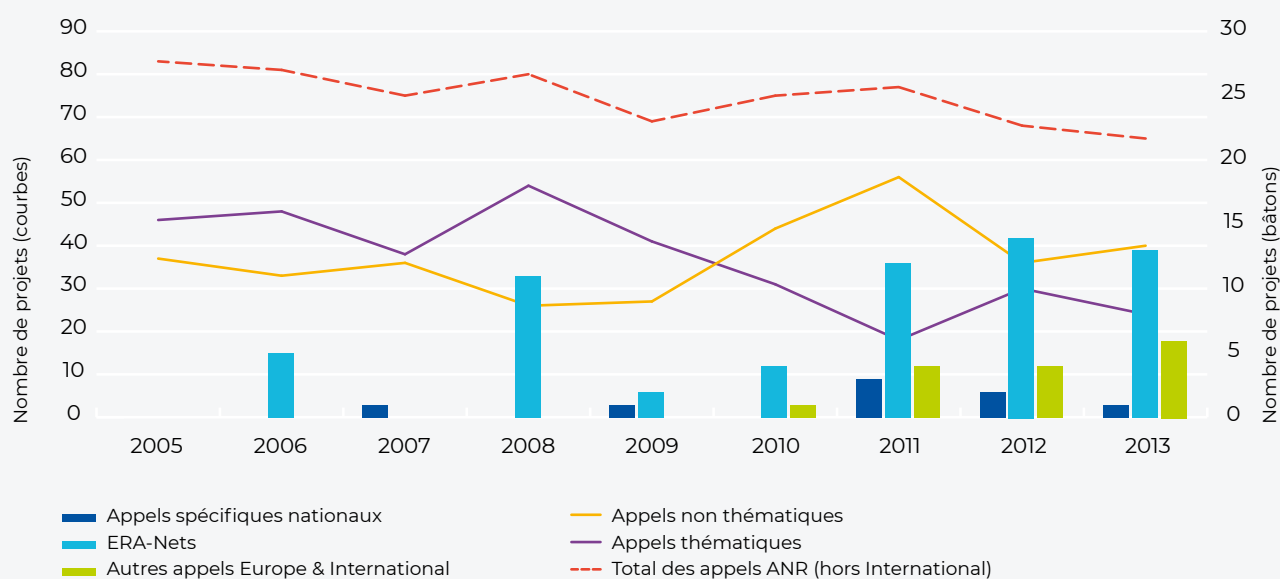


Figure 4 : Évolution du nombre de projets financés entre les années 2005 et 2013. Les histogrammes se réfèrent à l'axe des ordonnées de droite (exemple ERA-Net 2012 : 14 projets) et les courbes se réfèrent à l'axe des ordonnées de gauche (exemple Appel thématique 2008 : 54 projets).



Entre 2014 et 2019, des projets entre environnement, ressources et interactions environnement/société

Sur les 500 projets financés sur la période 2014-2019, 379 l'ont été par l'Appel à projets générique (AAPG). L'AAPG est structuré par domaines scientifiques qui regroupent thématiquement les domaines de programmation, disciplinaires ou transverses, des comités de pilotage de la programmation dont la fonction est d'établir le cadre des financements de la recherche par l'ANR.

Le chronogramme (voir Figure 5) montre que 72 % de ces 379 projets relèvent du champ des « sciences de l'environnement et des ressources biologiques », principalement à travers les axes disciplinaires « Terre vivante » (35 %) et « biologie des animaux et organismes photosynthétiques » (18 %), et l'axe transverse « dynamique des socio-écosystèmes en vue de leur gestion durable » (16 %). Chaque année, l'axe « Terre vivante » représente de 15 à 25 % des projets « biodiversité » financés par l'ANR.

Une autre part significative des projets relève du champ des « sciences de la biologie et de la santé » (18 %), dont près de la moitié provient de l'axe transverse « pathogènes émergents *One Health* » (42 %).

Sur la même période, 108 projets « biodiversité » ont été financés via des programmes européens ou internationaux auxquels participe l'ANR.

Ils couvrent principalement trois champs thématiques : à 43 % « biodiversité » (soit 46 projets sur les 108 de la période), à 32 % « agriculture et alimentation », et à 16 % « eau, environnement et océan ». Dix projets sont issus des appels « santé, environnement » et non thématiques.

Le chronogramme (voir Figure 6) montre comment ces appels se sont succédé sur la période. En termes d'appels à projets, les projets « biodiversité » sont principalement soutenus par des ERA-Net, instrument de coordination des recherches et des fonds européens, auquel contribue l'ANR, et surtout par l'ERA-Net Biodiversa (38 % des 108 projets financés sur la période).

En conclusion, on observe que le nombre de projets n'est pas en lien avec le nombre d'appels : on peut émettre l'hypothèse que le champ « biodiversité » n'est pas disséminé, il semble davantage porté par certains appels.

Le taux de sélection global de l'ANR est d'environ 25 % entre 2005 et 2007, il accuse ensuite de légères baisses pour atteindre 20 % en 2011-2012. Il chute à 16 % en 2013, alors que le nombre de projets déposés n'a pas augmenté (en moyenne 6000 projets déposés par an sur la période 2005-2013). En 2014, le passage à l'AAPG s'accompagne d'une hausse exceptionnelle des dépôts, dont le nombre se stabilise à partir de 2016 aux alentours de 8500 par an. Cette transition a marqué les esprits en raison du très faible taux de sélection des années 2014 et 2015 (environ 11 %) résultant à la fois de la baisse des dotations de l'ANR

Figure 5 : Chronogramme des appels à projets européens et internationaux ayant financé des projets « biodiversité » pendant la période 2014-2019. Les axes transversaux figurent en bleu. En vis-à-vis est rapporté le nombre total de projets financés sur la période.

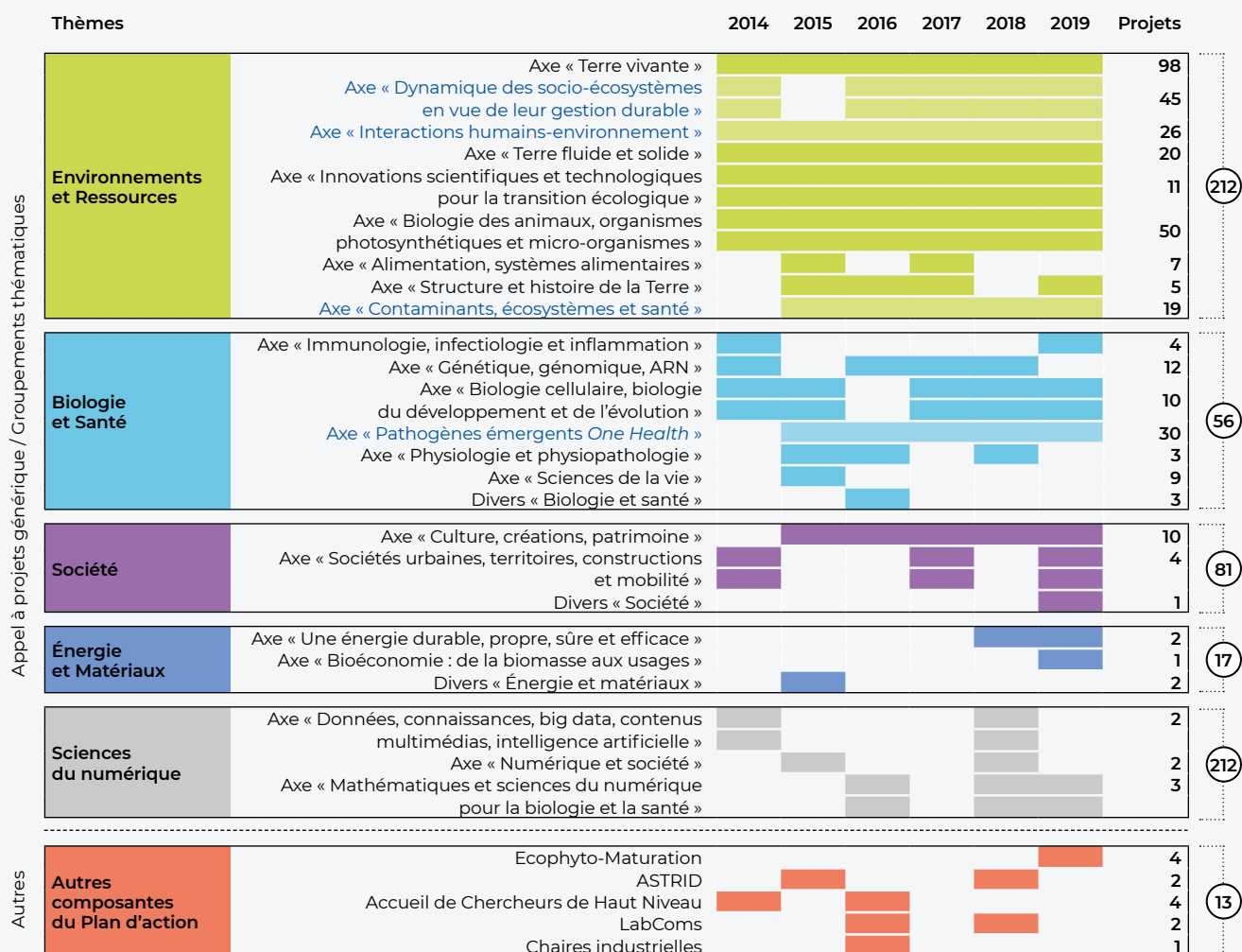
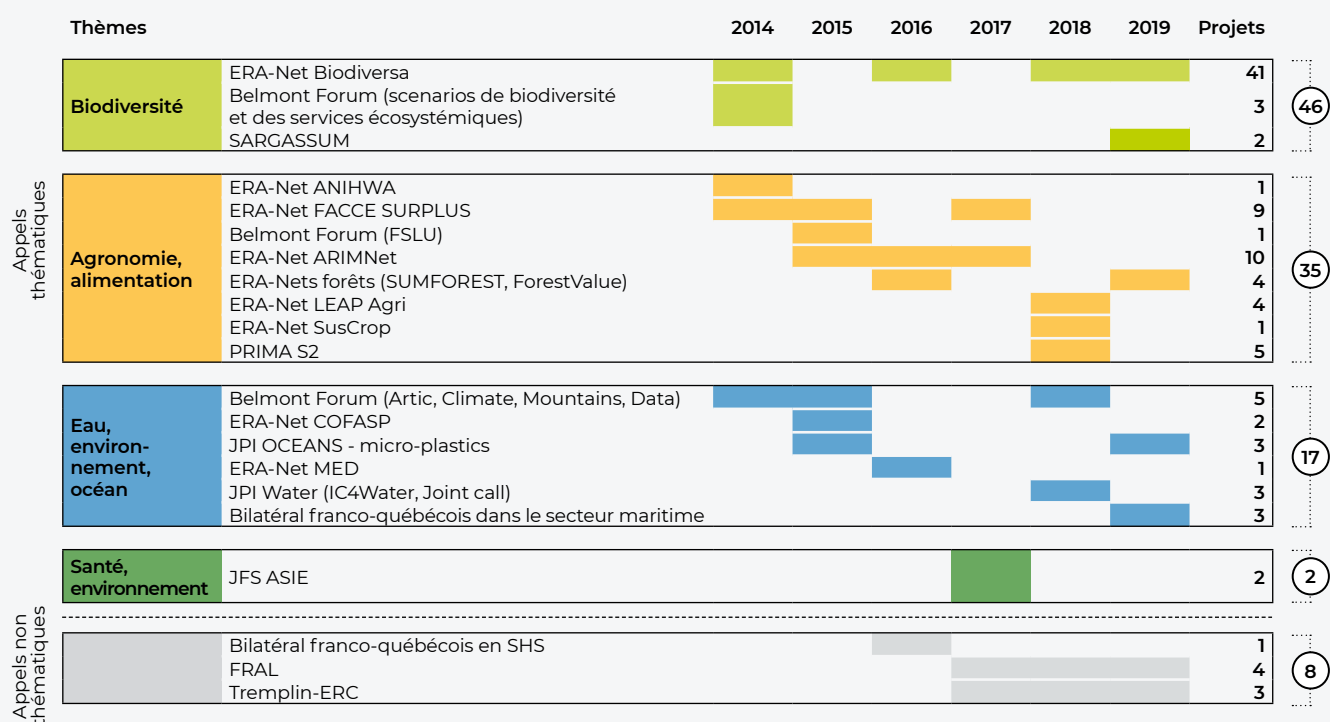


Figure 6 : Chronogramme des appels à projets européens et internationaux ayant financé des projets « biodiversité » pendant la période 2014-2019. En vis-à-vis est rapporté le nombre total de projets financés sur la période.



et de « l'effet de bourrage » visant à maximiser les chances de réussite face à un dispositif nouveau et non maîtrisé. Avec l'augmentation de la dotation annuelle de l'ANR et la stabilisation du nombre des projets déposés, les taux de sélection remontent régulièrement depuis 2016 et s'élèvent à 18,6 % en 2019⁽²⁷⁾.

La part du nombre de projets « biodiversité » au sein des appels à projets de l'ANR suit ces fluctuations dans des proportions très stables, aussi bien en nombre de projets qu'en budget alloué : environ 6,3 % sur la période. On estime que les fluctuations des taux de sélection globaux de l'ANR se sont répercutées proportionnellement sur les projets « biodiversité ».

1.1. Caractéristiques générales des équipes

Cette analyse est conduite à partir de deux sources d'information. Le fichier des partenaires a été obtenu auprès de l'ANR à partir de la liste des 1 249 projets sélectionnés. Il répertorie, pour chaque projet, tous les partenaires ayant signé l'accord de consortium, qu'ils soient financés ou non. Ce fichier a fait l'objet d'un important nettoyage décrit en Annexe 2. L'autre source d'information résulte de l'enquête conduite auprès des porteurs des projets financés à partir de 2014 dans le cadre de l'AAPG (la méthode et le questionnaire d'enquête sont consultables en Annexe 4).

Partenariats : des liens « recherche – recherche » privilégiés

Les partenaires, identifiés par leurs organismes de rattachement (par exemple « CEA », « entreprise Wiuz », etc.), et les partenariats (qui désignent les relations entre partenaires), ont été analysés en s'appuyant sur le fichier des partenaires de l'ANR.

Ils ont été classés en catégories (par exemple « établissement public à caractère scientifique et technologique, EPST », « petite et moyenne entreprise, PME », etc. ; la méthode de préparation des données est consultable en Annexe 3).

Pour l'ensemble des 1 249 projets « biodiversité » analysés ici, on compte 949 partenaires différents et 5 018 partenariats.

La nature des partenaires est très variable : établissements publics de recherche ou d'enseignement à caractère commercial ou non ; très petites à grandes entreprises ; décideurs ; financeurs ; collectivités territoriales ; fondations, associations et organisations non gouvernementales, etc. Ils sont classés en 23 catégories (voir Figure 7).

Les trois quarts des projets (soit 923 projets) comptent au moins un partenaire de type établissement public à caractère scientifique et technologique (EPST), et la moitié des projets impliquent une université française (c'est-à-dire un établissement public à caractère scientifique, culturel et professionnel, noté ici EPSCP universités). 18 % des projets comptent au moins un établissement public à caractère industriel et commercial (EPIC) et 12 % une école d'enseignement supérieur. Le nombre de partenaires par projet est très variable : en moyenne 4 par projet (± 3), allant de 1 à 26 partenaires.

Environ 40 % des partenariats impliquent des établissements publics à caractère scientifique et technologique (EPST ; organismes de recherche de type INRAE, CNRS, IRD, etc.) soit près de 2 000 relations sur les 5 018 identifiées ; 20 % des universités françaises (établissement public à caractère scientifique, culturel et professionnel, EPSCP universités) ; et 13 % des universités à l'étranger. Viennent ensuite, à des

pourcentages faibles voire très faibles, les instituts de recherche à l'étranger, les établissements publics à caractère industriel et commercial (EPIC), les écoles d'enseignement supérieur, diverses catégories d'organisations publiques et privées pour terminer par les collectivités territoriales. La Figure 7 illustre ces chiffres.

Les types de partenaires varient selon les catégories : pour les EP santé, les EPIC, EPST, EPSCP (universités et hors universités), fondations et écoles d'enseignement supérieur, le taux de partenaires de type « recherche » (écoles, université, établissements publics, etc.) est supérieur à 85 % (85 % des partenariats concernant un EP santé impliquent un partenaire « recherche »). Pour les TPE, PME et ETI-GE, le taux de partenaires de type « recherche » oscille autour de 60 %. De façon générale, si la nature des partenaires est relativement diversifiée, on observe un lien privilégié qui reste centré sur la relation « recherche – recherche ».

Ces résultats sont corroborés par l'analyse des réponses à l'enquête – menée auprès des 379 projets financés par l'AAPG entre 2014 et 2019 – ayant pour objectif d'obtenir des informations complémentaires, notamment sur la nature de la relation : collaboration, implication, consultation, information (typologie utilisée dans l'ERA-Net Biodiversa). Sur ces 379 projets, 346 porteurs ont pu être contactés et 100 réponses ont été collectées et analysées⁽²⁸⁾.

Les résultats (voir Figure 8) montrent :

- Les relations de **collaboration**, c'est-à-dire un véritable partenariat de travail, se font préférentiellement avec les établissements publics à caractère scientifique et technique (EPST, en jaune sur la Figure 8 ; universités, CNRS, IRD, INRAE, etc.) et les structures de recherche étrangères. Elles existent, mais de façon plus marginale, avec des structures à caractère commercial, tant privées (entreprises) que publiques (EPIC, tels Ifremer, Cirad, etc.), puis avec des établissements publics administratifs (EPA, tels les parcs nationaux, agences de l'eau, etc.) et des écoles d'enseignement supérieur.
- Lorsqu'il n'y a pas de collaboration à proprement parler, les parties prenantes sont **impliquées**, c'est-à-dire qu'elles sont informées et leurs préoccupations sont intégrées pour partie dans les projets. C'est le cas du secteur économique public ou privé, mais aussi des établissements publics administratifs, collectivités territoriales, et décideurs et financeurs publics (ministères, agences nationales).
- Les décideurs et financeurs publics, les collectivités territoriales et des structures publiques (type GIP, GIS, etc.) et privées (type GIE, coopérative, etc.) semblent tout autant engagés dans une simple relation **d'information**, c'est-à-dire qu'ils reçoivent des informations concrètes pour faciliter leur compréhension du projet.
- **La consultation**, c'est-à-dire le simple retour d'informations des parties prenantes, semble peu plébiscitée. Elle concerne surtout les organisations non gouvernementales, les décideurs et financeurs publics ainsi que les collectivités territoriales.

27. Le taux de sélection poursuit sa progression, il s'élève à 22,7 % en 2021, première année d'application de la loi de programmation de la recherche (LPR).

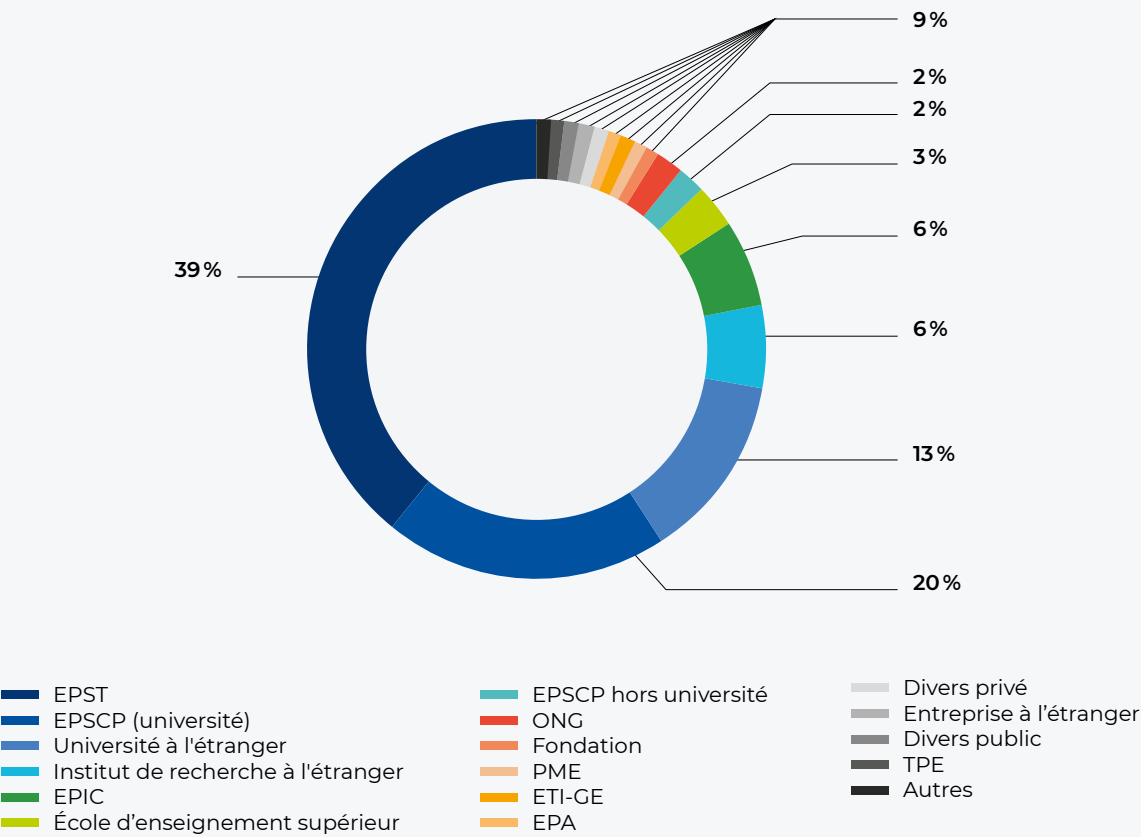
28. Voir la méthodologie d'enquête en Annexe 6.

Figure 7 : Proportions des catégories de partenaires engagés dans l'ensemble des partenariats. La légende et le graphique sont ordonnés : la proportion la plus importante correspond à la catégorie « EPST » et la plus faible à la catégorie « collectivité territoriale ».

La catégorisation des partenaires est établie d'après leur statut (par exemple « EPA », « collectivité territoriale », etc.) et, si celui-ci n'est pas identifiable ou peu répété, la catégorisation se base sur leur qualité (par exemple

« décideurs et financeurs »).

Les proportions de partenariats sont ensuite calculées sur la base du nombre de participation d'une catégorie à un partenariat : pour 5 018 partenariats, la catégorie ONG est identifiée 86 fois, soit 2 %. La catégorie « autres » regroupe : collectivités territoriales, décideurs et financeurs, décideurs et financeurs à l'étranger, ONG à l'étranger, EP santé, fondations à l'étranger, divers publics à l'étranger.



Sur les 949 partenaires, 77 % sont français. Sur l'ensemble des projets (1 249), un quart compte au moins un partenaire étranger. Enfin, sur l'ensemble des partenariats (5 018), un tiers implique des partenaires étrangers (certains projets ayant plusieurs partenaires étrangers). La proportion de partenaires étrangers oscille entre 15 % et 30 % selon les catégories de partenaires – sauf pour les divers privés et les décideurs et financeurs pour lesquels ce taux est inférieur à 10 %. À noter : les appels ANR de type Projet de recherche collaborative

– international (PRCI) impliquent nécessairement un ou des partenariats avec des partenaires étrangers.

Des relations internationales marquées par la diversité et la proximité de la région européenne

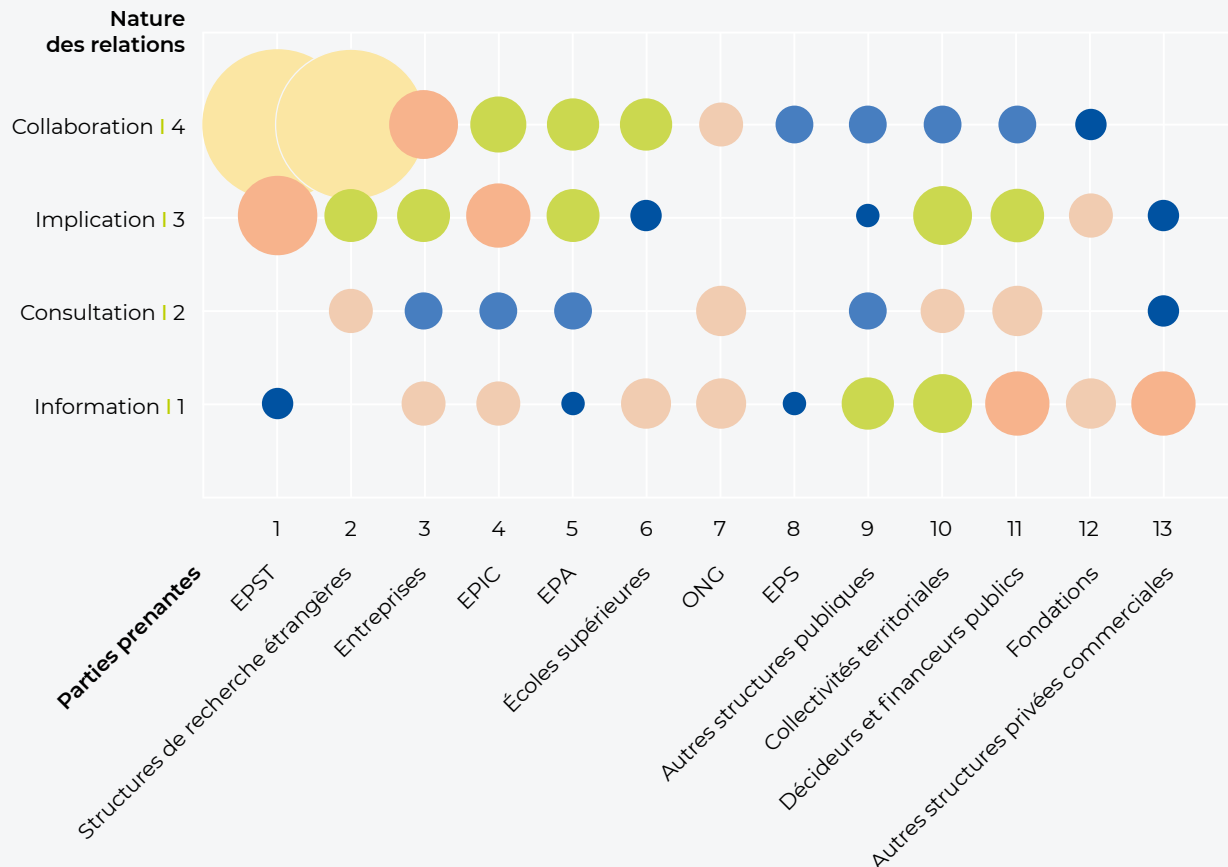
En examinant les partenariats sur le territoire français métropolitain d'une part et sur les territoires ultramarins d'autre part, on constate

Figure 8 : Nature des relations selon les catégories de partenaires au sein des 100 projets ayant répondu à notre enquête. Les partenaires sont groupées en 13 catégories de parties prenantes (1 : EPST par exemple : toutes les universités, CNRS, IRD, INRAE, CEA, etc. ; 2 : structures de recherche étrangères publiques ou privées ; 3 : structures commerciales comme les TPE, PME, ETI, GE, BE, etc. ; 4 : EPIC comme Cirad, Ifremer, IRSN, BRGM, etc. ; 5 : EPA comme les parcs nationaux, les agences de l'eau, etc. ; 6 : écoles d'enseignement supérieur agréées ; 7 : ONG ; 8 : EPS comme les CHU, CHR, etc. ; 9 : autres structures publiques

par exemple : les GIP, GIS, SATT, etc. ; 10 : collectivités territoriales ; 11 : décideurs et financeurs publics comme les ministères, les agences nationales ; 12 : fondations ; 13 : autres structures privées commerciales comme les GIE, les coopératives, etc.).

La nature des relations est de quatre ordres : 1 - information ; 2 - consultation ; 3 - implication ; 4 - collaboration.

Le graphe distribue le nombre d'occurrences des natures de relation par catégorie de partenaires. La couleur et la taille des bulles sont proportionnées au nombre d'occurrences.

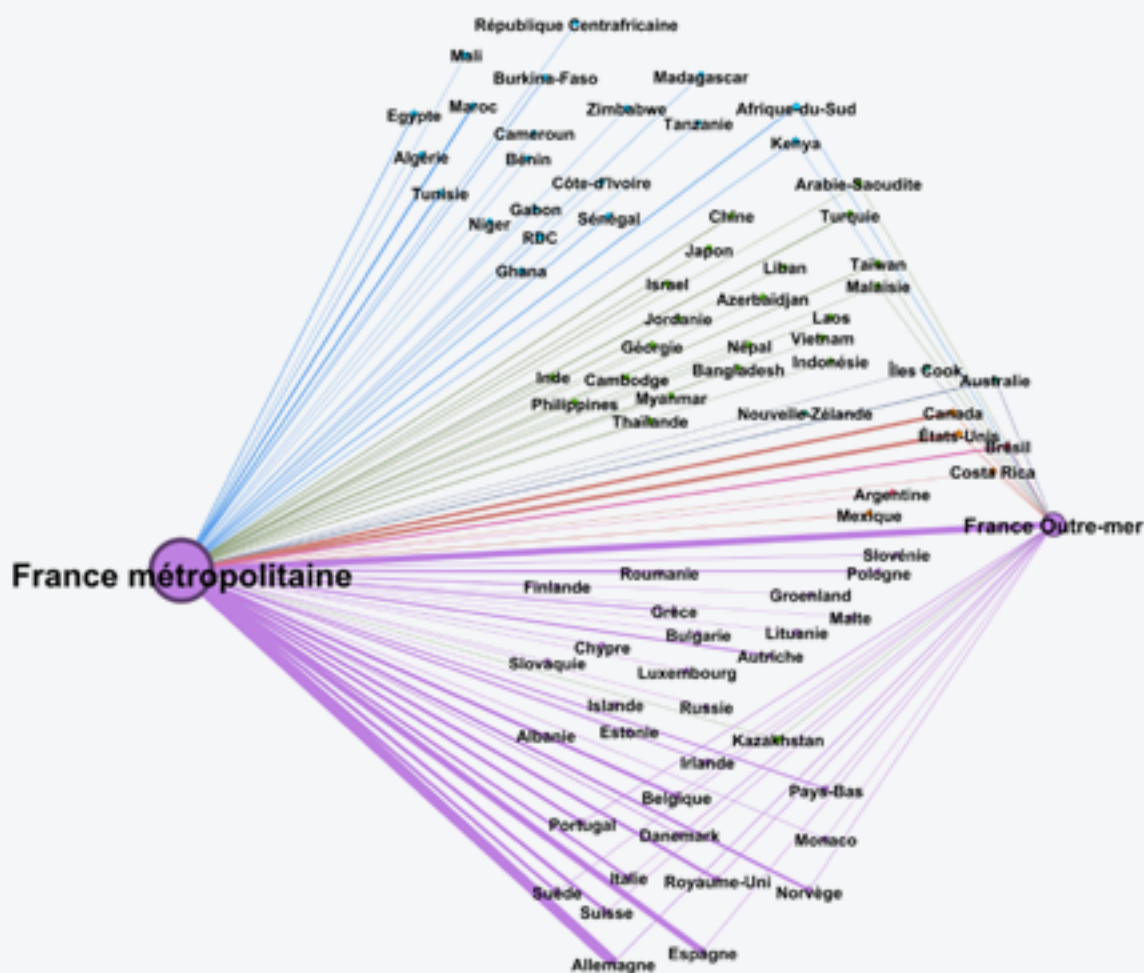


en premier lieu de fortes relations entre les équipes des organisations implantées en métropole et en outre-mer (toutes catégories de partenaires confondues), avec un nombre élevé de liens (voir Figure 9).

On observe aussi que, de façon générale, les relations internationales se nouent très régulièrement entre pays de la région européenne d'une part, entre régions européennes et Amérique du Nord d'autre part. Ainsi, les pays dont les organisations sont les plus en lien avec

des équipes françaises métropolitaines, dans le cadre des projets étudiés pour cette étude, sont, par ordre décroissant : l'Allemagne très majoritairement (avec une grande diversité d'universités), suivie par l'Espagne (avec le Conseil supérieur de la recherche scientifique et des universités), puis les États-Unis, la Suisse, le Royaume-Uni, la Belgique, le Portugal et le Canada. Pour les équipes françaises ultramarines, il s'agit surtout du Royaume-Uni, du Portugal, des États-Unis, du Brésil et de l'Australie.

Figure 9 : Graphe représentant les partenariats (liens) entre la France (nœuds), en distinguant France ultramarine et France métropolitaine, en fonction des partenariats. Caractéristiques : Gephy, graphe non orienté, algorithmes de mise en forme « déchevauchement », statistique « modularité » avec une résolution de 0,5 et coloration des nœuds.



Le nombre de partenariats est moins élevé entre la France et les pays d'Amérique du Sud (hors Brésil), du Proche-Orient (Jordanie, Arabie Saoudite...), d'Asie centrale (Azerbaïdjan, Kazakhstan, etc.) et la Russie.

En examinant les partenariats au sein des projets « biodiversité » sous la forme d'un réseau (voir Figure 10) et en s'intéressant aux sous-ensembles constitués par des pays fortement connectés ⁽²⁹⁾, plusieurs ensembles se dégagent (même si les partenariats ne sont pas nombreux) entre la France et (1) les pays du pourtour méditerranéen (dont Espagne, Italie, Malte, Grèce, Maroc, Algérie, Tunisie), (2) le Proche-Orient (Liban, Turquie par exemple), (3) les pays de l'est de l'Europe (Pologne, Autriche, Slovaquie, Estonie, Lituanie notamment), (4) l'Asie (Inde, Chine, Vietnam par exemple), et (5) les pays nordiques (dont

Norvège, Finlande, Islande, Danemark). Les projets menés en collaboration avec des organisations implantées en Australie, en Chine et au Brésil impliquent quant à eux, régulièrement, des organisations surtout localisées dans le nord de l'Europe (Allemagne, Royaume-Uni, Pays-Bas, Suède, Norvège principalement).

29. Exploration manuelle du graphe et de la modularité qui met en avant des communautés, des groupes qui ont tendance à travailler entre eux (forte densité de liens dans les groupes par rapport au reste du réseau).

Figure 10 : Graphe représentant les partenariats (liens) entre les pays (nœuds) en fonction des projets. L'épaisseur du lien représente le nombre de partenariats (il peut y avoir plusieurs partenaires et donc partenariats au sein d'un même projet) entre les pays, et la taille du nœud représente le nombre total de partenariats. Les couleurs des nœuds mettent en évidence des « communautés » (partenariats préférentiels).

Les pays ont été organisés par continents. Caractéristiques : Gephy, graphe non orienté, algorithmes de mise en forme « déchevauchement », statistique « modularité » avec une résolution de 0,43 et coloration des nœuds.



Une analyse plus fine de la nature des organisations (catégories de partenaires) et de leurs relations permet de noter que :

- Les EPSCP (universités), les EPST, les EPIC et les écoles d'enseignement supérieur travaillent avec tous les autres types de partenaires français.
- Les EPSCP (universités) et les EPST travaillent avec quasiment tous les types de partenaires étrangers.
- Quant aux catégories préférentielles de partenaires à l'étranger, il s'agit des universités et des instituts de recherche, suivis de diverses organisations publiques, puis des entreprises et des décideurs.

Des partenariats portés par les grands établissements de recherche et quelques universités

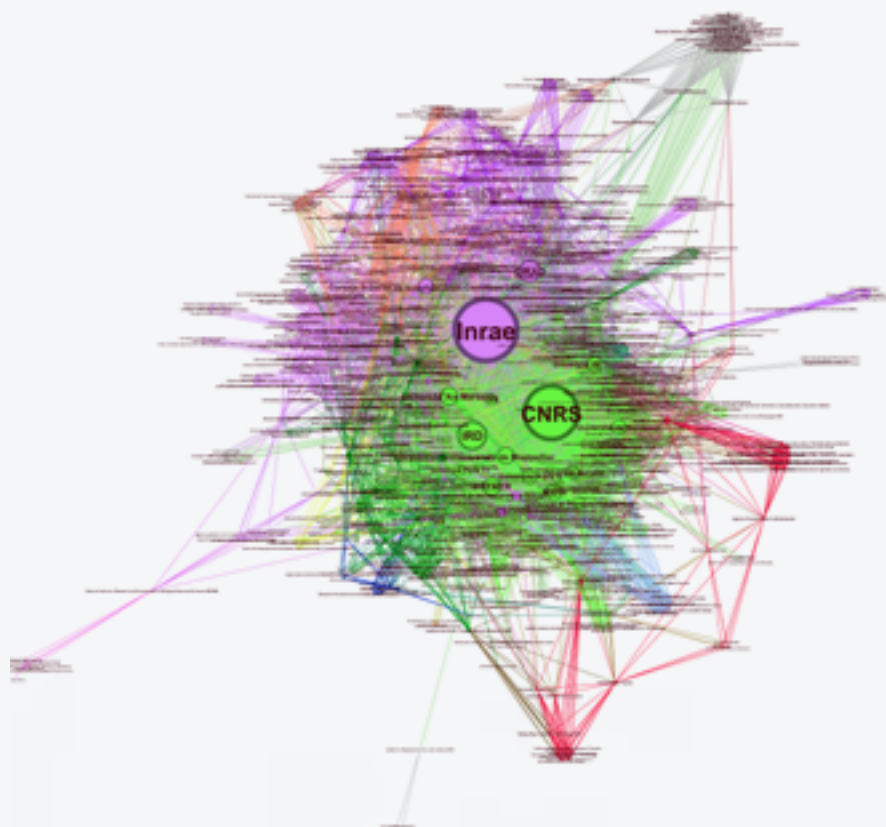
À un grain plus fin encore, celui de l'identité des organisations (c'est-à-dire les partenaires) et de leurs relations (voir Figure 11), on note que les organisations qui ont le plus de partenariats – les nœuds avec le

plus de liens – sont l'INRAE (en intégrant INRAE, Inra et Irstea), le CNRS, l'IRD, le Cirad, l'Ifremer, l'Université de Montpellier et le Muséum national d'histoire naturelle (MNHN) : elles sont toutes en lien avec une grande partie de l'ensemble des autres organisations. Viennent ensuite l'Universités d'Aix-Marseille, Sorbonne Université/Paris 6 et l'Université de Toulouse. De la même façon, c'est principalement par l'intermédiaire de ces nœuds – constituant des ponts reliant les organisations – que s'organisent la majorité des partenariats : INRAE, CNRS, IRD, Cirad, Ifremer, suivis des universités (Montpellier, Aix-Marseille, Toulouse, Sorbonne Université/Paris 6, Lorraine, Lyon, Grenoble, Bordeaux, Clermont et Rennes notamment).

Enfin, si l'on s'intéresse aux organisations un peu en marge des collaborations décrites jusqu'ici, on constate qu'il s'agit essentiellement d'une multitude d'universités positionnées sur tous les continents ainsi que des entreprises et des ONG françaises.

Figure 11 : Graphe représentant les partenariats (liens) entre les partenaires (nœuds) en fonction des projets. L'épaisseur du lien représente le nombre de partenariats entre les partenaires et la taille du nœud représente le nombre total de partenariats. Les couleurs des nœuds

mettent en évidence les communautés (partenariats préférentiels). Caractéristiques : Gephy, graphe non orienté, algorithmes de mise en forme « déchevauchement », « modularité » avec une résolution de 1 et coloration des nœuds.



Les responsabilités scientifiques et une coordination des projets majoritairement masculines

Lorsque l'on se réfère à l'ensemble des projets « biodiversité » identifiés pour cette étude, il y a, en moyenne, deux fois plus d'hommes (63 %) que de femmes (27 %) impliqués dans des fonctions de responsabilité (tant dans la coordination, que comme responsable scientifique des équipes partenaires). Cette proportion est constante à travers les projets, qu'ils soient d'envergure nationale ou internationale. Elle est également assez stable au cours du temps.

30. Voir https://cat.opidor.fr/index.php/Nomenclature_ERC

31. Voir la méthodologie d'enquête en Annexe 6.

32. 92 % des projets sciences de la vie sont interdisciplinaires au sein des sciences de la vie, de même que 90 % des projets des sciences physiques et ingénierie le sont au sein des sciences physiques et ingénierie, et 76 % des projets sciences sociales et humanités au sein des sciences sociales et humanités.

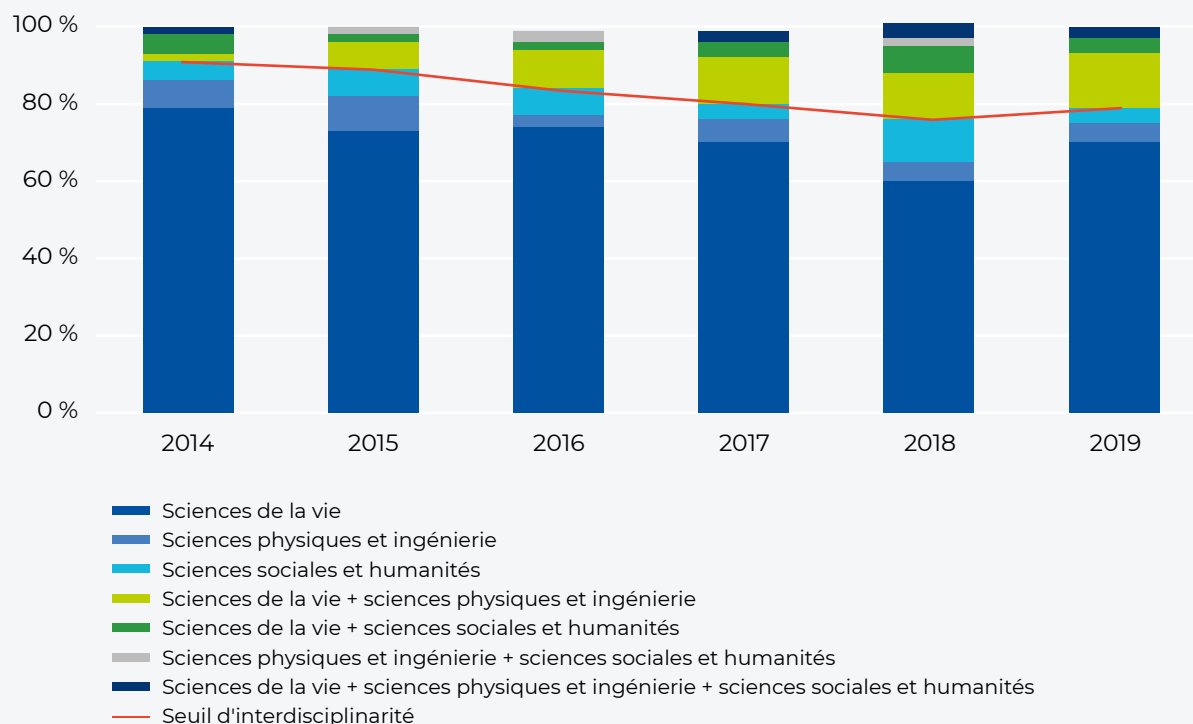
Des projets interdisciplinaires... au sein des sciences de la vie

La disciplinarité des projets est étudiée sur la période 2014-2019, au cours de laquelle le corpus d'information est le plus homogène. Les données sont issues des dossiers de candidatures à l'AAPG (379 projets), qui doivent inclure un positionnement disciplinaire selon le codage du Conseil européen de la recherche (ERC) ⁽³⁰⁾. Elles sont complétées des 100 réponses à l'enquête menée auprès des 346 coordinateurs scientifiques contactés ⁽³¹⁾.

L'interdisciplinarité d'après les déclarations lors du dépôt du projet à l'AAPG

L'ERC structure les disciplines scientifiques en trois domaines disciplinaires : « sciences sociales et humanités », « sciences physiques et ingénierie » et « sciences de la vie », eux-mêmes décomposés en 27 disciplines. Les porteurs de projets peuvent renseigner trois disciplines mobilisées par leur projet au moment du dépôt. Cela permet d'identifier la pluridisciplinarité et l'interdisciplinarité.

Figure 12 : Distribution des grands domaines disciplinaires – sciences sociales et humanités (*Social Sciences and Humanities* [SSH]), sciences physiques et ingénierie (*Physical Sciences and Engineering* [PE]), sciences de la vie (*Life Sciences* [LS]) – et indication du seuil d'interdisciplinarité (ligne rouge qui relie les barres). Ces données sont issues des dossiers de candidature des 379 projets financés dans le cadre de l'AAPG entre 2014 et 2019.



L'interdisciplinarité est de deux types : « interdisciplinarité intra-champ », « proche » ou « faible » (au sein d'un domaine) ou « interdisciplinarité inter-champ », « éloignée » ou « forte » (entre domaines).

Sur la période 2014-2019, plus de 80 % des projets s'inscrivent dans un seul des trois domaines disciplinaires ERC, principalement dans celui des sciences de la vie (voir Figure 12). Le taux d'interdisciplinarité « forte », entre domaines disciplinaires, est donc de 20 %. Seuls 26 des 346 projets (soit moins de 10 %) se revendiquent d'une seule discipline (dont 19 dans le champ sciences de la vie), en ne complétant qu'un seul des trois choix possibles entre disciplines au sein d'un domaine. Ces projets « monodisciplinaires », régulièrement répartis au fil des ans (en moyenne quatre par an), sont en réalité largement interdisciplinaires au sein de leurs domaines disciplinaires respectifs ⁽³²⁾.

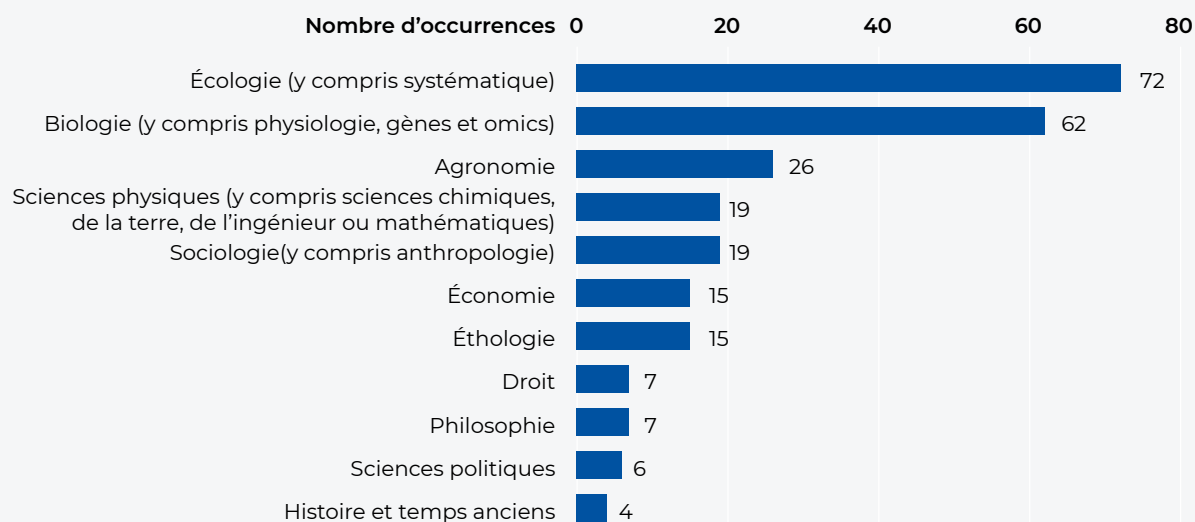
Les projets « biodiversité » financés par l'AAPG sont donc essentiellement interdisciplinaires, mais se revendiquent en grande majorité d'une interdisciplinarité « proche » ou « faible ».

L'interdisciplinarité d'après les réponses à l'enquête auprès des porteurs de projets

Cette partie analyse la disciplinarité ou l'interdisciplinarité des projets *a posteriori* des projets (consulter la méthodologie de l'enquête en Annexe 3) sur la période 2014-2019.

Les résultats montrent que l'écologie et la biologie sont les disciplines les plus revendiquées, et secondairement l'agronomie, les sciences physiques et les humanités. Viennent ensuite l'économie et l'éthologie. Les sciences politiques, le droit et la philosophie ne sont mobilisés que ponctuellement (trois projets différents), (voir Figure 13).

Figure 13 : Disciplines mobilisées au sein de 100 projets sur la base des réponses obtenues lors de l'enquête. Une liste de neuf disciplines était proposée et plusieurs réponses étaient possibles. Les réponses « autres » indiquant explicitement une discipline présente dans la typologie ont été reclassées dans les disciplines concernées.



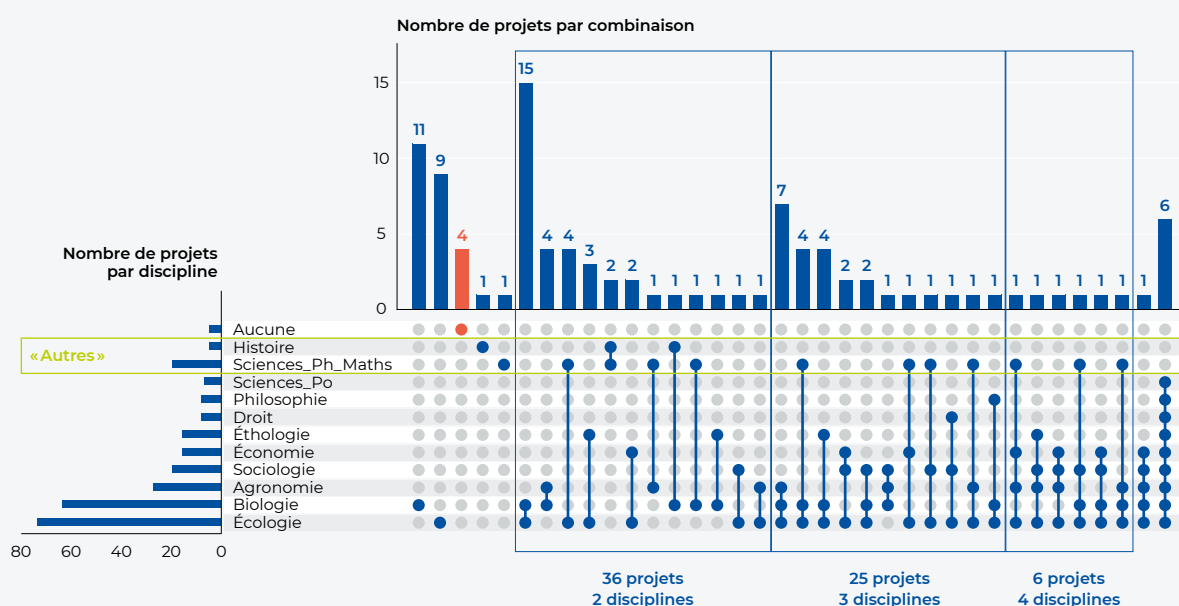
Les projets sont majoritairement (77 %) interdisciplinaires (surtout bidisciplinaires à 38 %) et combinent le plus souvent au moins l'écologie et la biologie (38 projets, voir Figure 14). Ainsi :

- 22 projets se déclarent monodisciplinaires, dont 9 en écologie et 11 en biologie.
- Les projets bidisciplinaires (36 projets) sont principalement des projets combinant écologie et biologie (15). Les autres projets combinent principalement biologie et agronomie (4), et écologie avec sciences physiques (4) ou éthologie (3) ou économie (3).

- Parmi les 25 projets qui mobilisent trois disciplines, 24 incluent l'écologie. Le binôme écologie/biologie est présent dans 18 projets. Sept projets s'appuient sur le trinôme écologie/agronomie/biologie
- Les sept projets revendiquant quatre à cinq disciplines s'inscrivent tous en écologie. Trois d'entre eux associent l'agronomie à part égale d'importance avec l'écologie, les autres disciplines étant les humanités et le droit ou l'économie. Deux projets associent l'écologie aux humanités en priorité et secondairement la biologie et l'économie ou le numérique.

Figure 14 : Histogramme combiné (issu d'un UpSet Plot) du nombre de projets par discipline et selon le nombre de disciplines mobilisées. L'histogramme de gauche présente le nombre de projets par discipline, et celui du haut le nombre de projets par type d'interdisciplinarité. Le cadre « Autres » met en avant les disciplines qui n'étaient pas proposées dans le questionnaire. Le détail fourni par les répondants permet de les catégoriser en sciences de l'histoire, sciences physiques ou mathématiques. Le diagramme des liaisons relie les deux histogrammes selon les différentes combinaisons de disciplines revendiquées. Les rectangles bleus délimitent les projets bidisciplinaires, tridisciplinaires et quadridisciplinaires (ainsi que le nombre de projets respectifs).

Ce schéma permet également de constater que sur les 100 projets, quatre ne se revendiquent d'aucune discipline (question sans réponse, en rouge sur la figure) et six projets déclarent avoir mobilisé toutes les disciplines proposées. Les disciplines « Autres » que celles proposées dans le questionnaire ont été détaillées d'après les informations données : elles relèvent soit des sciences de l'histoire, soit des sciences physiques ou des mathématiques.



1.2. Terrains d'étude et biodiversité étudiée

L'analyse des terrains d'étude est effectuée à partir des résultats de l'enquête. Le nombre de projets analysés varie selon l'état de complétude des données collectées.

Des projets essentiellement multisites et menés principalement à une échelle internationale

En termes de l'échelle spatiale prise en compte dans les projets (87 réponses analysables sur les 100 reçues⁽³³⁾, plusieurs réponses possibles), 57 % travaillent à l'échelle internationale, dans plusieurs pays. Cela concerne aussi bien des études globales (par exemple océan, travaux de modélisation) que des études dans des territoires délimités hors de la France (par exemple la région arctique, ou le golfe de Gascogne). Les projets sont alors principalement multisites. Près d'un quart des projets (24 %) se positionnent uniquement sur l'échelle internationale. Les autres croisent d'autres échelles notamment, par ordre décroissant des résultats : régionale⁽³⁴⁾, locale⁽³⁵⁾ et enfin nationale⁽³⁶⁾. Concernant les sites d'étude, les projets portent essentiellement sur plusieurs sites (47 % de projets multisites) et certains combinent différentes échelles spatiales avec des travaux en laboratoire (13 %).

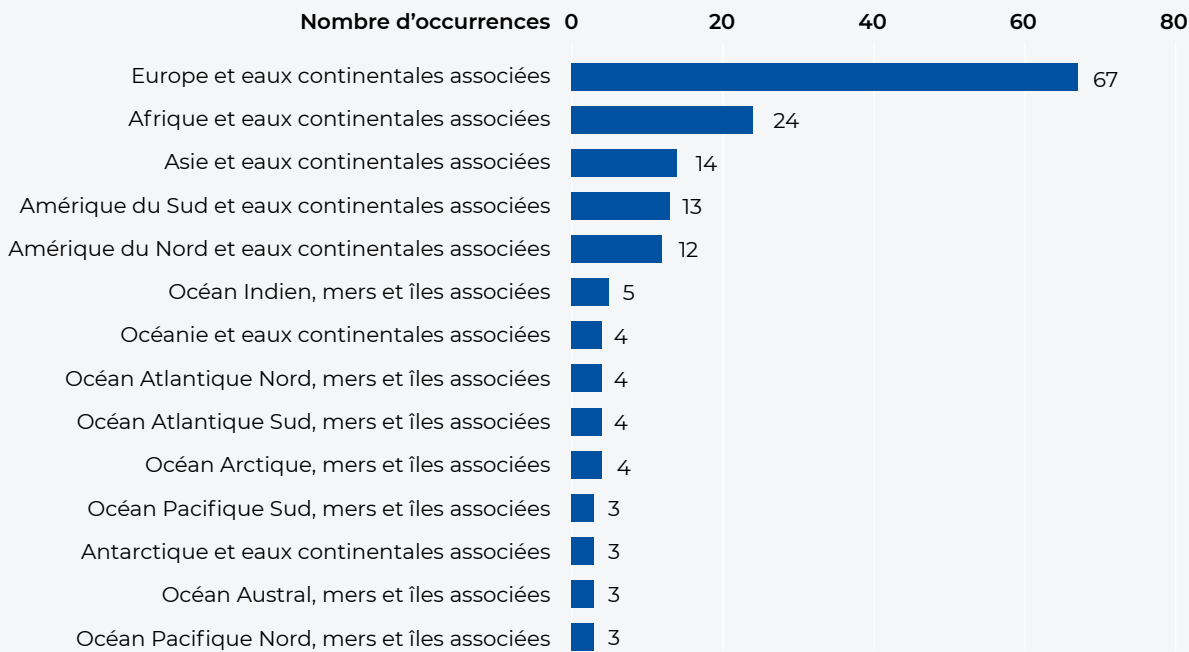
Les sites permettent de travailler sur des environnements différents (par exemple, plusieurs environnements d'eau douce et marins, des comparaisons îles/continents), de conduire des expérimentations *in natura* ou encore de tester des changements d'échelles. Les travaux en laboratoire permettent d'effectuer des essais en conditions contrôlées.

Des terrains d'étude particulièrement situés en Europe

Les zones géographiques continentales prises en compte dans les projets se concentrent essentiellement en Europe et dans les eaux associées, suivies par l'Afrique, l'Asie, l'Amérique du Sud et l'Amérique du Nord. Concernant les océans, il s'agit d'abord de l'océan Indien avec les mers et îles associées, l'effort de recherche étant ensuite réparti de façon homogène dans les autres zones (voir Figure 15).

33. Les réponses pour lesquelles aucune échelle n'a été cochée ou pour lesquelles toutes les échelles ont été cochées ont été retirées. Après relecture des résumés des projets correspondants, cette question du questionnaire est apparue comme manifestement mal comprise.
34. Au sein d'une même région d'un pays.
35. Site ponctuel.
36. Plusieurs sites ou plusieurs régions au sein d'un même pays.

Figure 15 : Occurrences des réponses pour les zones géographiques proposées dans l'enquête (plusieurs réponses possibles, 160 au total) pour les 100 réponses obtenues et analysées.



Des projets majoritairement focalisés sur les habitats artificiels, les forêts et les zones côtières

Indépendamment des thématiques traitées, les projets s'ancrent dans une diversité d'habitats (voir Figure 16). Les habitats les plus souvent cités correspondent à des habitats anthropisés, notamment agricoles (à noter : il est possible que des répondants aient indiqué « pelouse » (*grassland*) dans la typologie utilisée pour signifier « prairie ») et à des habitats forestiers, lesquels peuvent correspondre à des habitats gérés. Viennent ensuite des habitats humides continentaux de surface et souterrains, puis les habitats côtiers.

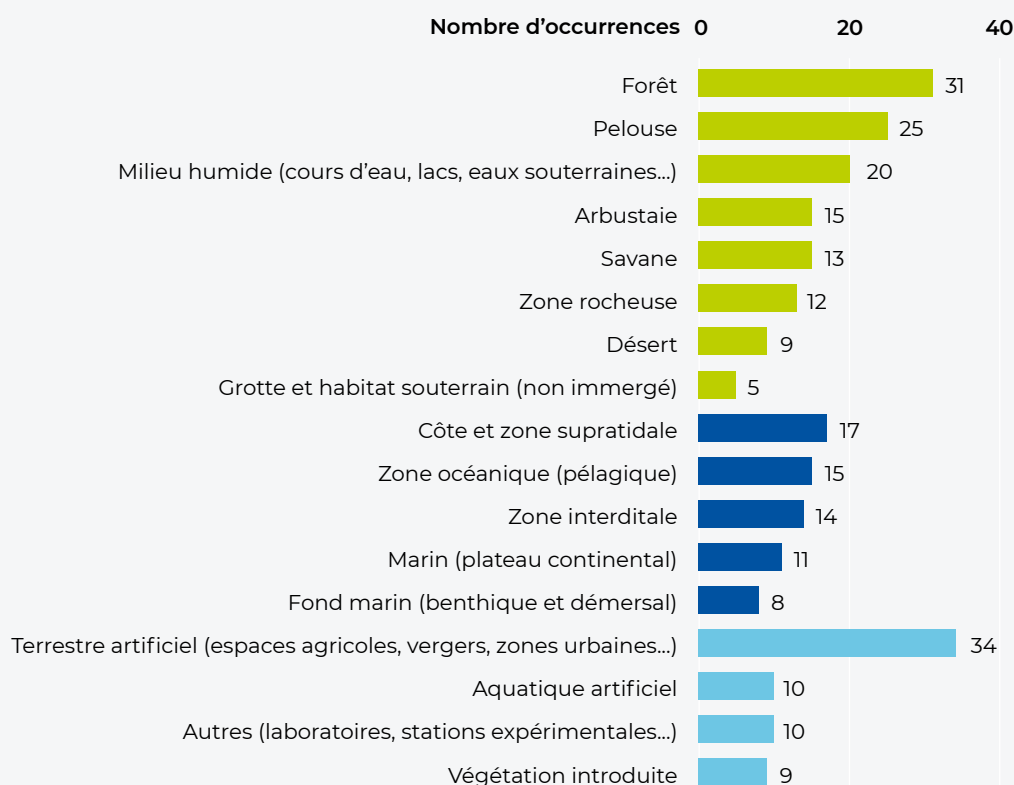
Si l'on associe ces derniers aux habitats intertidaux, le nombre d'occurrences total (32) est presque égal aux chiffres des habitats artificiels (34) et des forêts (31). Les habitats accueillant le moins de recherches sont ici les grottes, les fonds marins, les végétations introduites et les déserts.

Un focus principalement sur la biodiversité d'aujourd'hui et de demain...

En termes d'échelles temporelles prises en compte, l'Anthropocène* (de 1610 à nos jours) cristallise toutes les attentions (68 projets, sur les 88 réponses analysées, le prennent en compte, dont 34 exclusivement, voir Figure 17). Certains projets s'intéressent à toute la période (21 sur 68), mais se concentrent sur la période courant de 1990 à nos jours (42 sur 68). Quelques projets (4 sur 68) prennent en compte la période allant de 1945 à nos jours. Si la diversité actuelle et relictuelle, ainsi que les paysages, est l'héritage de la période post-glaciaire du Quaternaire, toujours en cours si on écarte la proposition d'Anthropocène, les périodes les plus prises en compte relatent, en Europe, des évolutions sociétales qui ont marqué les sciences et les technologies et généré des impacts sur la biodiversité qui perdurent encore aujourd'hui : l'intensification de l'agriculture et le paradigme productiviste de la

Figure 16 : Occurrences des réponses pour les habitats (typologie IUCN*, v3.1, rang 1) proposées dans l'enquête (plusieurs réponses possibles, 258 au total) pour les 100 réponses obtenues et analysées. Les réponses « autres » indiquant explicitement un habitat couvert

par la typologie ont été converties (par exemple « autre » pour « fleuve » a été converti en « milieu humide » afin de répondre à la typologie IUCN). Le bleu clair correspond aux habitats artificiels, introduits ou autres, le bleu foncé aux habitats marins et le vert aux habitats terrestres.



révolution verte, le développement de la génomique*, de l'ingénierie génétique et la dématérialisation de l'objet biologique en objet *in silico*. Une autre échelle temporelle vient ensuite : celle de la construction des futurs (prospectives, scénarios, etc.), citée dans 40 projets. Elle complète régulièrement la prise en compte de l'Anthropocène* (et d'autres périodes selon les projets).

Le temps très long, depuis l'apparition de la vie sur Terre à l'Archéen il y a 4 milliards d'années jusqu'à l'Holocène, puis au cours de l'Holocène (-11700 à 1610), est pris en compte respectivement dans 17 et 18 projets sur 88.

Différentes facettes de la biodiversité prises en compte

L'enquête menée auprès des porteurs de projets financés entre 2014 et 2019 dans le cadre de l'AAPG – évoquée plus haut (méthodologie et questionnaire consultable en Annexe 3) – questionnait notamment

l'approche hiérarchique de la biodiversité selon le modèle proposé par Noss (1990^[37]). Les répondants pouvaient indiquer le ou les niveaux d'organisation (gènes, populations, écosystèmes, paysages) de la biodiversité et le ou les attributs (composition, structure, fonction) pris en compte dans leur projet (voir Figure 18).

Une lecture horizontale de la représentation graphique montre que les catégories de Noss les plus traitées sont :

- la composition des espèces/populations (81 projets) ;
- la composition des communautés/écosystèmes (60 projets) ;
- la structure des populations (58 projets) ;
- les interactions interspécifiques et processus écosystémiques (57 projets).

37. Noss R.F. (1990). Indicators for monitoring biodiversity : a hierarchical approach. *Conservation Biology*, 4(4), pp. 355-364.

Figure 17 : Nombre de projets déclarant prendre en compte une, deux, trois ou quatre périodes pour les 88 réponses obtenues à notre enquête sur cette question. Quatre périodes étaient proposées, certaines avec des focus les découpant en sous-périodes : 1) Temps géologiques (4 milliards d'années/-11700) ; 2) Holocène (-11700/1610) avec un premier focus de -11700 à 1492, qui concerne apparition et développement de l'agriculture, et un second focus allant de 1492 à 1610 qui porte sur l'extension des commerces internationaux ;

3) Anthropocène* (1610/temps actuels) avec un premier focus de 1610 à 1945 concernant la première révolution agricole et la révolution industrielle, un focus 1945 à 1990 : intensification de l'agriculture, paradigme productiviste de la révolution verte, et un focus 1990 à aujourd'hui : génomique*, ingénierie génétique, dématérialisation de l'objet biologique *in silico* ; 4) Construction des futurs : prospectives, constructions des scénarios. Les réponses « focus », cochées sans que sa catégorie le soit, ont été complétées pour leurs catégories.



A contrario, les patrons paysagers (« structure paysages », 24 projets) et les types de paysages (« composition paysages », 28 projets) sont les moins fréquemment traités dans l'échantillon.

Une lecture verticale indique qu'il existe une grande diversité de combinaisons de catégories de Noss étudiées, reflétant la variété des approches scientifiques, ainsi que les spécificités et les complémentarités des projets quant aux façons d'appréhender les différentes facettes de la biodiversité. Ces combinaisons révèlent ainsi trois grands ensembles :

- un premier (jaune) centré sur les attributs (« composition », « fonction » ou « structure ») des niveaux génétique, spécifique ou populationnel (21 projets) ;
- un deuxième (bleu) y ajoute un niveau écosystémique ou paysager

à travers l'étude des communautés ou des écosystèmes (« composition écosystèmes ») ou des interactions interspécifiques et processus écosystémiques (« fonction écosystèmes ») (11 projets) ;

- un troisième (vert) centré sur les trois attributs des seuls niveaux écosystémique et paysager (12 projets).

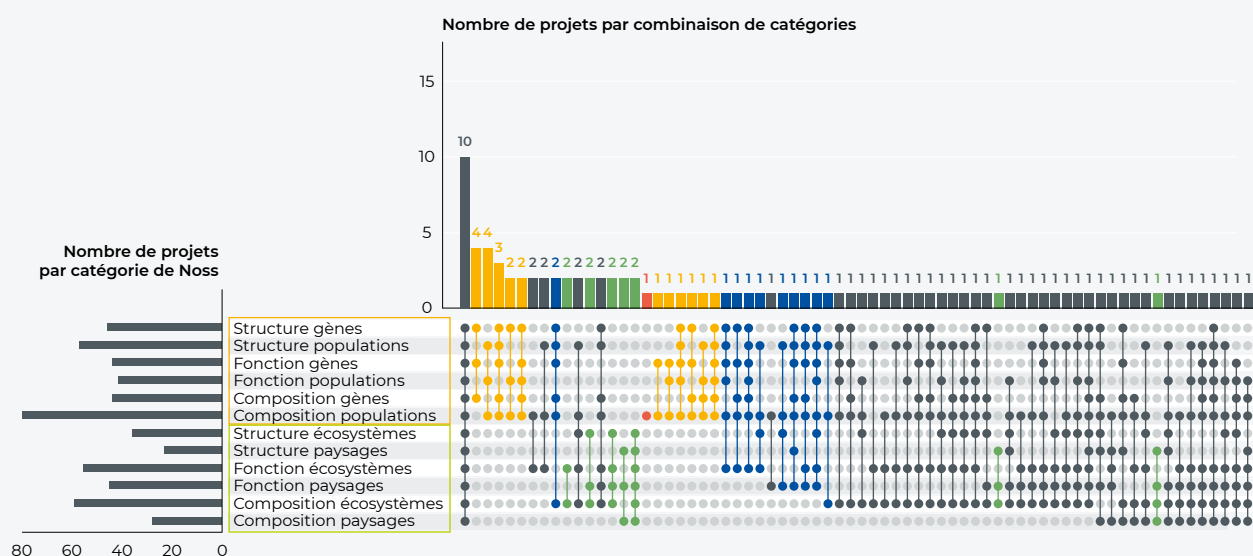
Les 10 réponses couvrant les quatre niveaux d'organisation et les trois attributs de biodiversité correspondent probablement à des réponses biaisées (incompréhension de la question).

Ces constats concordent avec les résultats des analyses thématiques (voir plus loin) qui ont fait ressortir trois éléments forts : un tropisme fort vers, d'une part, l'étude de la composition en espèces et de la biologie des populations et, d'autre part, la compréhension des écosystèmes.

Figure 18 : Niveaux d'organisation (« gènes », « populations », « écosystèmes », « paysages ») de la biodiversité et attributs (« composition », « structure », « fonction ») étudiés dans les projets de recherche. Réponses issues du questionnaire, échantillon : 100 projets. Le découpage en niveaux d'organisation et attributs s'appuie sur l'organisation hiérarchique de la biodiversité schématisée par Noss. Les répondants avaient une question par attribut et quatre réponses possibles pour les niveaux d'organisation (choix multiple, les niveaux supérieurs n'incluant pas tacitement les niveaux inférieurs, soit au total 12 catégories de Noss possibles). Les niveaux « gènes/populations » et « écosystèmes/paysages » sont séparés sur la représentation afin de mettre en évidence trois grands ensembles (jaune, vert, bleu). Chaque point représente une des catégories

de Noss. Il peut être soit solitaire (une seule catégorie étudiée), soit croisé, soit combiné (lié par un trait) à une autre catégorie de Noss, reflétant ainsi l'ensemble des combinaisons de catégories de Noss indiquées par le répondant au titre de son projet. L'histogramme du haut représente le nombre de projets par combinaisons identiques et celui de gauche représente le nombre d'occurrences des 12 catégories de Noss.

Par exemple, en lecture verticale, un projet étudie uniquement la composition des espèces/populations (un point solitaire, en rouge sur le graphe), et deux projets étudient uniquement la fonction, la structure et la composition du paysage (un des liens verts sur le graphe, comptant donc trois boules). En lecture horizontale, l'étude de la structure génétique (structure/gènes) est cochée 47 fois.



Chapitre 2

Analyse thématique du corpus

Dans cette seconde étape, il s'agit d'analyser à l'aide d'approches lexicométriques le champ lexical des résumés des projets (qui constituent le corpus analysé), c'est-à-dire d'explorer les termes qui structurent les écrits pour mettre en évidence les principales thématiques scientifiques des projets financés.

La lexicométrie s'appuie sur la mesure des fréquences d'apparition simple ou combinée (voisinage) des différents termes (appelées « formes »⁽³⁸⁾) au sein de l'ensemble du corpus, pour révéler ses structures, tendances, etc. Elle a été conduite sous IRaMuTeQ (version 0.7 alpha 2). Ce logiciel permet de mettre en évidence dans le corpus les « mondes lexicaux » (classification de Reinert⁽³⁹⁾) et les voisinages de familles lexicales (analyses de similitudes). Le détail de ces deux procédés est disponible en Annexe 5.

La qualité des résultats dépend fortement de la qualité de la préparation du corpus : concaténation des résumés en un corpus unique avec spécification de « variables d'intérêt » permettant de partitionner le corpus selon les facteurs de variation que l'on souhaite analyser (ici, les années de financement des projets et les projets eux-mêmes), puis « nettoyage » et « lemmatisation »⁽⁴⁰⁾ et enfin la « segmentation »⁽⁴¹⁾ du corpus, qui permet de tenir compte du voisinage entre les mots avec plus de finesse qu'un simple comptage (voir Annexe 5).

2. Vue générale du corpus et des discours

Lexicographie générale des résumés : une homogénéité relative

Ainsi nettoyé et préparé, le corpus est composé de 1 249 résumés et de 588 598 occurrences (nombre total de mots), soit en moyenne 471 occurrences ou mots par résumé. Le nombre d'occurrences est relativement constant dans le temps (au minimum 421,9 en 2006 et 532,7 occurrences ou mots en 2013). Le corpus compte 19 684 formes différentes, dont 8 596 n'apparaissent qu'une seule fois (hapax), ce qui correspond à 43,67 % des formes et 1,46 % des occurrences (proportion classique d'après la littérature IRaMuTeQ).

Sur les 19 684 formes présentes dans le corpus, 7 204 sont dites « actives »⁽⁴²⁾. On ne conserve pour l'analyse lexicométrique que les formes « actives », dont l'occurrence est supérieure à cinq, soit 4 990 formes actives dans notre cas⁽⁴³⁾.

Les 12 formes actives les plus fréquentes du corpus sont présentées dans le Tableau 3. Il s'agit particulièrement des formes « espèce », « population » et « effet ». Les formes « biodiversité » (776 occurrences incluant les formes composées ou 740 occurrences simples) et « écosystème » (925 occurrences incluant les formes composées ou 734 occurrences simples) n'y figurent pas.

Tableau 3 : Tableau des occurrences des 12 formes actives les plus fréquentes. Il s'agit d'occurrences des formes simples (par exemple « développement »), n'incluant pas d'éventuelles formes composées (par exemple « développement_durable »).

Formes	Fréquence d'apparition (occurrence)
espèce	1 961
population	1 236
effet	1 049
évolution	1 013
plante	965
système	934
environnement	888
génétique	857
gène	841
développement	822
impact	817
interaction	813

« Espèce » et « population » : des termes centraux dans les résumés

La structure sémantique du corpus peut être représentée visuellement en mettant en évidence le voisinage des formes actives entre elles, par familles lexicales (voir Figure 19). Cette « analyse des similitudes » produit un « graphe des similitudes » qui rend ainsi visibles les relations de proximité entre formes.

L'analyse de similitude montre que les 12 formes les plus fréquentes se placent presque toutes à la tête de familles lexicales, voire de sous-familles.

La fréquence élevée de la forme « espèce » lui confère un caractère central dans la structure générale lexicale du corpus, avec une relation en réseau à toutes les autres formes principales. Si elle est retirée de l'analyse, une structure un peu plus construite apparaît, organisée en trois grandes familles lexicales autour de la nouvelle forme centrale « population » (voir Figure 20).

On observe :

- Une famille organisée autour de la génétique et la génomique*, avec tous les termes relatifs au gène, au génome ou à la notion de diversité génétique.
- Une famille organisée autour des notions d'effet, de changement climatique, d'impact environnemental, d'écosystème, de biodiversité et de changement.
- Une famille organisée autour des notions de processus, d'adaptation, d'environnement, d'interaction. Elle se décline en deux sous-familles emboîtées, portées respectivement par les formes « plante » et « développement ».

On observe aussi deux autres familles :

- Une famille relative aux disciplines scientifiques (modélisation, écologie, etc.) et méthodes d'analyses.
- Une autre famille ayant trait à la gestion de projet (connaissances, informations...).

2.1. Un corpus constitué de 19 « mondes lexicaux »

L'analyse thématique du corpus s'appuie sur une méthode de classification hiérarchique descendante (CHD) proposée par le logiciel IRaMuTeQ. Elle permet de subdiviser le corpus en groupes de formes de plus en plus réduits. L'arborescence obtenue (dendrogramme) permet de mettre en évidence des classes, c'est-à-dire des « mondes lexicaux » au sens de Reinert, auteur de cette méthode. Celle-ci est bien adaptée à l'analyse structurelle des corpus de texte dès lors que ceux-ci présentent une certaine homogénéité de style et de situation d'énonciation (Leblanc, 2015⁽⁴⁴⁾), ce qui est le cas des résumés des projets retenus pour cette étude, tous issus d'un même dispositif de « production » : la candidature au financement de l'ANR.

Les classes obtenues sont analysées au plan sémantique (mise en récit) et au regard des variables d'intérêt (variations dans le temps ou selon les projets).

Deux grandes branches quasiment disciplinaires et 19 thématiques distinctes

La méthode de classification permet d'obtenir 19 classes thématiques (voir Figure 21).

Ce dendrogramme révèle la dichotomie très amont qui scinde le corpus en deux univers quasiment disciplinaires : « biologie de l'évolution » et « biodiversité et écosystèmes ».

38. Forme se rapporte à la notion de mot ou de terme, par exemple « cheval » et « chevaux » constituent une seule et même forme.

39. Classification hiérarchique descendante adaptée par Reinert à ce type de corpus, voir Annexe 6.

40. Regroupement sous une forme canonique (en général à partir d'un dictionnaire) des occurrences du texte. En français, ce regroupement se pratique en général de la manière suivante : les formes verbales à l'infinitif, les substantifs au singulier, les adjectifs au masculin singulier, les formes éliées à la forme sans élision. (Lebart L., Salem A. (1994) Statistique textuelle. *Histoire et Mesure*, 9(1-2), pp. 173-178.

41. Découpage artificiel du texte en « fausses » phrases de même taille, basé sur la ponctuation, pour tenir compte de la proximité des formes entre elles à l'intérieur d'une unité (segment) qui fait sens.

42. C'est-à-dire noms communs, adjectifs, adverbes..., tout ce qui diffère des formes telles que « le, la, dans... » (voir méthodologie en Annexe 4).

43. Le seuil d'occurrence de 5 est le seuil recommandé par le manuel d'utilisation d'IRaMuTeQ.

44. Leblanc, J.-M. (2015). Proposition de protocole pour l'analyse des données textuelles : pour une démarche expérimentale en lexicométrie. *Nouvelles perspectives en sciences sociales*, 11(1), pp. 25-63.

<https://doi.org/10.7202/1035932ar>

Figure 19 : Graphe de similitude représentant les voisinages des familles lexicales (halos colorés) par calcul des co-occurrences des formes dans les segments et dans les textes, fondées sur le test du khi2. Les formes ayant une co-occurrence élevée apparaissent en gros caractères.

Le graphe est établi à partir des formes ayant une fréquence supérieure à 100 au sein du corpus global (les 433 formes les plus fréquentes du corpus).

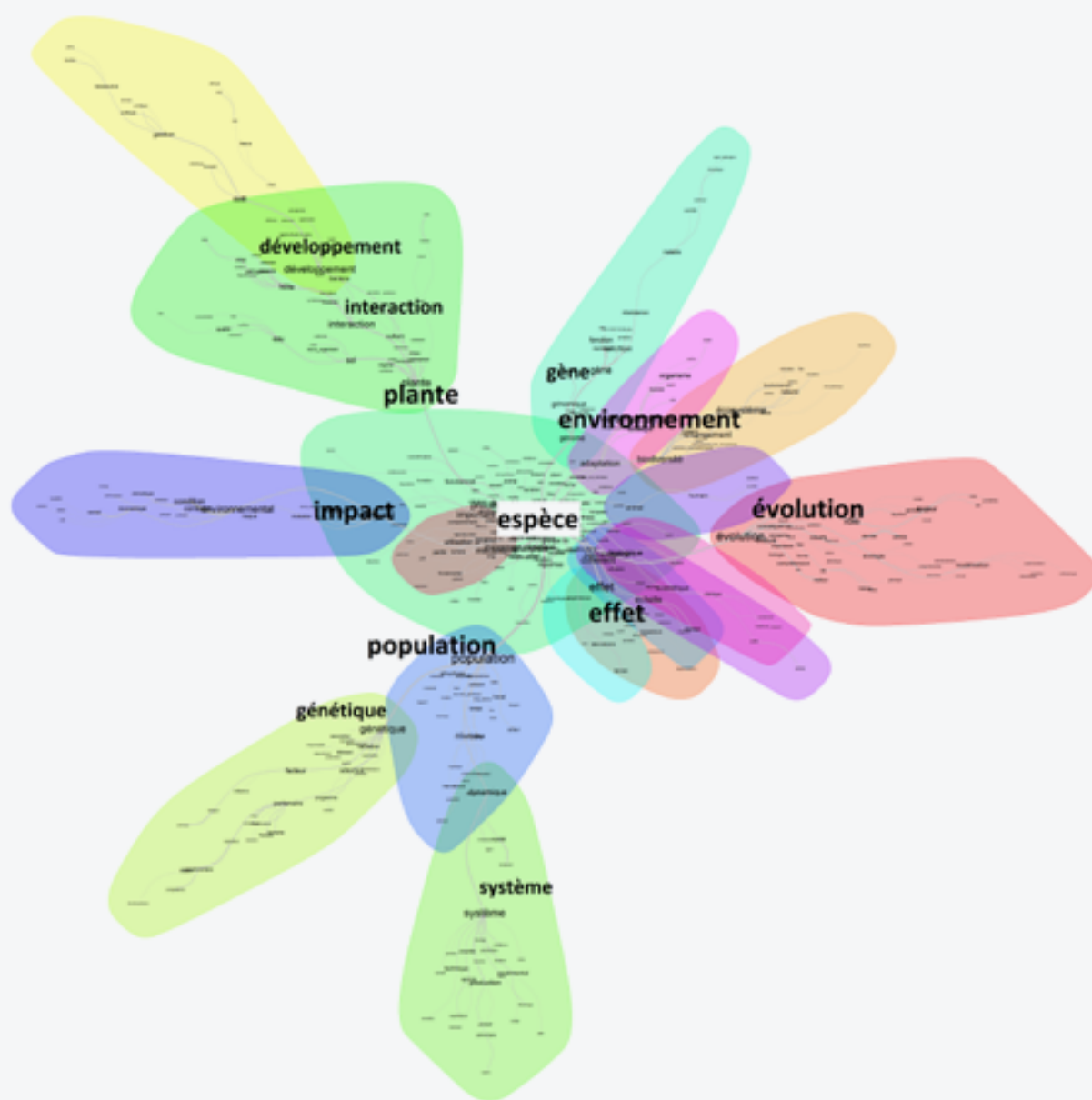


Figure 21 : Dendrogramme de la classification hiérarchique descendante (CHD) produit par IRaMuTeQ, sans la liste des formes associées à chaque classe. Le pourcentage indiqué en face de chaque classe est le pourcentage de segments classés dans la CHD et qui appartient à cette classe. Le code couleur est aléatoire et sans signification particulière. Le titre apposé en face de chaque classe est celui qui a été défini à dire d'expert par le comité de pilotage de cette étude. À noter : 76 % de segments classés. Ce taux de classement est jugé satisfaisant par la littérature d'IRaMuTeQ.

La classification a été conduite en deux temps. Une première CHD comptait une thématique « hors champ » regroupant des termes relatifs à l'organisation administrative et disciplinaire des projets de recherche (formes associées : « académique », « collaboration », « partenaire », « européen », « base_de_données », « algorithme », « mathématique », « chimie », « science », « géographie »...). Après élimination des segments de texte associés à cette classe « hors champ » (13,3 % de segments de textes), une seconde CHD a été produite avec 87,6 % de segments classés (76 % des segments du corpus initial). C'est celle sur laquelle l'ensemble de l'analyse est conduit. Au final, 4 108 formes sont mobilisées dans cette classification : ce sont les formes ayant une fréquence supérieure ou égale à 5.

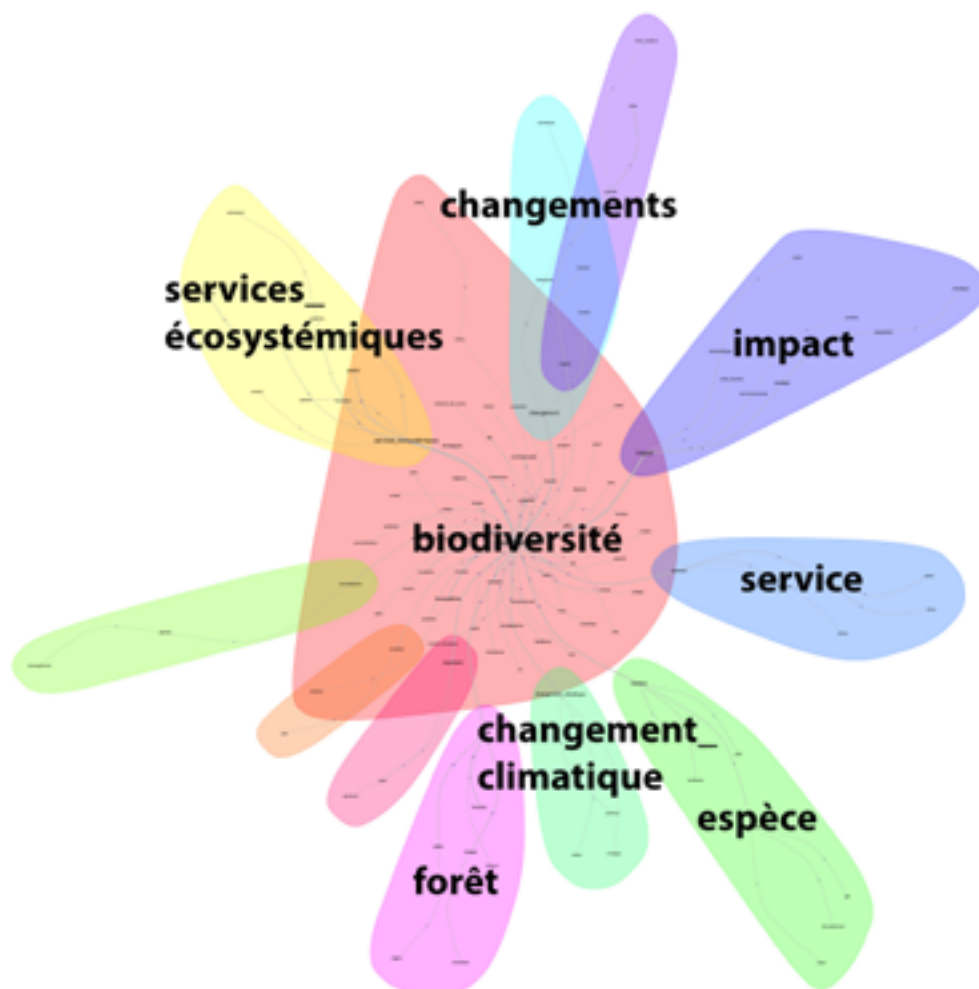


Mise en récit des classes thématiques

Afin d'affiner la description thématique de chaque classe, des résumés de projets ont été mis en récit par classe. Une liste des projets disposant d'une fiche descriptives (voir le panorama des projets) est fournie pour chaque classe à titre d'illustration.

CLASSE 1

Biodiversité sous contraintes : analyse des processus pour la compréhension et la gestion



GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 1

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

services_écosystémiques
biodiversité
service
forêt
fourniture
pollinisation
futur
moteur
forestier
arbre
prestation
changement
invasion_biolgique
impact
risque
projection
résilience
monde
changement_climatique
utilisation_des_terres

Classement par le khi2 d'association (contribution)

Les 46 projets de cette classe abordent les différentes contraintes qui pèsent sur les écosystèmes, en particulier le changement climatique, les espèces envahissantes, les changements dans les communautés et les paysages, les pathogènes émergents, etc., pour analyser leurs impacts sur la diversité biologique, les points de bascule des écosystèmes et le maintien, la dégradation ou la perte de certains de ces services écosystémiques. La diversité biologique fournit des services écosystémiques qui sont soumis à un ensemble de ces contraintes : le lien entre perte de biodiversité (ici essentiellement fonctionnelle) et perte de fonctions écologiques et de services écosystémiques caractérise au sens large cette classe. Les projets intègrent souvent des volets visant à modéliser et prédire l'évolution spatiale et/ou les services écologiques futurs en réponse à des scénarios d'évolution des pressions, de gestion ou de trajectoires socio-économiques. Certains projets s'attachent aussi à

construire des indicateurs intégratifs des services rendus par la biodiversité. De nombreux projets ont pour objet les forêts, les récifs coralliens, les agro-écosystèmes et les sols. Les objectifs tournent autour de la résilience des écosystèmes et de leur multifonctionnalité, laissant notamment la place aux services de régulation (stockage du carbone, maintien de la qualité des eaux, pollinisation, régulation des prédateurs, protection contre l'érosion, effet de dilution des pathogènes...) ainsi que l'aide à la décision.

Voir les fiches des projets ALIEN, InvaCost, AFRODYN et CLIMTREE (voir Panorama des projets financés, p. 82).

CLASSE 2

Pressions, vulnérabilité et résilience des socio-écosystèmes

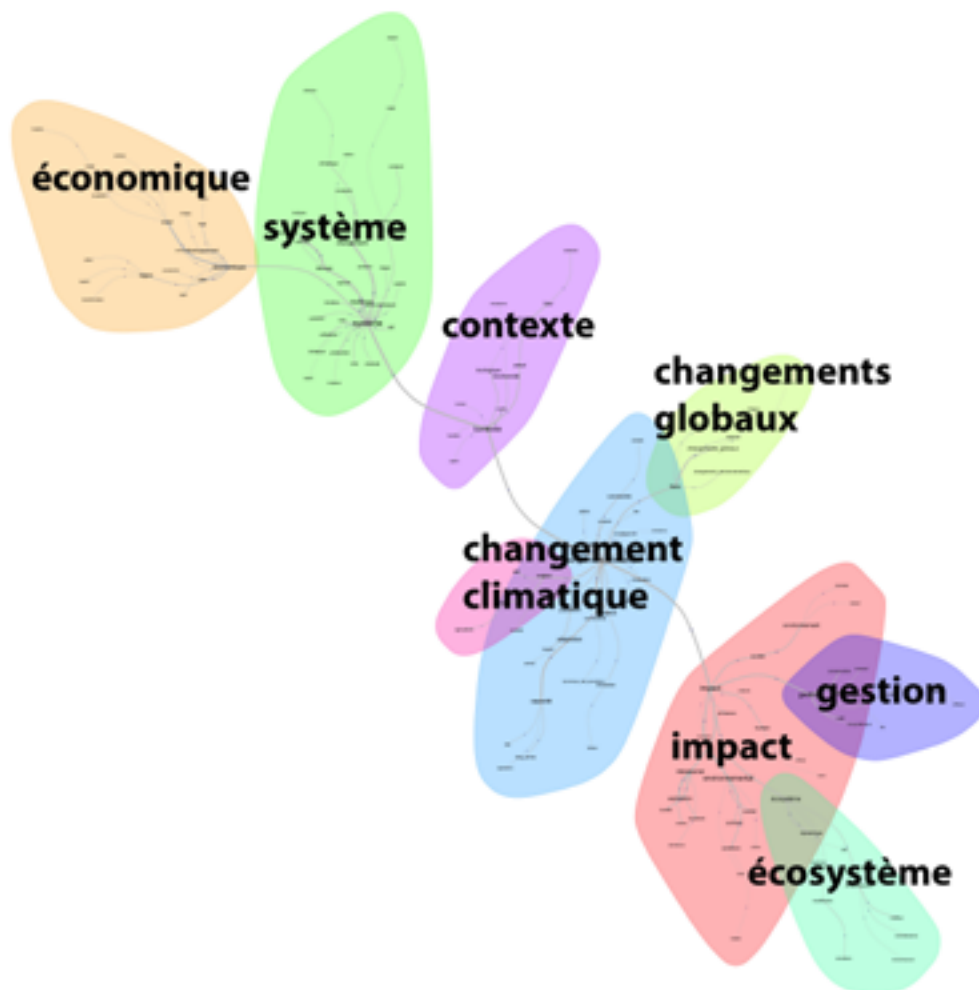


GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 2

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

changement_climatique
résilience
vulnérabilité
contexte
socio_écologique
face
ressource
économique
gestion
élevage
changements_globaux
sociétal
exploitation
société
système
viabilité
enjeu
socio_économique
méditerranéen
futur

Classement par le khi2 d'association (contribution)



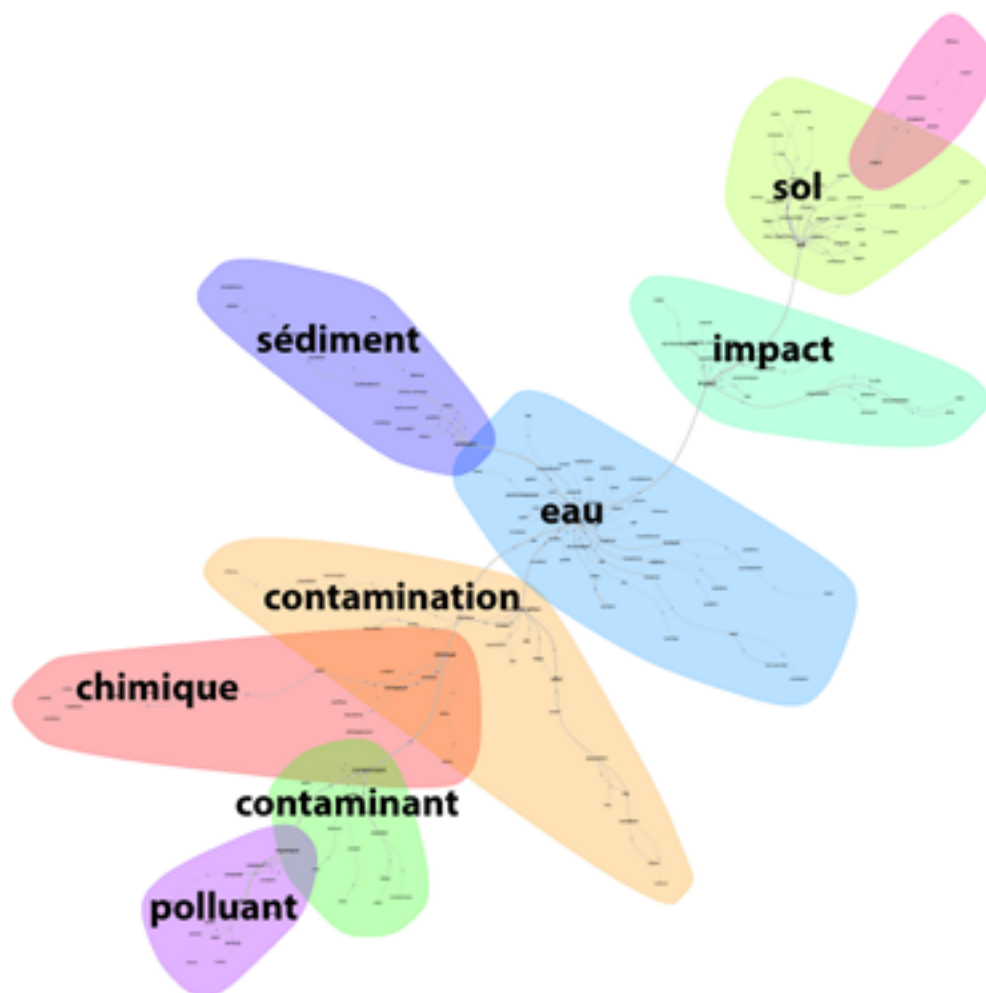
Les 48 projets de cette classe, au-delà de la description du fonctionnement des écosystèmes considérés, s'intéressent à la capacité d'adaptation de ceux-ci face aux changements globaux qui les impactent. Les différentes formes de pressions qui s'exercent sur les socio-écosystèmes sont décrites et analysées. La viabilité des sociosystèmes est évaluée au regard de critères économiques, écologiques et sociaux grâce à des démarches multidisciplinaires développant des approches intégrées. La capacité de ces systèmes à absorber les chocs est mesurée (comportements, structures sociales...) et les mécanismes de résilience de ces systèmes sont décrits. Les projets comportent toujours une phase de diagnostic pour décrire les changements, comprendre les mécanismes qui confèrent davantage de résilience, et proposer des actions qui soutiennent la capacité d'adaptation des systèmes (options de pratiques d'atténuation, diversification à différents niveaux d'organisation

du vivant, politiques publiques, économie verte, droit, technologie, régulations institutionnelles...). Ces projets s'appuient régulièrement sur la modélisation et des scénarios. Ces projets considèrent souvent la biodiversité comme une ressource naturelle (le service d'approvisionnement à travers l'agriculture, la pêche et la sylviculture étant très étudié), et décrivent certaines fonctions écologiques comme des éléments pouvant améliorer la résilience des écosystèmes.

Voir la fiche du projet CAMED
(voir Panorama des projets financés, p. 82).

CLASSE 3

Écotoxicologie



GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 3

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

contaminant
polluant
contamination
métal
organique
déchet
sédiment
métallique
hydrocarbure
eau
toxique
chimique
additif
exposition
biodisponibilité
aquatique
usé
épuration
toxicité
plastique

Classement par le khi2
d'association (contribution)

Cette classe correspond à 65 projets traitant de la dynamique de polluants (hydrocarbures, métaux lourds, pesticides, plastiques, substances pharmaceutiques...) et de pathogènes (cyanobactéries, spores bactériennes...) dans l'environnement, des facteurs de cette dynamique (facteurs anthropiques comme les activités agricoles, industrielles ou urbaines ; environnementaux comme les cours d'eau, les réseaux trophiques ; stratégie de résistances...), et des conséquences sur la contamination des organismes et le fonctionnement des systèmes écologiques. Il s'agit bien du champ de l'écotoxicologie dans toute sa diversité : connaître la distribution d'agents pathogènes et les conditions écologiques et environnementales de cette distribution, qualifier les risques, la vulnérabilité, le degré de contamination, étudier les effets biologiques et le devenir des contaminants (accumulation, biotransformation, toxicité...) depuis l'individu jusqu'à la population ou dans les productions

agricoles... Outre les impacts écotoxicologiques sur les humains, les non-humains et sur le fonctionnement des écosystèmes à plus ou moins long terme, les impacts socio-économiques, réglementaires et en matière de gestion pour la protection sont aussi étudiés. Divers milieux sont ciblés : estuaires, colonnes d'eau, sédiments, sols... Des projets abordent la biodiversité (plantes, bactéries et champignons) sous l'angle des solutions en caractérisant la diversité associée à des environnements pollués, en explorant des méthodes de phyto-extraction et de dépollution biologique, les objectifs étant souvent liés à la santé humaine et à la préservation de la qualité des habitats.

Voir les fiches des projets FROG et ILETOP
(voir Panorama des projets financés, p. 82).

CLASSE 4

Dynamiques biogéochimiques *in situ*

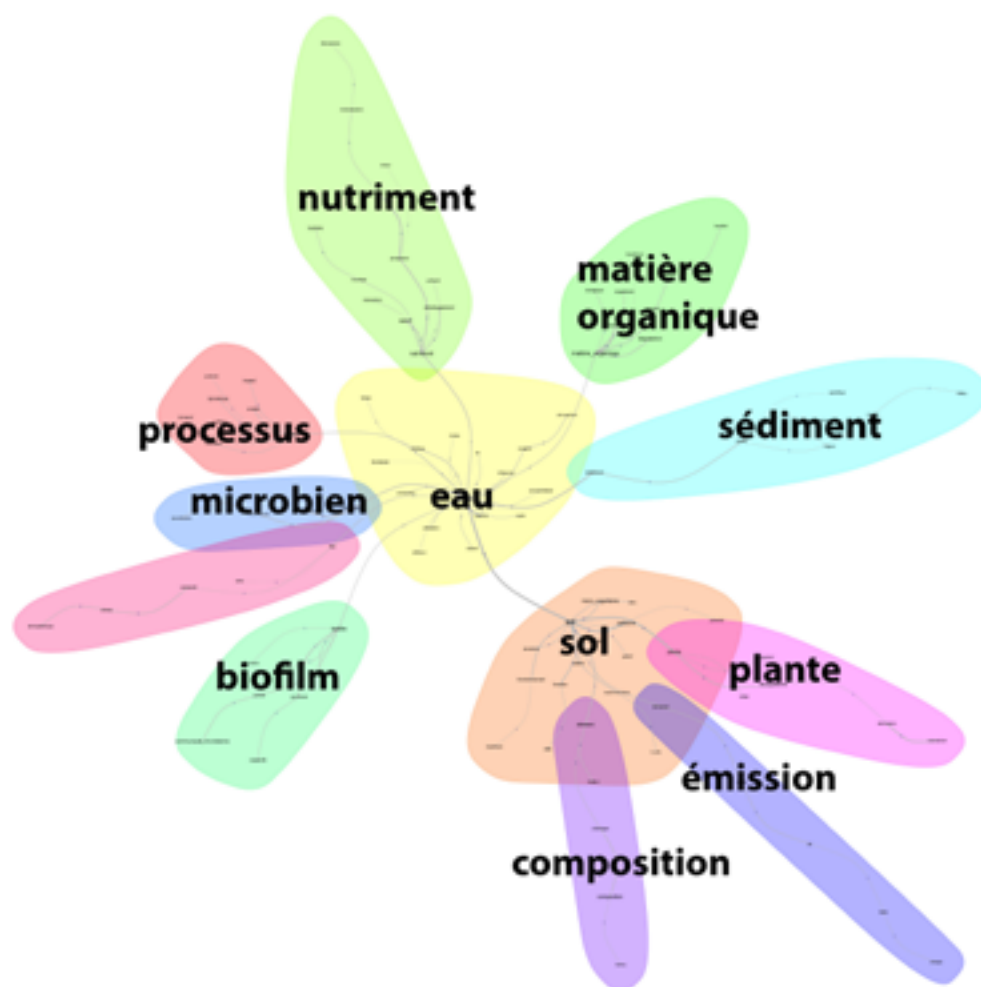


GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 4

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

matière_organique
agrégat
biofilm
nutriment
phosphore
air
rétention
minéralisation
carbone
électrode
ch4
export
élémentaire
dénitrification
électrochimique
eau
élimination
aérosol
recyclage
chimie

Classement par le khi2 d'association (contribution)



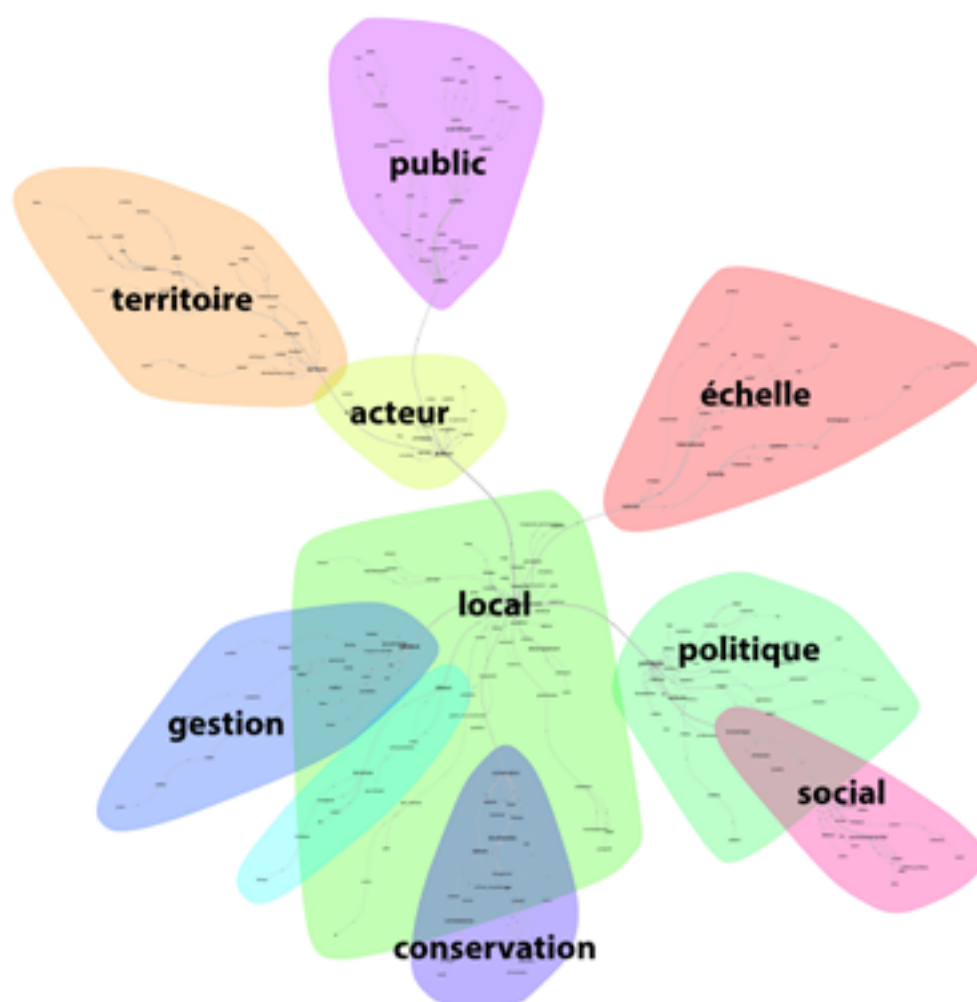
Les 36 projets de cette classe traitent de la dégradation biologique sous toutes ses formes, tant de la matière organique, que des polluants, pesticides, ou surcharges trophiques, et cela aussi bien dans les milieux aquatiques et océaniques, que les sols et les sédiments marins ou lacustres. Les objectifs sont, *in fine*, d'avoir une meilleure compréhension du fonctionnement des écosystèmes (rôle de la diversité, des traits...) et d'informer sur leur gestion. Certains projets abordent plus spécifiquement les dynamiques temporelles ou d'interactions complexes (ex. : plante-sol, diatomées-cyanophycées océaniques, transferts de polluants, arbres en ville...), contribuant à affiner la connaissance des grands cycles biogéochimiques du carbone, du fer ou du soufre, ou les mécanismes de détoxification biologique (ex. : remédiations microbiologiques, phyto-épuration...) et leurs valorisations potentielles. Certains processus ou organismes encore mal connus dans leurs fonctions de décomposition ou de

recyclage sont typiquement étudiés ici, tels que l'oxydation anaérobie du méthane, la microbiologie des nuages, les biofilms, ou les virus marins. Les projets combinent très souvent mesures de terrain et modélisation et sont particulièrement ancrés dans les sols et les milieux aquatiques marins et d'eaux douces.

Voir les fiches des projets BIGLY et OUTPACE (voir Panorama des projets financés, p. 82).

CLASSE 5

Cohabitation au sein des territoires : ressources, acteurs et risques*



GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 5

Liste des 20 premières
formes associées
à la classe :

politique
national
acteur
publique
territoire
institutionnel
droit
gouvernance
local
parc_national
international
notion
social
action
espace
collectif
représentation
collectivité
culturel
chercheur

Classement par le khi2
d'association (contribution)

Les 63 projets de la classe, pluridisciplinaires, s'intéressent aux usagers de la biodiversité en tant que ressource et source de services écosystémiques (d'approvisionnement ; mais aussi culturels), avec des approches territoriales qui considèrent les usages multiples, les différentes perceptions et modes de gestion par les populations locales. L'enjeu de la durabilité des écosystèmes et la qualité de vie des communautés locales sert à appréhender les différents risques environnementaux* que ce soit sur le plan alimentaire, sécuritaire (inondations, incendies), sanitaire (rejets urbains, pollutions des nappes) dans un objectif de préservation des ressources naturelles. Les projets s'attachent notamment à éclairer les dynamiques des systèmes socio-écologiques dans des contextes de changements ou de tensions, à définir les modes de gouvernance, de politiques publiques, de passage à l'action favorisant des modes de gestion durables, et ce sur différents continents. Les effets du changement

climatique, le droit et les outils juridiques – et parfois plus spécifiquement les droits de propriété intellectuelle en lien avec les innovations sur le vivant dans le cas, par exemple, des organismes génétiquement modifiés –, les expériences au sein de socio-écosystèmes, la planification spatiale des aires protégées, les études de comportements humains, la santé, la cohabitation sont des exemples des thèmes abordés par les projets de cette classe où les terrains d'études sont schématiquement répartis entre espaces ruraux, espaces urbains et espaces protégés.

Voir la fiche du projet GOVENPRO
(voir Panorama des projets financés, p. 82).

CLASSE 6

Approches cellulaires

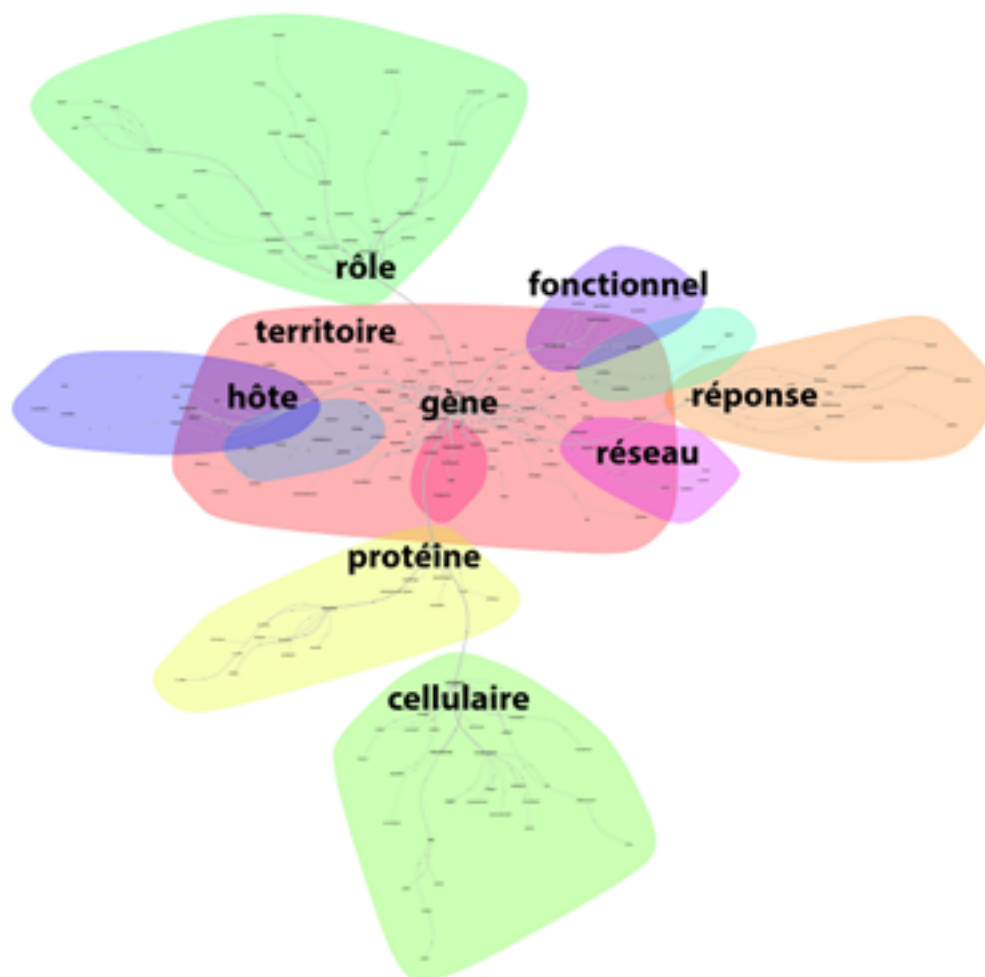


GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 6

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

cellulaire
protéine
gène
expression
régulation
molécule
biochimique
cellule
signalisation
in_vivo
régulateur
transcription
récepteur
métabolite
biosynthèse
transporteur
enzyme
neuronal
mutant

Classement par le khi2 d'association (contribution)



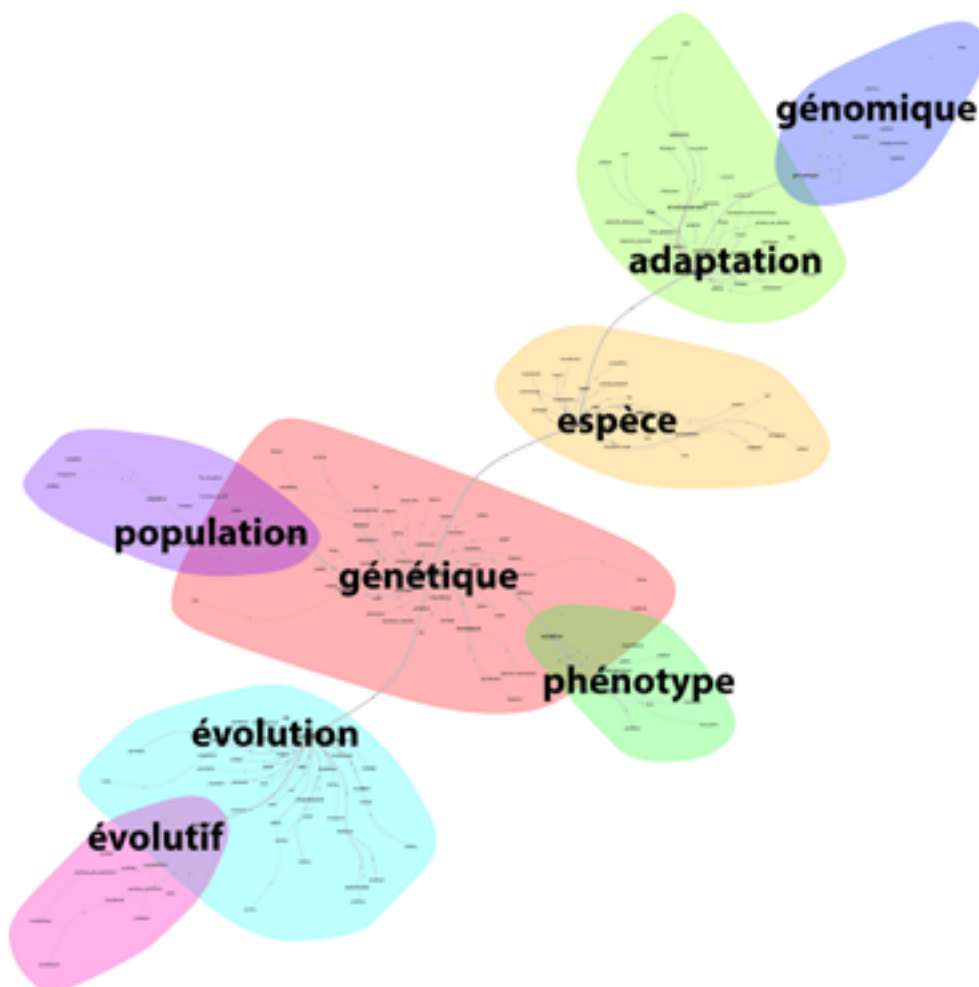
Cette classe correspond à 71 projets décrivant des mécanismes cellulaires à travers différentes approches (génomique, transcriptomique, métabolomique et protéomique) en les mettant en lien avec des processus à plus grande échelle. Les projets, diversifiés, explorent les mécanismes régissant différentes interactions (symbiose, parasitisme, compétition, pathogénie...), les réponses des organismes à des changements de l'environnement (régulation métabolique, régulation génique, voies de signalisation, etc.) pour divers processus physiologiques (immunologie, embryologie, neurologie, endocrinologie, absorption de nutriments...). *In fine*, les projets ouvrent la voie à des études de caractérisation de la biosphère, des études comparatives pour des mécanismes variés, de lutte ou d'amélioration à des fins agronomiques, de recherche de nouvelles molécules en vue de lutte agronomique ou thérapeutique pour l'humain ou encore à l'identification de métabolites marqueurs de

changements environnementaux. Certains travaux touchent réellement à la diversité biologique, d'autres utilisent la diversité du vivant pour mener des travaux de biologie sur des espèces modèles (céphalopodes, insectes, poissons téléostéens, bactéries, plantes cultivées, vers, porcs...).

Voir la fiche du projet FRIMOUS
(voir Panorama des projets financés, p. 82).

CLASSE 7

Génétique des populations et réponses adaptatives



GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 7

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

génétique
phénotypique
évolutif
adaptation
variation
évolution
sélection_naturelle
mutation
adaptative
adaptatif
trait
phénotype
biologie_évolutive
plasticité_phénotypique
isolement_reproductif
adaptation_locale
divergence
hérédité
potentiel_adaptatif
sélection

Classement par le khi2 d'association (contribution)

Il s'agit de 58 projets de génétique des populations touchant à différents aspects fondamentaux de l'évolution darwinienne des organismes et adoptant généralement une approche génétique (structure du génome, évolution génomique, gènes de réponse...) en lien avec l'environnement. Les ambitions sont aussi bien de comprendre une situation actuelle que de prédire des réponses dans un contexte de changement globaux (le changement climatique étant régulièrement cité). Certains projets utilisent la génétique surtout comme outil pour étudier la dynamique et l'évolution des populations en lien avec des questions de spéciation, d'adaptation et de convergences évolutives. D'autres projets s'intéressent au rôle de certains mécanismes génétiques (héritabilité épigénétique, reproduction, évolution des interactions hôtes-parasites...). Enfin, certains projets intègrent pleinement les concepts d'écologie évolutive comme l'étude des différentes réponses possibles et

complémentaires (comportement, plasticité phénotypique, réponse évolutive passant par la génétique ou extinction) de populations à une pression donnée. Ces projets convoquent une grande variété de règnes et de taxa : virus, bactéries, champignons, insectes, oiseaux, mammifères (dont l'humain), vers, plantes...

Voir les fiches des projets SPECREP et SWING (voir Panorama des projets financés, p. 82).

CLASSE 8

Évolution, comportements et cognition

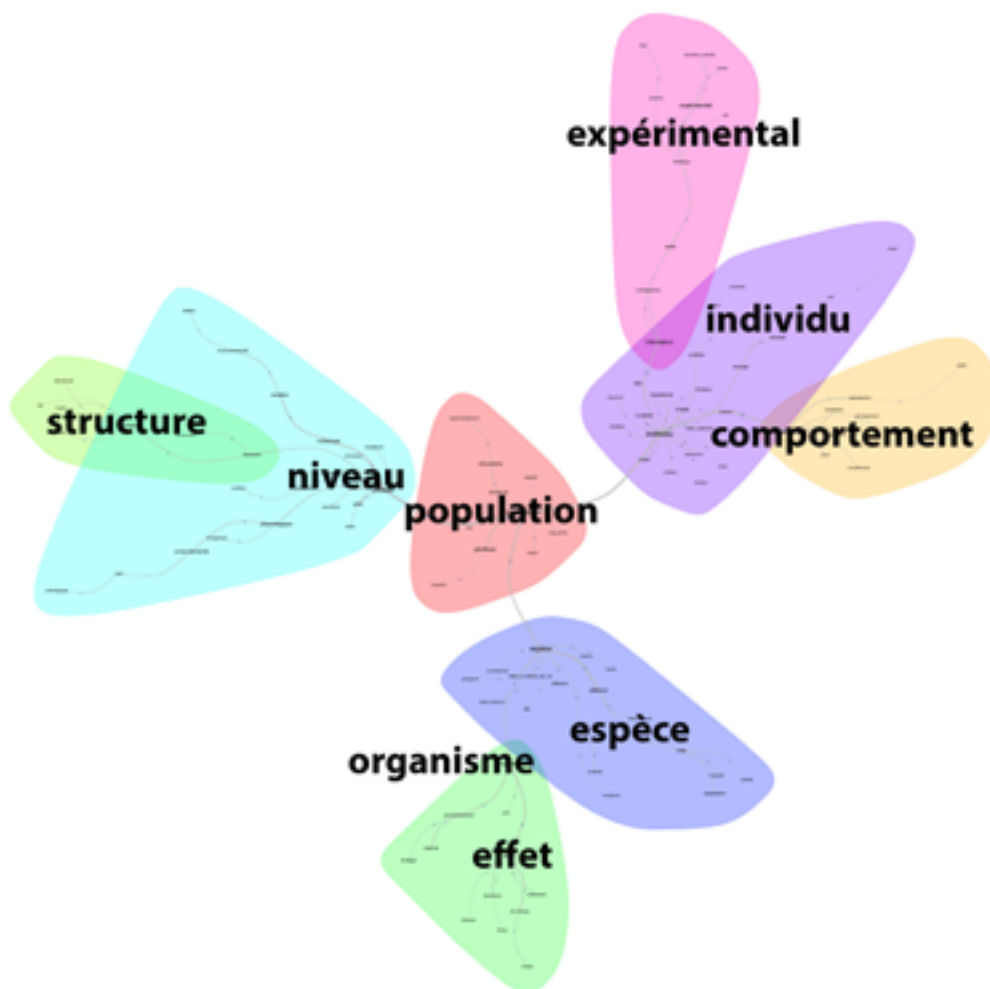


GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 8

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

individu
comportement
individuel
comportemental
valeur_sélective
populationnel
physiologique
traits_d_histoire_de_vie
macroscopique
expérimental
information
niveau
cognition
corticostérone
évolution
physiologie
expérimentalement
population
proximal
expérience

Classement par le khi2
d'association (contribution)



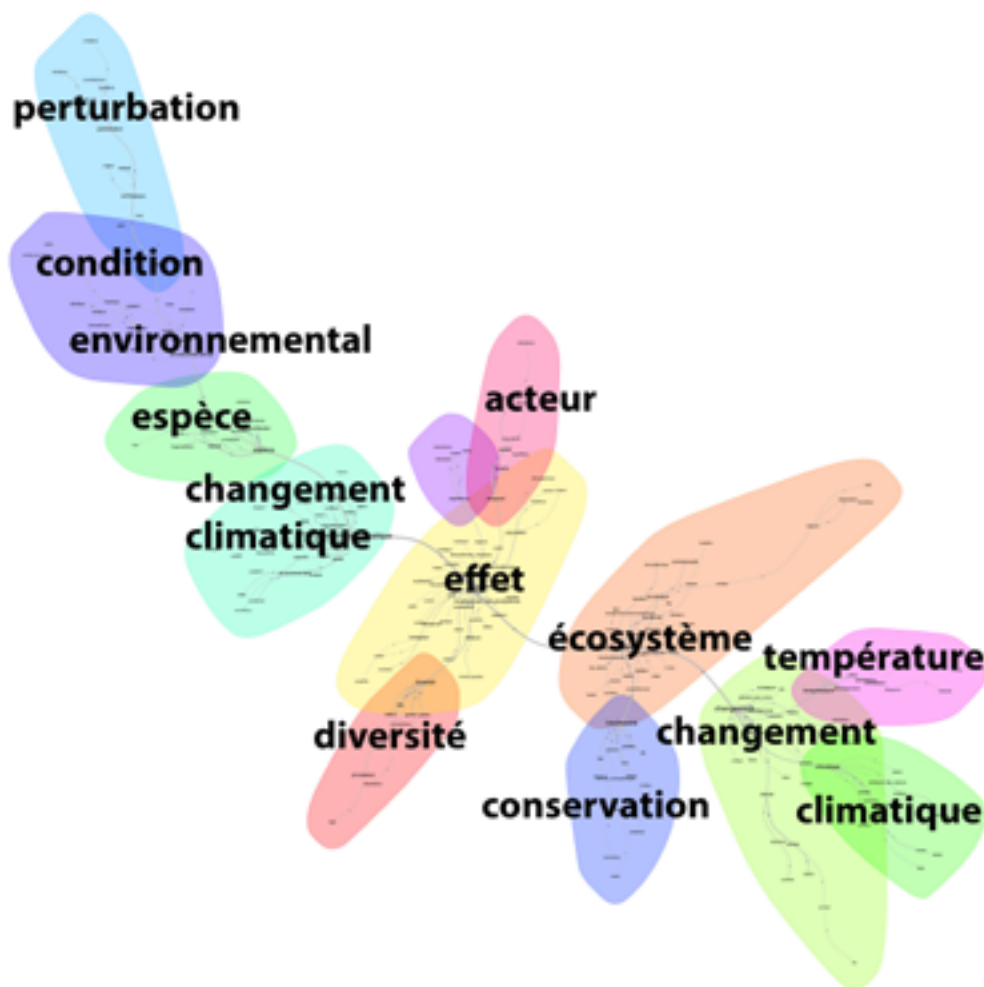
Les 34 projets associés à cette classe portent principalement sur l'étude expérimentale ou observationnelle des comportements, qu'ils soient considérés à l'échelle de l'individu ou d'un groupe (populations, communautés). Les comportements étudiés sont aussi bien alimentaires que reproducteurs, d'éducation/transmission ou en lien à la santé (sommeil). Ils concernent également les questions de cognition au sens large (neurophysiologique ou comportementale, telle que l'apprentissage, la mémoire ou les émotions). Le comportement est souvent considéré dans sa dimension adaptative, soit au plan darwinien (biologie de l'évolution, traits d'histoire de vie, génétique de population), soit en réponse à une pression externe (stress, changement climatique, épigénétique), parfois même sur la relation hôtes-parasites (agents pathogènes envahissants). Les instruments de modélisation sont souvent utilisés pour aborder les dynamiques spatiotemporelles inter- ou intra-spécifiques des

comportements. Les espèces les plus étudiées sont majoritairement animales depuis les insectes (fourmis, abeilles/guêpes) jusqu'aux oiseaux (surtout mésanges, rapaces) en passant par les mollusques (seiches/poulpes) et les poissons (espèces très variées : marines ou d'eau douce, sentinelles ou modèles).

Voir la fiche du projet POLLINET
(voir Panorama des projets financés, p. 82).

CLASSE 9

Fonctionnement des écosystèmes sous l'effet du changement climatique



GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 9

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

changement_climatique
température
écosystème
changement
perturbation
climatique
anthropique
temporel
fonctionnement_
des_écosystèmes
sécheresse
effet
précipitation
réchauffement
changements_globaux
augmentation
utilisation_des_terres
climat
mixotrophe
activités_humaines
fragmentation

Classement par le khi2
d'association (contribution)

Les 60 projets de cette classe décrivent et analysent les mécanismes généraux qui expliquent le fonctionnement des écosystèmes, afin d'estimer les conséquences écologiques potentielles des activités humaines, notamment au travers des effets du changement climatique. Il s'agit alors de mesurer les impacts de ces perturbations sur les réseaux trophiques, les processus sédimentaires, les cycles biogéochimiques (carbones, nutriments, etc.), les dynamiques de population, les perturbations ou les réponses physiologiques d'espèces. Les projets s'intéressent alors souvent aux rôles fonctionnels de la diversité biologique sur la dynamique d'un écosystème. Pour cela, les recherches s'appuient sur des collectes de données *in situ* ou par télédétection, des dispositifs expérimentaux, des séries longues de données climatiques et/ou avoir recours à des indications indirectes des variations climatiques, comme les archives isotopiques, historiques ou biologiques. La démarche repose sur l'élaboration de

modèles, puis des scénarios de perturbation sont testés lors de simulations et confrontés aux données d'observation. Les projets étudient à la fois les effets à court terme des événements climatiques extrêmes et les mécanismes d'acclimatation à long terme pour déterminer la vulnérabilité des écosystèmes. Dans quelques projets, les effets combinés avec d'autres pressions (pollutions, fragmentation, acidification...) sont analysés. Les écosystèmes alpins, méditerranéens, tropicaux – spécifiquement lacs, tourbières, forêts et sols sont particulièrement représentés ainsi que les agro-écosystèmes. Notons également que de nombreux projets intègrent la question de la disponibilité en eau.

Voir les fiches des projets *FunctionalStreams*, *BIO-Tide* et *Origin-Alps* (voir *Panorama des projets financés*, p. 82).

CLASSE 10

Génotypage, phénotypage et applications du séquençage

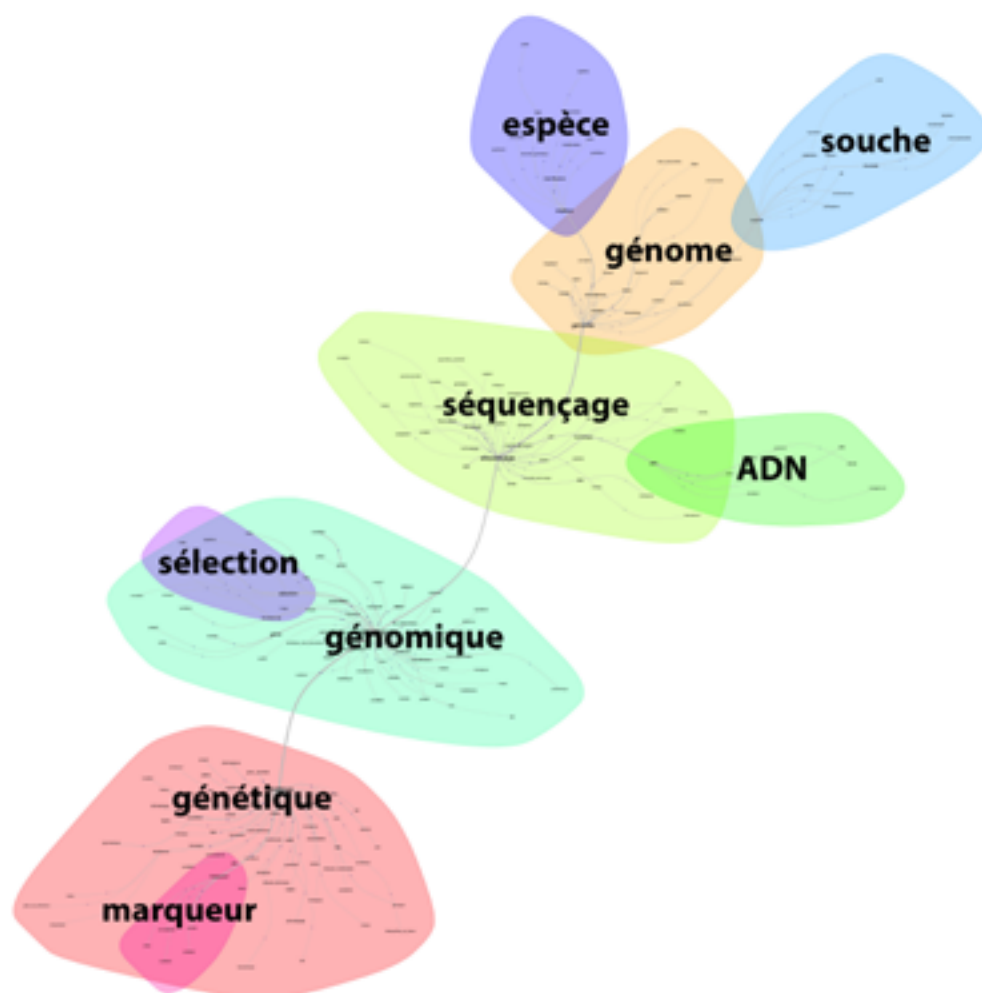


GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 10

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

génom
chromosome
duplication
introgression
ancestral
transposable
recombinaison
séquencé
alignement
synténie
insertion
gallus
domestication
vinifera
réarrangement
séquence
allèle
vitis
gène
sorgho
déséquilibre_de_liaison

Classement par le khi2 d'association (contribution)



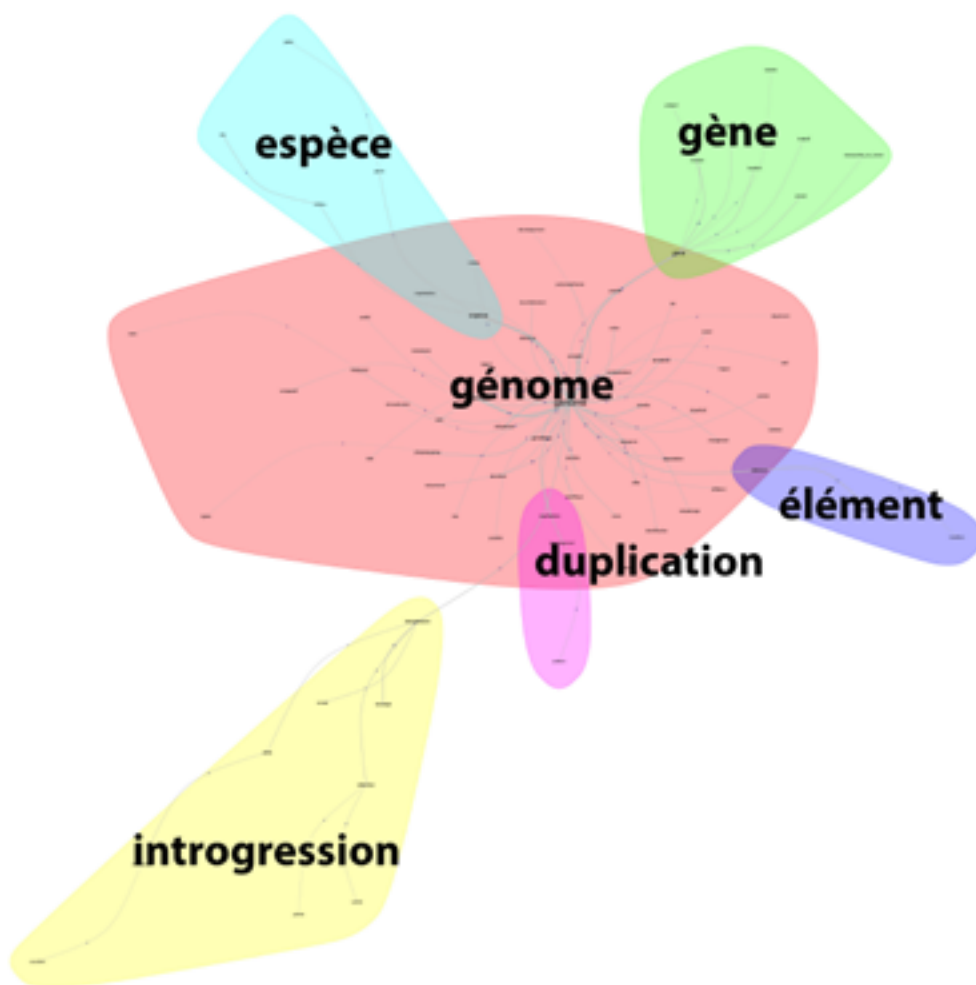
Les 59 projets de cette classe utilisent les outils de la génomique (de la paléo/phylogénétique à la protéomique) pour étudier l'évolution et la dynamique des génomes d'espèces sauvages ou domestiquées de différents règnes (champignons, bactéries, végétaux, animaux, humains, virus) et pour différents biotopes, essentiellement terrestres et marins. Les questions de diversité, d'adaptation en conditions environnementales changeantes, tout comme celles de sélection (naturelle ou dirigée) de variants génétiques en fonction de divers traits d'histoire de vie et de traits fonctionnels, sont prégnantes (ex. : caractère pathogène ; mécanismes de résistance à des conditions extrêmes, à des maladies ; domestication et caractères d'intérêt...). Ces projets, contrairement à ceux de la classe 7, sont toujours appliqués soit à des fins de sélection et de production agricole, soit à des fins de conservation. Cette application est souvent accompagnée de développements méthodologiques et/ou

techniques. Établir les dynamiques démographiques d'espèces permet aussi d'évaluer la taille de population en lien avec des questions de conservation.

Voir les fiches des projets *GenoPopTaille* et *CEMMU* (voir *Panorama des projets financés*, p. 82).

CLASSE 11

Génomique, approches structurales et fonctionnelles



GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 11

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

séquençage
génomique
haut-débit
adn
snp
séquence
génomique
marqueur
génomique
puce
génétique
transcriptome
cartographie
collection
débit
sélection
assisté
phénotypage
transcriptomique
bio_informatique

Classement par le khi2
d'association (contribution)

Cette classe regroupe principalement 35 projets qui portent sur les analyses génomiques. Ils proposent d'améliorer les connaissances de l'organisation structurale, de la régulation fonctionnelle et de l'évolution des génomes au sein d'une espèce, mais aussi entre espèces. L'analyse comparative des génomes complets sert d'outil pour identifier les éléments fonctionnels des génomes et comprendre les processus qui gouvernent l'évolution des organismes. Il s'agit, avec l'identification et la caractérisation des mécanismes (i.e. duplications, translocations et inversions), de comprendre ce qui a modelé les espèces au cours de leur évolution. La finalité des projets est donc de caractériser l'architecture génétique et les forces évolutives, souvent au cours du temps et dans l'espace. Le fait de séquencer des génomes anciens afin de les comparer permet de reconstruire les pressions sélectives réalisées aux différentes phases historiques, en les couplant aux bases de données génomiques

et phénotypiques. Une autre finalité consiste à comprendre les réarrangements du génome dans la descendance sexuelle des croisements entre souches, populations ou entre espèces. La variabilité génétique de la résistance trouve alors une application directe dans la sélection de résistances en amélioration des plantes : il s'agit ici de prendre avantage de la large variabilité des ressources génétiques disponibles.

Voir la fiche du projet *BirdIslandGenomic*
(voir *Panorama des projets financés*, p. 82).

CLASSE 12

Dynamiques sur les temps longs

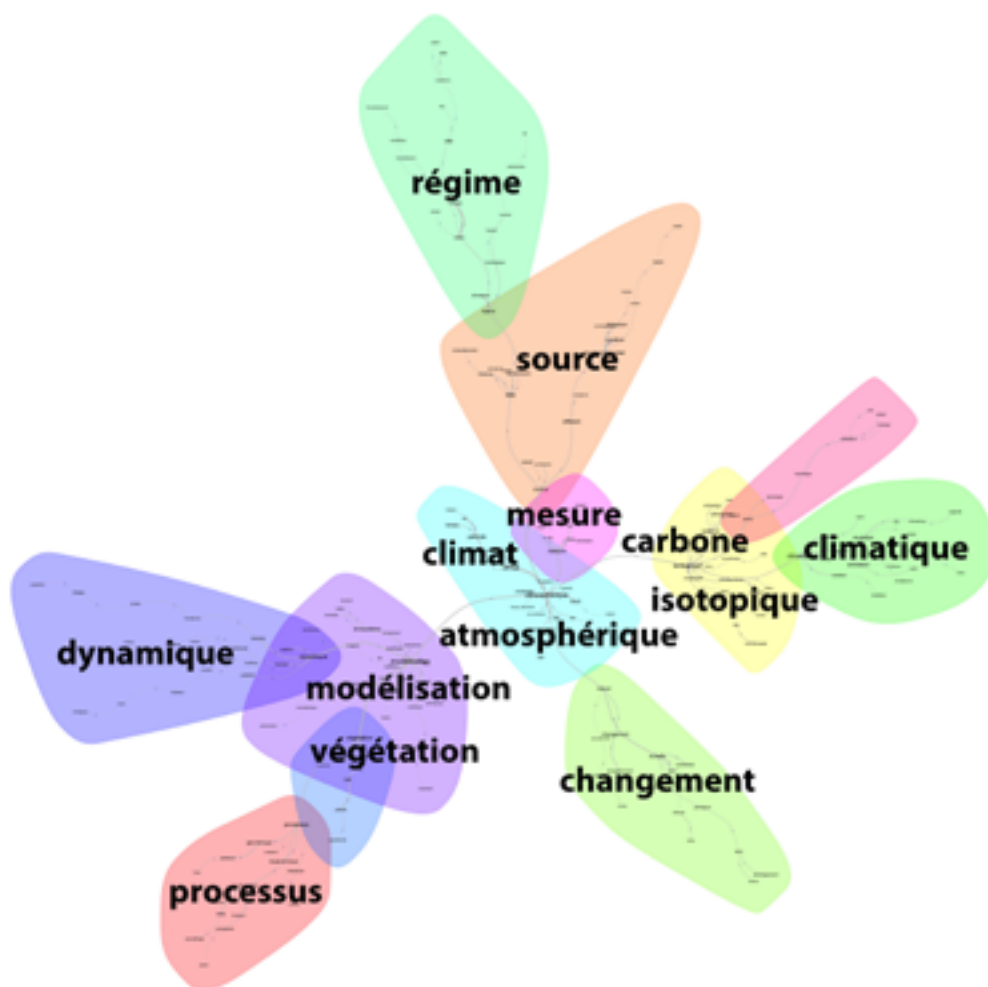


GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 12

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

isotopique
atmosphérique
végétation
proxy
géochimique
dépôt
co2
n2o
poussière
cerne
respiration
atmosphère
enregistrement
isotope
biogéochimique
humidité
tourbe
carbone
climat
photosynthèse

Classement par le khi2 d'association (contribution)



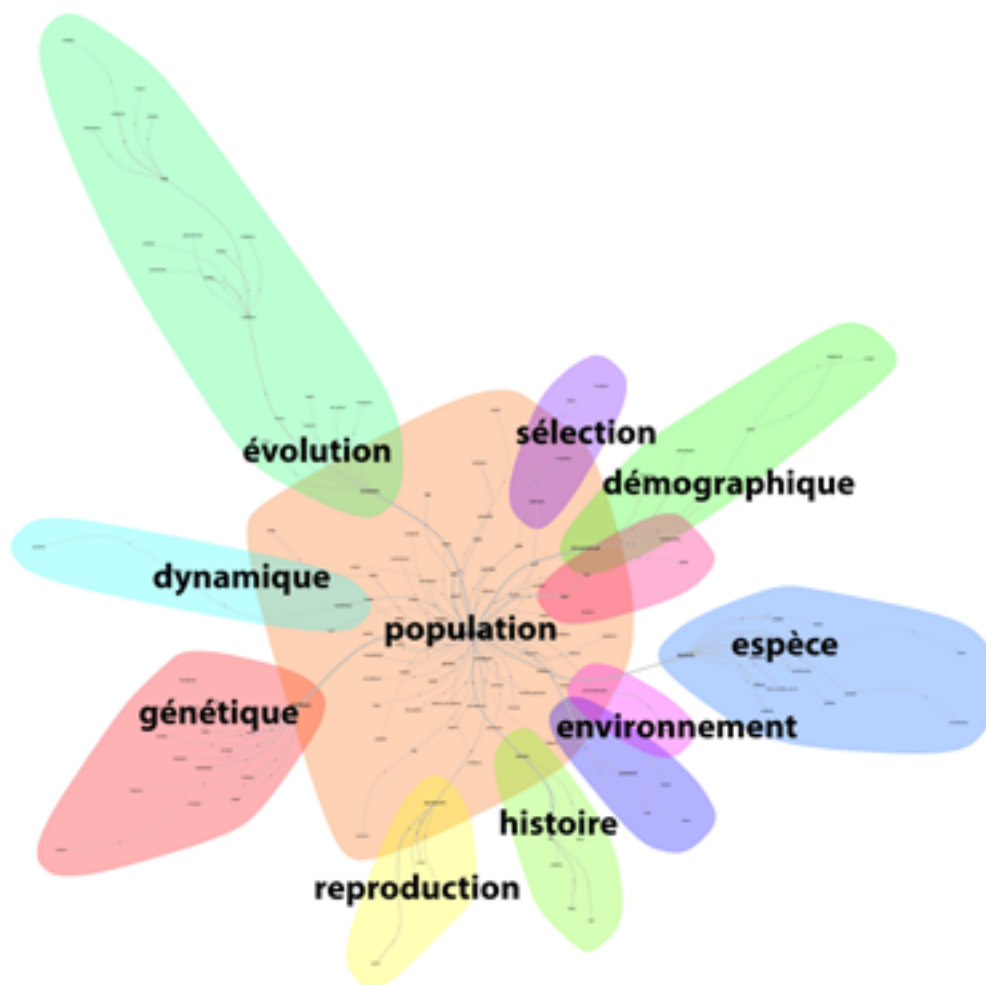
Cette classe regroupe 38 projets traitant de dynamiques, sur les temps longs dans un passé récent ou lointain (jusqu'à 3,7 milliards d'années) voire le futur (XXI^e siècle), pour des biotopes terrestres, dulçaquicoles et marins. Cela recoupe des projets de paléoclimatologie, de paléo-écologie, de paléontologie, de climatologie... Souvent, les projets traitent d'interactions entre des facteurs environnementaux (par exemple les températures, les cycles géochimiques et hydrologiques, la saisonnalité, les pollutions...), mais aussi l'histoire des sociétés, et la biodiversité (depuis le fonctionnement métabolique jusqu'aux écosystèmes en passant par les espèces). Il s'agit de mieux comprendre les évolutions et le fonctionnement écologique d'écosystèmes, les variations environnementales naturelles ou anthropiques, et la réponse aux changements environnementaux

globaux. Les projets s'appuient régulièrement sur la modélisation, l'expérimentation, la collecte d'échantillons et l'observation contemporaine *in situ* ou par télédétection pour des études soit site-centrées soit globales. Parfois, la biodiversité sert surtout de marqueur (biomarqueurs permettant de retracer des évolutions environnementales). Dans certains cas, la biodiversité est vraiment au cœur de l'étude, dans d'autres, elle sert plus d'outil ou d'arrière-plan (par exemple en support aux grands cycles).

Voir la fiche du projet M6fossils
(voir Panorama des projets financés, p. 82).

CLASSE 13

Dynamique de populations



GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 13

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

démographique
taux
population
âge
histoire
apparemment
reproduction
sexué
clonal
métissage
virulence
colonisation
migration
probabilité
petite_population
dérive
extinction
vie
structuré
dispersion

Classement par le khi2
d'association (contribution)

Cette classe regroupe 42 projets en lien avec une problématique axée autour de l'histoire spatiale, démographique et évolutive des populations d'êtres vivants – y compris l'espèce humaine, (par exemple spéciation et adaptation, variations des effectifs, dispersion, reproduction...) et des facteurs biotiques (ex. : maladies infectieuses...) et abiotiques (ex. : modes de vie, pollutions, températures...) impactant les différents modèles dynamiques. Approches moléculaires, expérimentations et modélisations sont très régulièrement employées. Plusieurs projets visent à comprendre les forces gouvernant l'origine, la répartition, le maintien/l'extinction de la diversité biologique et des populations. Un certain nombre sont en lien étroit avec les disciplines de la biologie de la conservation et la gestion de ces populations. D'autres abordent les questions de fragmentation

des habitats, de dispersion et de changement climatique. L'étude des traits d'histoire de vie est également très présente.

Voir les fiches des projets AGRHUM, ARSENIC et GenoSpace (voir Panorama des projets financés, p. 82).

CLASSE 14

Études des socio-écosystèmes : approches théoriques et pratiques

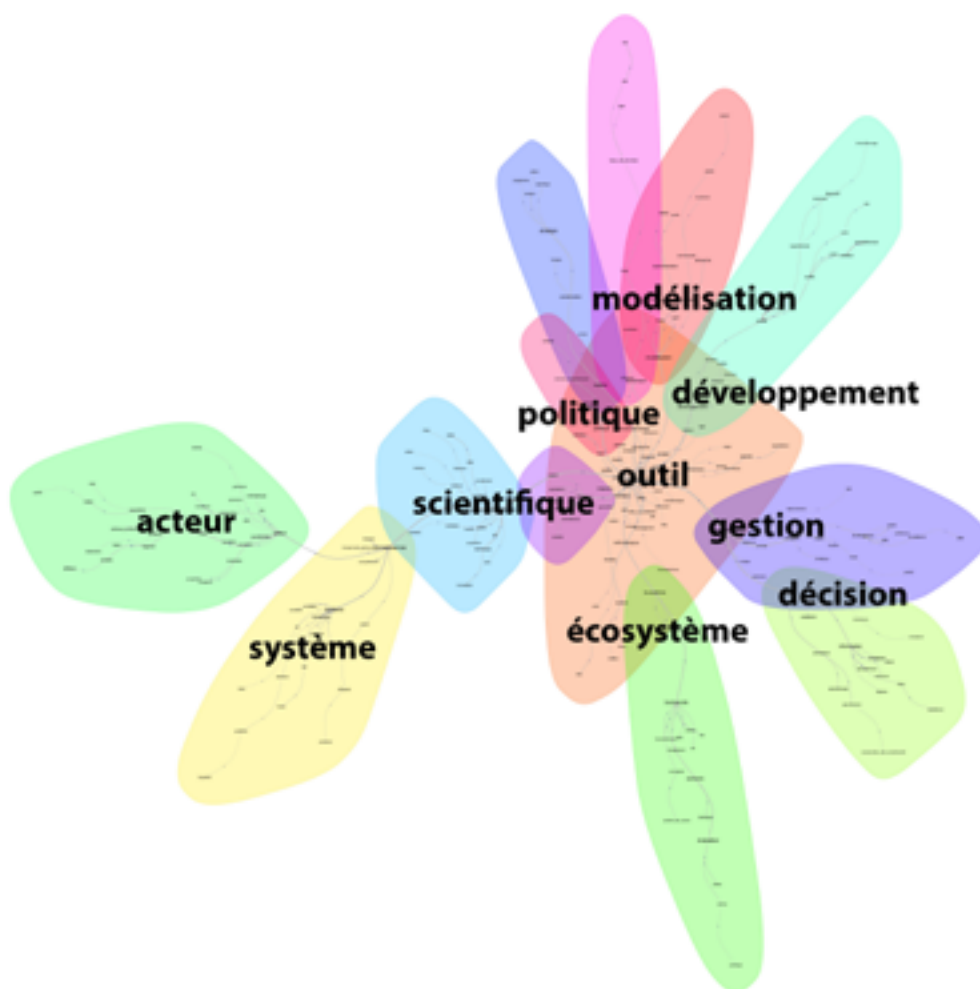


GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 14

Liste des 20 premières
formes associées
à la classe :

outil
scientifique
décision
participatif
dispositif
acteur
prenant
méthodologique
scénario
démarche
recommandation
politique
réseau
prototype
construction
aide_à_la_décision
coordination
décideur
évaluation
web

Classement par le khi2
d'association (contribution)



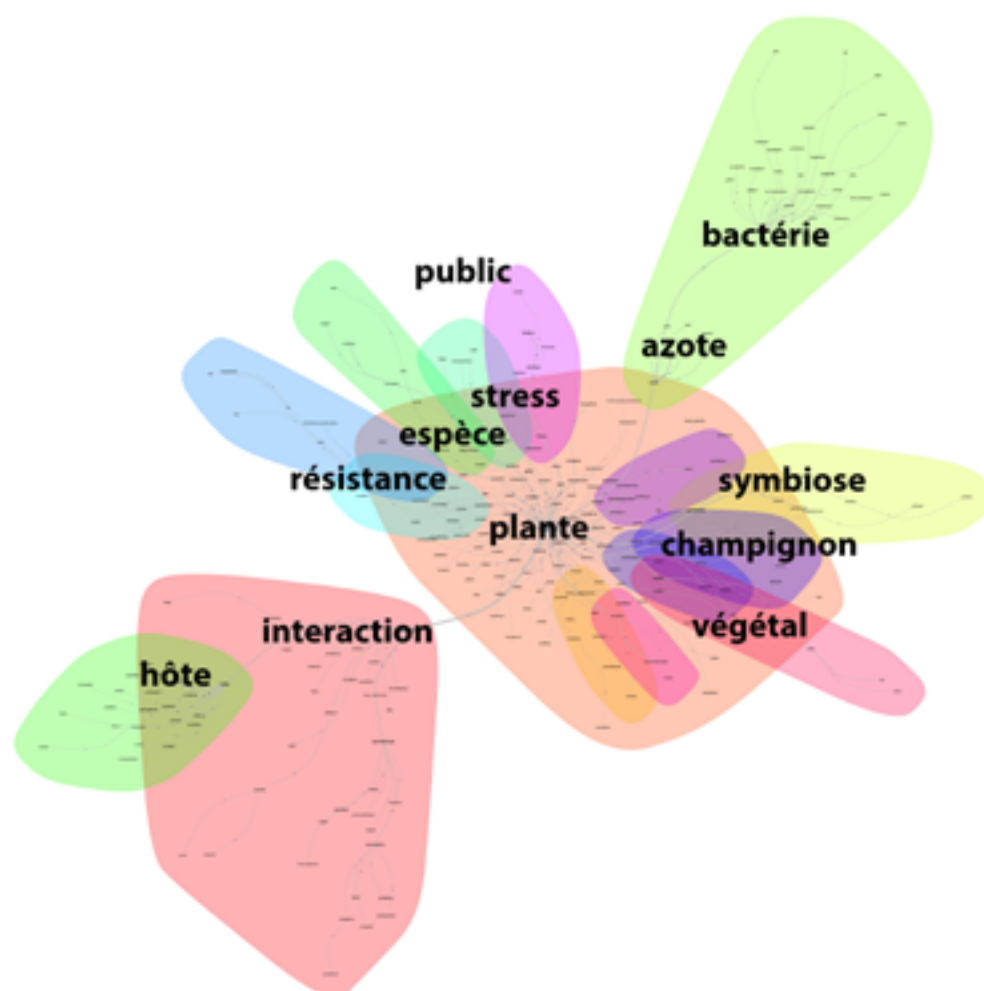
Cette classe regroupe 56 projets basés sur différentes approches théoriques et pratiques (méthodes statistiques, modélisation, gestion, évaluation de politiques publiques, expérimentation, synthèse de connaissances...) et mobilisant régulièrement les acteurs non-académiques (connaissances sociotechniques, perception, coopération, approche participative comme la modélisation d'accompagnement...). Sans être exclusifs, les agro- et sylvo-socio-écosystèmes sont souvent des terrains d'étude et les projets sont majoritairement ancrés dans des territoires ou des sites d'observation et d'expérimentation. L'utilisation de différents modèles (écologiques, biologiques, physiques et statistiques, et systèmes multi-agents...) est supportée par une approche réellement interdisciplinaire (technique, biologique, sociale, organisationnelle, environnementale, économique). L'utilisation des modèles avec les acteurs a pour but de développer des paramétrisations adaptées à la concertation pour des applications opérationnelles : il pourra s'agir

de l'analyse de la faisabilité d'une politique ou d'une intervention. Le dialogue entre acteurs repose sur le développement d'innovations (conceptuelles, de gouvernance, de gestion, méthodologiques, techniques, réglementaires...), la coconstruction de connaissances et sur des scénarios de prospective dont le contenu est élaboré avec les acteurs même du compromis production/conserver (recherche-action pour la durabilité). Dans certains projets, l'analyse des conditions d'émergence et de développement de dynamiques de transformations devient un objectif en soi pour étudier le processus et pouvoir le répliquer ou l'adapter à d'autres contextes. Ces projets proposent souvent le développement d'outils de gestion et/ou d'aide à la décision opérationnels coconstruits.

Voir la fiche du projet *PRIME TRADEOFFS*
(voir *Panorama des projets financés*, p. 82).

CLASSE 15

Symbioses et rhizosphère



GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 15

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

symbiose
plante
symbiotique
bactérie
légumineux
azote
symbiote
champignon
racinaire
fixateur
racine
rhizobia
endophytes
mutualisme
fongique
truncatula
organe
interaction
micro_organisme
stress

Classement par le khi2 d'association (contribution)

Cette classe rassemble les 67 projets qui portent sur les interactions de coopération, de symbiose (sur un continuum allant de mutualiste à parasite) entre espèces différentes (par exemple plantes-bactéries, plantes-insectes, plantes-animaux-champignons, bactéries-animaux...) essentiellement terrestres. Il s'agit d'analyser leurs organisations et mécanismes, leurs rôles dans les dynamiques de la diversité biologique – dont la dynamique évolutive, dans le fonctionnement des écosystèmes voire les services écosystémiques rendus. Les recherches portent particulièrement sur différentes formes de symbiose avec les plantes, notamment au niveau racinaire. L'analyse concerne alors souvent la nutrition minérale des plantes, le recyclage du carbone ou encore les autres effets sur les cycles géochimiques dans la rhizosphère – avec l'intérêt qu'ils représentent pour l'agriculture (biocontrôle, croissance...). Des études spécifiques portent notamment sur la capacité de ces associations à enrichir les sols en azote et en matières organiques. Les projets décrivent aussi bien le

fonctionnement dans l'écosystème que les mécanismes cellulaires et génétiques. Cette compréhension des mécanismes en jeu sert à mieux appréhender les co-évolutions et les stratégies d'adaptation des plantes aux stress biotiques et abiotiques. Des projets plus généraux sur les comportements mutualistes hors plantes et rhizosphère sont aussi présents dans cette classe – coralliens notamment –, de même que l'étude de bactéries et de champignons pour la biocatalyse et la biorémédiation.

Voir les fiches des projets *Nice Crops*, *GRaSP* et *CytoSexDet* (voir *Panorama des projets financés*, p. 82).

CLASSE 16

Biologie de l'évolution et de l'adaptation

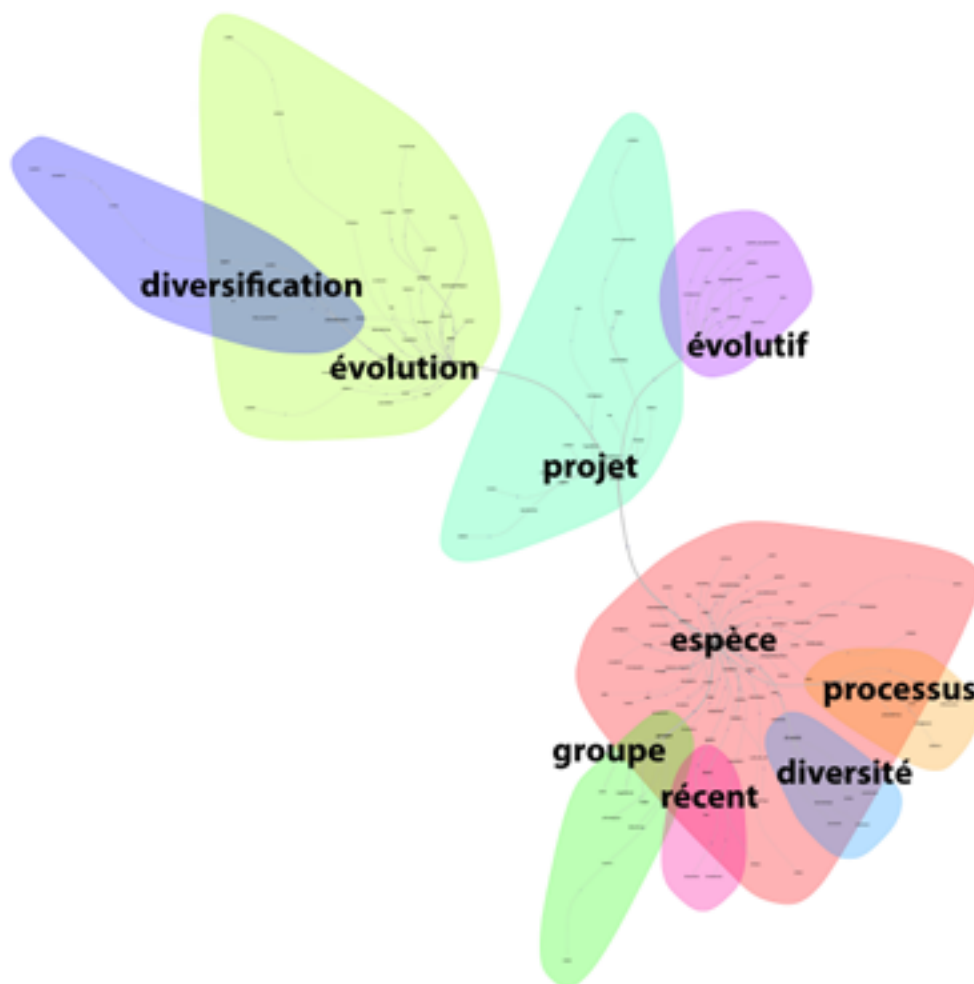


GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 16

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

groupe
diversification
phylogénétique
vertébré
espèce
mammifère
phylogénie
évolutif
histoire évolutive
parasitoïde
phylogénétiquement
macro
évolution
radiation
termite
clade
conoidea
distinct
taxonomique
hyménoptère

Classement par le khi2
d'association (contribution)



Les 52 projets de cette classe étudient les mécanismes et scénarios permettant de saisir l'évolution et l'adaptation des espèces dans différents règnes. Plusieurs échelles d'espace et de temps sont prises en compte, à la fois en abordant des principes de macro-évolution en temps ancien, mais également des mécanismes évolutifs sur des aires spatiales et temporelles restreintes. Les sujets portent sur la compréhension des conditions de spéciation, le rôle des interactions interspécifiques dans l'origine et le maintien de la diversité biologique, le contexte écologique et évolutif d'extinctions d'espèces, l'évolution ou l'intérêt de traits (caractéristiques morphologiques, comportement reproducteur...), la domestication, les cinétiques d'évolution... Les liens avec les contraintes environnementales anthropogéniques ou non et l'impact du changement climatique sur les mécanismes évolutifs sont régulièrement présents dans les projets. Beaucoup de ces projets sont ancrés dans une recherche

amont, expérimentale et menée en laboratoire. Ils mobilisent des disciplines variées, allant la biologie moléculaire à la paléo-anthropologie.

Voir la fiche du projet SPHINX
(voir Panorama des projets financés, p. 82).

CLASSE 17

Mers, océans, zones d'interface et insulaires face aux changements



GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 17

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

mer
benthique
océan
pélagique
méditerranée
sud
zone
site
océanique
nord
poisson
île
marin
campagne
inférieur
atlantique
indien
manche
côte
océanographique

Classement par le khi2 d'association (contribution)

Les 75 projets de cette classe thématique explorent les changements naturels et d'origine anthropique. Ces projets sont presque toujours centrés sur les milieux marins, qu'ils soient hauturiers ou côtiers, pélagiques ou benthiques, et parfois sur le continuum fluvio-océaniques. Les approches se font principalement par écosystème (récifs coralliens, forêts marines, événements hydrothermaux...), parfois à une échelle large (*upwellings* du Pacifique sud, aires protégées marines, chaîne trophique arctique...). Ils visent la connaissance de la biologie des espèces, la caractérisation de la diversité sous différentes facettes (taxonomique, fonctionnelle, phylogénétique principalement), les processus de spéciation, la compréhension des processus et dynamiques temporelles des écosystèmes, la compréhension des dynamiques de population sous pression (pêche, changement climatique principalement) et leurs mécanismes d'adaptation, voire la contribution aux grands cycles biogéochimiques

planétaires. Les projets s'attachent à des profondeurs temporelles variées (de -600 millions d'années à la période contemporaine). Les projets traitant de thématiques terrestres (écologie, épidémiologie, contaminants...) et figurant dans cette classe, présentent une connexion fonctionnelle au milieu marin. Les questions relèvent alors des milieux insulaires, de la connectivité inter-îles, des migrations trans-océaniques, des mangroves ou des zones humides.

Voir les fiches des projets PAVIS et CARIOCA (voir Panorama des projets financés, p. 82).

CLASSE 18

Agriculture durable et biodiversité

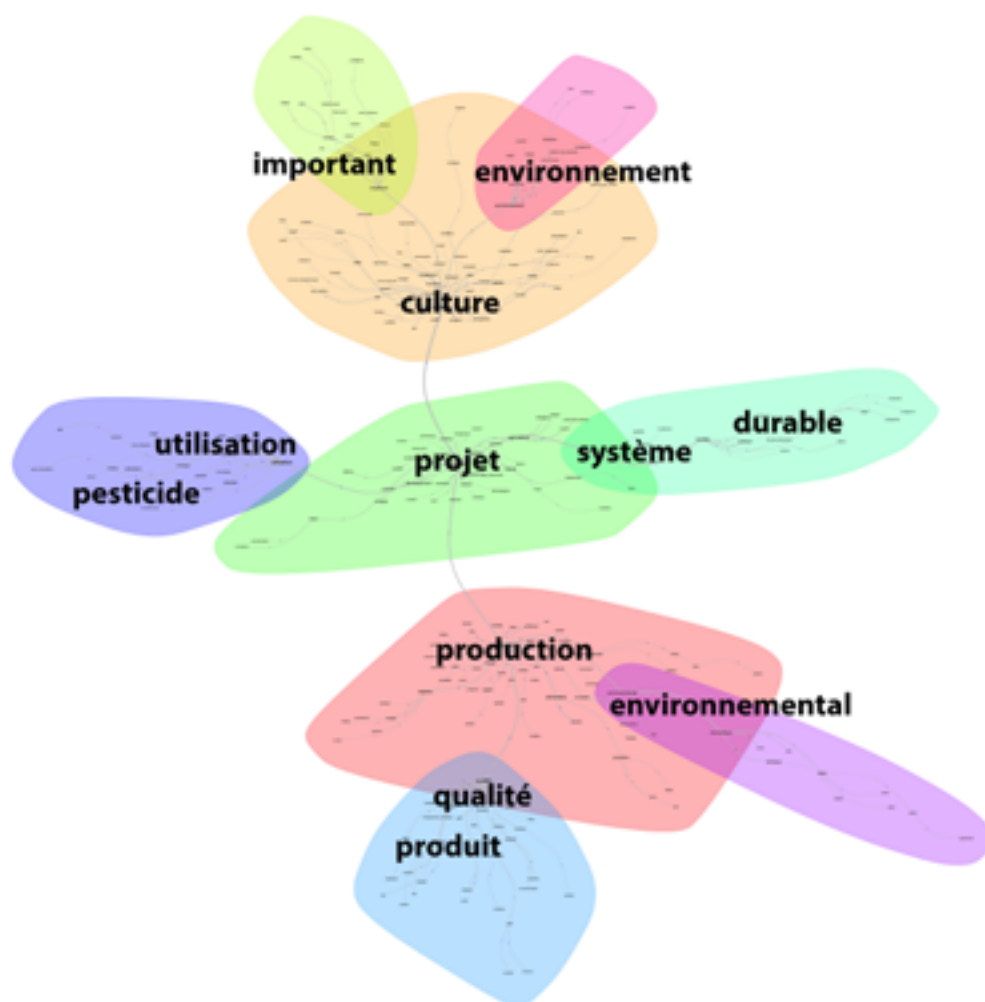


GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 18

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

culture
production
qualité
agriculture
produit
filière
rendement
alternative
alimentaire
aliment
durable
intrants
pesticides
utilisation
rotation
consommateur
agro_alimentaire
récolte
respectueux
solution

Classement par le khi2 d'association (contribution)



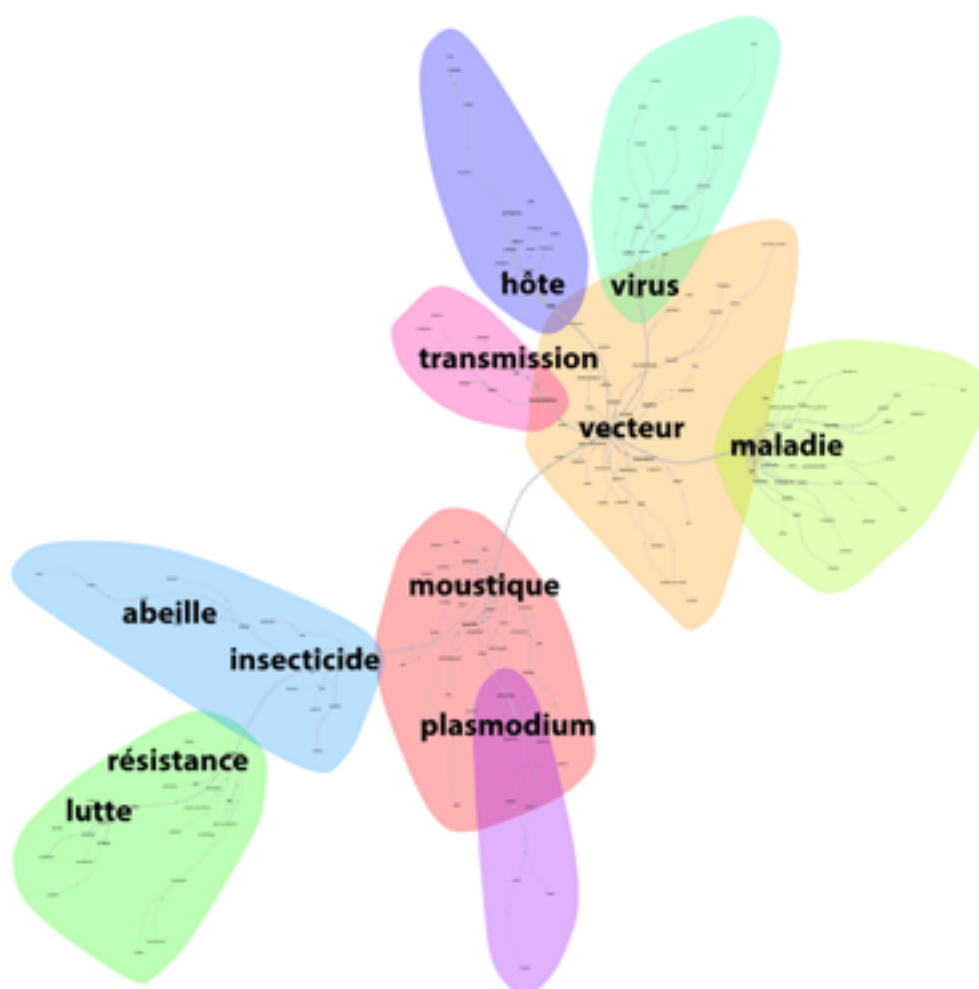
Les 71 projets de cette classe questionnent la durabilité des pratiques d'intensification en agriculture au regard de grands enjeux comme la sécurité alimentaire, la santé, l'impact des activités sur la biodiversité dans l'agro-écosystème ou encore le changement climatique. Cette classe rassemble les projets traitant de toutes les interactions entre biodiversité et agriculture, y compris élevage et aquaculture, ou encore sylviculture, mais aussi des projets sur l'évolution des systèmes alimentaires. Les projets peuvent alors concerner la fourniture de produits ou analyser le fonctionnement des agro-écosystèmes. Les projets concernent des échelles d'organisation très variées, depuis les interactions plantes/micro-organismes dans la rhizosphère, étudiées en conditions contrôlées, jusqu'aux systèmes de culture. Il peut s'agir de l'utilisation de la biodiversité pour améliorer la durabilité des systèmes de culture ou, à l'inverse, de développer des systèmes impactant moins la biodiversité (par exemple en

utilisant moins d'intrants). La biodiversité est au cœur de certains projets quand il s'agit bien de diversité spécifique ou variétale. Dans d'autres projets, la biodiversité est simplement mentionnée parce que l'agriculture et l'élevage sont basés sur des organismes vivants.

Voir les fiches des projets GENOMITE, AlternApp, EnViRoS (voir Panorama des projets financés, p. 82).

CLASSE 19

Maladies vectorielles et relations hôte-parasite



GRAPHIQUE DE SIMILITUDE 19

Liste des 20 premières formes associées à la classe :

moustique
vecteur
maladie
transmission
insecticide
paludisme
plasmodium
virus
vectoriel
lutte
infection
falciparum
abeille
dengue
résistance_aux_
insecticides
agent_pathogène
parasite
homme
gambiae
épidémiologique

Classement par le khi2
d'association (contribution)

Les 86 projets de la classe 19 cherchent à caractériser les déterminants génétiques, biologiques et environnementaux de la répartition et de l'incidence des maladies vectorielles. La biodiversité étudiée est celles des pathogènes et des réservoirs, avec le recours à des modélisations et cartographies des risques, en lien avec la géographie humaine, pour analyser les relations et dynamiques en cours. Ces outils aident à caractériser les interactions multipartites pour mieux comprendre leur impact sur la transmission des maladies et la dynamique des populations en jeu. Les approches d'écologie et de physiologie comportementale appuient ces recherches sur les vecteurs. Les apports de la génétique soulignent ensuite la compétence du vecteur, l'évolution et la gestion de la résistance. Toutes ces recherches rentrent dans le cadre général des approches *One Health* sur l'émergence des maladies transmissibles où la compréhension des stratégies de transmission des parasites à vecteur

est au cœur des interactions gènes-environnement et mécanismes de résistance. La finalité de ces recherches doit servir à appuyer les politiques publiques de santé, l'objectif étant de limiter les impacts des changements, environnementaux et de pratiques agricoles, sur la santé humaine et celle des écosystèmes.

Voir les fiches des projets Anofeel et ENVICOPAS
(voir Panorama des projets financés, p. 82).

« Génome », « biodiversité », « écosystème » : des formes structurantes du discours

Une analyse a été conduite sur les formes les plus fortement associées à la définition des classes de la classification hiérarchique descendante⁴⁵. Si l'on regarde les 15 premières lignes des tableaux d'association et d'opposition (Tableau 4), on observe que les 12 formes les plus fréquentes du corpus (« espèce », « population », « effet », « évolution », « plante », « système », « environnement », « génétique », « gène », « développement », « impact », « interaction ») y figurent presque toutes. Elles jouent un rôle majeur dans la construction de la classification.

L'ensemble montre un schéma de distribution assez contrastée :

- Si l'on s'intéresse à la branche « biodiversité et écosystèmes », on observe que neuf formes interviennent entre 6 et 10 fois chacune en opposition forte aux classes de cette branche : « gène », « hôte », « génétique », « génome », « génomique », « espèce », « évolutif », « résistance », « Gène », « génétique » et « génome » s'opposent fortement à toutes les classes de cette branche.
- Si l'on s'intéresse à la branche « biologie et évolution », ce sont neuf autres termes qui interviennent entre 3 et 9 fois en opposition forte aux classes de cette branche : « écosystème », « gestion », « biodiversité », « eau », « sol », « changement climatique », « changement », « environnemental », « environnement ». À noter : « écosystème » est la seule forme s'opposant à toutes les classes de la branche. Elle est presque toujours associée à « biodiversité », sauf pour les classes 7 (« génétique des populations et réponses adaptatives ») et 16 (« biologie de l'évolution et de l'adaptation »), pour lesquelles ce dernier terme n'est pas en opposition.
- Certaines des 12 formes les plus fréquentes du corpus ne contribuent pas spécifiquement à la construction de classes, mais jouent un rôle majeur d'opposition. C'est le cas des formes « environnement » et « environnemental » qui s'opposent aux classes 6 (« approches cellulaires »), 10 (« génotypage, phénotypage et applications du séquençage »), 11 (« génomique, approches structurales et fonctionnelles ») et 15 (« symbioses et rhizosphère ») de la branche « biologie et évolution ».

45. Ce ratio est considéré comme satisfaisant selon les standards d'IRaMuTeQ (Souza M. A. R., et al. (2018) The use of IRaMuTeQ software for data analysis in qualitative research. *Rev Esc Enferm USP*, 52, p. e03353. <http://dx.doi.org/10.1590/S1980-220X2017015003353>). Notons que cette réduction du corpus s'est répercutée sur le nombre de formes actives présentes (-5 %) et plus particulièrement sur le nombre de formes actives de fréquence supérieure ou égale à 3 (-7 %).

46. Le degré d'association ou d'opposition d'une forme à une classe est évalué par le khi2 : plus la valeur du khi2 est élevée (en valeur absolue), plus la forme/mot est spécifique de la modalité ou de la classe. Le signe « + » signifie que le mot est plus présent dans les segments associés à cette classe, ou cette modalité, que dans les autres. Le signe « - » signifie que le mot est moins présent dans cette classe que dans les autres.

47. Le calcul d'une analyse factorielle des correspondances (AFC) dans IRaMuTeQ s'effectue à l'aide de la distance du khi2 sur les occurrences de segments de texte. Une variance expliquée est significative lorsqu'elle dépasse le seuil du hasard, c'est-à-dire le ratio nombre d'axes factoriels / nombre de modalités. La variable année compte 15 modalités, soit un seuil de hasard sur trois axes de 20 %. Après regroupements des années d'après l'AFC, la variable groupes d'années compte six modalités, son seuil du hasard sur les trois premiers axes est donc de 50 %.

· Il est intéressant de noter que la forme « hôte » n'intervient qu'en opposition à toutes les classes de la branche « biodiversité et écosystème », et jamais en contribution significative à l'une ou l'autre des classes de l'autre branche.

Les formes « biodiversité » et « écosystème » ainsi que « gène », « génome » et « génétique » sont celles qui participent le plus fortement à la séparation fondamentale du corpus en deux branches. De plus, elles contribuent respectivement considérablement aux classes 1 (« biodiversité sous contraintes : analyse des processus pour la compréhension et la gestion »), 9 (« fonctionnement des écosystèmes sous l'effet du changement climatique »), 6 (« approches cellulaires »), 7 (« génétique des populations et réponses adaptatives ») et 11 (« génomique, approches structurales et fonctionnelles »).

Quelques autres formes présentent un rôle remarquable dans la structuration thématique du corpus.

- La forme « changement climatique » est la première contributrice à la définition des classes 9 (« fonctionnement des écosystèmes sous l'effet du changement climatique ») et 2 (« pressions, vulnérabilité et résilience des socio-écosystèmes »). Notons qu'elle figure parmi les oppositions majeures des plusieurs classes dont les classes 15 (« symbioses et rhizosphère »), 19 (« maladies vectorielles et relations hôte/parasite ») et 3 (« écotoxicologie ») – indiquant que ces thématiques ne seraient généralement pas abordées au prisme du changement climatique (en tout cas, pas de façon suffisamment notable pour être indiqué dans les résumés).
- La forme « espèce », la plus fréquente dans le corpus, ne contribue qu'à la classe 16 (« biologie de l'évolution »). Elle possède un faible rôle structurant en ne s'opposant qu'à cinq classes de la branche « biodiversité et écosystèmes » – notamment la classe 3 (« écotoxicologie ») et les classes 4 (« dynamiques biogéochimiques *in situ* »), 5 (« cohabitation au sein des territoires : ressources, acteurs et risques »), 12 (« dynamiques sur les temps longs »), 14 (« études des socio-écosystèmes : approches théoriques et pratiques ») qui procèdent surtout d'approches systémiques – et deux classes de la branche « biologie et évolution » : classes 6 (« approches cellulaires ») et 15 (« symbioses et rhizosphère »).
- Les formes « eau » et « sol » sont associées aux formes « biodiversité » et « écosystème » dans toutes leurs oppositions, sauf sur les classes 6 (« approches cellulaires ») et 15 (« symbioses et rhizosphère ») où la question de l'eau et du sol est prégnante quoique non dominante. Elles contribuent à la définition des classes 3 (« écotoxicologie ») et 4 (« dynamiques biogéochimiques *in situ* »), mais à des rangs plus faibles.

Des approches théoriques dispersées au sein des classes

Les approches théoriques sont principalement regroupées dans la classe 14 (« études des socio-écosystèmes : approches théoriques et pratiques ») avec des champs d'application (par exemple, disciplines, écosystèmes) très variés. Ainsi, on trouve, par exemple, des projets en modélisation mathématique (3WRL ; plateforme de simulation numérique multi-échelle) ou encore des projets ciblés sur l'écologie des sols (MODECOL, Soilserv) traitant d'approches théoriques (modélisation théorique en biologie évolutive, conceptualisation et évaluation des services écosystémiques, etc.). Plusieurs projets mobilisent des applications mathématiques de la théorie de la viabilité (par exemple : Resus en écologie des sols, FARMBIRD sur les agro-écosystèmes) ou construisent des modèles (par exemple PI2P, avec l'élaboration de modèles phénologiques pour la prédiction des insectes ravageurs de cultures).

Les projets mobilisant ces approches sont aussi dispersés au sein d'autres classes : ils comportent une dimension appliquée à une espèce, un écosystème ou un socio-écosystème. Par exemple, dans la classe 2 (« pressions, vulnérabilité et résilience des socio-écosystèmes »), le projet SEAVIEW mobilise la théorie de la viabilité dans le cadre de la modélisation et de la conceptualisation pour la formalisation de scénarios de pêche ; dans la classe 18 (« agriculture durable et biodiversité »), le projet WholsNext combine des modèles – invasion, paysages, propagation – pour les appliquer à la prédiction d'invasion d'espèces ornementales. Parmi les projets non classés, citons EVO-RANGE qui fait appel aux approches théoriques des réponses et rétroactions co-évolutives dans le cadre des changements globaux.

2.3. Une évolution ténue des champs d'investigation au fil des ans

L'analyse temporelle a été conduite en deux temps : d'une part sur les formes et les segments bruts du corpus, puis sur les classes de Reinert.

L'analyse sur les formes et les segments a été conduite par analyse factorielle des correspondances sur la variable d'intérêt « année d'édition ». Elle met en évidence un léger *pattern* temporel⁽⁴⁶⁾.

Il apparaît que (1) les termes « population » et « espèce » sont indissociables du concept de biodiversité tel qu'il est appréhendé dans les résumés des projets financés par l'ANR entre 2005 et 2019, et que (2) certaines formes émergent au fil des ans à la tête de communautés lexicales, laissant percevoir une évolution thématique des champs d'investigation scientifique. Ainsi :

- Le terme « biodiversité » émerge progressivement comme terme structurant les discours en 2008. Cela est consécutif à l'appel Biodiversité de l'ANR (2005-2007) et concomitant du lancement de l'ERA-Net Biodiversa. Il est généralement accompagné du terme écosystème, et progressivement associé à des vocables de gestion et d'étude des effets des changements et des impacts environnementaux. Il semble également remplacer progressivement (autour de 2014) le terme « population » dans sa fonction centrale d'articulation des communautés scientifiques.
- Les termes « génétique » et « génomique* » prennent une place de plus en plus importante dans l'étude de la biodiversité, en articulant l'univers de la recherche fondamentale en biologie, de l'adaptation et de l'écologie fonctionnelle. Ces termes semblent nettement moins structurants en 2019. Une hypothèse est que les techniques de séquençage et de connaissance de la biodiversité *via* l'ADN environnemental se sont généralisées dans les projets.
- Sur la période 2005-2019, les termes « évolution » et « adaptation » montent également progressivement en importance avec des places qui changent dans le temps, permettant de distinguer presque séquentiellement : des besoins de connaissances sur les mécanismes fondamentaux de l'évolution, des besoins de connaissances sur les mêmes mécanismes en lien avec les enjeux du changement climatique ou global – ou de l'exploration agronomique (fondamentale ou appliquée) – puis des questions relatives à l'adaptation au changement climatique englobant les enjeux agronomiques.

L'analyse sur les classes de Reinert s'appuie sur l'évolution temporelle relative des sommes cumulées normalisées du nombre de segments classés (occurrences). Elle met en évidence qu'entre 2005 et 2019 :

- Quatre classes présentent une progression positive et significative du nombre de segments classés (voir Figure 22), la classe 1 « bio-diversité sous contraintes : analyse des processus pour la compréhension et la gestion » ayant la progression la plus forte sur la période 2005-2019.
- Deux classes suivent une baisse significative (voir Figure 23) : la classe 12 « dynamiques sur les temps longs » et la classe 13 « dynamique de population ».

Tableau 4 : Tableaux de contribution et d'opposition des formes aux classes de Reinert, triées par leur khi2 d'association du plus fort au plus faible (15 premières valeurs absolues de khi2). Le Tableau 4a regroupe les classes de la branche « biodiversité et écosystèmes »

et le Tableau 4b celles de la branche « biologie de l'évolution ». Les formes identiques ou voisines sémantiquement sont repérées par des couleurs proches (par exemple, « gène », « génomique », « génétique » et « génome » ont le même code couleur).

4a. Biodiversité et écosystèmes

khi2 d'opposition (valeur absolue)	1	génétique	gène	gène	espèce	gène
	2	gène	génétique	hôte	gène	espèce
	3	génomique	génomique	génomique	génétique	hôte
	4	génomique	hôte	génomique	hôte	génétique
	5	hôte	plante	génétique	génomique	génomique
	6	bactérie	génomique	évolution	génomique	génomique
	7	moléculaire	moléculaire	changement climatique	population	plante
	8	sélection	souche	sélection	adaptation	population
	9	individu	bactérie	grand	changement	évolutif
	10	tâche	individu	espèce	évolutif	résistance
	11	laboratoire	présence	évolutif	effet	souche
	12	résistance	évolutif	adaptation	région	bactérie
	13	insecte	séquençage	social	résistance	moléculaire
	14	terrain	infection	partenaire	outil	variation
	15	technique	différent	maladie	évolution	mécanisme
khi2 de contribution (valeur absolue)		classe 1	classe 2	classe 3	classe 4	classe 5
	1	services_écosystémiques	changement climatique	contaminant	matière organique	politique
	2	biodiversité	résilience	polluant	agrégat	national
	3	service	vulnérabilité	contamination	biofilm	acteur
	4	forêt	contexte	métal	nutriment	public
	5	fourniture	socio_écologique	organique	air	territoire
	6	pollinisation	face	déchet	phosphore	institutionnel
	7	futur	ressource	sédiment	rétenion	droit
	8	moteur	économique	métallique	minéralisation	gouvernance
	9	forestier	gestion	hydrocarbure	carbone	local
	10	arbre	élevage	eau	ch4	parc national
	11	prestation	changements globaux	toxique	électrode	international
	12	changement	sociétal	chimique	élémentaire	notion
	13	invasion biologique	exploitation	additif	export	social
	14	impact	société	exposition	dénitrification	action
	15	risque	système	biodisponibilité	électrochimique	espace

4b. Biologie de l'évolution

khi2 d'opposition (valeur absolue)	1	biodiversité	eau	écosystème	eau	environnement
	2	espèce	sol	eau	écosystème	biodiversité
	3	écosystème	production	sol	impact	environnemental
	4	évolution	écosystème	gestion	biodiversité	interaction
	5	population	gestion	actuel	effet	eau
	6	gestion	risque	changement climatique	gestion	sol
	7	changement climatique	zone	économique	changement climatique	gestion
	8	écologique	politique	biodiversité	environnement	écologique
	9	environnemental	culture	local	processus	condition
	10	ressource	produit	zone	rôle	écosystème
	11	économique	pratique	production	changement	système
	12	contexte	activité	acteur	système	communauté
	13	zone	agricole	homme	local	culture
	14	environnement	acteur	plante	environnemental	dynamique
	15	climatique	état	cours	écologique	changement climatique
khi2 de contribution (valeur absolue)		classe 6	classe 7	classe 8	classe 10	classe 11
	1	cellulaire	génétique	individu	séquençage	génomique
	2	protéine	phénotypique	comportement	génomique	chromosome
	3	gène	évolutif	individuel	haut_débit	duplication
	4	expression	adaptation	comportemental	adn	introgression
	5	régulation	variation	valeur_sélective	snp	ancestral
	6	molécule	évolution	populationnel	séquence	transposable
	7	biochimique	sélection_naturelle	physiologique	génomique	recombinaison
	8	cellule	mutation	traits_d_histoire_de_vie	marqueur	séquencé
	9	signalisation	adaptative	macroscopique	génotypage	alignement
	10	in_vivo	adaptatif	expérimental	puce	synténie
	11	régulateur	trait	information	génétique	insertion
	12	transcription	phénotype	niveau	transcriptome	gallus
	13	récepteur	biologie évolutive	cognition	cartographie	domestication
	14	métabolite	plasticité_phénotypique	corticotérostéone	collection	vinifera
	15	biosynthèse	isolement_reproducteur	évolution	débit	réarrangement

gène	génétique	gène	gène	gène
génétique	espèce	génome	génétique	hôte
génome	gène	génomique	hôte	génome
hôte	population	génétique	génome	génomique
génomique	hôte	hôte	plante	génétique
économique	génome	espèce	adaptation	évolutif
sélection	adaptation	plante	sélection	mécanisme
virus	génomique	population	résistance	variation
souche	résistance	capacité	culture	changement
bactérie	sélection	rôle	outil	moléculaire
moléculaire	évolutif	bactérie	évolution	processus
politique	souche	moléculaire	évolutif	fonctionnel
séquençage	rôle	résistance	souche	rôle
social	social	naturel	mécanisme	réseau
partenaire	économique	parasite	pathogènes	structure
classe 9	classe 12	classe 14	classe 17	classe 18
changement climatique	isotopique	outil	mer	culture
température	atmosphérique	scientifique	benthique	production
écosystème	végétation	décision	océan	qualité
changement	proxy	participatif	pélagique	agriculture
perturbation	géochimique	dispositif	méditerrané	produit
climatique	dépôt	acteur	sud	filière
anthropique	co2	prenant	zone	rendement
temporel	n2o	méthodologique	site	alternative
fonctionnement_ des_écosystèmes	poussière	scénario	océanique	alimentaire
sécheresse	cerne	démarche	nord	aliment
effet	respiration	recommandation	poisson	durable
précipitation	atmosphère	politique	marin	intrants
réchauffement	enregistrement	réseau	campagne	pesticide
changements_globaux	isotope	prototype	inférieur	utilisation
augmentation	biogéochimique	construction	atlantique	rotation

écosystème	population	effet	biodiversité
biodiversité	biodiversité	écosystème	sol
sol	gestion	impact	processus
eau	changement climatique	gestion	changement climatique
plante	zone	production	eau
utilisation	changement	sol	fonctionnel
économique	échelle	eau	écosystème
système	modélisation	maladie	niveau
production	habitat	outil	ressource
connaissance	politique	économique	gestion
acteur	climatique	potentiel	production
groupe	espèce	interaction	échelle
ressource	écosystème	activité	climatique
politique	écologique	politique	organisme
scientifique	environnemental	local	poisson
classe 13	classe 15	classe 16	classe 19
démographique	symbiose	groupe	moustique
taux	plante	diversification	vecteur
population	symbiotique	phylogénétique	maladie
âge	bactérie	vertébré	transmission
histoire	légumineux	espèce	insecticide
apparemment	azote	mammifère	paludisme
reproduction	symbiote	phylogénie	plasmodium
sexué	champignon	évolutif	virus
clonal	racinaire	histoire évolutive	vectériel
métissage	fixateur	parasitoïde	lutte
virulence	racine	phylogénétiquement	infection
colonisation	rhizobia	macro	falciparum
migration	endophytes	évolution	abeille
probabilité	mutualisme	radiation	dengue
petite_population	fongique	termite	résistance aux insecticides

Figure 22 : Comparaison des évolutions temporelles, par classe, de la somme cumulée normalisée des occurrences de segments classés du corpus (classification de Reinert) avec droites de régression associées (et équation et coefficient de corrélation correspondants). La classe 1 (« biodiversité sous contraintes : analyse des processus pour la compréhension et la gestion », courbe verte) est celle qui augmente le plus fortement sur la période : +4,65 % par an et de façon très régulière ($y=0,0465x+0,32$; $r^2=0,97$). La classe 9 (« fonctionnement des écosystèmes sous l'effet du changement climatique », courbe orange foncé) suit une progression un peu moins rapide (+1,9 %

par an), mais très régulière également ($y=0,0191x+0,6881$; $r^2=0,9$). La classe 2 (« pressions, vulnérabilité et résilience des socio-écosystèmes », courbe grise) augmente significativement sur la période (+2,5 % par an), mais avec une progression un peu moins régulière ($y=0,0251x+0,6495$; $r^2=0,8$). La progression de la classe 5 (« cohabitation au sein des territoires : ressources, acteurs et risques », courbe orange clair) est significative sur la période (+2,15 % par an), bien qu'elle soit nettement moins régulière ($y=0,0215x+0,7209$; $r^2=0,69$), présentant une première période de forte croissance entre 2005 et 2011, puis une période de stagnation depuis 2011-2012.

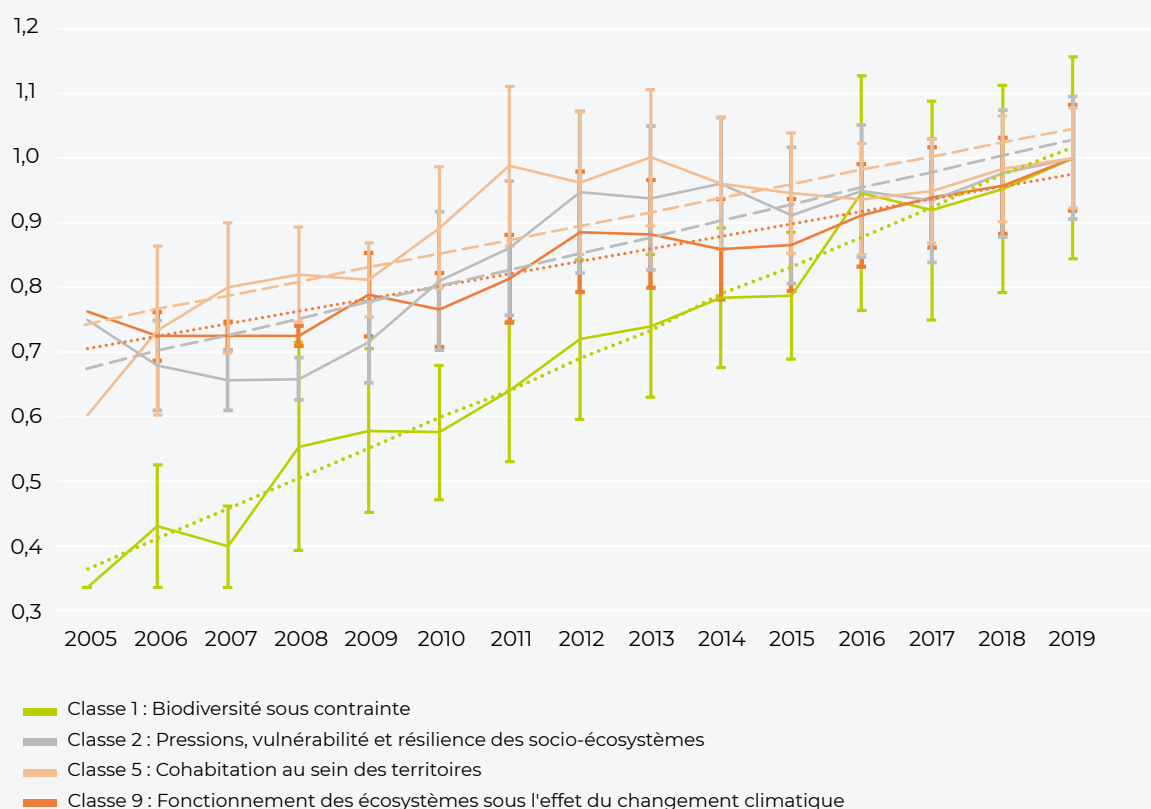
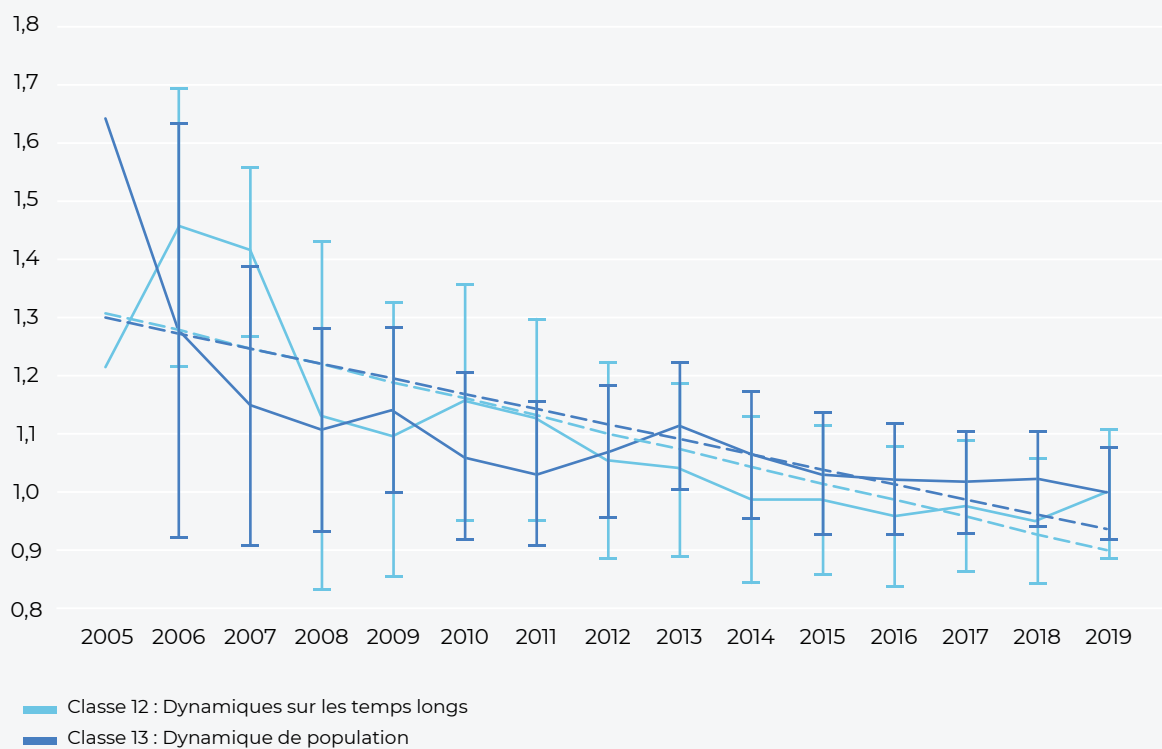


Figure 23 : Comparaison des évolutions temporelles, par classe, de la somme cumulée normalisée des occurrences de segments classés du corpus (classification de Reinert), avec droites de régression associées (et équation et coefficient de corrélation correspondants). Deux classes semblent diminuer au fil des 15 années de l'étude : la classe 12 (« dynamiques sur les temps longs », courbe bleu clair) et la classe 13

(« dynamique de population », courbe bleu foncé) baissent respectivement de 2,5 % et 2,9 % par an. Pour cette dernière, cette tendance est surtout marquée par une baisse plus forte en début de période. Les droites de régression de ces deux courbes sont respectivement $y = -0,0258x + 1,3242$ ($r^2 = 0,52$) pour la classe 13 et $y = -0,029x + 1,3356$ ($r^2 = 0,69$) pour la classe 12.



Les autres classes ne présentent pas d'évolution interannuelle particulière.

2.3. Retour vers les projets

De la même manière que la classification de Reinert a été analysée pour la variable d'intérêt « année d'édition », elle a été analysée pour la variable d'intérêt « projet ».

Analyse thématique des projets : des contributions variables aux classes de Reinert

Les projets contribuent à une ou plusieurs classes de Reinert (de 836 projets associés à une classe jusqu'à un projet associé à quatre classes) : cela signifie que les segments du résumé sont associés, selon leurs thématiques, aux différentes classes de Reinert. Ainsi, le nombre de projets contributeurs diffère d'une classe à l'autre (de 35 au minimum à 86 au maximum).

De plus, le degré de contribution des projets, matérialisé par des valeurs de χ^2 , est variable (voir Figure 24) :

- Certaines classes semblent ainsi thématiquement plus homogènes (celles qui ont le plus fort taux de projets ayant des χ^2 d'association élevés) : « écotoxicologie » (classe 3), « dynamiques biogéochimiques *in situ* » (classe 4), « dynamiques sur le temps long » (classe 12), puis « génomique et approches structurales et fonctionnelles » (classe 11).
- Certaines classes sont plus représentées (celles dont le nombre de projets significativement associés, indépendamment du niveau de χ^2 , est élevé) : « maladies vectorielles et relation hôte/parasite » (classe 19, 86 projets), « mers et océans » (classe 17, 75 projets), « approches cellulaires » (classe 6, 71 projets), « agriculture et biodiversité » (classe 18, 71 projets). Les classes les moins représentées sont les classes « dynamiques sur le temps long » (classe 12, 38 projets), « dynamiques biogéochimiques *in situ* » (classe 4, 36 projets), « génomique et approches structurales et fonctionnelles » (classe 11, 35 projets) et « comportement et cognition » (classe 8, 34 projets).

Des financements de projets variables selon les classes

À partir de l'association des projets aux différentes classes de Reinert, il a été possible de calculer les financements alloués à ces classes (voir Figure 25). La disparité des financements est essentiellement due à la différence du nombre de projets associés à chaque classe. En effet, l'aide moyenne attribuée par projet est comprise entre 300 k€ et 500 k€ de façon sensiblement équivalente entre les deux branches.

L'aide moyenne la plus élevée pour chaque branche est de 484 k€ par projet pour la classe 18 et pour la classe 10. L'aide la plus faible par projet est de 320 k€ pour la classe 1 et la classe 13.

En écartant ces extrêmes, le financement moyen par projet de la branche « biodiversité et écosystèmes » est un peu supérieur à celui de la branche « biologie de l'évolution » :

- Il est de 422 k€ au sein des classes de la branche « biodiversité et écosystèmes ».
- Il est de 372 k€ au sein de la branche « biologie de l'évolution ».

Figure 24 : Distribution, par classes de Reinert, du pourcentage de projets significativement associés. Les projets sont répartis entre les classes en fonction du niveau de leur plus fort khi2 d'association (khi2 maximal). Les valeurs des khi2 sont réparties en niveaux : certains khi2 maximaux sont plus faibles (niveau 1, bleu foncé), d'autres plus élevés (niveau 5, vert foncé). IRaMuTeQ fournit, avec la classification de Reinert, un tableau de contingence des khi2 d'association de chaque classe avec chaque variable d'intérêt – donc, ici, avec chaque projet. Les valeurs significatives de khi2 d'association sont comprises entre 10,81 et 418,7. La classe à laquelle chaque projet est le plus fortement associé (celle pour laquelle son résumé compte le plus grand nombre de segments) est identifiée par le niveau

maximal des khi2 d'association du projet. Lorsqu'il existe, le deuxième plus fort niveau de khi2 donne l'indication d'une deuxième classe associée, etc. On dénombre jusqu'à quatre classes associées à certains projets. Les valeurs de khi2 suivent une distribution de fréquence gaussienne qui permet de les trier en cinq niveaux codés de 1 à 5. Les niveaux 4 et 5 sont, en valeur, 3 à 4 fois plus élevés que les niveaux 1 et 2. On note la proportion relativement élevée de projets contributeurs de niveau 4 et 5 (plus de la moitié) sur toutes les classes, gage de la robustesse du classement dans ce processus d'inversion de la classification de Reinert.

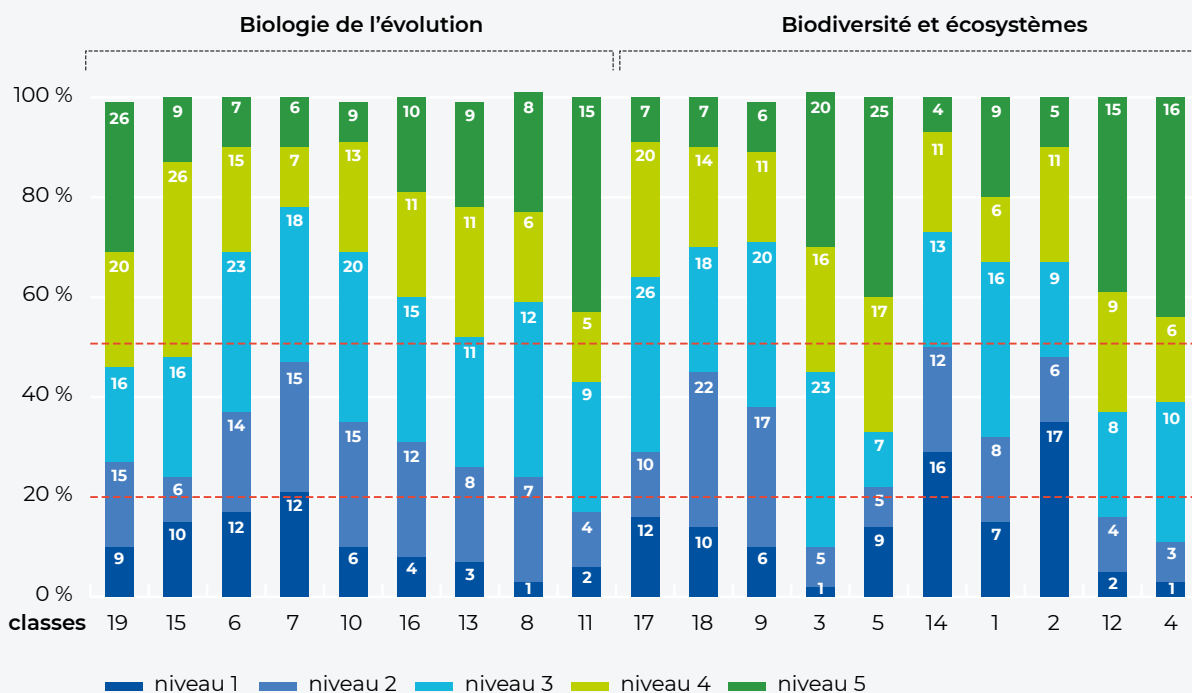
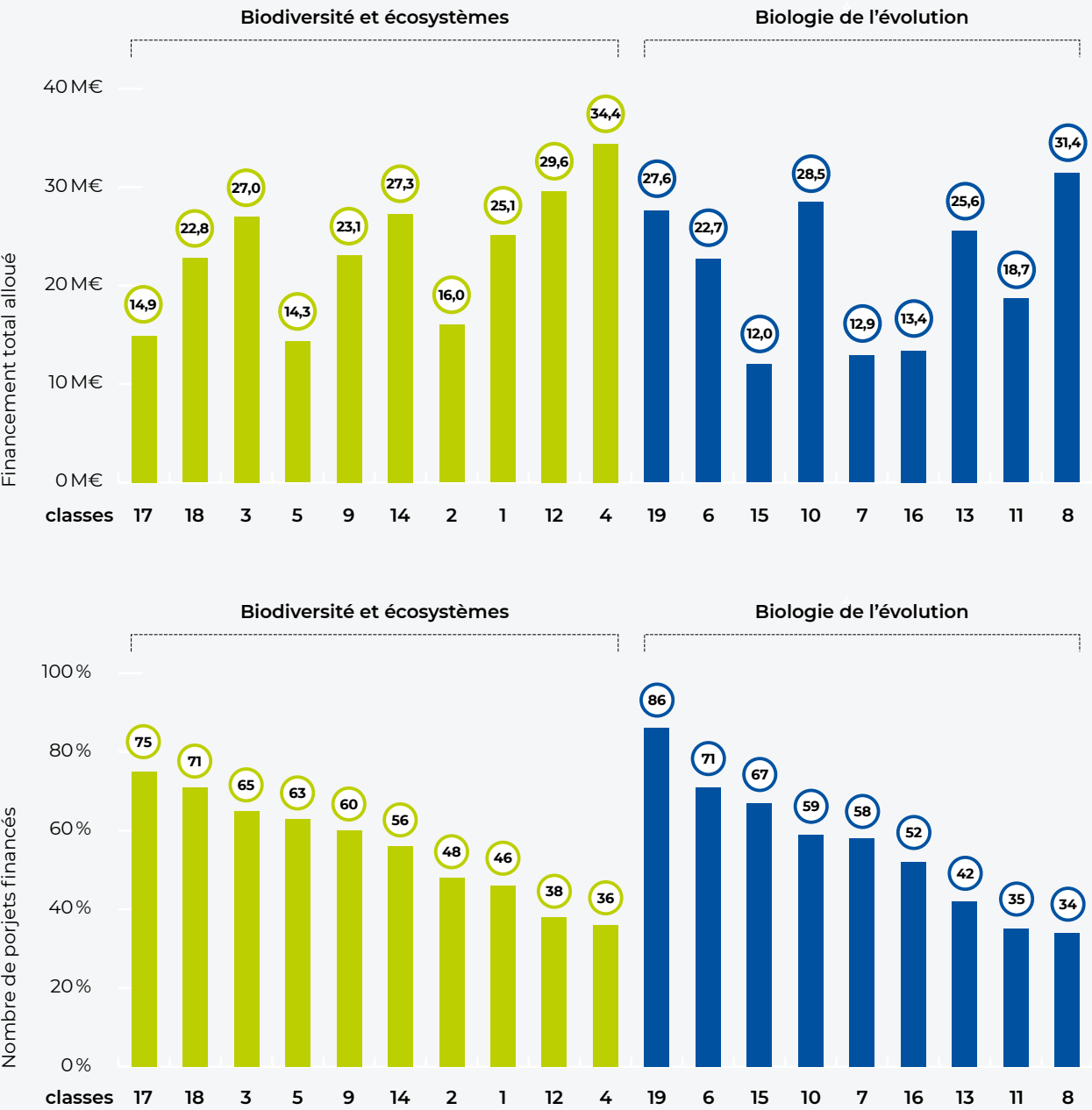


Figure 25 : Répartition des financements alloués sur la période 2005-2019 entre les différentes classes de Reinert regroupées par branche. Les calculs sont effectués sans tenir compte des 187 projets non classés par la méthode de classification de Reinert.



Quelques éclairages pour les projets non classés par IRaMuTeQ

La méthode de classification de Reinert laisse de côté 187 projets : huit n'ont pu être associés à aucune classe (<1 % du corpus) et 179 ont un χ^2 d'association qui n'atteint pas le seuil de significativité requis (10,381 pour $p < 0.001$, soit 14,3 % des projets).

Il n'y a pas d'année dominante, donc pas d'effet temporel à cette non-affectation (en moyenne 12 projets par an [+/-2]). Une analyse individuelle montre qu'ils pourraient tous être rattachés manuellement à l'une des classes de Reinert : cela confirme que le corpus ne contient pas de projets « hors-champ ».

Si l'on s'intéresse à des thématiques transverses, une investigation rapide (comptage des occurrences de mots dans les résumés) indique que 75 projets procéderaient de questions de gouvernance de la biodiversité (mots clés : « écologie », « écosystème », « gouvernance », « gestion ») et 48 d'approches théoriques (« théorie », « concept », « modélisation ou modèle », « simulation »), soit les deux tiers des projets non classés. Il n'y a pas de schéma de distribution permettant d'envisager une évolution temporelle des thématiques transverses.

Une rétrospective 2005-2019 des projets financés par l'ANR⁽⁴⁸⁾ sur la question du changement climatique, conduite dans le cadre du PNACC2 (Plan national d'adaptation au changement climatique 2), a répertorié 673 projets dans les bases de données, dont 276 font partie des 1 249 projets de la présente étude. Cette étude a classé manuellement, à dire d'expert, les projets selon les secteurs d'action du PNACC2 (agriculture, biodiversité, forêt, eau, humanités, mer et littoral, pêche et aquaculture, risques naturels, santé, secteur financier, urbanisme) et les principales thématiques de recherche (compréhension du climat, impact et adaptation au changement climatique) :

- Les 276 projets communs avec la présente étude ont été majoritairement catégorisés « biodiversité » (135 projets), « agriculture » (47 projets), ou « eau », « forêt », « mer et littoral », ou « pêche » (40 projets). 24 projets sont affectés à un secteur ajouté pour les besoins de cette étude (« système terre »), 10 sont associés à des secteurs marginalement associés à la thématique « biodiversité » telle que définie dans cette étude (« humanités » et « risques naturels »). Il reste 19 projets affectés à des secteurs plus éloignés de la thématique « biodiversité » (« secteur financier », « urbanisme », « santé »).

- 54 de ces 276 projets communs appartiennent aux « non classés » de la méthode Reinert. Pour le PNACC2, ils sont très largement associés à des secteurs correspondant à notre thématique biodiversité (« agriculture », « biodiversité », « eau », « forêt », « mer et littoral », « pêche »). Seuls quatre d'entre eux sont associés au secteur « santé » et au secteur « urbanisme ». Ils procèdent principalement d'études d'impact du- et d'adaptation au changement climatique.

Ainsi, près de 30 % des projets non classés procéderaient d'études d'adaptation au changement climatique ou de ses impacts sur la biodiversité. Et, un peu moins de la moitié traiteraient de questions transverses de gouvernance de la biodiversité ou d'approches théoriques complexes.

2.4. Principaux éléments à retenir de l'analyse thématique

L'analyse des projets financés reflète la structure générale des communautés scientifiques et de leurs thématiques de recherche :

- Division persistante entre écologie fonctionnelle et écologie évolutive.
- Peu d'interdisciplinarité entre sciences de l'écologie et sciences humaines et sociales.
- Montée progressive de la biodiversité sous contraintes dans les thématiques de recherche.
- Objet « biodiversité » situé de plus en plus au cœur de l'environnement et des sociétés et relié à de grands enjeux contemporains (par exemple, adaptation dans l'Anthropocène) et aux projections futures. L'analyse du corpus des projets « biodiversité » retenus dans cette étude – *via* la classification hiérarchique descendante et l'analyse des projets qui composent les classes – reflète une dichotomie classique des sciences de la biodiversité entre écologie fonctionnelle et écologie évolutive, depuis les cursus universitaires jusqu'aux laboratoires. Pourtant, si les approches spécifiques restent nécessaires, les dynamiques écologiques et évolutives sont intimement liées. L'analyse des projets montre que l'existence de liens et la volonté de croisement des communautés de recherche est récente, en témoigne l'ajout d'un second « E » à la Société française d'écologie et d'évolution (SFE²). Cependant, les résultats de l'enquête de l'analyse lexicométrique convergent vers la mise en évidence d'une partition assez nette entre des projets investissant l'échelle infraspécifique, notamment cellulaire, et les échelles spécifique et écosystémique. À noter, le périmètre large du corpus retenu dans cette étude accentue peut-être ces dichotomies : par exemple, des projets s'intéressent à la structure du génome sans aborder les impacts évolutifs, les enjeux autour de la biodiversité y sont marginaux alors qu'ils étudient ses propriétés intrinsèques et pourraient présenter de potentiels intérêts pour la biodiversité et l'écologie.

L'interdisciplinarité, quoique revendiquée par une majorité de projets, dépasse peu les disciplines d'un même domaine (interdisciplinarité « proche »). Elle évolue cependant à la hausse, avec une augmentation visible de la part de l'interdisciplinarité entre domaines (interdisciplinarité « éloignée ») passant de 10 % des projets financés en 2014 à 25 % en 2019.

La thématique « biodiversité sous contrainte » évolue régulièrement depuis 2005, et notamment sa contribution à l'émergence du concept de services écosystémiques* (*Millennium Ecosystem Assessment*⁽⁴⁹⁾ [MEA], 2005). Parallèlement à cette évolution, on observe que le terme « biodiversité », généralement accompagné du terme « écosystème », est progressivement associé à des vocables de gestion et d'étude des effets des changements et des impacts environnementaux. De plus, la notion d'évolution se noue de plus en plus étroitement à celle d'adaptation aux changements globaux. D'autres thématiques, en augmentation sur la même période, viennent confirmer cette tendance : « fonctionnement des écosystèmes face au changement climatique », « résilience des socio-écosystèmes » et « risques environnementaux et instruments de politiques publiques ». Enfin, dans l'enquête réalisée auprès des porteurs de projets, un parallèle remarquable peut être établi entre d'un côté les périodes temporelles les plus étudiées qui concernent l'Anthropocène* et les projections vers le futur et, de l'autre côté, les habitats étudiés qui sont majoritairement des habitats plutôt anthropisés et/ou exploités.

48. Agence nationale de la recherche, avril 2022 : Requête sur les financements de projets de recherche dans le cadre du PNACC2. Synthèse et annexes. 58 p.

49. <https://www.millenniumassessment.org/fr/>

Chapitre 3

Regards croisés sur les thématiques de recherche émergentes

Les thématiques des projets du corpus étudié ont été mises en regard des questions de recherche prioritaires identifiées d'une part dans des documents stratégiques d'organismes de recherche et, d'autre part, aux enjeux de connaissances identifiés dans les prospectives conduites par les politiques publiques, notamment celles du ministère en charge de l'Écologie.

À cette fin, des documents (voir liste en Annexe 5) numériquement accessibles, présentés comme des prospectives (projections, stratégies, scénarios et fronts de sciences à horizon décennal ou centennal), et publiés entre 2008 et 2019, ont été analysés de façon qualitative. Ces documents ont été réalisés à l'initiative d'organismes de recherche français (INRAE, Cirad, CNRS, IRD, Ineris), de l'Alliance nationale de recherche pour l'environnement (AllEnvi), de la Fondation pour la recherche sur la biodiversité (FRB) et du ministère en charge de l'Écologie. Les thèmes et composantes de biodiversité développés dans ces documents ont été listés, recoupés et sont présentés ici de façon chronologique. Les encadrés soulignent les échos que les thématiques des projets du corpus étudié trouvent dans cette analyse qualitative.

Notons que le caractère prospectif des documents peut être discuté. En effet, à l'exception de travaux ministériels, INRAE/Cirad et AllEnvi, ces documents ne mobilisent pas de méthodes ou d'outils formels de prospective et exposent des sujets émergents sans définir de scénarios – d'évolution de la recherche ou des sociétés – alternatifs à la tendance contemporaine à leur rédaction.

3. À la lumière de documents stratégiques d'organismes de recherche

L'écologie et la biodiversité *sensu stricto*

Depuis 2009, quasiment tous les documents analysés soulignent le besoin de documenter l'état et la dynamique de la biodiversité, certains précisant les éléments à prendre en compte (des constituants moléculaires aux inventaires et jusqu'aux interactions et aux traits), les échelles d'organisation (de l'approche moléculaire aux écosystèmes) et les pas de temps (connaissance des crises anciennes). Ces éléments sont associés, en 2012, au besoin de comprendre les liens, positifs ou négatifs, entre biodiversité et services écosystémiques et de décrire leurs répartitions spatiales respectives ainsi que leurs évolutions temporelles.

À partir de 2017, les approches fonctionnelles montent en puissance pour approfondir la compréhension des effets des changements globaux – avec des questions relatives aux traits, aux liens entre diversités biologique et fonctionnelle, mais aussi à l'épigénétique.

À cette même période, les micro-organismes, l'holobionte* et la méiofaune* sont plus souvent évoqués.

Un faible nombre de documents analysés souligne, dès 2009, le besoin d'évaluer l'importance des processus adaptatifs et évolutifs dans les réponses de la biodiversité aux changements globaux. À partir de 2017, la notion d'humain comme force évolutive est mentionnée dans le cadre de questions traitant de la conservation. Celles-ci pointent les besoins de connaissances sur les effets des pressions, des extinctions, des effets non linéaires sur la biodiversité et, en retour, sur les sociétés. Les questions d'adaptation et d'adaptabilité sont également déroulées en 2017, avec l'ambition d'aller vers une dimension prédictive en prenant en compte les interactions.

DANS LE CORPUS ANALYSÉ

Si on rapproche ces thèmes des questions de scénario, celles-ci sont particulièrement évoquées dans les classes 1 « biodiversité sous contraintes : analyse des processus pour la compréhension et la gestion », 2 « pressions, vulnérabilité et résilience des socio-écosystèmes », 9 « fonctionnement des écosystèmes sous l'effet du changement climatique », 14 « étude des socio-écosystèmes : approches théoriques et pratiques », 16 « biologie de l'évolution et de l'adaptation » et 17 « mers, océans, zones d'interface et insulaires face aux changements ». Il s'agit surtout d'élaborer, sur une gamme allant du plausible au prédictif, des scénarios de biodiversité et des services associés, et, partant, des effets sur les systèmes socio-écologiques afin d'identifier des changements pratiques à des fins d'adaptation (aires protégées, pratiques agricoles, pêcheries, gouvernance, etc.). Dans certains projets, il s'agit de prendre en compte différents scénarios élaborés par ailleurs (changement d'usage de terres, invasions biologiques, changement climatique, pratiques, etc.) pour définir des priorités, analyser des risques, évaluer une stratégie.

L'enquête adressée aux chercheurs contenait une question sur le positionnement de leurs recherches sur une échelle temporelle : ils envisagent le futur plus souvent à partir d'une compréhension de la situation actuelle (Anthropocène) que comme un objet d'étude ou un objet de scénario (construction des futurs). Sujet de réflexion actuel, le lecteur pourra se reporter aux travaux suivants : Plan stratégique pour la diversité biologique 2011-2020 (Convention sur la Diversité Biologique, 2010^[50]) ; Évaluation méthodologique : scénarios et modèles de la biodiversité et des services écosystémiques (IPBES, 2016^[51]) ; Étude ScénEnvi, Visions du futur et environnement (AllEnvi, 2016^[52]) ; Cadre Nature Futures Framework (IPBES, 2022^[53]).

De façon générale, peu de documents analysés mentionnent explicitement les liens entre biodiversité et grands cycles biogéochimiques, notamment en termes de flux d'énergie et de matière. Cette problématique apparaît dans les textes analysés en 2012, ciblant certains écosystèmes littoraux (récifs, herbiers, mangroves) et le service de stockage de carbone ou de protection du littoral. Elle est ensuite mentionnée en 2015 à l'échelle paysagère avec les notions d'eau, de sédiments, de carbone, de nutriments – sans référence à des écosystèmes particuliers. En 2017, une prospective propose le terme de « zone critique » pour figurer les espaces d'interactions/rétroactions biosphère/géosphère, à différents niveaux d'organisation écologique et à différentes échelles temporelles (des temps géologiques aux prochains siècles).

50. <https://www.cbd.int/sp/>

51. https://www.ipbes.net/sites/default/files/2020-02/ipbes_global_assessment_report_summary_for_policymakers_fr.pdf

52. <https://www.inrae.fr/sites/default/files/pdf/etude-scenenvi-volume-1-rapport-de-l-etude-doc.pdf>

53. <https://zenodo.org/record/8171339>

DANS LE CORPUS ANALYSÉ

Les grands cycles biogéochimiques sont présents dans les classes 4 « dynamiques biogéochimiques *in situ* », 9 « fonctionnement des écosystèmes sous l'effet du changement climatique », 15 « symbiose et rhizosphère », 17 « mers, océans, zones d'interface et insulaires face aux changements », alors qu'ils ne sont que peu évoqués dans les documents stratégiques analysés. C'est pourtant un sujet majeur, notamment au regard des interactions et rétroactions entre biodiversité et changements globaux (sols, zones humides, planctons, *blooms* permanents, cycle de l'eau, etc.). Une tribune, Plaidoyer pour la COP 15 Biodiversité ambitieuse et pour un rapprochement des conventions issues de Rio^[54], proposée par la FRB, offre une réflexion complémentaire sur le sujet.

Une approche par les socio-écosystèmes et les sciences humaines et sociales

Les questions de résiliences sociales et écologiques sont plus prégnantes à partir de 2017, afin de travailler explicitement sur les réponses adaptatives des sociétés humaines aux changements environnementaux, voire, en 2018, sur l'évaluation des stratégies de préservation de la biodiversité et les solutions émergentes à la crise environnementale (aires protégées, solutions fondées sur la nature*). Dans l'ensemble, et dès 2008 (premiers documents analysés), les textes mettent l'accent sur le besoin d'aller, au-delà de l'échelle écosystémique, vers une approche intégrative « socio-écosystémique » visant à étudier les liens entre mécanismes écologiques, mécanismes socio-économiques et dynamiques de la biodiversité. Notons que, dans les documents étudiés, l'approche « socio-écosystèmes » accompagne souvent les questions d'utilisation et de gestion des ressources agricoles et, au-delà de ce service d'approvisionnement, les services écologiques en général.

Néanmoins, les questions des valeurs multiples de la biodiversité, des rapports humain/nature, des statuts et régimes juridiques, de l'équité environnementale et sociale sont évoquées dès 2009, puis en 2013 et en 2015, mais restent assez marginales au regard du nombre de prospectives analysées.

Sur la question des valeurs, les besoins d'une meilleure connaissance des origines et pluralités de ces valeurs et d'identifier des métriques adaptées sont soulignés.

Sur la question du droit, apparaît la nécessité de développer une approche juridique fonctionnelle et dynamique, en particulier à l'échelle territoriale – rare dans les prospectives analysées – et pour les générations futures.

Au plan économique, l'accent est mis sur le besoin de développer des indicateurs de biodiversité et des méthodes d'évaluation des points de bascule, des temps de réponse des écosystèmes et des capacités d'adaptation des socio-écosystèmes. Le besoin d'approfondir l'évaluation économique des services écosystémiques est également exprimé. Enfin, gouvernance, modélisation et scénario pour l'aide à la décision constituent là aussi des sujets de recherche.

54. <https://www.fondationbiodiversite.fr/plaidoyer-pour-une-cop-15-biodiversite-ambitieuse-et-pour-un-rapprochement-des-conventions-issues-de-rio/>

55. <https://zenodo.org/record/8171339>

DANS LE CORPUS ANALYSÉ

Les projets questionnant les rapports humains/nature, les visions et les multiples valeurs de la biodiversité, ou mobilisant des disciplines telles que le droit ou l'économie, sont relativement peu nombreux dans le corpus analysé. La reconnaissance d'une place pour les non-humains dans les débats sur la conservation de la biodiversité est encore balbutiante : les discussions continuent et posent des questions de modifications du droit et des activités humaines pour le futur. La première question est d'ordre éthique et explore comment intégrer, dans les choix et les décisions, la prise en compte des besoins des autres espèces. La deuxième est davantage fonctionnelle et concerne le partage de l'espace et la réalité d'une cohabitation effective. Enfin, la troisième est conceptuelle, imaginant d'autres arènes juridiques où la défense des intérêts de chaque partie pourrait s'exprimer. Chaque question pose le débat à un certain niveau et l'articulation de ces niveaux représente le défi pour rendre compte de la complexité des interactions du vivant, entre humains et non-humains. Sujet de réflexion actuel, le lecteur pourra se rapporter l'évaluation méthodologique des valeurs et valorisation de la nature (IPBES, 2022^[55]).

En termes d'interdisciplinarité, rappelons qu'entre 2014 et 2019, seuls 2 % des projets sont interdisciplinaires au sens fort (inter-champs) et 3 % envisagent la biodiversité sous le seul angle des sciences humaines et sociales. Enfin, sur la même période, 26 projets (environ 7 % des projets) émergent à l'axe de l'AAPG intitulé « interactions humains/environnement ».

Échelles temporelles, spatiales et intérêt à des milieux spécifiques

En termes temporels, il y a d'un côté un appel récurrent à l'observation sur le long terme, mais de l'autre, l'expression d'un besoin de connaissance des environnements et des interactions humain/climat/environnement sur le temps long (ère quaternaire, approche paléo-environnementale) est modérément évoquée. En 2017, les questions abordent les grandes crises de l'environnement sous les angles de la comparaison passé/présent, des points de bascule, de l'adaptation des sociétés, et des effets sur la composition et la structuration phylogénétique et fonctionnelle de la biodiversité.

Au niveau spatial, le thème de l'intégration terre-mer, évoqué en 2012, 2015 puis 2017 (continuum terre-mer), appelle à qualifier et quantifier des interactions et rétroactions entre les systèmes continentaux, côtiers et hauturiers avec un focus sur les processus de couplage entre zone littorale et zone côtière (approche hydro-écologique, masses d'eau, sédiments, nutriments, polluants...).

On note que la thématique de la connectivité est très peu présente dans les documents stratégiques analysés.

DANS LE CORPUS ANALYSÉ

La thématique de la connectivité est également peu présente dans le corpus étudié : elle est au moins évoquée dans 13 % des projets – surtout dans les classes 17 « mers, océans, zones d'interface et insulaires face aux changements », 13 « dynamique de population » et 9 « fonctionnement des écosystèmes sous l'effet du changement climatique ». Le sujet est principalement abordé en lien avec le milieu marin et les zones de transition. On peut faire l'hypothèse que les projets s'intéressant aux connectivités en milieu terrestre s'adressent à d'autres guichets thématiques nationaux ou régionaux.

Enfin, on observe que certaines zones géographiques et certains écosystèmes particuliers sont mentionnés de façon ponctuelle (zones humides, Bassin méditerranéen, écosystèmes extrêmes/abyssaux,

outré-mer, milieux tropicaux, milieu marin, zones urbaines) dans les documents étudiés. Pour les milieux marins, explicitement traités en 2012 dans les documents de prospective des organismes, il s'agit d'y explorer les concepts mobilisés pour les milieux terrestres : interactions, grands cycles, écologie des communautés, connectivités, etc. Les milieux/socio-écosystèmes urbains/péri-urbains sont évoqués dès 2008. Les questions concernent notamment l'agriculture, la maîtrise de la croissance urbaine et la santé.

Pressions, services écosystémiques, risques

Pressions

Quasiment tous les documents stratégiques analysés signalent la nécessité de documenter les pressions anthropiques et d'évaluer les réponses des écosystèmes à ces pressions et aux changements globaux – notamment en termes de raréfaction, de changement d'aires de distribution d'espèces, mais aussi d'incidence sur le fonctionnement des écosystèmes. À partir de 2015, il s'agit de scénariser les effets des politiques publiques, des programmes de conservation et de gestion de la biodiversité – autant de réponses des sociétés aux pressions.

À partir de 2012, dans les documents étudiés, les pressions anthropiques engendrant des modifications des réseaux d'interactions, des phénomènes d'invasion, des risques sanitaires liés explicitement aux interactions humains/animaux sont traitées dans le cadre de l'approche *One Health** (Une seule santé). À partir de 2015, les études des conditions d'émergence de nouveaux agents pathogènes sont clairement évoquées et liées aux sujets des réponses des sociétés et des systèmes de santé. En 2017, l'expression *One Health** est reprise pour dérouler des questions d'épidémiologie écologique et évolutive ainsi que de surveillance et de gouvernance. Le terme *EcoHealth* est évoqué en 2018, signalant une certaine forme d'appropriation des concepts de santé dans le champ de l'écologie, dans les politiques publiques en France.

À partir de 2017, le risque lié aux invasions biologiques est déroulé dans de nouvelles directions (conséquences socio-économiques, perceptions). C'est également à partir de cette période que les liens entre biodiversité et transition énergétique, potentiellement impactante, commencent à être évoqués.

DANS LE CORPUS ANALYSÉ

Les pressions anthropiques sont largement évoquées dans le corpus des projets : classe 1 « biodiversité sous contrainte : analyse des processus pour la compréhension et la gestion », classe 2 « pressions, vulnérabilité et résilience des socio-écosystèmes », classe 7 « génétique des populations et réponses adaptatives », classe 11 « génomique, approches structurelles et fonctionnelles », classe 17 « mers, océans, zones d'interface et insulaires face aux changements », de même que les sujets de la conservation et de la gestion : classe 5 « cohabitation au sein des territoires : ressources, acteurs et risques », classe 10 « génotypage, phénotypage et applications du séquençage », classe 13 « dynamique de population ».

La relation santé-environnement est présente dans le corpus depuis 2005 (58 projets financés par appels thématiques avant 2014 et 56 par l'AAPG). La façon de d'approcher cette relation a évolué, notamment avec l'approche *One Health** qui apparaît dans les textes de l'AAPG en 2014.

La question des invasions biologiques est peu présente dans le corpus : classe 1 « biodiversité sous contraintes : analyse des processus pour la compréhension et la gestion », classe 7 « génétique des populations et réponses adaptatives ». Pour éclairer ce sujet, le lecteur pourra se référer à l'évaluation thématique des espèces allogènes

invasives (IPBES, à paraître en 2024). De même, le nombre de projets traitant des liens entre biodiversité et transition énergétique est réduit à la portion congrue (une dizaine de projets).

Services écosystémiques

La question des services écosystémiques* est présente dès le début de la période d'analyse dans les documents (2008). L'accent est très souvent mis sur le service d'approvisionnement alimentaire avec un intérêt pour l'évolution de deux pressions (occupation des sols et croissance démographique) croisée avec d'autres déterminants (évolution des consommations alimentaires en nature et en quantité, rendement des cultures alimentaires en fonction des pratiques, parfois économie locale ou globale).

L'intégration de l'impact du changement climatique sur ce service, évoqué dès 2008, s'affirme en 2012. À partir de 2016, il s'agit explicitement de définir les conditions de transitions agricole, alimentaire, écologique ou énergétique dans le contexte du dérèglement climatique. Agro-écologie, leviers biologiques et technologiques sont à mobiliser au service des multi-performances attendues des agricultures – pour lesquelles l'importance de l'étude de la diversification des modèles, dits alternatifs, est soulignée en 2017. Les sujets de l'homogénéisation ou de la diversification génétique des espèces domestiquées ne sont qu'évoqués. Notons aussi que la thématique « eau », un enjeu fort de l'agriculture, n'est évoquée que ponctuellement en termes de ressource et de disponibilité. Ce sont pourtant des sujets essentiels dans le traitement des questions de résilience.

DANS LE CORPUS ANALYSÉ ET DANS L'ÉTUDE CONDUITE SUR LE PLAN NATIONAL D'ADAPTATION AU CHANGEMENT CLIMATIQUE (PNACC2)

Au sein du corpus, la question des services (aussi bien immatériels que d'approvisionnement, de régulation ou de support) est surtout présente au sein des classes 1 « biodiversité sous contraintes : analyse des processus pour la compréhension et la gestion », 5 « cohabitation au sein des territoires : ressources, acteurs et risques » et 15 « symbioses et rhizosphère ». L'intérêt pour les services peut ouvrir le questionnement vers le sujet des paiements pour services environnementaux.

L'étude de 2022 conduite par l'ANR dans le cadre du PNACC2 fait état de peu de projets portant spécifiquement sur la question de l'eau (dont les enjeux dépassent l'agriculture) : 36 sur 667 projets identifiés sur la période 2005-2019. Et, parmi les 276 projets inclus dans cette étude, seuls six sont attribués au secteur d'action de l'eau.

Dans l'étude conduite dans le cadre du PNACC2 (DATA), le champ de l'agriculture et de l'agro-écologie est plus important avec 71 projets identifiés, dont 67 centrés sur les questions d'adaptation. Au regard du nombre de projets retenus dans cette étude, ces dimensions semblent peu identifiées d'après les analyses conduites sur le corpus. Ainsi, dans la classe 18 « agriculture durable et biodiversité », seuls trois résumés mentionnent explicitement l'agro-écologie.

À partir de 2016 également, les questions s'orientent aussi vers l'adaptation au changement climatique – tout en continuant de mentionner les services d'approvisionnement, la biodiversité, la ressource en eau et les sols – et l'atténuation de ce changement (limitation des gaz à effet de serre, stockage de carbone). Ces questions se nouent avec l'appui aux politiques publiques et leur impact, les usages sociaux des ressources – et leur arbitrage –, l'accompagnement aux transitions, la gestion des risques et la santé (exposome, microbiote, co-évolution, résistances). Les notions d'innovations biotechnologiques ou en bio-ingénierie, d'innovations sociales et de nexus santé/alimentation/agriculture/environnement sont mentionnées.

L'intégration de la biodiversité dans les activités humaines comme support d'activité durable et/ou source d'innovation (biomimétisme, bio-inspiration, compensation, ingénierie) est très rarement évoquée avant 2015.

À partir de 2015, la question des services rendus par les écosystèmes est de plus en plus traitée sous l'angle de la durabilité (utilisation et gestion) des ressources. Plusieurs points sont soulevés (compréhension du fonctionnement des écosystèmes pour une exploitation durable, vulnérabilités et injustices socio-environnementales, valeurs) et s'inscrivent dans le cadre des tensions du changement climatique, de la sécurité alimentaire et de la gouvernance mondiale de la biodiversité.

Risques

Parallèlement aux questions de pressions et de services écosystémiques, la notion d'évaluation des risques est présente dès 2009 dans un très petit nombre de documents. Elle a trait à la toxicologie, aux nanotechnologies ou aux organismes génétiques modifiés (OGM). À partir de 2017, les questions d'écotoxicologie (effets des métabolites secondaires, effets cascade, effets le long de continuums individus/écosystèmes ou espace/temps, exposition chronique, synergie des pressions) et de bioremédiation sont posées. En 2018, un document explore les enjeux de la montée du niveau de la mer et adresse, sous l'angle de l'environnement et des ressources naturelles, un certain nombre de questions à la recherche : état des ressources en eau douce, état des sols, dynamiques des écosystèmes littoraux et côtiers, modification du trait de côte.

Enfin, les risques liés à la biologie de synthèse sont évoqués en 2018 puis déroulés en 2019, en soulignant que toute l'approche « risque » reste à mettre en place (qui, quoi, comment...) pour ce domaine scientifique et technologique émergent.

DANS LE CORPUS ANALYSÉ

La notion de risque est présente depuis 2005 au sein des classes 3 « écotoxicologie », 5 « cohabitation au sein des territoires : ressources, acteurs et risques », 18 « agriculture durable et biodiversité », 19 « maladies vectorielles et relations hôte-parasite », et sur un large éventail d'écosystèmes et de sujets (forêts, océans, agriculture, écotoxicologie).

La notion de solutions fondées sur la nature* est peu, voire pas, évoquée dans les documents de prospective et les projets du corpus étudié (pas même sous un vocable d'ingénierie ou de génie écologique).

Méthodes et organisation de la recherche

Concernant l'organisation de la recherche, l'accent est régulièrement mis sur le besoin de développer le caractère interdisciplinaire des recherches, particulièrement en associant sciences de la vie/écologie et sciences humaines et sociales. Les approches participatives, envisagées sous des angles variés (collecte de données, connaissance et sensibilisation, acceptation de mesures d'adaptation), sont parfois mentionnées.

Pour les champs interdisciplinaires ou thématiques identifiés comme émergents (droit de l'environnement, économie de l'environnement, liens biodiversité/sociétés...), la nécessité d'un cadre conceptuel et d'un vocabulaire commun est soulignée comme préalable indispensable au développement des questions de recherche.

Au niveau des instruments de mesure et des méthodes d'exploitation des informations, l'accent est mis, depuis 2009, sur le développement de capteurs à haute résolution, sur les apports de l'imagerie spatiale

et sur l'analyse de grands volumes de données (big data, omics, organisation, documentation et partage des données *via* des systèmes d'information ou des portails). Certaines prospectives soulignent, depuis 2009, la nécessité de développer des observatoires pour l'observation sur le long terme et de mieux coupler observation et expérimentation.

En termes de méthodes, certaines prospectives appellent à des apports croisés en matière d'analyse de données et d'approches méthodologiques (statistiques, mathématiques, génomique des populations et génétique quantitative). Les textes analysés insistent également sur la nécessité de modéliser et scénariser les changements de la biodiversité en intégrant plusieurs éléments (principalement le climat et des facteurs socio-économiques, suivi par les pressions, les échelles spatiale et temporelle, l'évolution des services écosystémiques, les politiques publiques et l'aide à la décision, l'évolution, etc.). Par ailleurs, le besoin de développer l'expérimentation, notamment *in situ*, est évoqué.

Dans tous les documents de prospective analysés, la question des indicateurs est évoquée : elle se rapporte, entre autres, aux écosystèmes, au suivi ou à l'évaluation des politiques publiques, aux variables socio-économiques, aux pressions, aux indicateurs de biodiversité pour l'économie de l'environnement.

DANS LE CORPUS ANALYSÉ

Les projets d'observatoires, très peu nombreux, sont essentiellement regroupés dans les classes 9 « fonctionnement des écosystèmes sous l'effet du changement climatique » et 17 « mers, océans, zones d'interface et insulaires face aux changements ». Ils contribuent à collecter l'information récurrente nécessaire aux suivis de long terme, essentiels à l'analyse des dynamiques temporelles en contexte de changement.

– Les projets s'intéressant à la modélisation se concentrent particulièrement dans la classe 9 « fonctionnement des écosystèmes sous l'effet du changement climatique » et la classe 14 « étude des socio-écosystèmes : approches théoriques et pratiques ».

– Les projets concernant les indicateurs se concentrent particulièrement dans les classes 2 « pressions, vulnérabilité et résilience des socio-écosystèmes », 3 « écotoxicologie » et 17 « mers, océans, zones d'interface et insulaires face aux changements ». Ce sujet est donc plus souvent traité dans le champ « biodiversité et écosystèmes » que dans le champ « biodiversité et évolution ».

3.1. À la lumière de documents de politiques publiques concernant la recherche

Les questions communes aux prospectives du ministère en charge de l'Écologie et de l'Environnement et aux travaux des organismes de recherche relèvent de la compréhension des dynamiques de la biodiversité, de la résilience des écosystèmes, de la gouvernance au sens large, du partage et de la gestion des données – et, dans une moindre mesure, de l'évaluation des politiques publiques, de l'évaluation économique des services écosystémiques, de l'adaptation des populations au changement climatique et de la biodiversité des sols. En revanche, le ministère identifie, dès 2013, la question de l'impact des politiques fiscales et budgétaires sur la biodiversité (impact négatif, encouragement aux pratiques vertueuses) que l'on ne retrouve pas dans les travaux des organismes de recherche.

Certains sujets, enjeux et questions ne sont donc pas développés dans les documents stratégiques des organismes de recherche, tandis qu'ils sont mis en avant dans les documents de prospective portant sur les politiques publiques.

La thématique de l'eau et des milieux aquatiques, préoccupation du ministère en charge de l'Écologie et de l'Environnement, reste très peu présente dans les documents stratégiques des organismes, hormis aux points de jonction de la thématique agricole avec une approche « ressource en eau » et de la modélisation générale des aires de répartition des espèces. D'autres jonctions disciplinaires sont effectuées pour les questions relatives aux projections climatiques régionales et aux écoulements – avec une approche hydrologie/sédimentologie – sans que la dimension écologique ne soit évoquée. À noter que l'enjeu majeur « biodiversité », souligné par le ministère, pointe sur les poissons amphihalins et les oiseaux d'eau.

Les questions de la régulation des usages multiples et de l'adaptation des acteurs des territoires pour faire face aux conséquences du changement climatique (gouvernance, modélisation, scénarios, prévention, adaptation, démographie) ou encore de la compréhension et de la restauration du fonctionnement des écosystèmes aquatiques (zones humides, littoraux notamment) sont rarement explicitement identifiées dans les prospectives des organismes de recherche – ou alors avec une approche « services » ou, plus rarement, avec une approche « préservation de la biodiversité ».

La dimension territoriale, qui comporte des facettes sociales et administratives, constitue très rarement une clé d'entrée dans les documents des organismes de recherche – sauf sous l'angle des bioressources agricoles, des systèmes alimentaires et de l'urbanisation. Pourtant, le territoire, en tant qu'entité, est une échelle potentiellement cohérente sur le plan des dynamiques de biodiversité, et sur celui des représentations des concepts écologiques et des valeurs anthropocentrées. Il s'agit aussi d'une dimension spatiale et temporelle qui permet de questionner les emboîtements d'échelles aussi bien géographiques, qu'écologiques ou sociologiques, le fonctionnement des socio-écosystèmes (par exemple, impacts réciproques, rétroactions) ou encore les nexus (comme biodiversité, eau, énergie, alimentation, transport, santé). Enfin, c'est une entrée qui permet la mobilisation des acteurs (par exemple, recherche/action ou engagée ou appliquée) ainsi que l'appropriation de résultats de la recherche (par exemple, scénarios, modalités de gestion et identités territoriales, services rendus par les écosystèmes).

Dans quasiment toutes les prospectives de recherche, depuis 2009, la question de la gouvernance est abordée en ciblant quasiment toujours la « société civile », essentiellement représentée par les décideurs politiques. Le ministère en charge de l'Écologie et de l'Environnement cite peu, pour sa part, les chercheurs comme des acteurs avec lesquels coconstruire les questions et les actions. Les entreprises (aménagement, impacts cumulés, pollutions, cycle de vie, compensation) ou les gestionnaires d'espaces et d'espèces sont bien identifiés comme des acteurs agissant sur la biodiversité par le ministère, mais sont peu cités dans les documents de prospective des organismes de recherche. Il en va de même pour les politiques sectorielles.

Pour certains sujets, on observe une congruence temporelle entre des thématiques présentes dans le corpus de projets étudié et la mise en place de certaines politiques publiques ou des travaux de synthèse de connaissances basées sur la recherche (voir Figure 26). C'est le cas pour la notion de services écosystémiques (Évaluation des écosystèmes pour le millénaire, 2005^[56]) ; les notions de trames, continuités,

connectivités (dispositif « Trame verte et bleue »^[57] issu du Grenelle de l'Environnement de 2007) ; les liens entre changement climatique^[58] et biodiversité (Bilan 2007 des changements climatiques, Quatrième rapport du GIEC^[59], 2007) ; les pollinisateurs (Évaluation thématique, IPBES, 2016^[60]), les scénarios (Évaluation méthodologique, IPBES, 2016^[61]), les terres et les sols (Évaluation thématique, IPBES, 2018^[62]) et l'état de la biodiversité et des services écosystémiques (Évaluation mondiale, IPBES, 2019^[63]). Cette congruence reflète un système naturel de vases communicants entre des questions de politiques publiques qui interrogent la recherche et des résultats de recherche inspirant des politiques publiques. De même, les grands travaux de synthèse s'appuient sur des connaissances existantes.

L'IPBES est une plateforme intergouvernementale faisant l'interface entre science et politique sur la biodiversité et les services écosystémiques. Elle a été conçue comme un outil collectif de synthèse des connaissances sur la biodiversité et les bénéfices procurés par le fonctionnement des écosystèmes. En intégrant des savoirs académiques et non académiques, en documentant le niveau de confiance et de consensus envers les connaissances, les travaux livrent des éléments indispensables pour la conservation de la biodiversité, son utilisation durable et le partage des avantages que les sociétés humaines en retirent. Ils exposent aussi les questionnements, les thématiques scientifiques présentant des lacunes de connaissances et fournissent des pistes pour renouveler des pratiques de recherche – citons par exemple la nécessité de conceptualiser, d'évaluer et de prendre en compte les multiples valeurs attribuées à la biodiversité/nature ; d'étudier les interactions, effets et rétroactions entre de multiples enjeux liés à la biodiversité (par exemple : biodiversité, eau, alimentation et santé) ; d'établir des scénarios de biodiversité et de sociétés territorialisées ; d'identifier et de comprendre les facteurs d'organisations actuelles et de réorganisations possibles des sociétés pour la conservation et l'utilisation durable de la biodiversité, le bien-être humain à long terme et la durabilité.

56. <https://www.millenniumassessment.org/fr/Synthesis.html>

57. <https://www.ecologie.gouv.fr/trame-verte-et-bleue>

58. <https://www.ipcc.ch/site/assets/uploads/2020/02/ar4-wg2-sum-vol-fr.pdf>

59. Groupe d'experts intergouvernemental sur l'évolution du climat : <https://www.ipcc.ch/>

60. https://www.ecologie.gouv.fr/sites/default/files/rapport_evaluation_pollinisateurs-IPBES.pdf

61. https://www.ipbes.net/sites/default/files/downloads/pdf/2016_methodological_assessment_report_scenarios_models.pdf

62. https://www.ipbes.net/sites/default/files/spm_3bi_ldr_digital.pdf

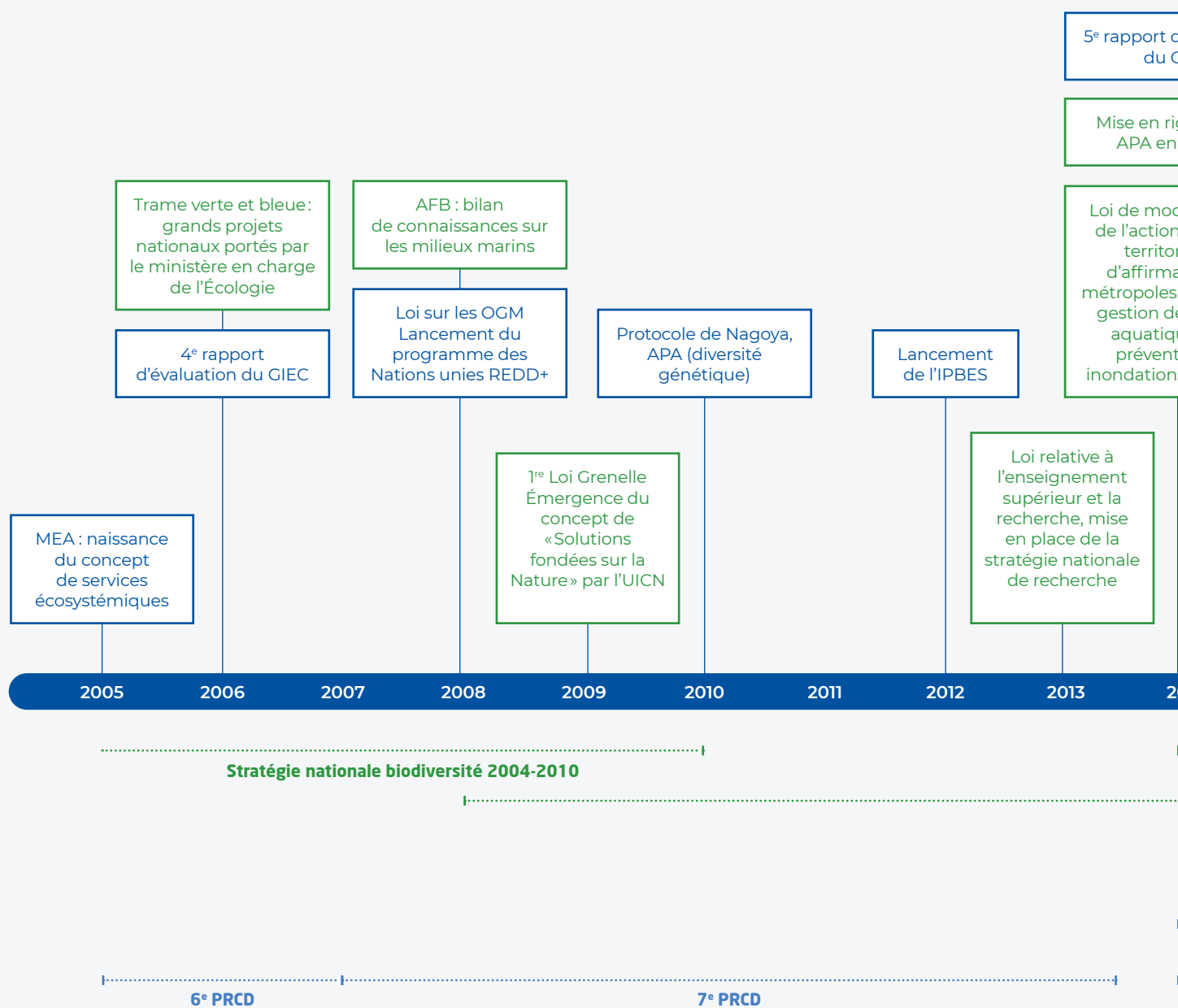
63. https://www.ipbes.net/sites/default/files/2020-02/ipbes_global_assessment_report_summary_for_policymakers_fr.pdf

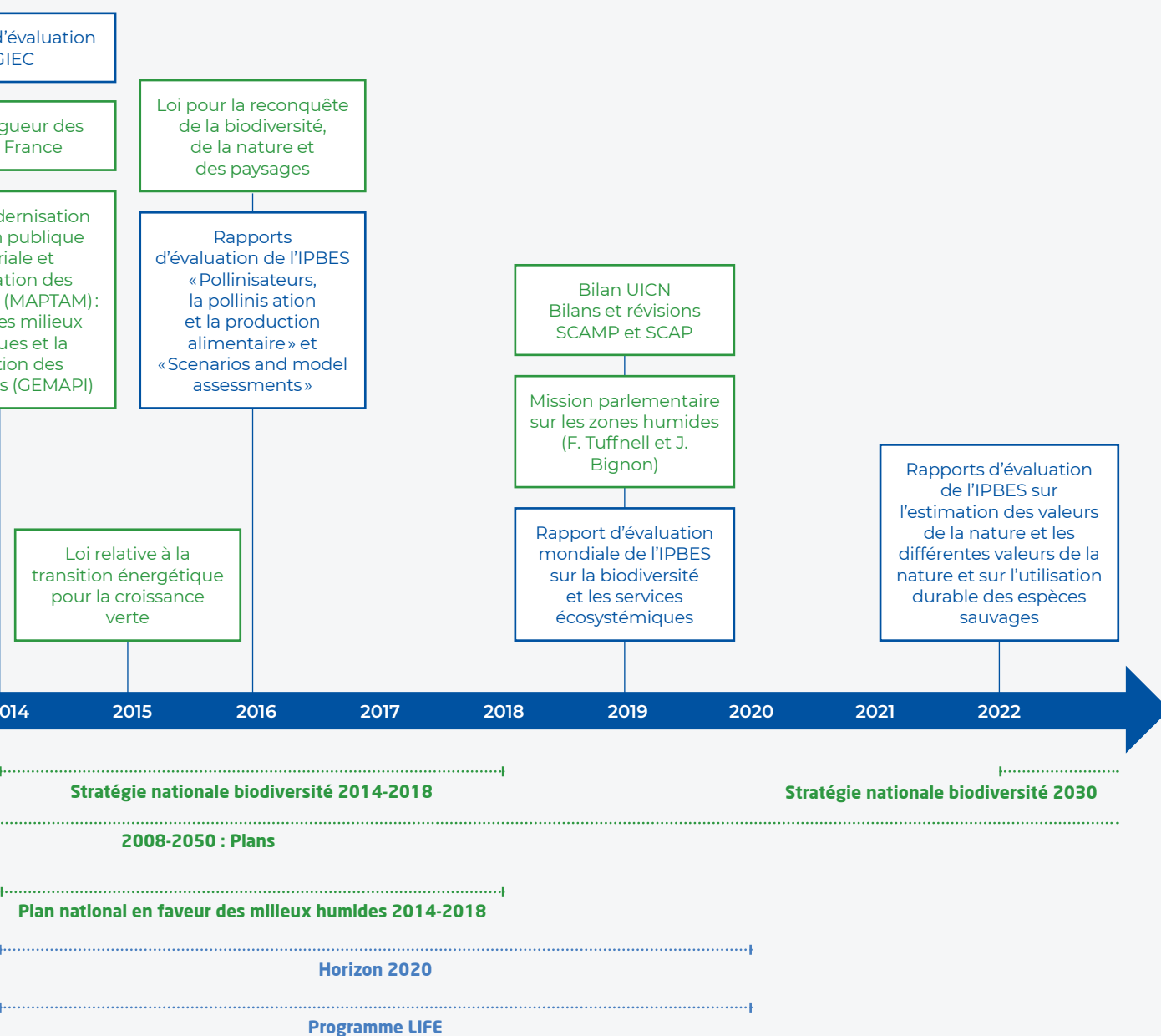
64. PatriNat : cette unité d'appui et de recherche assure des missions d'expertise et de gestion des connaissances sur la biodiversité et la géodiversité pour ses quatre tutelles : l'Office français de la biodiversité (OFB), le Muséum national d'histoire naturelle (MNHN), le CNRS et l'IRD.

65. SCAMP : Stratégie de création des aires marines protégées.

66. SCAP : Stratégie de création des aires protégées.

Figure 26 : Frise chronologique positionnant différents instruments de politiques publiques et de soutien à la recherche : politiques publiques nationales en faveur de la biodiversité (lois, plans, stratégies...) ; programmation européenne de la recherche ; rapports d'initiatives et conventions internationales (MEA, GIEC, IPBES, CDB).





SE : Services écosystémiques*
SFN : Solutions fondées sur la nature*
PatriNat⁽⁶⁴⁾, SCAMP⁽⁶⁵⁾, SCAP⁽⁶⁶⁾

Chapitre 4

Le point sur la période 2020-2022

L'analyse qui précède a été conduite sur les projets financés entre 2005 et 2019. La période récente présente un contexte politique, économique et social profondément marqué par la crise sanitaire liée à la pandémie de SARS-CoV-2, qui justifie d'être examinée séparément. Notons, en outre, un contexte particulièrement actif en matière de biodiversité, avec la finalisation et l'adoption du Cadre mondial pour la biodiversité (2022), la préfiguration de l'adoption du Traité international de protection de la haute mer (2022-2023), la publication de nouvelles évaluations scientifiques de l'IPBES (notamment « valeurs » et « usages durables »), la consultation pour la troisième édition de la Stratégie nationale pour la biodiversité (2021-2023), etc.

4. Une période marquée par le doublement des projets financés en moyenne chaque année

Sur les trois années de la période 2020-2022, 480 projets « biodiversité » ont été financés par l'ANR dans le cadre de son Plan d'action, soit 160 projets/an en moyenne (contre 83 projets/an entre 2005 et 2013, puis 93 projets/an entre 2016 et 2019), pour un budget total de 195 M€, et une aide moyenne par projet « biodiversité » équivalente à celle attribuée en moyenne par projet à l'ANR sur la période.

Si l'on exclut la période 2014-2015, qui figure comme transition programmatique de l'ANR (mise en place de l'Appel à projets générique), la période 2020-2022 enregistre un quasi-doublement du rythme annuel de projets financés sur la biodiversité (+20 % en 2020, +50 %

en 2021, -10 % en 2022), accroissement supérieur à celui de l'ensemble des projets financés par l'ANR sur la même période. Il peut y avoir à cela plusieurs explications, nonobstant le très court intervalle de temps considéré qui interdit toute conclusion définitive. Les facteurs examinés, certains volatils d'autres plus structurels, font apparaître cette période comme atypique, voire comme une sorte de nouvelle transition, procédant d'une conjoncture en changement et non pas d'une réforme programmatique.

Du côté des facteurs « volatils », cette courte période est marquée par le développement des initiatives européennes, en particulier PRIMA, pour la recherche sur la Méditerranée, et le lancement du partenariat Horizon Europe, Biodiversa+. Ces deux initiatives représentent 61 % des projets « biodiversité » internationaux de la période (équivalent à 122 projets) et 25 % de tous les projets « biodiversité » de la période. Depuis l'apparition des appels européens en 2008, le nombre de projets émergeant à ces programmes n'a cessé de croître, quatre périodes distinctes : du démarrage jusqu'en 2010, les niveaux sont faibles et variables (entre 2 et 10 projets/an), suit une période stable jusqu'en 2014 (environ 17 projets/an), puis une période, jusqu'en 2019, avec des variations fortes, dépendantes des thématiques et pressions de dépôt (de 8 à 23 projets/an), et pour finir la période récente, où l'on passe à une fourchette de 28 à 48 projets « biodiversité » financés/an. Ce doublement du nombre de projets financés par les appels européens et internationaux depuis 2020 est renforcé par le succès de deux appels thématiques nationaux (Ecophyto_Maturation, Flash COVID-19, 10 projets « biodiversité »).

Figure 27 : Évolution temporelle du nombre de projets « biodiversité » financés sur la période 2005-2022, en distinguant les programmes nationaux et les programmes européens et internationaux, et en comparant au nombre total de projets financés par l'ANR toutes thématiques confondues.

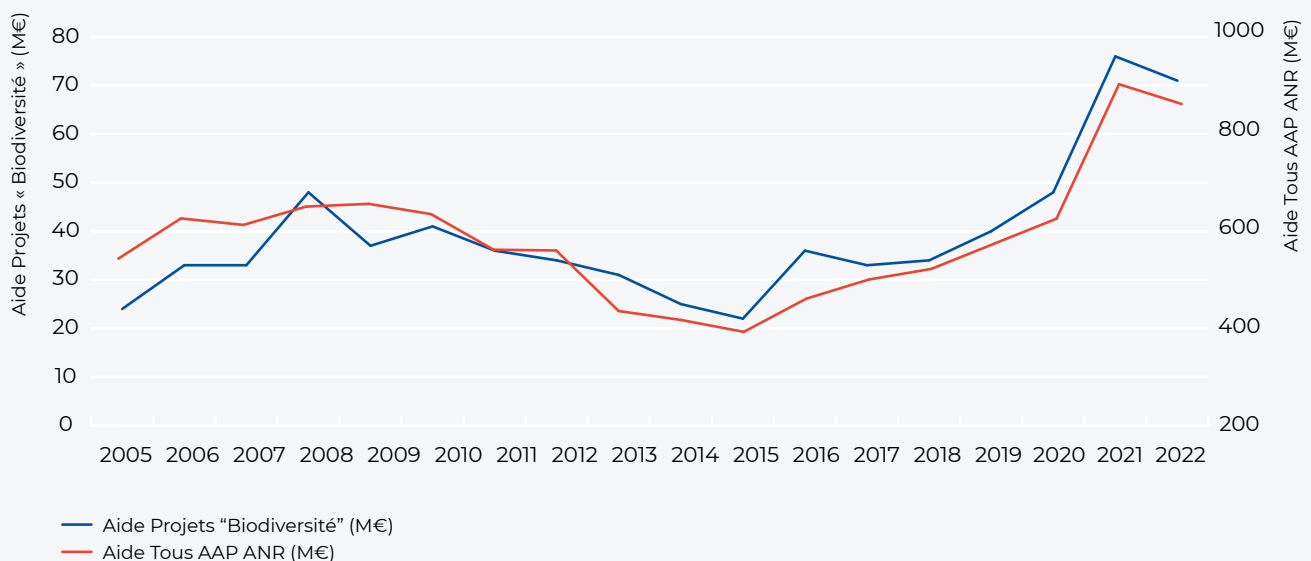
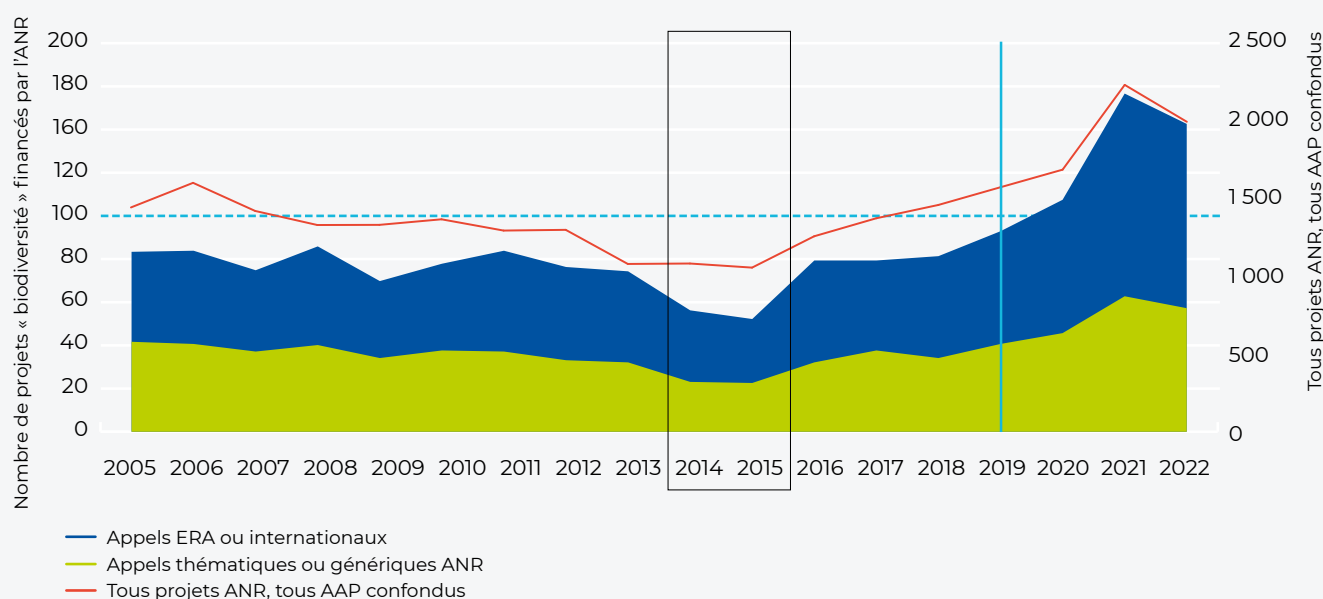


Figure 28 : Évolution temporelle comparée des aides allouées par l'ANR à la thématique « biodiversité » en regard des aides allouées à la recherche toutes thématiques confondues.



Procédant d'une tendance plus « durable », le volume de projets « biodiversité » financés par l'AAPG a beaucoup augmenté entre 2020 et 2023, du fait de la Loi de programmation de la recherche (LPR) 2021-2030 et de l'augmentation du budget d'intervention de l'ANR dès 2020 : 330 projets en 3 ans, avec un saut particulièrement important en 2021 (90, puis 126, puis 114 projets respectivement en 2020, 2021 et 2022, soit + 20 %, + 50 % et - 10 %). Rappelons que jusqu'en 2013, le nombre annuel de projets « biodiversité » financés par les appels thématiques et BLANC (futurs génériques) de l'ANR enregistre une baisse régulière, à l'instar du nombre total de projets financés par l'ANR sur cette période (voir figure ci-dessous). Cette baisse est tout juste compensée par les appels européens et internationaux vers lesquels les communautés « biodiversité » semblent s'être alors tournées. Au total sur la période, en moyenne 70 projets sont financés chaque année. La transition vers l'AAPG semble, pour les communautés « biodiversité », s'absorber sur 2 ans et, dès 2016, le nombre annuel de projets financés augmente. Jusqu'en 2018, l'évolution du nombre de projets « biodiversité » financés reste très dépendante des appels européens et internationaux, reflétant un probable tropisme thématique. En 2019, on atteint un maximum historique de 100 projets « biodiversité » financés dans l'année (appels européens et internationaux inclus). La croissance annuelle du nombre de projets financés par an s'accroît jusqu'en 2021, à un rythme supérieur à celle des projets ANR tous appels confondus (on compte en moyenne 6,3 % de projets « biodiversité » entre 2005 et 2019, contre plus de 8 % en 2021 et 2022). Lorsque l'analyse est conduite en termes d'aides totales allouées, on observe que 2020 marque le rattrapage du niveau de financements de 2008.

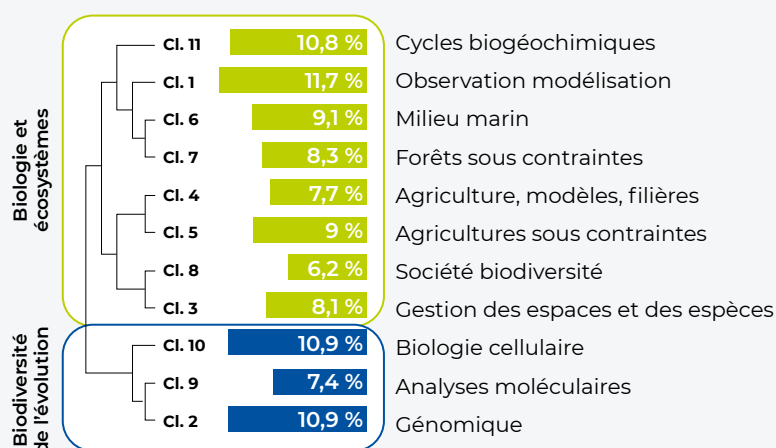
L'augmentation budgétaire de l'ANR de 2020-2022 et la poursuite d'importants dépôts et financements aux appels européens et internationaux sur la période semblent avoir été fortement valorisées par une communauté scientifique qui a réussi progressivement à se structurer pour répondre de plus en plus efficacement aux appels à projets de recherche aussi bien nationaux qu'internationaux. La Fondation de Recherche sur la Biodiversité – par ses actions nationales et son implication à l'échelon européen et international –, le programme international DIVERSITAS de recherche sur la biodiversité, les ERA-Nets Biodiversa successifs et le lancement de l'IPBES ont contribué à cette structuration.

4.1. La thématique des projets a-t-elle évolué ?

Les principaux appels, ou axes d'appels auxquels les projets émanent, sont globalement inchangés depuis 2005 :

- L'appétence de la communauté scientifique pour les appels thématiques se confirme sur la période, en témoignent le succès des appels Biodiversa et Biodiversa+ depuis leur lancement (rassemblent plus de 35 % des projets « biodiversité » financés par les appels internationaux et européens).
- Depuis le passage à l'AAPG, les principaux axes de la communauté sont « Terre vivante » (22 à 25 % des projets « biodiversité » financés par l'AAPG) et « Biologie des organismes » (13 à 19 %). Cette prépondérance est encore plus nette sur la période récente. Notons parmi les axes secondaires (35,5 % des projets), par ordre décroissant de pourcentage de projets « biodiversité » financés : « Dynamique des

Figure 29 : Résultat de la classification hiérarchique descendante obtenue par la méthode de Reinert (à l'aide du logiciel IRaMuTeQ) sur les résumés des projets « biodiversité » financés par l'ANR pendant la période 2020-2022, tous appels confondus.



socio-écosystèmes », « Interaction humain-environnement », « One Health », « Terre fluide et solide », « Contaminants écosystèmes et santé ».

Quelques indices apparaissent d'un changement d'appréhension de la thématique par les communautés scientifiques, qui restent cependant à interpréter avec prudence. Ainsi, l'analyse lexicométrique fait ressortir une bipartition disciplinaire qui ressemble à celle de la période 2005-2019, mise en évidence plus haut, mais dans des proportions sensiblement différentes.

- Comme indiqué plus haut, les projets émergent toujours à parts presque égales entre les axes « Terre vivante » (écologie) et « Biologie des organismes » (biologie de l'évolution). Cependant, la distribution thématique des segments de texte (les contenus textuels des résumés) bascule nettement du côté de l'écologie. En effet, à peine 30 % des segments de textes des résumés sont classés en « biologie de l'évolution » sur les projets « biodiversité » de la période 2020-2022, contre presque 48 % sur la période 2005-2019. Ceci indiquerait une évolution thématique des projets relevant de la « biologie des organismes », qui endosseraient plus largement les questions écologiques dans leurs approches biologiques, révélant ainsi une appropriation plus large des enjeux de l'écologie et des approches écosystémiques.

- Une thématique large relative à l'observation spatiale et temporelle de la Terre et des écosystèmes apparaît, regroupant la paléoécologie, l'observation spatiale ou l'étude des dynamiques écologiques par télédétection.

- Sous l'impulsion des deux appels PRIMA, les thématiques agricoles ressortent clairement du côté des approches écosystémiques,

déployant les sujets autour de trois axes : la sécurité alimentaire, les cultures agricoles méditerranéennes et la relation entre élevage et alimentation.

- L'étude de la rhizosphère n'apparaît plus en tant que telle. En revanche, les sols sont pleinement présents au sein de sujets tels que le stockage du carbone, l'évolution des grands cycles biogéochimiques et l'écotoxicologie.

Ces évolutions récentes peuvent être exacerbées par la part importante des appels thématiques internationaux – au sein d'une courte période d'observation – qui sont également le reflet de la nécessité de traiter les questions de biodiversité, non seulement à un niveau national, mais aussi international. Le contexte écologique global a également beaucoup évolué, marqué par l'épisode de la Covid-19 et les questionnements systémiques qui en ont découlé, tels que les conséquences des changements de biodiversité « naturelle » sur les processus de propagation des maladies à l'échelle des écosystèmes. Il peut avoir influencé les réflexions des chercheurs au sein de leurs disciplines respectives.

Conclusion & perspectives

Une grande diversité thématique

L'analyse réalisée sur les projets financés par l'ANR entre 2005 et 2022, et leur répartition en différents thèmes de recherche mis en évidence par l'analyse lexicométrique de leurs résumés, décrivent une grande diversité thématique. On retrouve en particulier tout le gradient disciplinaire, depuis l'écologie des écosystèmes jusqu'aux sciences de l'évolution : la biogéochimie, la physiologie, l'écologie fonctionnelle, l'écologie des communautés, l'écologie des populations, la génétique, l'évolution, etc. Néanmoins, les disciplines des sciences humaines et sociales sont peu présentes sur la période étudiée. Les recherches sont réalisées dans divers types d'écosystèmes et milieux, pour différentes échelles temporelles et spatiales ainsi que différents niveaux d'organisation du vivant (approches micro et macro). Les objets des recherches finalisées sont également variés et tournent autour de deux grands objectifs : l'amélioration de l'agriculture et la conservation de la biodiversité. Cela suggère que les appels à projets de l'ANR ont bien capturé toute la diversité des thèmes classiques des sciences de l'écologie et de l'évolution.

Émergences d'innovations épistémologiques

L'analyse laisse entrevoir l'émergence récente d'une forme d'hybridation entre différentes approches scientifiques telles que l'écologie fonctionnelle et l'écologie évolutive. Elle est souvent facilitée par l'utilisation d'outils innovants qui permettent de surmonter les verrous méthodologiques et pratiques. Par exemple, dans le cas de l'écologie, l'utilisation de techniques telles que l'ADN environnemental et le *barcoding*, au-delà d'une collecte d'informations et du suivi de la biodiversité à grande échelle, peuvent aider à pallier certaines lacunes en matière d'expertise taxonomique. Cependant, s'ils permettent de cerner de nouvelles espèces, ils ne permettent un assignement fiable que si des bases de données de référence sont suffisamment densément remplies pour être informatives. Bien souvent, ces références fondamentales manquent. Les perspectives nouvelles ainsi ouvertes d'évaluation de l'architecture des réseaux écologiques nécessitent des recherches taxonomiques ou systématiques pour assurer l'interprétation de ce nouveau type de données.

Cette hybridation méthodologique et épistémique est productrice d'innovations fortes au plan scientifique, épistémique et conceptuel. De telles émergences, produits d'une interdisciplinarité forte, sont encore peu visibles avec les sciences humaines et sociales, probablement parce qu'elles ne sont pas encore véritablement intégrées dans les formations et les laboratoires, les bureaux d'études et les entreprises. Il est donc nécessaire de continuer à encourager ces hybridations et à promouvoir l'utilisation de telles méthodes pour faire progresser la connaissance de la biodiversité car ce domaine de recherche reste encore aujourd'hui une vaste inconnue, malgré des champs d'investigation foisonnants.

Aller vers plus d'études des interactions entre la biodiversité et les sociétés humaines

La notion de sciences de la biodiversité devrait impliquer une vision très intégrative incluant *a priori* l'ensemble des interactions entre la biodiversité et les sociétés humaines. Cette vision est cruciale dans le cadre des changements globaux induits par les sociétés et la crise de la biodiversité.

Les activités humaines à la fois dépendent de, interagissent avec et peuvent être fortement dommageables pour la biodiversité : l'abondance de nombreux groupes diminue fortement, de nombreuses espèces sont conduites à l'extinction, le fonctionnement des

écosystèmes se dégrade et de nombreux écosystèmes sont eux-mêmes menacés.

À la fois pour assurer la survie de la biodiversité et celle de nos sociétés, fortement basées sur cette biodiversité, il est reconnu que nous devons profondément transformer les comportements humains pour atteindre plus de durabilité. L'étude des mécanismes directs (les pressions sur la biodiversité) et indirects (les systèmes économiques, politiques, les facteurs sociétaux, psychologiques et culturels) agissant sur la biodiversité, ainsi que celle des rétroactions sur les sociétés humaines, requiert des efforts de recherche particuliers, à la fois pour analyser toutes les interactions, établir des recommandations permettant de tendre vers plus de durabilité dans les socio-écosystèmes et repenser les relations entre les humains et la biosphère.

Des recherches étudiant finement les interactions entre les différents processus humains (sociaux, économiques, politiques, psychologiques, etc.) et tous les processus gouvernant la biodiversité (du recyclage des nutriments minéraux à l'évolution des organismes vivants) sont donc nécessaires.

Ce type de recherches n'apparaît pas clairement dans l'analyse des projets financés par l'ANR. Bien sûr, de nombreux projets sont en lien avec la crise environnementale et décrivent, par exemple, la dépendance de nos sociétés vis-à-vis de la biodiversité (via les services écosystémiques) ou recherchent de nouvelles pratiques plus favorables à la biodiversité (par exemple dans le cadre de l'agro-écologie). S'il convient de continuer d'encourager ces coconstructions interdisciplinaires fortes, une analyse plus approfondie, ne se limitant pas aux seuls résumés de candidature, permettrait de mettre en évidence plus finement l'évolution des pratiques scientifiques.

Interroger la coconstruction et la restitution aux parties prenantes

Recherche/action, recherche participative, recherche/intervention, participation citoyenne en recherche, etc., beaucoup de discours politiques et scientifiques se réclament d'une forme de participation, sans préciser la multitude de réalités qu'elle recouvre. Tout d'abord, elle renvoie à différents niveaux d'implication des acteurs et à plusieurs stades possibles de développement d'un projet collaboratif. Très souvent, la participation se limite à une simple consultation des acteurs locaux dans un objectif de restitution, pour faire valider une démarche ou un projet. L'implication d'autres acteurs que ceux de la recherche dès l'amont, depuis l'émergence de l'idée de projet et la définition des objectifs jusqu'à l'implication dans la conduite du projet de recherche, est beaucoup plus rare – il en va de même dans le corpus des projets analysés. La montée de la participation accompagne la recherche dans les sujets qu'elle s'autorise à traiter ou pas. Enfin, la contribution de ces acteurs à la collecte, au traitement des données et à l'analyse des résultats, est encore souvent peu présente.

Pourtant, la participation effective, jusqu'à l'interprétation des résultats pour proposer des recommandations, rend compte d'une véritable coconstruction. Cette confrontation des points de vue des acteurs tout au long du processus se différencie alors des sciences citoyennes portées par des associations et ONG en dehors des programmes de recherche. Dans le champ de la biodiversité, les démarches de coconstruction et de sciences citoyennes appuient la mise en débat au sein de la société afin de traiter de nouvelles questions qui vont notamment intégrer les enjeux d'exploitation (ressources), de droits des non-humains (éthique), etc. Cette ouverture suit l'évolution du concept de biodiversité qui a quitté son statut d'objet en écologie scientifique pour redevenir un enjeu de société.

Limites de la méthode d'analyse

L'analyse des projets financés par l'ANR sur la période 2005-2022, présentée dans cette étude, si elle offre un panorama complet, montre aussi certaines limites. La méthode d'analyse lexicométrique utilisée n'a pas permis, au sein d'un corpus de textes aussi important et d'une telle diversité thématique, de détecter les sujets émergents discrets ou à bas bruit (faible nombre de forme et/ou complexité de leurs assemblages). Par ailleurs, sans une analyse comparative avec les projets déposés et non financés, il est difficile de distinguer des thèmes orphelins et leurs dynamiques. Enfin, une étude plus approfondie, notamment de l'impact de ces projets de recherche, permettrait d'analyser plus finement les aspects d'interdisciplinarité ou de coconstruction avec une variété de porteurs d'enjeux.

Recommandations

Les résultats obtenus par cette première exploration sont intéressants. Il serait utile d'en élargir l'application aux résultats des recherches, ou aux documents présentant de façon plus détaillée la démarche de recherche envisagée. L'enquête conduite ici sur un échantillon de projets a permis de repérer les volets conceptuels, méthodologiques et d'impact déployés par les chercheurs. Il serait alors possible d'évaluer comment, par exemple, les questions de rétroactions de la biodiversité sont prise en main, sur des enjeux sociétaux tels que le climat, les socio-écosystèmes ou la santé.

De manière plus générale, les recherches actuelles préfigurent les évolutions futures de nos sociétés et notre capacité à répondre à la crise du climat et de la biodiversité. L'analyse des projets « biodiversité » effectuée par notre étude a permis de mieux comprendre les processus générateurs de diversité biologique, le fonctionnement de cette biodiversité, les relations entre biodiversité et sociétés humaines, et les bénéfices qu'elle leur apporte. À l'aulne du présent travail, il serait intéressant d'interroger ces recherches pour identifier la proportion du financement de l'ANR contribuant *in fine* à potentiellement améliorer les relations entre les sociétés humaines et la biodiversité, ou au contraire à les dégrader, un peu de la même manière que l'on peut estimer le pourcentage des subventions et des dispositifs fiscaux mis en place par l'État français favorisant ou défavorisant la biodiversité (ou le climat). La question peut notamment se poser pour les projets portant sur des développements technologiques. Certes, le développement de nouvelles technologies est nécessaire (y compris pour résoudre la crise environnementale), mais on sait aujourd'hui qu'un développement non éclairé, sans approche systémique, et surtout la croyance qu'il pourra remplacer les processus écologiques et la biodiversité, sont en partie responsables de la crise environnementale.

Plusieurs recommandations peuvent être formulées.

Poursuivre la recherche fondamentale : la biodiversité, toujours une grande inconnue

La perte continue et massive de biodiversité ainsi que les profondes altérations qui pèsent sur elle font désormais l'objet d'un très large consensus et sont devenues une préoccupation essentielle pour toute société. Les 1 770 projets « biodiversité » ont contribué à améliorer la compréhension des mécanismes de régulation de la biodiversité, cruciale à sa conservation. Ils participent à l'exploration de la dynamique et la complexité des écosystèmes, et des interactions entre les organismes et leur environnement ou entre eux. Cependant, la connaissance de la diversité de ces organismes demeure

profondément lacunaire. Deux millions d'espèces sont actuellement connues et il n'en resterait pas moins de huit millions à décrire ! Et que dire des interactions entre ces espèces, entre les individus au sein des communautés et des écosystèmes ? La biodiversité reste encore aujourd'hui une grande inconnue. Or, concevoir la complexité des relations entre les organismes, avec une connaissance si fragmentaire, se révèle une activité périlleuse. Il est essentiel de continuer à promouvoir l'observation, la modélisation et la conceptualisation des écosystèmes et des organismes qui les composent, à diverses échelles spatiotemporelles et de complexité, afin de les décrire et de mieux les comprendre. L'acquisition de ces connaissances se situe à l'interface de plusieurs disciplines et s'avère indispensable pour évaluer les changements dans la biodiversité et leurs effets profonds sur les écosystèmes et les sociétés humaines qui en dépendent.

Soutenir une interdisciplinarité forte

Comment l'ANR pourrait-elle mieux accompagner le développement de nouvelles recherches favorisant la résolution de la crise de la biodiversité et favorisant une plus grande durabilité des relations entre sociétés humaines et biodiversité ?

Un premier constat est que nous sommes dans une situation historiquement inédite. L'accumulation des alertes scientifiques depuis 50 ans au moins a abouti à une prise de conscience collective récente : les modes de vie, les progrès technologiques, envisagés comme continus et durables, se révèlent aujourd'hui produire, pour partie, la crise environnementale qui menace la survie de nombreuses espèces, dont l'espèce humaine. Un tel constat entraîne un renversement de paradigme qui se traduit encore trop peu par des actions concrètes, par de nécessaires transformations socio-économiques, fussent-elles difficiles à mettre en place.

Cet inédit sociétal se répercute sur la recherche : une partie significative des recherches doit s'organiser pour accompagner les transformations des systèmes socio-économiques. Une telle évolution n'est pas chose aisée. Par exemple, la nécessité de plus d'interdisciplinarité forte (à la fois quantitativement et par la qualité et le degré de l'interdisciplinarité) n'est pas facile à mettre en place, notamment parce qu'elle est susceptible de remettre en cause, au moins partiellement, le fonctionnement disciplinaire du monde académique.

Si les analyses présentées dans cette étude montrent une grande diversité de projets financés sur la biodiversité, les résultats suggèrent qu'il n'y a pas, pas encore, assez de projets interdisciplinaires financés, alliant intimement sciences de la nature et sciences humaines et sociales, alors que l'on sait aujourd'hui que ces recherches sont indispensables pour résoudre, ou au moins atténuer, la crise de la biodiversité.

Au-delà du soutien indispensable que doit apporter l'ANR, favoriser l'interdisciplinarité nécessitera certainement, d'une part, de repenser la façon de recruter et évaluer les chercheurs et enseignants-chercheurs et, d'autre part, de restructurer les laboratoires pour que l'interdisciplinarité soit incluse dans leurs objectifs.

Une réflexion élargie serait utile pour envisager la façon dont les structures de pilotage et d'administration de la recherche peuvent accompagner les transformations nécessaires. En préfiguration de telles actions, l'ANR, dans son Plan d'action 2022-2024, a mis en place, en particulier au sein de l'AAPG, des domaines transverses encourageant le développement de recherches interdisciplinaires (par exemple l'axe H1 « Sciences de la durabilité », l'axe H6 « Dynamique des socio-écosystèmes et de leurs composants », ou l'axe H16 « Interfaces : mathématiques, sciences du numérique – sciences du système Terre

et de l'environnement »). Il sera utile d'en faire le bilan lorsque les communautés de recherche se seront pleinement saisies de ces nouvelles voies de construction de leurs projets.

Poursuivre l'accompagnement des communautés de recherche à mesure que le champ thématique de la biodiversité évolue

Dans le passé, les programmes thématiques de l'ANR, tels que Agro-Biosphère, Biodiversité ou Sixième Extinction, avaient suscité de nombreuses propositions de projets de recherche sur des thèmes ciblés (respectivement l'agro-écologie et la crise de la biodiversité). La programmation de l'ANR a ensuite été réorganisée, non seulement autour d'axes thématiques sur la biodiversité, naturelle ou cultivée, mais également autour d'axes transverses permettant une incitation au développement de projets plus interdisciplinaires. Au vu des résultats des analyses et des réflexions tirées de cette étude, on peut se demander s'il ne serait pas opportun, aujourd'hui, de soutenir la recherche s'appuyant sur une démarche de coconstruction avec les acteurs de la société, de sorte que certains aspects des changements transformateurs y soient plus explicitement traités. Ceci passera probablement par davantage d'inter- et de trans-disciplinarité, à l'instar de l'axe H1 « Science de la durabilité ». Des appels internationaux, auxquels l'ANR contribue financièrement, sont également lancés pour appeler la communauté des chercheurs à explorer des thématiques innovantes. Des bilans approfondis, tel que le travail conduit dans le cadre de l'ERA-Net Biodiversa, devraient permettre d'évaluer, parmi les recherches facilitées, celles qui allient finement sciences de la biodiversité et sciences humaines et sociales, ainsi que celles qui sont coconstruites avec les acteurs de la société, et contribuent à mieux comprendre et à éclairer les trajectoires et chemins d'impact réciproques.

Panorama des projets financés

L'Agence nationale de la recherche (ANR) remercie les coordinateurs et les coordinatrices des projets qui ont fourni les informations pour la réalisation des fiches projets illustrant ce panorama. Cette sélection témoigne de la diversité des actions et dispositifs de financement mobilisés par l'ANR pour la recherche sur la biodiversité. La méthodologie de recueil des fiches est détaillée en annexe 5.

Sommaire

p. 84	___ AFRODYN	p. 112	___ GRaSP
p. 85	___ AGRHUM	p. 113	___ GrassLandscape
p. 86	___ ALIEN	p. 114	___ HAPAR
p. 87	___ AlternApp	p. 115	___ HydroGen
p. 88	___ ANCESTRA	p. 116	___ ILETOP
p. 89	___ Anofeel	p. 117	___ InvaCost
p. 90	___ ARSENIC	p. 118	___ M6fossils
p. 96	___ BearConnect	p. 119	___ MARINALGAE4aqua
p. 92	___ BIGLY	p. 120	___ MARIS
p. 93	___ BIO-Tide	p. 121	___ MICROREGAL
p. 94	___ BirdIslandGenomic	p. 122	___ NICE CROPS
p. 95	___ CAMED	p. 123	___ NOOT
p. 96	___ CARIOCA	p. 124	___ Origin-Alps
p. 97	___ CEMMU	p. 125	___ OUTPACE
p. 98	___ CLIMSEX	p. 126	___ P3
p. 99	___ CLIMTREE	p. 127	___ PAVIS
p. 100	___ CytoSexDet	p. 128	___ POLLINET
p. 101	___ DIVERCROP	p. 129	___ PRIME TRADEOFFS
p. 102	___ ENVICOPAS	p. 130	___ PSYCHE
p. 103	___ EnViRoS	p. 131	___ SPECREP
p. 104	___ FlyScreen	p. 132	___ SPHINX
p. 105	___ ForRISK	p. 133	___ SWING
p. 106	___ FRIMOUISS	p. 134	___ URBASTRESS
p. 107	___ FROG		
p. 108	___ FunctionalStreams		
p. 109	___ GENOMITE		
p. 110	___ GenoPopTaille		
p. 111	___ GOVENPRO		

AFRODYN

Forêts tropicales humides d'Afrique centrale : dynamiques passées et résiliences futures

Rappel des objectifs

AFRODYN se concentre sur les forêts tropicales d'Afrique centrale où la flore locale est fortement menacée. Le principal enjeu est d'améliorer la compréhension de la dynamique passée et le potentiel de résilience future des forêts tropicales humides qui produira des données vitales pour une meilleure conservation et gestion de cette biodiversité. Les questions majeures adressées par ce projet sont : comment les espèces se sont-elles adaptées aux changements passés ? Comment la diversité génétique sera-t-elle impactée par les changements climatiques futurs ? Le projet utilise une approche multi-espèce basée sur un des plus grands jeux de données génétiques jamais produit pour des espèces de plantes africaines.

Les objectifs sont de tester les différentes hypothèses sur les dynamiques passées de la forêt en Afrique centrale intra- et inter-espèces et de prédire le potentiel de résilience de cet écosystème face aux changements climatiques futurs. Pour cela, une approche de phylogéographie comparative est utilisée, combinée à la modélisation d'une niche écologique simultanément sur sept espèces de plantes. Pour tous les individus échantillonnés, les chercheurs ont séquencé ~300 marqueurs nucléaires. La modélisation de la distribution des espèces dans le futur a ensuite été intégrée aux données sur la distribution de la diversité génétique pour générer des cartes thermiques qui montreront les régions à forte priorité pour la conservation.

Résultats majeurs

Les résultats majeurs sont la création d'un kit de marqueurs nucléaires pour *Annonaceae*, l'échantillonnage et le séquençage de plus de 700 individus, la reconstruction de la dynamique évolutive des sept espèces en Afrique tropicale, l'encadrement d'étudiants en thèse et en Master I et II, une soutenance HDR en 2017 et l'obtention d'un financement ERC Consolidator en 2020.

Production scientifique et valorisation

Brée B., et al. (2020) Diversification of African Rainforest Restricted Clades: Piptostigmateae and Annickieae (Annonaceae). *Diversity* 12, p. 227.

Couvreur TLP., et al. (2019) Phylogenomics of the major tropical plant family Annonaceae Using targeted enrichment of nuclear genes. *Frontiers in Plant Science*, 9, p. 1941.

Helmstetter A.J., et al. (2020a) Individualistic evolutionary responses of Central African rain forest plants to Pleistocene climatic fluctuations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117, pp. 32509-32518.

Helmstetter A. J., et al. (2020b) Phylogenomic approaches reveal how climate shapes patterns of genetic diversity in an African rain forest tree species. *Molecular Ecology*, 29, pp. 3560-3573.

Début du projet : octobre 2015 | Durée : 66 mois | Instrument : JCJC | Financement ANR : 297 715 €

Coordination

Thomas Couvreur – thomas.couvreur@ird.fr – UMR 232 DIADE, Université de Montpellier, IRD

Une forêt tropicale humide primaire dans les Monts de Cristal au Gabon.
© TLP Couvreur, juin 2016



AGRUM

Étude de l'adaptation génétique aux changements environnementaux rapides : l'agriculture et le modèle humain

Rappel des objectifs

L'enjeu de cette étude est l'exploration de la façon dont le passage d'un mode de vie basé sur la chasse et la cueillette à un mode de vie sédentaire et basé sur l'agriculture a modifié l'histoire démographique et adaptative de notre espèce. Le projet AGRUM vise à accroître notre compréhension des processus d'adaptation génétique à l'œuvre lors d'une modification rapide de l'environnement. Il utilise principalement des approches de génétique des populations

Résultats majeurs

Les analyses ont mis en évidence une histoire démographique contrastée entre populations de chasseurs-cueilleurs et d'agriculteurs d'Afrique, avec des changements très importants de taille efficace tout au long de leur histoire. Malgré ce passé contrasté, ces groupes de populations conservent la même capacité à purger les mutations délétères et ainsi la même efficacité de la sélection. Les chercheurs ont également identifié des fonctions biologiques, impliquées notamment dans la défense de l'humain contre les pathogènes, ayant contribué à l'adaptation de ces populations à leur environnement. Ce projet a permis la formation d'un thésard et l'identification, pour la première fois dans notre espèce, de la nature adaptative du métissage.

Production scientifique et valorisation

Lopez M., et al. (2018) The demographic history and mutational load of African hunter-gatherers and farmers. *Nature Ecology and Evolution*, 2(4), pp. 721-730.

Laval G., et al. (2019) Recent adaptive acquisition by African rainforest hunter-gatherers of the late Pleistocene sickle-cell mutation suggests past differences in malaria exposure. *The American Journal of Human Genetics*, 104(3), pp. 553-561.

Lopez M., et al. (2019) Genomic evidence for local adaptation of hunter-gatherers to the African rainforest. *Current Biology*, 29(17), pp. 2926-2935.e4.

Patin E., et al. (2017) Dispersals and genetic adaptation of Bantu-speaking populations in Africa and North America. *Science*, 356(6337), pp. 543-546.

Début du projet : 2014 | Durée : 48 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 493 147 €

Partenaires

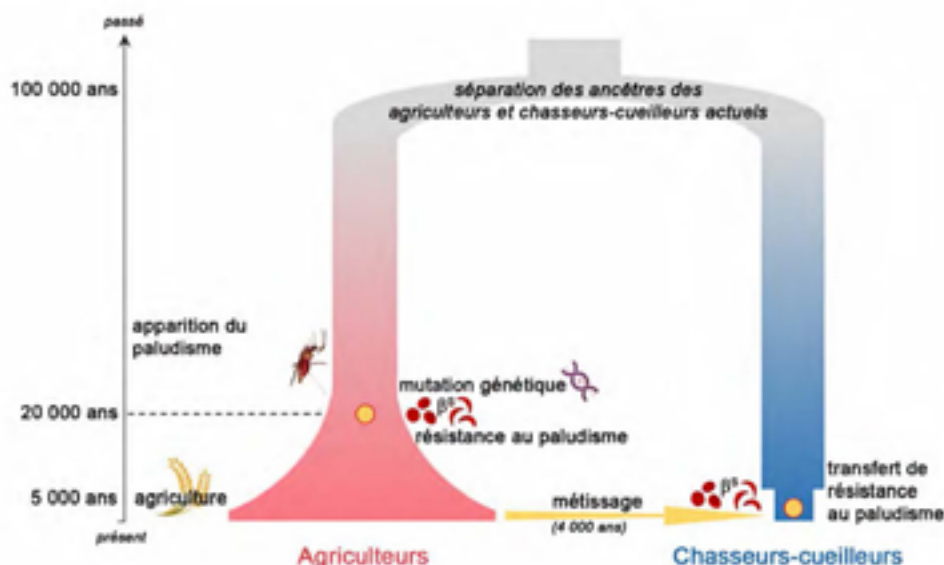
UMR 5525 TIMC, Université Grenoble Alpes | UMR 7206
 Éco-Anthropologie, MNHN, CNRS, Université de Paris

Coordination

Lluís Quintana-Murci – quintana@pasteur.fr –
 UMR 2000 GEMS, Institut Pasteur

Schéma simplifié de l'histoire démographique des agriculteurs et des chasseurs-cueilleurs de l'Afrique centrale, obtenue à partir des données génomiques. La mutation β^S , conférant une résistance au paludisme, serait apparue il y a plus de 20 000 ans chez les ancêtres des agriculteurs et aurait été transmise aux chasseurs-cueilleurs il y a environ 4 000 ans par métissage.

© Institut Pasteur



ALIEN

Évaluation des effets à long terme des espèces d'arbres envahissantes sur la fonction de protection des forêts contre les chutes de pierres en Suisse et en France : le cas d'*Ailanthus altissima* (arbre du ciel)

Rappel des objectifs

Ailanthus altissima, aussi dénommé Ailante ou arbre du ciel, est un feuillu importé de Chine en Europe au XVIII^e siècle comme ornement ou pour l'élevage du bombyx de l'Ailante, pour la production de soie. C'est devenu une espèce envahissante qui colonise rapidement en particulier les zones perturbées. Cet arbre est difficile à éradiquer en raison de sa capacité à repousser après la coupe. Par conséquent, les forêts, principalement dans les régions chaudes et méridionales des Alpes, sont de plus en plus envahies par l'Ailante. Bon nombre de ces forêts poussent sur des pentes abruptes et protègent les établissements humains et les infrastructures contre les risques naturels, comme les chutes de blocs. L'objectif du projet ALIEN était, d'une part, d'accroître les connaissances sur la dissémination à long terme d'*Ailanthus altissima* dans les peuplements forestiers des Alpes du Sud et, d'autre part, d'évaluer l'effet des populations d'*Ailanthus altissima* sur la capacité de protection des forêts contre les chutes de blocs.

Nous avons collecté des données sur le terrain pour établir les facteurs déterminants de l'établissement de l'Ailante dans les forêts du sud de la Suisse. Des analyses des cernes des arbres et des mesures automatisées de la croissance du diamètre pour quantifier le potentiel de croissance d'*Ailanthus altissima* ont également été effectuées. Nous avons utilisé diverses expériences sur le terrain et en laboratoire ainsi que des modèles numériques pour caractériser la réponse mécanique de l'Ailante à l'impact d'un bloc. Nous avons ensuite réalisé des simulations des effets de perturbation sur les peuplements forestiers contenant *Ailanthus altissima*, et produit des analyses de risque pour différents scénarios forestiers basés sur les résultats de la simulation.

Résultats majeurs

La dissémination de l'Ailante est principalement due à la forte disponibilité de la lumière et elle augmente donc avec des perturbations. La capacité de réduction d'énergie de l'Ailante se situe dans l'aire de répartition des espèces que l'on trouve typiquement sur les pentes sujettes aux chutes de pierres dans les Alpes. Par conséquent, le risque d'atteinte des enjeux en amont de ces peuplements ne devrait pas augmenter de manière substantielle suite à l'expansion de l'Ailante, à condition que la structure de la forêt ne change pas de manière substantielle.

Les résultats du projet ALIEN ont permis une extension du réseau de collaboration, ainsi que des financements complémentaires.

Production scientifique et valorisation

Le projet a donné lieu à plus de 10 publications scientifiques dans des revues à comité de lecture. Celles-ci couvrent les principaux résultats sur l'écologie et les propriétés mécaniques d'*Ailanthus altissima*. Elles font également état de la façon dont l'arbre peut être représenté dans des modèles numériques, et recensent les évaluations du risque de chute de blocs.

Début du projet : 2014 | Durée : 48 mois |
Instrument : PRCI | Financement ANR : 233 244 €

Partenaire
Haute école spécialisée Bernoise (Suisse)

Coordination
Björn Reineking – bjoern.reineking@inrae.fr – INRAE

Expérience de chute de blocs pour caractériser les propriétés mécaniques des arbres (boule de granit 56 kg, vitesse d'impact 50 km/h).
© INRAE Grenoble



AlternApp

Modélisation intégrative des fruits vers un système de sélection unifié

Rappel des objectifs

De nombreuses espèces fruitières, dont le pommier, sont sensibles à l'alternance de floraison/production. Elles sont fragiles face aux aléas climatiques (gelées de printemps, températures élevées, sécheresses) qui peuvent induire l'alternance. Le principal objectif de ce projet est d'étudier les contrôles génétiques et environnementaux de l'induction florale (IF), qui sont à la base du phénomène d'irrégularité de floraison chez les espèces fruitières. Les chercheurs ont exploré deux hypothèses concernant le contrôle de l'IF par des approches de génétique, de génomique et d'écophysiologie. Des populations en ségrégation ont été étudiées pour leur floraison et alternance sur plusieurs années pour rechercher les zones du génome associées et identifier des gènes (dits candidats) responsables des différences variétales. L'expression de ces gènes dans les bourgeons a été quantifiée et des variations de séquences recherchées. Les chercheurs ont aussi exploré la variation de la photosynthèse des feuilles et la compétition entre organes pour les nutriments et les hormones, notamment entre les fruits et les méristèmes apicaux où se produit l'IF.

Résultats majeurs

Des zones du génome ont été associées à l'alternance chez une population multifamille. Les études d'expression de gènes candidats (GC) ont montré lesquels sont susceptibles d'être les plus impliqués dans la dynamique de l'IF. De nouveaux GC ont été recherchés par un séquençage par capture et leurs variations alléliques ont été explorées chez les parents et des descendants contrastés pour leur comportement, afin de sélectionner celles qui engendrent une modification de fonction. Au plan physiologique, les chercheurs ont quantifié et modélisé l'action positive des feuilles et inhibitrice des fruits, impliquant possiblement les gibbérellines, sur l'IF en fonction de la position relative des organes et de leur distance. Un modèle de transfert d'information au sein d'un arbre (hormones et carbohydrates) a été conçu. Il permet de rendre compte de l'hétérogénéité intra-arbre du devenir des bourgeons (floraux/végétatifs). L'extension de ces résultats, de façon connexe au projet, à des génotypes contrastés a montré l'implication des mêmes déterminants chez tous les génotypes avec cependant un profil physiologique spécifique à chacun d'eux.

Production scientifique et valorisation

Belhassine F., *et al.* (2019) Impact of within-tree organ distances on floral induction and fruit growth in apple tree: Implication of carbohydrate and gibberellin organ contents. *Frontiers in Plant Science*, 10.

Belhassine F., *et al.* (2020) Modelling transport of inhibiting and activating signals and their combined effects on floral induction: application to apple tree. *Scientific Reports*, 10(1), p. 13085.

Costes E., *et al.* (2017) Deciphering genetic and physiological determinants of alternate bearing in apple tree. In: *International Symposium on Flowering. Fruit Set and Alternate Bearing*, Palerme, Italy.

Ngao J., *et al.* (2021) Spatial variability in carbon- and nitrogen-related traits in apple trees: the effects of the light environment and crop load. *Journal of Experimental Botany*, 72(5), pp. 1933-1945.

Belhassine F., *et al.* (2022) A genotype-specific architectural and physiological profile is involved in the flowering regularity of apple trees. *Tree Physiology*, 42, pp. 2306-2318.

Début du projet : 2014 | Durée : 48 mois |
Instrument : PRCI | Financement ANR : 158 000 €

Partenaires

UMR 547 PIAF, Université Clermont Auvergne, INRAE |
 Julius Kuhn Institut (Allemagne) | Universität Hohenheim
 (Allemagne)

Coordination

Evelyne Costes – evelyne.costes@inrae.fr –
 UMR 1334 AGAP, Cirad, INRAE

Contraste de floraison entre deux arbres voisins de la collection de diversité variétale au printemps, implantée à l'unité expérimentale INRAE Diascope : l'arbre de gauche est très fleuri (ON) alors que celui de droite est sans fleurs (OFF).

© B. Guitton, INRAE AGAP Institut, Montpellier.



ANCESTRA

Caractérisation du peuplement de la France depuis le Néolithique et jusqu'au haut Moyen Âge grâce à l'ADN ancien

Rappel des objectifs

L'enjeu principal du projet ANCESTRA est l'exploration des techniques de paléogénomique pour la compréhension des populations passées.

Malgré une richesse archéologique et historique bien connue, peu de données paléogénomiques étaient disponibles pour la France. L'objectif du projet ANCESTRA était donc d'étudier les origines et la dynamique du peuplement de la France en associant culture et génétique. Nous avons choisi de nous intéresser à une période chronologique qui s'étend du Mésolithique au haut Moyen Âge, période au cours de laquelle sont survenus de profonds changements technologiques, culturels et sociaux tels que l'invention de l'agriculture, la sédentarisation ou la maîtrise de la métallurgie. Au niveau géographique, le choix s'est porté sur trois régions, les Hauts de France, le Grand Est et l'Occitanie. Un second aspect du projet était d'étudier l'état sanitaire de ces populations afin de retracer l'effet des migrations sur l'émergence et la virulence de certaines maladies, en particulier en analysant l'ADN du microbiome oral préservé dans le tartre.

Un corpus de plus de 800 échantillons provenant de nombreux sites archéologiques a été constitué. L'ADN a été extrait principalement à partir de la partie pétreuse de l'os temporal, région la plus propice à la préservation de l'ADN *post-mortem*, mais aussi de dents et de quelques os longs. Le séquençage à haut débit de l'ADN ainsi extrait a permis de déterminer la proportion d'ADN humain correspondant à l'individu par rapport à l'ADN environnemental provenant des bactéries et autres micro-organismes du sol. Cette étape permet d'évaluer la qualité de préservation de l'ADN *post-mortem*. En fonction de la préservation, deux types d'approches ont été utilisées, la capture pour enrichir les échantillons mal préservés en séquence d'intérêt et une approche de type « shotgun » pour les autres.

Résultats majeurs

Le projet ANCESTRA a permis la constitution d'un très large corpus de données archéogénomiques. Grâce à ces données, nous avons mis en évidence qu'après la dernière période glaciaire, deux grands épisodes de migration ont enrichi et partiellement remplacé le pool génétique paléolithique européen. Ces deux événements de migration sont associés à des changements culturels majeurs qui sont la base de nos sociétés actuelles, l'invention de l'agriculture et la métallurgie. En revanche, nous avons observé une relative continuité entre l'âge du Bronze et l'âge du Fer.

Ce projet participe également à la constitution d'un vaste réseau d'archéologues au niveau national, soutenu par l'Inrap dans le cadre d'un Projet d'activité scientifique (PAS) pour réaliser l'échantillonnage. Enfin, plusieurs séries étudiées au cours du projet ANCESTRA ont fait l'objet d'études pluridisciplinaires, en particulier d'analyses isotopiques au sein desquelles les résultats génétiques seront intégrés, permettant une relecture complète du site et une approche très fine des processus mortuaires.

Production scientifique et valorisation

Outre la participation à de nouveaux projets de recherche collaborative et la publication dans des revues internationales, le projet a permis la création d'une base de données ainsi que des actions de vulgarisation et communication auprès du grand public (sites web, conférences, tables rondes).

Arzelier A., et al. (2022) Neolithic genomic data from southern France showcase intensified interactions with hunter-gatherer communities. *iScience*, 25(11), p. 105387.

Brunel S., et al. (2020) Ancient genomes from present-day France unveil 7,000 years of its demographic history. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, pp. 117, 12791-12798.

Dedet B., et al. (2022) L'infanticide féminin en question chez les Gaulois du Midi : l'apport des analyses ADN sur les nouveau-nés enterrés dans les habitats de l'âge du Fer. *Gall. Archéologie Gaules*, 79, pp. 27-46.

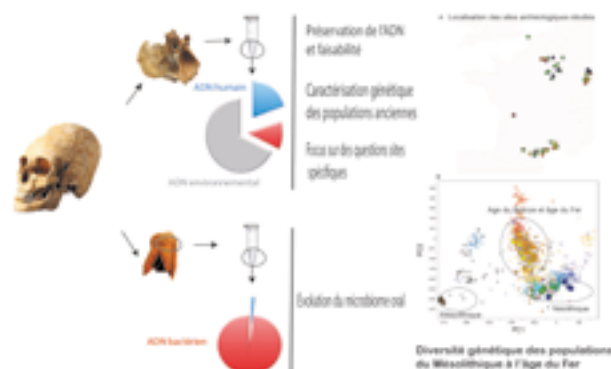
Fischer C.-E., et al. (2022) Origin and mobility of Iron Age Gaulish groups in present-day France revealed through archaeogenomics. *iScience*, 25(4), p. 104094.

Début du projet : 2015 | Durée : 60 mois |
Instrument : JCJC | Financement ANR : 335 458 €

Partenaire
UMR 7592 Institut Jacques Monod, CNRS, Université Paris Cité

Coordination
Mélanie Pruvost – melanie.pruvost@u-bordeaux.fr –
UMR 5100 PACEA, CNRS, Université de Bordeaux

Représentation schématique des étapes et des problématiques du projet ANCESTRA et des résultats obtenus pour les populations anciennes du Mésolithique à l'âge du Fer (de 7000 avant notre ère à 50 avant notre ère).
© M. Pruvost



Anofeel

Comment les femelles d'anophèles cherchent les mâles ?

Rappel des objectifs

L'objectif était d'identifier la nature des signaux utilisés par les femelles d'anophèles, vecteurs du paludisme, pour détecter, reconnaître et rejoindre les essaims d'espèces spécifiques de mâles dans lesquels elles viennent s'accoupler. En effet, les mâles forment des essaims essentiellement monospécifiques à la tombée de la nuit et pendant un court laps de temps (20 minutes). Les femelles rejoignent ces essaims pour y chercher un partenaire et s'accoupler une seule et unique fois au cours de leur vie. Pour cette raison, les signaux utilisés par les femelles pour accomplir cette tâche devraient être fortement sélectionnés et peuvent être mis en évidence *via* des tests comportementaux et un équipement adapté. Les signaux chimiques (phéromones sexuelles et d'agrégations), visuels (utilisation de marqueurs au sol pour la formation d'essaims stables) et acoustiques (détection, reconnaissance spécifique et parade) ont été étudiés en laboratoire et en conditions semi-naturelles. L'identification de ces stimuli permet d'optimiser des méthodes de lutte antivectorielle basées sur le comportement d'accouplement et de mieux comprendre les phénomènes de spéciation sympatrique au sein de complexe *Anopheles gambiae*.

Résultats majeurs

Le résultat majeur de l'étude est l'identification des caractéristiques d'essaimage des deux espèces. L'une essaimant au-dessus de marqueurs de contraste visuel, et l'autre à distance constante des marqueurs. L'étude a également permis l'identification d'un comportement d'essaimage inconnu chez les femelles et similaire à celui de leurs mâles respectifs pouvant expliquer la spécificité des sites d'accouplements, ainsi que l'absence de phéromones sexuelles malgré la mise en place de nombreuses techniques pour les mettre en évidence. Ce travail a permis de déterminer les spécificités des sons émis par les mâles et les femelles des deux espèces. Le son émis par les essaims de mâles n'est cependant pas suffisamment puissant pour que l'appareil auditif des femelles puisse le percevoir à longue distance. Cette étude a permis le développement d'un système de *vidéo tracking* unique de par ses capacités (*tracking* dans l'obscurité de multiples individus dans un volume de 2 m, 0,7 m et 1,8 m [L, l et h] en temps réel) et le développement d'un logiciel d'aide à l'analyse et à la détection automatique de couples. Une nouvelle collaboration a été établie pour une étude fine de la cinématique des essaims et des interactions mâle-mâle et mâle-femelle dans les essaims, ainsi que du comportement des rares hybrides.

Production scientifique et valorisation

Niang A., *et al.* (2019) Semi-field and indoor setups to study malaria mosquito swarming behavior. *Parasites & Vectors*, 12, p. 446.

Poda S., *et al.* (2019) Sex aggregation and species segregation cues in swarming mosquitoes: role of ground visual markers. *Parasites & Vectors*, 12, p. 589.

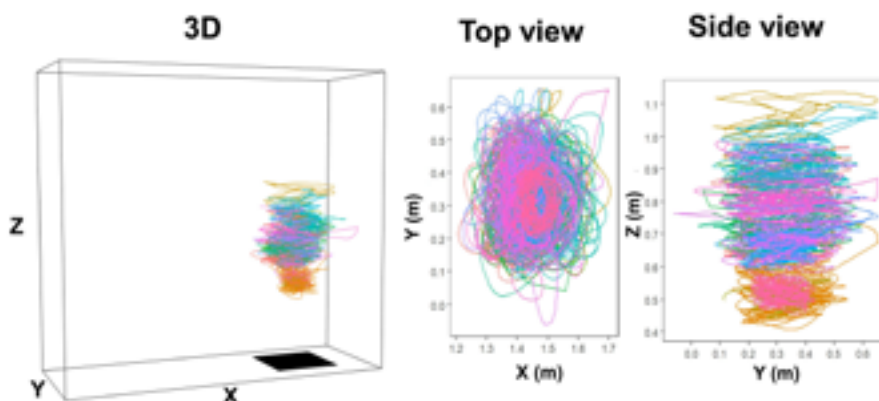
Feugère L., *et al.* (2021) Mosquito sound communication: are male swarms loud enough to attract females? *Journal of the Royal Society Interface*, 117, p. 20210121.

Poda S., *et al.* (2022) No evidence for long-range male sex pheromones in two malaria mosquitoes. *Nature Ecology & Evolution*, 6, pp. 1676-1686.

Début du projet : 2015 | Durée : 66 mois |
Instrument : JCJC | Financement ANR : 370 000 €
Coordination
 Olivier Roux – Olivier.roux@ird.fr – UMR 224 MIVEGEC,
 CNRS, Université de Montpellier, IRD

Reconstitution en trois dimensions et deux dimensions des trajectoires de vol de 15 mâles d'*Anopheles coluzzii* essaimant au-dessus du marqueur visuel.

© Serge Poda et Olivier Roux



ARSENIC

Adaptation et résilience des réseaux écologiques spatialisés face aux changements d'origine humaine

Rappel des objectifs

L'enjeu majeur de ce projet est l'exploration de l'adaptation des espèces aux changements environnementaux d'origine anthropique et aux modifications de leurs interactions. La question principale a été de comprendre les effets des changements globaux sur les communautés écologiques en intégrant les interactions entre espèces et l'évolution des espèces. Un premier objectif a été de comprendre les effets de la co-évolution des espèces sur la structure des réseaux d'interaction et la distribution géographique des espèces en interaction à travers des modèles de co-évolution prenant en compte différentes perturbations. Un deuxième objectif a été de comprendre la résilience des réseaux écologiques et les effets des extinctions d'espèces clés de voûte. Un dernier objectif a été de confronter les prédictions à des données empiriques, incluant de nouvelles données sur les réseaux plantes-pollinisateurs dans deux cadres différents (pelouses calcaires et plantes métalliques). Au cours de ce projet, des recherches à la fois théoriques (modèles formalisés mathématiquement ou programmés pour être simulés) et empiriques (relevés de terrain et expériences en serre) ont eu lieu.

Résultats majeurs

Un modèle a montré que les réseaux trophiques raccourcissent, s'élargissent et deviennent plus variables dans le temps avec le réchauffement climatique, tandis que la taille des organismes qui composent ces réseaux diminue, même en l'absence d'effet direct de la température sur les taux d'interaction entre espèces. Si, dans ces modèles évolutifs de réseau trophique, l'évolution semble pouvoir limiter à terme les pertes de diversité globale (« sauvetage évolutif »), elle n'empêche cependant pas des modifications importantes de leur structure (perte des niveaux trophiques supérieurs) ou la forte déstabilisation immédiate lors du changement climatique. Une autre étude théorique a abordé la question de la stabilité de ces réseaux trophiques face à différents types de perturbations. La stabilité de communautés écologiques a été quantifiée à l'aide de 27 métriques différentes couramment utilisées dans la littérature écologique. L'étude de l'interdépendance entre ces métriques de stabilité suggère qu'il y a trois groupes de métriques indépendants qui contiennent des informations différentes quant à la stabilité des communautés écologiques. Cette étude montre qu'il n'y a pas qu'une seule façon d'être stable dans des communautés complexes. Les données sur les réseaux plantes-pollinisateurs démontrent l'importance de la synchronisation des phénologies des espèces pour leur interaction et l'existence

d'adaptation locale des plantes aux cortèges de pollinisateurs disponibles via les odeurs produites par les fleurs. Parallèlement, une étude théorique de l'évolution des traits des plantes attirant les pollinisateurs suggère la possibilité d'une fragilisation de ces réseaux quand la mortalité des pollinisateurs est accrue (par exemple : usage de pesticides). Ce projet a favorisé l'émergence de nombreux autres projets de recherche nationaux et internationaux. Il a aussi permis la réalisation de deux thèses et la soutenance de sept HDR au sein du consortium.

Production scientifique et valorisation

Domínguez-García V., et al. (2019) Unveiling dimensions of stability in complex ecological networks. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(51), pp. 25714-25720.

De Manincor N., et al. (2022) Geographical variation of floral scents in generalist entomophilous species with variable pollinator communities. *Functional Ecology*, 36(3), pp. 763-778.

Yacine Y., et al. (2021) Collapse and rescue of evolutionary food webs under global warming. *Journal of Animal Ecology*, 90(3), pp. 710-722.

Weinbach A., et al. (2022). Eco-evolutionary dynamics further weakens mutualistic interaction and coexistence under population decline. *Evolutionary Ecology*, 36(3), pp. 373-387.

Début du projet : 2014 | Durée : 59 mois |

Instrument : PRC | Financement ANR : 498 681 €

Partenaires

UMR 8198 Évo-Éco-Paléo, CNRS, Université de Lille | UMR 7618 iEES Paris, Sorbonne Université CNRS, INRAE, IRD, Université Paris Cité, UPEC | UMR 5554 ISEM, CNRS, Université de Montpellier | UMR 7204 CESCO, MNHN, CNRS | UMR 5175 CEFE, EPHE, CNRS, IRD, Université de Montpellier | UR HYAX Hydrobiologie, INRAE | College of Natural Sciences, University of Texas (États-Unis) | UMR 1355 Institut Sophia Agrobiotech, Université Côte d'Azur

Coordination

François Massol – francois.massol@univ-lille.fr – CNRS

Eucera caspica en train de butiner *Anthyllis vulneraria* sur le site de Fourches, Occitanie.
© Natasha de Manincor



BearConnect

Functional connectivity and ecological sustainability of European ecological networks: a case study with the brown bear

Rappel des objectifs

Étudier dans quelle mesure les réseaux écologiques existants assurent la connectivité fonctionnelle des paysages et la durabilité écologique en Europe, tel est l'objectif de ce projet qui vise également à fournir des recommandations pratiques pour leur amélioration. Il a pour ambition d'évaluer la fonctionnalité des réseaux écologiques, y compris les zones protégées nationales et le réseau Natura 2000, pour les ours bruns en Europe aux échelles locale, régionale et européenne. Plus précisément, les recherches visent à (1) évaluer la connectivité fonctionnelle et les facteurs influençant la distribution, les mouvements et la dispersion efficace des ours bruns dans les paysages actuels et les scénarios de paysages futurs ; (2) comprendre le rôle des ours bruns dans les écosystèmes, en mettant l'accent sur les interactions trophiques et les services écosystémiques associés ; (3) évaluer l'efficacité du système existant de réseaux écologiques pour soutenir la résilience des populations d'ours bruns et les services écosystémiques associés ; (4) fournir des lignes directrices spatialement explicites pour l'amélioration des réseaux écologiques à utiliser dans la planification de la connectivité du paysage pour la conservation des ours bruns et d'autres espèces en Europe. Les chercheurs utilisent une combinaison d'approches de terrain, de laboratoire et de modélisation, de revues de la littérature, de bases de données d'occurrence, de télémétrie GPS et de données génétiques.

Résultats majeurs

La connectivité de l'ours brun entre les populations est affectée par des facteurs anthropogéniques et des réponses comportementales individuelles. La distribution de l'ours brun en Europe a été mieux expliquée en tenant compte des impacts directs et indirects et des distributions actuelles et passées. Les ours dispersent de grandes quantités de graines de fruits et l'empreinte humaine peut influencer ce service écosystémique. Les zones protégées et les sites Natura 2000 ne couvrent qu'une petite partie des zones importantes pour la connectivité, fondamentale pour la résilience des populations d'ours et les services écosystémiques associés. Les chercheurs prévoient moins de corridors à l'avenir. Ils plaident pour une approche de la conservation de la connectivité qui dépasse le concept des zones protégées. Ils recommandent de concentrer les efforts de conservation de la connectivité sur plusieurs espèces parapluies, sélectionnées en fonction de l'échelle et des attributs des espèces/paysages. Ils soulignent la grande valeur de conservation des disperseurs à longue distance et la nécessité de les prendre en compte dans les politiques de conservation. Les

chercheurs ont développé un outil d'aide à la décision pour les parties prenantes afin d'informer la gestion de la connectivité pour la planification des infrastructures routières et ils ont contribué aux lignes directrices de l'UICN pour les corridors écologiques.

Production scientifique et valorisation

Bartoń K. A., et al. (2019) Bears without borders: Long-distance movement in human-dominated landscapes. *Global Ecology and Conservation*, 17, p. e00541.

Maiorano L., et al. (2019) Combining multi-state species distribution models, mortality estimates, and landscape connectivity to model potential species distribution for endangered species in human dominated landscapes. *Biological Conservation*, 237, pp. 19-27.

García-Rodríguez A., et al. (2021) The bear-berry connection: Ecological and management implications of brown bears' food habits in a highly touristic protected area. *Biological Conservation*, 264, p. 109376.

Lucas P.M., et al. (2023) Including biotic interactions in species distribution models improves the understanding of species niche: a case of study with the brown bear in Europe. *BioRxiv*, 2023.03.10.532098.

Début du projet : 2017 | Durée : 45 mois |

Financement ANR : 249 695 €

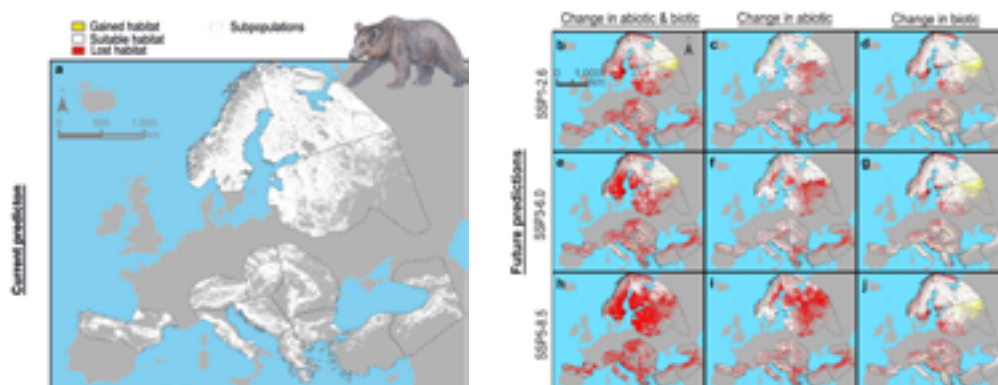
Partenaires

Georg-August-University Göttingen (Allemagne) | University of South Eastern Norway (Norvège) | Polish Academy of Sciences, Institute of Nature Conservation (Pologne) | National Institute for Research and Development in Forestry Marin Draceva (Roumanie) | University of Rome La Sapienza, (Italie)

Coordination

Wilfried Thuiller – wilfried.thuiller@univ-grenoble-alpes.fr – UMR 5553 LECA, Université Grenoble Alpes, CNRS, Université Savoie Mont Blanc

Prévisions concernant l'habitat de l'ours brun. Dans les conditions actuelles (a), et pour des scénarios futurs (b-j).
Source : Lucas et al. 2023



BIGLY

Potentiel des biofilms de rivière à dégrader l'herbicide glyphosate

Rappel des objectifs

La contamination généralisée par des résidus de glyphosate a récemment conduit à une prise de conscience de ses effets secondaires potentiellement nocifs pour la santé humaine et celle des écosystèmes aquatiques. Le projet BIGLY a pour enjeu la détermination de la capacité des biofilms à dégrader l'herbicide glyphosate dans les eaux de surface et l'aide à la construction d'une stratégie à la bio-rémediation de cet herbicide. Les principaux objectifs du projet sont de (1) déterminer le lien entre la disponibilité de phosphore et la capacité du biofilm à dégrader le glyphosate dans les cours d'eau ; (2) définir quels micro-organismes et enzymes sont impliqués dans la dégradation du glyphosate au sein du biofilm ; (3) déterminer l'effet du changement global sur la capacité des biofilms à dégrader le glyphosate dans l'avenir. Pour répondre à ces questions de recherche, le projet s'est appuyé sur des expériences contrôlées en microcosmes de laboratoire, l'analyse de la diversité moléculaire des gènes 16S et 18S rRNA par du séquençage haut débit, l'analyse LC-MS pour déterminer la cinétique de dissipation du glyphosate, l'apparition de métabolites et l'éventuelle bio-accumulation dans le biofilm et l'analyse d'expression de gènes impliqués dans la dégradation du glyphosate par RT-qPCR entre autres.

Résultats majeurs

Les principaux résultats du projet BIGLY montrent que les biofilms de rivière sont capables de minéraliser complètement le glyphosate quand la disponibilité en phosphore inorganique dans l'eau est faible (oligotrophie). Si la disponibilité de phosphore est élevée, le biofilm aura tendance à transformer le glyphosate en acide aminométhylphosphonique (AMPA) qui s'accumulera dans le milieu. La dégradation du glyphosate n'est pas accélérée par l'apport de matière organique dissoute labile d'origine autotrophe, ce qui exclut l'hypothèse d'un possible cométabolisme. Les enzymes C-P lyase et glycine oxydase sont impliqués dans la dégradation du glyphosate par la souche *Acidovorax* sp. CN126 isolé du biofilm. Le réchauffement climatique et la forte luminosité accélèrent la transformation du glyphosate en AMPA et modifient profondément la biodiversité microbienne des biofilms.

Ce projet a permis le démarrage deux nouveaux projets de recherche financés par l'OFB ciblant l'impact des molécules glyphosate-AMPA (Projet TAPIOCA) et par l'INEE EC2CO axé sur la dissipation de cocktails de pesticides (Projet DECODRY). Il a également permis la diffusion des travaux dans trois congrès internationaux et un congrès national,

l'invitation en tant que conférencier à l'Université de Girona (Espagne), la publication de cinq articles scientifiques dans des revues internationales, et la formation d'étudiants de Master à l'Université Clermont Auvergne.

Production scientifique et valorisation

Carles L., et al. (2019) Meta-analysis of glyphosate contamination in surface waters and dissipation by biofilms. *Environment International*, 124, pp. 284-293.

Artigas J., et al. (2020) Dissolved organic matter does not promote glyphosate degradation in auto-heterotrophic aquatic microbial communities. *Environmental Pollution*, 259, p. 113951.

Carles L., et al. (2020) Interaction between glyphosate and dissolved phosphorus on bacterial and eukaryotic communities from river biofilms. *Science of The Total Environment*, 719, p. 137463.

Rossi F., et al. (2021) Glyphosate-degrading behavior of five bacterial strains isolated from stream biofilms. *Journal of Hazardous Materials*, 420, p. 126651.

Début du projet : 2017 | Durée : 48 mois |
Instrument : JCJC | Financement ANR : 240 351 €

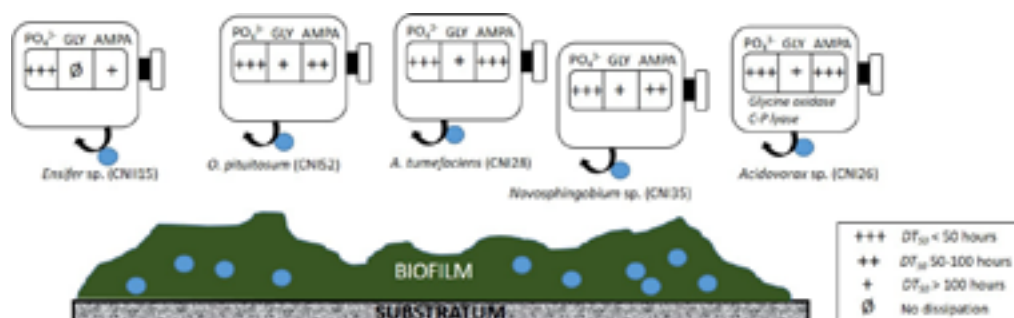
Partenaire

Instituto de Diagnóstico Ambiental y Estudios del Agua,
Consejo Superior de Investigaciones Científicas (Espagne)

Coordination

Joan Artigas – joan.artigas_alejo@uca.fr – UMR 6023 LMGE,
Université Clermont Auvergne, CNRS

Comportement de
dissipation du phosphate,
du glyphosate et de l'AMPA
par cinq souches bactériennes
isolées de biofilms fluviaux.
© Joan Artigas



BIO-Tide

Le rôle de la biodiversité microbienne dans le fonctionnement des sédiments marins de l'estran

Rappel des objectifs

Le projet BIO-Tide s'intéresse à l'exploration de la biodiversité des zones intertidales européennes, à la mise en évidence du rôle de la biodiversité comme support du fonctionnement des zones intertidales côtières, ainsi qu'à la sensibilisation des parties prenantes (aquaculture).

Les principaux objectifs du projet sont (1) d'identifier et quantifier la relation entre la biodiversité microbienne et le fonctionnement des écosystèmes intertidaux à travers de multiples niveaux du réseau alimentaire dans des types de sédiments contrastés ; (2) de déterminer et quantifier l'importance de la biodiversité des micro-algues benthiques pour la composition et la dynamique des exopolymères ; (3) de déterminer l'importance quantitative de la mixotrophie des micro-algues et le rôle de leur diversité dans ce processus ; (4) de déterminer et quantifier l'effet de la diversité du méiobenthos sur le cycle du carbone et la stabilité des sédiments ; (4) de reconstruire et quantifier les flux de carbone à l'échelle de l'écosystème avec une haute résolution de biodiversité en utilisant des modèles linéaires inverses ; (5) d'explorer dans quelle mesure nous pouvons utiliser les techniques de télédétection pour transposer nos résultats de terrain, d'expérimentation et de modélisation à l'échelle des écosystèmes ; (6) d'interagir étroitement, pendant toute la durée du projet, avec les parties prenantes.

Résultats majeurs

Les recherches ont impliqué la mise en œuvre de plusieurs méthodes :

- l'utilisation de marqueurs isotopiques non radioactifs pour tracer les flux de carbone dans les organismes et les molécules ;
- les analyses détaillées de métagénomique, métatranscriptomique et métabolomique permettent d'aborder la notion de biodiversité et de fonctionnalité sous un angle novateur et plus exhaustif. Cela permet d'identifier plus finement les rôles de la biodiversité microbienne dans le fonctionnement des zones intertidales ;
- la télédétection et la modélisation pour extrapoler les mesures *in situ* et les relations observées à des échelles spatiales plus larges ;
- l'analyse taxinomique de la macrofaune et de la méiofaune permet d'obtenir la diversité de ces compartiments par l'analyse des caractères morphologiques.

Le projet BIO-Tide a permis l'élaboration d'une nouvelle méthode d'étude du métabolome des micro-algues benthiques et la mise en évidence de l'impact de la biodiversité des diatomées épipélicales sur leurs mécanismes de photorégulation (objectifs 1-4).

Dans le cadre d'expériences de laboratoire, le consortium a pu mettre en évidence des interactions entre micro-algues et bactéries, et les liens avec le fonctionnement des écosystèmes (2-3), ainsi que la diversité du méiobenthos sur le cycle du carbone et la stabilité des sédiments (4).

À la demande des parties prenantes, des tests sur l'impact de la diversité des diatomées sur la production d'oursins (5) ont été réalisés.

Production scientifique et valorisation

Outre des publications scientifiques (15), des chapitres d'ouvrage (3), la création d'un jeu de données en ligne géré par une partie prenante (VLIZ) ayant rejoint le projet en cours de route, et des participations à des colloques, BIO-Tide a favorisé l'émergence de nombreux projets et collaborations de suivi, y compris plusieurs initiatives dans le secteur de la croissance bleue avec, par exemple, la création d'une plateforme de recherche marine pour l'accès et l'étude des espèces marines (FWO) ; la mise en place d'une méthode de traçabilité pour l'holothurie noire (FEAMP/Bretagne, Holotrack) ; la mise en évidence de l'importance de la biodiversité des micro-algues dans la conception de matériaux bio-inspirés et bioniques pour une meilleure photosynthèse (ITN, H2020) ; des projets en biotechnologie des micro-algues.

Début du projet : 2020 | Durée : 45 mois |

Financement ANR : 424 939 €

Partenaire

EA 2160 MMS, Nantes Université

Coordination

Cédric Hubas – cedric.hubas@mnhn.fr –

UMR 8067 BOREA, MNHN, CNRS, Université de Caen

Normandie, Université des Antilles

Échantillonnage du microphytobenthos et mesures de télédétection en zone intertidale lors d'un cycle de marée. Estuaire de l'Escaut, Pays-Bas. © Cédric Hubas



BirdIslandGenomic

Influence de la taille des populations sur l'évolution du génome : le cas des oiseaux endémiques de l'île de la Réunion

Rappel des objectifs

Les îles océaniques constituent de véritables laboratoires à ciel ouvert pour étudier l'évolution. Les rares espèces qui ont eu l'opportunité de coloniser ces habitats ont évolué indépendamment de leurs ancêtres continentaux et souvent de manière extravagante. Dans ce projet, l'objectif était d'étudier l'évolution des espèces insulaires endémiques du point de vue de leurs génomes, et notamment l'impact de la taille des populations sur l'évolution moléculaire et la structure des génomes.

En effet, leur taille est mécaniquement limitée par la dimension des îles océaniques permettant une comparaison intéressante avec des espèces continentales proches. Des données théoriques et empiriques suggèrent que les espèces qui évoluent avec des petites tailles de populations accumulent plus de mutations délétères que les espèces qui évoluent avec de grandes populations. Il s'agit donc de comparer des populations de passereaux endémiques des îles océaniques avec des populations continentales pour comprendre l'effet de la taille des populations sur l'évolution du génome. Ont été utilisées à cet effet, des méthodes de séquençage génomique Illumina et d'analyses bio-informatiques (assemblage, mapping, génotyping) et statistiques.

Résultats majeurs

Nous avons assemblé un génome de *Zosterops borbonicus*, espèce d'intérêt dans le projet et modèle de diversification à l'échelle de la Réunion. Le *Zosterops* fait partie du groupe des *Sylvioideae* qui a connu l'évolution d'un nouveau chromosome sexuel par la fusion du chromosome Z & W avec un autosome. Ce nouveau génome a permis de cartographier précisément les limites du nouveau chromosome sexuel.

Nous avons généré un jeu de données d'espèces proches d'un point de vue phylogénétique, écologique et comportemental avec 14 espèces insulaires et 11 espèces continentales représentant au moins quatre colonisations indépendantes d'îles océaniques. Ce jeu de données de génomique a permis de démontrer que les espèces insulaires présentent moins de diversité génétique que les espèces continentales. Par exemple, la diversité génétique du pinson bleu de Tenerife (*Fringilla teydea*) est au minimum 10 fois plus faible que celle du pinson des arbres (*Fringilla coelebs*). Nos résultats sont également en accord avec la théorie presque-neutre de l'évolution moléculaire et indique que les espèces insulaires accumulent des mutations faiblement délétères qui sont en fréquences plus faibles ou éliminées

des populations continentales qui sont moins soumises à l'action de la dérive génétique. Nos résultats suggèrent enfin que la recombinaison, par son action sur l'efficacité de la sélection, module l'impact des mutations faiblement délétères qui sont bien contre-sélectionnées dans les régions à fortes recombinaisons, même dans les espèces insulaires qui ont une petite taille de population.

Production scientifique et valorisation

Tilak M-K., et al. (2018) Illumina library preparation for sequencing the GC-rich fraction of heterogeneous genomic DNA. *Genome Biology and Evolution*, 10(2), pp. 616-622.

Leroy T., et al. (2019) A bird's white-eye view on neosex chromosome evolution. *bioRxiv*, p. 505610.

Gabrielli M., et al. (2020) Within-island diversification in a passerine bird. *Proceedings of the Royal Society B*, 287(1923), p. 20192999.

Leroy T., et al. (2021) Island songbirds as windows into evolution in small populations. *Current Biology*, 31(6), pp. 1303-1310.

Début du projet : 2014 | Durée : 48 mois |
Instrument : JCJC | Financement ANR : 190 561 €
Coordination
 Benoît Nabholz – benoit.nabholz@umontpellier.fr –
 UMR 5554 ISEM, CNRS, Université de Montpellier

Zosterops borbonicus sur une fleur de *Sophora denudata*.
 11 Mai 2018. Gîte du Volcan,
 piton de la Fournaise, Réunion.
 © Benoît Nabholz



CAMED

Roles of camel breeding in modern Saharan societies - contributing to their adaptive capacities face to global changes

Rappel des objectifs

Les systèmes agriaires du nord du Sahara et des oasis remplissent des fonctions multiples, même si les rôles spécifiques des dromadaires ont changé au cours des siècles : des fonctions de selles, de chariot, de transport et militaires aux fonctions plus récentes de sécurité alimentaire avec valorisation de la viande et du lait. Ce projet concerne la situation de l'élevage camelin et sa contribution à la sécurité alimentaire en lien avec la résilience des écosystèmes broutés en zone saharienne. Sa viande et son lait connaissent un intérêt croissant, notamment en zone urbaine. Le projet vise à fournir des éclairages sur les dynamiques en cours et leurs conséquences. Il s'agit d'identifier les principaux moteurs qui influent sur les dynamiques sociales, les stratégies d'élevage (vente récente de lait et de viande de chamelons engraisés) et les processus écosystémiques avec pour finalité la proposition de solutions émergentes des sociétés permettant de soutenir à la fois les activités humaines et les ressources locales. La diversité des modes d'élevage, et leurs fonctions, est décrite à partir de typologies des élevages camelins qui resituent les évolutions dans le temps de leurs pratiques et de leurs stratégies. L'impact des différents systèmes d'élevage est étudié en même temps que la dynamique démographique pour suivre leurs effets sur les écosystèmes pâturés. Le projet a contribué à deux programmes de recherche spécifiques, l'un sur la capacité du « seed bank » à renouveler la végétation des parcours sahariens ; l'autre sur le suivi par l'observation rapprochée et l'analyse éthologique du dromadaire à la pâture et de ses modalités de broutage des plantes.

Résultats majeurs

L'élevage camelin actuel s'avère toujours en mutation et présente des stratégies diversifiées. Si l'élevage extensif à vocation d'épargne reste dominant, émergent de nouveaux modes d'élevage qui s'organisent autour d'activités spécialisées : la production de lait de chamelle, la vente des chamelons engraisés pour la viande ou encore le transport des touristes, etc. Certains éleveurs de dromadaires élèvent aussi d'autres espèces et pratiquent parfois l'agriculture. Cela a des incidences directes en matière de mobilité et de pression sur les parcours alentours. Les parcours en périphérie des villes tendent rapidement à se dégrader. À l'opposé, les parcours plus éloignés des centres urbains (ou des axes routiers) montrent une capacité accrue de renouvellement de leur végétation. Des collaborations ont été engagées sur cette thématique avec des instituts de recherches nationaux et des organisations professionnelles des pays du Maghreb

(IAV et ORMVA au Maroc, INRAA et CRSTRA en Algérie). Les chercheurs ont ainsi pu coconstruire une certaine « culture commune » du partenariat et de la confiance. Des doctorants du projet ont obtenu, après leur soutenance, des postes à l'université d'Ouargla ou auprès d'instituts régionaux de formation professionnelle. Un nouveau projet a été accepté dans le cadre du programme PRIMA section 2. Il prolongera et affinera les études réalisées dans CAMED à propos des filières, des produits et des territoires.

Début du projet : 2017 | Durée : 54 mois |
Financement ANR : 199 923 €

Partenaires

Cirad | Université Kasdi Merbah Ouargla (UKMO, Algérie) |
 Institut agronomique et vétérinaire Hassan II (IAV, Maroc)

Coordination

Johann Huguenin – johan.huguenin@cirad.fr – Cirad

Éleveur de dromadaires
 installé à proximité de l'axe
 routier Ouargla-Ghardaïa
 (Algérie) pour la vente de lait.
 © Johann Huguenin



CARiOCA

Acclimatation des coraux à l'acidification des océans autour de résurgences sous-marines de CO₂

Rappel des objectifs

L'objectif général est de comprendre si et comment les coraux s'acclimentent ou s'adaptent aux variations à long terme de la chimie des carbonates océaniques. Plus précisément, nous comparons les espèces qui peuvent survivre près des sites d'émissions naturelles sous-marines de CO₂ dans des conditions suboptimales à celles qui ne se trouvent pas dans ces sites afin de créer de nouvelles connaissances en réponse aux questions de recherche suivantes :

- (1) La tolérance à l'acidification est-elle obtenue par la plasticité physiologique ou la différenciation génétique de l'holobionte corallien ?
- (2) La tolérance à l'acidification est-elle obtenue par des changements dans la communauté *Symbiodiniaceae* et la communauté microbienne associée à l'hôte corallien ?
- (3) La tolérance à l'acidification est-elle obtenue par des modifications à court et/ou long terme de l'expression des gènes associés au stress cellulaire, à l'immunité et au métabolisme général ?

Résultats majeurs

L'innovation principale de ce projet consiste à utiliser un site naturel où les coraux sont déjà adaptés aux conditions futures. Les coraux sont transplantés et des variables physiologiques sont mesurées (croissance, photosynthèse, respiration, symbiose). À l'aide de techniques génétiques, les populations microbiennes en symbiose sont étudiées et des techniques de transcriptomique seront utilisées pour mettre en évidence les gènes sous stress et la variation de leur expression. Au travers de huit missions en Papouasie-Nouvelle-Guinée, la transplantation des coraux a été un succès sur les deux sites et toutes les mesures, à l'exception de la calcification, ont été effectuées et la réponse métabolique à l'acidification mesurée. Les mesures ont montré que les coraux adaptés à l'acidification ont une production primaire plus élevée, probablement en raison de la concentration plus élevée de CO₂. La comparaison avec le site témoin a montré que, contrairement aux publications précédentes, la diversité corallienne n'est pas significativement plus faible sur le site acidifié. En outre, grâce à des mesures isotopiques des squelettes coralliens, le projet a montré que les coraux sont capables de se calcifier même lorsqu'ils sont exposés à l'acidification.

Une collaboration effective avec des institutions de Papouasie a été établie et perdure à ce jour.

Production scientifique et valorisation

D'autres projets ont émergé grâce aux résultats, notamment un T-ERC en 2017, des publications dans des revues internationales à comité de lecture (8), plusieurs communications dans des conférences (4) et des participations à des documentaires (2).

<https://www.youtube.com/watch?v=SAa0vsOChn8&t=16s>

https://www.youtube.com/channel/UCCOPiCjPw6VVEFSr_mbHoLA

<https://www.youtube.com/watch?v=xBQjV7ZbHw4>

Début du projet : 2016 | Durée : 41 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 354 242 €

Partenaires

UMR 6539 LEMAR, Université de Bretagne occidentale, CNRS, IRD, Ifremer | UMR 7621 LOMIC, CNRS

Coordination

Riccardo Rodolfo-Metalpa –
 riccardo.rodolfo-metalpa@ird.fr – UMR 250 ENTROPIE, IRD

Coraux vivant à proximité des émissions de CO₂ sur l'île d'Ambitle en Papouasie-Nouvelle-Guinée, l'un des sites étudiés dans le cadre du projet CARiOCA.

© J.-M. Boré, IRD images



CEMMU

Conséquences des modifications de l'environnement sur les propriétés, la diversité et la fonction écophysio­logique du mucilage sémi­nal d'*Arabidopsis*

Rappel des objectifs

Ce projet de recherche vise à déterminer les conséquences des changements de température induits par le climat sur la fonction adaptative du mucilage des graines.

Au contact de l'eau, les graines de la plante modèle *Arabidopsis* s'entourent d'un gel, le mucilage, qui est formé de deux couches distinctes dont les fonctions écophysio­logiques restent à définir. Afin d'évaluer l'impact du changement climatique prédit sur les écosystèmes et la biodiversité, nous avons analysé les caractéristiques des deux couches de mucilage afin d'établir comment des modifications de la température environnementale pouvaient influencer sur la variabilité naturelle des caractéristiques de chaque couche. Nous avons également examiné la dynamique de la déshydratation et comment les cycles d'hydratation et de déshydratation pouvaient affecter la viabilité et la vitesse de germination des graines, paramètres clés pour la survie des espèces. Enfin, nous avons identifié et caractérisé des gènes et des mutations causales potentielles afin de comprendre les mécanismes génétiques sous-jacents à cette diversité.

La quantité, la composition, la structure et les propriétés du mucilage ont été examinées sur des graines sèches matures à l'aide de techniques biochimiques après extraction ou *in situ* par résonance magnétique nucléaire à bas champ et par cytologie. Cette étude a été limitée à 20 génotypes sélectionnés sur la base des caractéristiques atypiques de la couche externe du mucilage. L'effet de la température a été déterminé à l'aide de graines produites à 15, 20 ou 25°C. L'expression de gènes clés impliqués dans la production de mucilage a été analysée par qRT-PCR en utilisant des extraits d'ARN de graines aux stades de développement durant lesquels le mucilage s'accumule. Diverses techniques génétiques ont été utilisées pour identifier les gènes, notamment la cartographie d'association pangénomique.

Résultats majeurs

Nous avons décrit la variabilité naturelle des propriétés de la couche interne du mucilage et montré qu'elle est indépendante de la production de la couche externe. Nous avons identifié des gènes qui contribuent de manière majeure à la variation naturelle de la production des deux couches de mucilage. Le mucilage module ainsi des caractéristiques clés de la graine, notamment la viabilité et la vigueur germinative après hydratation et déshydratation. Enfin, nous avons mis en évidence que la température modifiait les caractéristiques du mucilage, ce qui nous permet de prédire les effets des modifications

de température induites par le changement climatique sur la dynamique des populations d'*Arabidopsis*.

La démonstration que la modification de température attendue dans le contexte du changement climatique impacte la production de mucilage nous conduit à prédire des effets similaires dans la nature. La production de mucilage étant un trait adaptatif, il est probable que l'aptitude des populations d'*Arabidopsis* à survivre sera altérée avec des retombées sur la biodiversité. Nos résultats montrant des différences de viabilité et potentiellement de vigueur germinative en sol après priming fournissent des pistes de réflexion. De plus, la couche de mucilage externe étant très soluble, sa libération en grande quantité pourrait avoir des répercussions sur les propriétés rhéologiques du sol et être à l'origine des différences de vitesse germinative observées.

Production scientifique et valorisation

Une partie des recherches a constitué le travail d'une thèse, soutenue avec succès en décembre 2018. Pour approfondir certains résultats, deux des partenaires ont obtenu un financement de bourse de thèse pour un projet co-encadré et transdisciplinaire.

Certains résultats ont été publiés (trois articles de synthèse), notamment dans *Plant Physiology* et *Scientific data*. D'autres articles sont en cours de préparation.

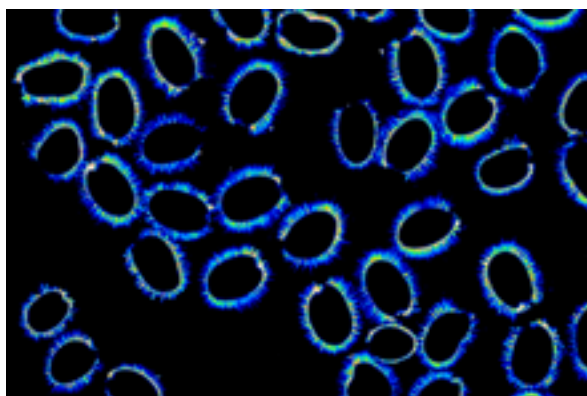
Les résultats du projet ont été présentés lors de congrès nationaux et internationaux (huit présentations orales et six posters). Trois bases de données FAIR ont été produites et sont accessibles au public via le site DataINRAE suite à l'acceptation pour publication d'un *data paper* les décrivant.

Début du projet : 2014 | Durée : 60 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 394 880 €

Partenaires
 UR 1268 BIA, INRAE | UR 1466 OPAAL, INRAE

Coordination
 Helen North – helen.north@inrae.fr – Institut Jean Pierre Bourgin, INRAE

Observation du mucilage libéré des graines d'*Arabidopsis* produites par des plantes cultivées à 25°C. La cellulose dans le mucilage est visible grâce à une coloration avec Direct Red 23. © Adeline Berger



CLIMSEX

Réchauffement des eaux : les leçons tirées de l'adaptation du tilapia

Rappel des objectifs

CLIMSEX s'intéresse à l'effet du changement climatique sur la reproduction ainsi qu'au processus de déterminisme/différenciation du sexe chez les poissons. Ce projet apporte une contribution à la politique publique environnementale, dans le cadre d'une adaptation/résilience des populations au changement climatique.

Le projet analyse comment de fortes températures naturelles ou liées au changement climatique, influencent les sex-ratios (inversion de sexe par la température) et favorisent une évolution du déterminisme du sexe, ou affectent la résilience de populations de tilapia du Nil. En utilisant des techniques de séquençage haut débit sur des populations naturelles vivant sous différentes températures et des souches sensibles ou non à la température, le projet analyse (1) la coexistence des facteurs génétiques (GSD) et T° dans le déterminisme du sexe chez le tilapia du Nil à l'échelle des populations ; (2) les conditions et les fréquences dans lesquelles l'inversion de sexe par la température (TISR) peut prendre le pas sur la coexistence des facteurs génétiques dans le milieu naturel ; (3) les bénéfices pour les individus inversés par la température. CLIMSEX analyse les bases génétiques et épigénétiques de la TISR, son importance relative entre populations/familles qui diffèrent par leur histoire génétique ou leur température, la biologie thermique des populations/familles selon leur thermosensibilité, et la *fitness* relative des individus inversés.

Résultats majeurs

Bien que conservée comme déterminant du sexe chez huit populations (pop) naturelles, l'amhY (LG23) n'explique pas tous les phénotypes. Chez certaines populations, d'autres LGs/facteurs sont aussi impliqués et des chromosomes B révélés. Des néomâles XX fertiles issus des effets masculinisant des fortes températures existent dans les populations thermosensibles. Des mécanismes épigénétiques relaient ces effets. Les transcriptomes précoces séparent les alevins élevés à température contrôlée ou forte. Différents déterminismes du sexe existent selon les populations et probablement leur environnement thermique/génétique.

Le projet permet également l'extension de la collaboration avec (1) le Department of Biology, University of Maryland, College Park (Thomas Kocher/Matt Conte) pour le co-encadrement de la thèse financée par le projet CLIMSEX et l'accueil de la doctorante Cécile Triay pour analyses bio-informatiques ; (2) le Réseau thématique pluridisciplinaire (RTP) « Épigénétique en Écologie et Évolution [3E] du CNRS » (Christoph Grünau, Université de Perpignan)

Production scientifique et valorisation

Baroiller J.-F., *et al.* (2016) The Reversible Sex of Gonochoristic Fish: Insights and Consequences. *Sex. Dev.*, 10(5-6), pp. 242-266.

Sissao R., *et al.* (2019) Mismatches between the genetic and phenotypic sex in the wild Kou population of Nile tilapia *Oreochromis niloticus*. *PeerJ*, 7, p. e7709.

Baroiller J.-F., *et al.* (2019) Sex control in tilapias. In : Wang H.P., Piferrer F. et Chen S.L., (eds.) Sex Control in Aquaculture. John Wiley & Sons, pp. 189-234.

Triay C., *et al.*, (2022) Polymorphism of Sex Determination Amongst Wild Populations Suggests its Rapid Turnover Within the Nile Tilapia Species. *Front. Genet.*, 13, p. 820772.

Début du projet : 2015 | Durée : 75 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 402 212 €

Partenaires

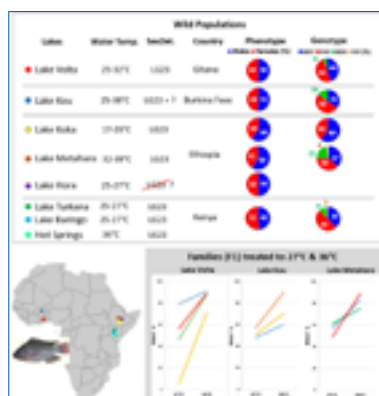
UMR 8067 BOREA, MHNN, CNRS, Université de Caen Normandie, Université des Antilles | National Museums of Kenya | University of Stirling (Royaume-Uni) | University of Basel (Suisse)

Coordination

Jean-François Baroiller – baroiller@cirad.fr – UMR ISEM, Cirad, CNRS, Université de Montpellier, IRD, EPHE

Évolution populationnelle du déterminisme du sexe révélée par les groupes de liaisons impliqués (LG) et les inversions (mâles XX, femelles XY) induites notamment par la température.

© Jean-François Baroiller
Wikimedia Commons



CLIMTREE

Ecological and socioeconomic impacts of climate-induced tree diebacks in highland forests

Rappel des objectifs

Le dépérissement forestier lié aux sécheresses et aux pullulations de quelques insectes ravageurs s'est intensifié de manière globale, en conséquence directe du changement climatique rapide. Les conifères des forêts de montagne sont parmi les essences les plus atteintes, mais peu d'études d'ampleur ont cherché à déterminer l'impact de leur mortalité massive sur la biodiversité et le fonctionnement des écosystèmes forestiers. Pourtant, les forêts de montagne dominées par les conifères constituent à la fois un refuge de biodiversité et une ressource économique importante. Le projet CLIMTREE visait donc à comprendre d'une part la réponse des invertébrés, un groupe d'organismes d'importance majeure dans le fonctionnement des écosystèmes, à ces changements environnementaux et d'autre part l'attitude des différents usagers de la forêt face à ces dépérissements massifs et aux menaces induites sur la biodiversité, en France (sapin pectiné, Pyrénées), en Allemagne (épicéa commun, Bavière) et en Chine (pin du Yunnan). Pour mener à bien ce projet, nous nous sommes appuyés sur une équipe multidisciplinaire comprenant des écologues, des entomologistes, des biologistes moléculaires, des bio-informaticiens, des sociologues, des économistes et des gestionnaires forestiers.

Résultats majeurs

Nos analyses écologiques ont démontré des changements environnementaux très significatifs avec le dépérissement d'arbres dans les forêts de conifères de montagne, une densité croissante des arbres morts et une augmentation du volume de bois mort. Les coupes sanitaires de « sauvetage » réduisent notamment le stock de bois mort des secteurs dépérissants. D'après nos résultats, le nombre total d'espèces d'insectes ne change ni avec le niveau de dépérissement forestier ni avec la réalisation de coupes sanitaires. En revanche, nous avons détecté, à des niveaux élevés de dépérissement, des changements significatifs dans la composition des communautés d'insectes en particulier les diptères (mouches) et les hyménoptères (guêpes parasitoïdes, abeilles). En outre, nous avons démontré que ces changements communautaires étaient majoritairement induits par des espèces rares.

Les enquêtes sociologiques montrent que 90 % des propriétaires et gestionnaires forestiers comme des usagers admettent aujourd'hui que le climat est en train de changer. Les organisations professionnelles forestières proposent de diminuer l'âge d'exploitation, de favoriser la diversité des essences autochtones et de remplacer les

essences de conifères dépérissantes par des conifères exotiques plus résistants à la sécheresse. Mais ces différentes options ont un coût économique et exigent une maîtrise technique qu'une partie des propriétaires forestiers ne possèdent pas.

Production scientifique et valorisation

Cours J., et al. (2022) Drought-induced Forest dieback increases taxonomic and functional diversity but not phylogenetic diversity of saproxylic beetles at both local and landscape scales. *Landscape Ecology*, 37, pp. 2025-2043.

Deuffic P., et al. (2020) Forest dieback, a tangible proof of climate change? A cross-comparison of forest stakeholders' perceptions and strategies in the mountain forests of Europe and China. *Environmental Management*, 66(5), pp. 858-872.

Sire L., et al. (2022) Climate-induced forest dieback drives compositional changes in insect communities that are more pronounced for rare species. *Communications Biology*, 5(1), pp. 1-17.

Début du projet : 2016 | Durée : 63 mois |

Financement ANR : 348 000 €

Partenaires

UMR 7261 IRBI, CNRS, Université de Tours | UR EFNO, INRAE | UMR 7205 ISYEB, MNHN, CNRS, Sorbonne Université, EPHE, Université des Antilles | UMR 1201 Dynafor, INRAE, INP | CNPF-CRPF, INRAE | Bavarian Forest National Park (Allemagne) | CNR-IRSA, Verbania (Italie) | Forschungsverbund Berlin e.V. - Leibniz-Institute of Freshwater & Ecology and Inland Fisheries (IGB), Berlin (Allemagne) | Kunming Institute of Zoology (Chine) | School of Ethnology and Sociology, Yunnan University (Chine) | University of Greifswald, Institute of Geography and Geology (Allemagne)

Coordination

Carlos Lopez Vaamonde –
carlos.lopezvaamonde@inrae.fr – URZF, INRAE

Dépérissement massif d'épicéas communs, Parc national de la forêt de Bavière, Allemagne, août 2019.

© Carlos Lopez-Vaamonde



CytoSexDet

Bases génétiques et conséquences évolutives de la détermination du sexe induite par les symbiotes

Rappel des objectifs

Ce projet vise à l'exploration d'un front de science à l'interface entre deux thématiques majeures de la biologie évolutive : la symbiose et le déterminisme du sexe. Les objectifs du projet sont d'élucider les bases génétiques et l'impact évolutif du déterminisme cytoplasmique du sexe dans deux systèmes hôte-endosymbiote distincts : les isopodes terrestres et leurs endosymbiotes procaryotes *Wolbachia*, et les amphipodes d'eau douce et leurs endosymbiotes eucaryotes microsporidies. Le projet se subdivise en trois axes visant à élucider les bases génétiques et les conséquences évolutives du déterminisme cytoplasmique du sexe à deux niveaux : (1) patrons micro-évolutifs au sein d'espèces focales dans les systèmes *Wolbachia*/isopode et microsporidies/amphipode ; et (2) patrons macro-évolutifs à des échelles taxonomiques plus larges à la fois chez les isopodes et les amphipodes. L'étude conjointe des modèles *Wolbachia*/isopode et microsporidies/amphipode offre une opportunité unique d'étudier l'impact des endosymbiotes sur l'évolution des mécanismes de déterminisme du sexe de leurs hôtes au niveau génétique moléculaire. Le projet utilise les techniques et méthodes suivantes : séquençage d'ADN à haut débit, bio-informatique, génétique des populations et écologie évolutive.

Résultats majeurs

Les résultats majeurs du projet sont (1) la découverte d'un nouveau mécanisme d'évolution des chromosomes sexuels chez les animaux (transfert horizontal d'un génome bactérien dans celui de son hôte animal) ; (2) le décryptage des génomes de deux isopodes terrestres, ressources génomiques majeures car très peu de génomes de crustacés ont été séquencés jusqu'à présent ; (3) le décryptage de trois génomes de microsporidies, premiers organismes eucaryotes féminisants séquencés ; (4) la caractérisation des changements de chromosomes sexuels à l'échelle du groupe des isopodes terrestres, modèle de référence pour l'étude du déterminisme du sexe chez les animaux. Le projet a permis l'établissement et la réussite d'une nouvelle collaboration et l'accès d'un post-doctorant à un poste académique permanent.

Production scientifique et valorisation

Becking T., et al. (2019) Sex chromosomes control vertical transmission of feminizing *Wolbachia* symbionts in an isopod. *PLoS Biology*, 17, p. e3000438.

Bacela-Spychalska K., et al. (2018) Europe-wide reassessment of *Dicthyocoela* (*Microsporidia*) infecting native and invasive amphipods (*Crustacea*): molecular versus ultrastructural traits. *Scientific Reports*, 8(1), p. 8945.

Cormier A., et al. (2021) Comparative genomics of strictly vertically transmitted, feminizing microsporidia endosymbionts of amphipod crustaceans. *Genome Biology and Evolution*, 13(1), p. evaa245.

Leclercq S., et al. (2016) Birth of a W sex chromosome by horizontal transfer of *Wolbachia* bacterial symbiont genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(52), pp. 15036-15041.

Début du projet : 2016 | Durée : 63 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 501 000 €

Partenaire
 UMR 6282 Biogéosciences, CNRS, Université de Bourgogne, EPHE, UBFC

Coordination
 Richard Cordaux – richard.cordaux@univ-poitiers.fr – UMR 7267 EBI, CNRS, Université de Poitiers

L'isopode terrestre
Armadillidium vulgare est
 l'une des espèces étudiées
 dans le projet CytoSexDet.
 © I. Giraud



DIVERCROP

Land system dynamics in the Mediterranean basin across scales as relevant indicator for species diversity and local food systems

Rappel des objectifs

L'enjeu principal de ce projet est l'étude d'une méthodologie multi-échelle (généralisation à un biome d'observations à l'échelle communale) permettant la compréhension des dynamiques paysagères terrestres aux différentes échelles de l'action publique (commune, région, états). Les principaux objectifs du projet sont : (1) d'analyser les systèmes paysagers terrestres en Méditerranée afin d'en caractériser les dynamiques actuelles et de mettre en lumière leurs principaux déterminants, aux différentes échelles décisionnelles (de la commune aux états) ; (2) de modéliser les changements des systèmes paysagers terrestres en Méditerranée afin de mettre en lumière leurs effets sur l'environnement (avec un focus particulier sur les systèmes complexes agriculture/espaces naturels) ; et (3) d'évaluer le lien entre les systèmes paysagers et l'approvisionnement local des villes en denrées alimentaires. Les méthodes utilisées sont les démarches participatives, la construction d'indicateurs à partir de recensements, l'analyse géomatique diachronique, l'analyse statistique des corrélations et la modélisation PLS (*partial least squares*).

Résultats majeurs

Les résultats majeurs obtenus sont la cartographie des systèmes paysagers sur l'étendue du Bassin méditerranéen, la caractérisation des dynamiques paysagères en cours à l'échelle du Bassin méditerranéen (complexification des paysages sous influence urbaine, simplification des systèmes agro-écologiques traditionnels...) et l'estimation et la cartographie du poids des éléments sociopolitiques influant sur les dynamiques paysagères observées (présence de filières alimentaires courtes, techniques agricoles, tourisme, etc.). Le projet a permis l'approfondissement du consortium permettant l'accès à des financements européens (H2020/FoodShift, ERC).

Production scientifique et valorisation

Fusco J., et al. (2021) Land use changes threaten bird taxonomic and functional diversity across the mediterranean basin: A spatial analysis to prioritize monitoring for Conservation. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 9.

Sanz Sanz E., et al. (2018) Operational modelling of peri-urban farmland for public action in Mediterranean context. *Land Use Policy*, 75, pp. 757-771.

Villani R., et al. (2019). An open dataset about georeferenced harmonized national agricultural censuses and surveys of seven Mediterranean countries. *Data in brief*, 27, p. 104774.

Vidéo de présentation des résultats du programme : Évolution de l'usage des sols dans le bassin méditerranéen et conséquence sur les systèmes alimentaires locaux.

<https://www.youtube.com/watch?v=iurr5ECgzdg>

Début du projet : 2017 | Durée : 54 mois |

Financement ANR : 289 760 €

Partenaires

CNRS | Institut Polytechnique UniLaSalle Beauvais | Université Larbi Ben M'hidi (Algérie) | Universidad Politécnica de Madrid (Espagne) | Scuola Superiore Sant'Anna di Pisa (Italie) | Malta College of Arts, Science and Technology (Malte) | University of Evora (Portugal) | Institut National de la Recherche Agronomique de Tunisie

Coordination

Claude Napoleone – claudio.napoleone@inrae.fr – UR 767 Ecodéveloppement, INRAE

Changement d'usage des sols sur le bassin méditerranéen (2005-2015).
© Claude Napoléone



ENVICOPAS

Impact des changements environnementaux sur les organismes pathogènes dans les écosystèmes côtiers

Rappel des objectifs

L'enjeu de ce projet est d'explorer scientifiquement l'impact des changements environnementaux sur les communautés et de contribuer ainsi à la politique publique. Les écosystèmes marins sont sensibles aux changements environnementaux qui peuvent conduire à des modifications des communautés microbiennes marines. Ces modifications peuvent favoriser l'émergence d'organismes pathogènes pour l'humain ou pour les coquillages. Dans ce contexte, le projet vise à étudier et prédire l'impact des facteurs environnementaux sur la santé d'écosystèmes côtiers en France et en Allemagne. Plus précisément, les objectifs du projet sont de décrire (1) la dynamique des communautés bactériennes dans les eaux côtières ainsi que (2) le microbiome des huîtres au cours d'une maladie, (3) de déterminer les niches écologiques des *Vibrios* pathogènes, (3) d'étudier expérimentalement l'impact de facteurs environnementaux sur les interactions microbiome/pathogènes/huîtres, (4) de modéliser la dynamique des organismes pathogènes et (5) de prédire les conséquences du changement climatique sur la distribution des *Vibrios*. Les méthodes utilisées sont (1) la détection des organismes pathogènes étudiés par PCR en temps réel, (2) la description du microbiome des huîtres par par metabarcoding 16S et 18S, (3) l'étude de la diversité des bactéries dans l'eau par MALDI-TOF MS et metabarcoding 16S et (4) l'essai de séquençage Ion Torrent (AmpliSeq) pour explorer la diversité du virus OsHV-1.

Résultats majeurs

Le projet ENVICOPAS a permis d'explorer la diversité des *Vibrios spp.*, dont des espèces pathogènes pour l'humain, dans des écosystèmes côtiers en France et en Allemagne. Des protocoles ont été développés avec succès pour caractériser le microbiome des huîtres. Les résultats obtenus contribuent à mieux comprendre la dynamique du microbiome au cours du développement de maladies et son rôle dans l'émergence d'agents pathogènes. Des avancées conceptuelles ont été réalisées dans la modélisation des maladies marines permettant de mieux comprendre les processus impliqués dans leur propagation. Le projet a permis le recrutement de deux post-doctorantes pendant 18 et 6 mois. Il a également permis d'établir une collaboration entre les partenaires français, non seulement sur l'étude de la dynamique des *Vibrios spp.*, mais également sur l'exploration du microbiome de l'huître. Le projet a permis d'obtenir des données de séquences

qui sont en cours de valorisation. Ces données seront accessibles après leur valorisation dans des publications scientifiques.

Production scientifique et valorisation

Dupont S., et al. (2020) Oyster hemolymph is a complex and dynamic ecosystem hosting bacteria, protists and viruses. *Animal Microbiome*, 2(1), p. 12.

Lupo C., et al. (2020) Spatial epidemiological modelling of infection by *Vibrio aestuarianus* shows that connectivity and temperature control oyster mortality. *Aquaculture Environment Interactions*, 12, pp. 511-527.

Mérou N., et al. (2020) An eDNA/eRNA-based approach to investigate the life cycle of non-cultivable shellfish micro-parasites: the case of *Bonamia ostreae*, a parasite of the European flat oyster *Ostrea edulis*. *Microbial Biotechnology*, 13(6), pp. 1807-1818.

Mérou N., et al. (2022) Investigating the environmental survival of *Marteilia refringens*, a marine protozoan parasite of the flat oyster *Ostrea edulis*, Through an environmental DNA and microscopy-based approach. *Frontiers in Marine Science*, 9.

Début du projet : 2015 | Durée : 48 mois | Instrument : PRCI | Financement ANR : 604 095 €

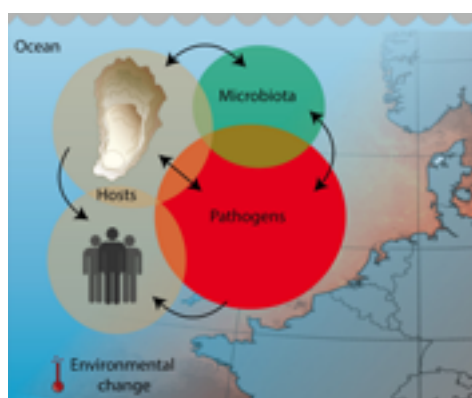
Partenaires

UMR 7144 Adaptation et Diversité en Milieu Marin, CNRS, Sorbonne Université | AWI Waddenseastation Sylt, Alfred Wegener Institute Helmholtz Centre for Polar and Marine Research (Allemagne) | Shelf Seas Systems Ecology, Alfred Wegener Institute Helmholtz Centre for Polar and Marine Research (Allemagne) | Department of Life Sciences and Chemistry, Jacobs University Bremen (Allemagne) | Institute for Chemistry and Biology of the Marine Environment, University of Oldenburg (Allemagne)

Coordination

Isabelle Arzul – isabelle.arzul@ifremer.fr – Unité ASIM, Ifremer

Connecter des données *in situ*, *in vitro* et *in vivo* avec des modèles afin de mieux comprendre les interactions complexes entre le microbiome et les organismes pathogènes et de prédire l'effet du changement climatique sur leur distribution et transmission. © Isabelle Arzul



EnViRoS

Opportunities for an Environmental-friendly Viticulture: optimization and introduction of new Rootstock and Scion genotypes

Rappel des objectifs

Le changement climatique menace la durabilité de la viticulture méditerranéenne où la plupart des régions sont exposées à des températures plus élevées et à des sécheresses récurrentes. En outre, la consommation croissante des ressources en eau douce, associée à une population mondiale en augmentation, rend nécessaire la réduction de l'utilisation de l'eau par les cultures afin d'améliorer la durabilité de l'agriculture. Cette situation pousse à rechercher des cultures plus tolérantes à la sécheresse comme solution plus durable à long terme. L'objectif général de ce projet était d'identifier et de caractériser la tolérance à la sécheresse parmi les génotypes de *Vitis*, y compris les espèces et les cultivars de vigne, en intégrant de multiples approches de phénotypage.

Résultats majeurs

Dans l'ensemble, les expériences ont montré que la tolérance à la sécheresse est un comportement complexe et interactif qui implique de multiples traits physiologiques qui doivent être intégrés et examinés dans différentes conditions de croissance et gradients de stress hydrique. Plus important encore, ces études ont remis en question les classifications scientifiques établies à long terme des génotypes de vigne, à savoir les comportements iso/anisodiques, permettant au contraire de comprendre la tolérance à la sécheresse comme un concept plus large et plus intégré. La tolérance à la sécheresse est déterminée par certains traits hydrauliques clés de la plante et par les arrangements spécifiques qui existent entre eux. La modélisation de la performance en cas de sécheresse a permis d'observer que certains des cultivars commerciaux actuels seront plus performants que d'autres. Dans l'ensemble, les génotypes qui présentent des caractéristiques réduisant la transpiration de la plante, telles que la surface foliaire et la conductance minimale, mettent plus de temps à épuiser l'eau du sol et à atteindre la défaillance hydraulique. Nos résultats aideront les viticulteurs à répondre à de nombreuses questions importantes concernant la viticulture, telles que la sélection de cultivars mieux adaptés aux conditions climatiques extrêmes.

Production scientifique et valorisation

Dayer S., et al. (2020) The sequence and thresholds of leaf hydraulic traits underlying grapevine varietal differences in drought tolerance. *J. Exp. Bot.*, 71(14), pp. 4333-4344.

Gambetta G.A., et al. (2020) Grapevine drought stress physiology: towards an integrative definition of drought tolerance. *J. Exp. Bot.*, 71(16), pp. 4658-4676.

Dayer S., et al. (2021) Nighttime transpiration represents a negligible part of water loss and does not increase the risk of water stress in grapevine. *Plant Cell Env.*, 44(2), pp. 387-398.

Dayer S., et al. (2022) Model-assisted ideotyping reveals the drought tolerance trait syndromes to adapt grapevines to climate change. *Plant Physiology*, 190, pp. 1673-1686.

Début du projet : 2017 | Durée : 36 mois |

Financement ANR : 322 315 €

Partenaires

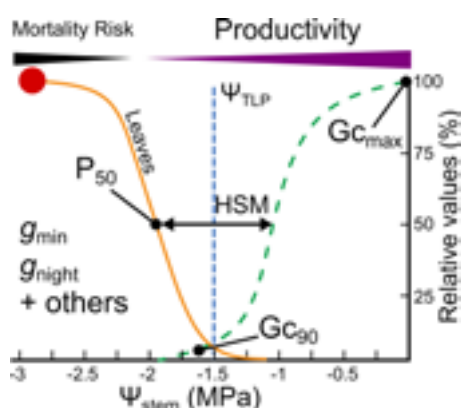
Wine Research Centre, University of Nova Gorica (Slovénie) |
 Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias (Espagne) |
 National Institute of Biology (Slovénie) | Ben-Gurion
 University of the Negev (Israël) | University of Udine (Italie)

Coordination

Gregory Gambetta – gregory.gambetta@agro-bordeaux.fr
 – UMR EGFV, Bordeaux Sciences Agro, ISVV Bordeaux-Aquitaine, Université de Bordeaux, INRAE

La tolérance à la sécheresse résulte de l'intégration de multiples traits, certains affectant la productivité (par exemple, l'utilisation maximale d'eau, G_{cmax} , et la fermeture des stomates, G_{c90}) et d'autres affectant le risque de mortalité (par exemple, la vulnérabilité à l'embolie, P_{50} , et la conductance foliaire minimale, g_{min}). La tolérance à la sécheresse ne peut être évaluée correctement que lorsqu'elle est prise en compte dans son ensemble.

© Gregory Gambetta



FlyScreen

Développement d'écrans attractifs toxiques pour le contrôle des mouches hématophages

Rappel des objectifs

L'enjeu de ce projet est l'amélioration de la méthode de contrôle des mouches tsé-tsé, par écrans imprégnés d'insecticides, et adaptation aux autres espèces de mouches hématophages. Les principaux objectifs sont de : (1) concevoir des écrans attirant spécifiquement les mouches hématophages ; (2) identifier des matériaux adaptés pour la production d'écrans imprégnés d'insecticides ; (3) mesurer l'impact des diptères nuisibles sur la production bovine ; (4) générer des protocoles d'évaluation de l'impact des écrans sur le confort des animaux ; et (5) évaluer la persistance de l'activité insecticide des écrans générés par le projet. L'étude a permis le développement d'un écran polyéthylène multicouche selon une technologie permettant de produire des écrans aux caractéristiques ajustables aux besoins ; d'une méthode d'évaluation de l'activité insecticide des écrans par test de contact tarsal (TCT) des insectes ; d'une mesure de l'impact des diptères hématophages sur les bovins, et le développement d'une méthode d'estimation de la nuisance des mouches à l'aide de pédomètres installés sur la queue des bovins.

Résultats majeurs

Les résultats majeurs de l'étude sont : la mise au point d'une méthode de production d'écrans en polyéthylène multicouche multifonctions, dans lesquels on peut adjoindre, sans interférences, des composants aux multiples propriétés (pigment, UV protecteur, insecticide, etc.) ; la démonstration de l'attractivité et de la spécificité des écrans attractifs bleus (tabanides et tsé-tsé) ou bleus et blancs (*Stomoxys spp.* et *Musca spp.*), dans divers contextes (Thaïlande, France, La Réunion, Burkina Faso) ; et la mesure biologique (TCT) de la durée d'efficacité insecticide des écrans exposés en extérieur dans divers pays (France, Thaïlande, Burkina Faso) qui a été de 6 à 12 mois selon les espèces. Le projet a fourni la preuve de concept du contrôle des mouches piqueuses à l'échelle d'un élevage, pendant plus de 8 mois, par l'utilisation de 20-30 écrans imprégnés d'insecticides, en fermes laitières, en Thaïlande. Toutefois, en France, les écrans ont été peu efficaces sur les stomoxes, et l'analyse génétique a montré la présence d'allèles de résistance des stomoxes aux pyréthrinoides. Pour ces raisons, la recherche s'est dorénavant orientée vers le développement de pièges compostables. Toutefois, les écrans FlyScreens sont très prometteurs pour le contrôle des tsé-tsé en Afrique et des stomoxes en Asie.

Production scientifique et valorisation

Boonsaen P., et al. Measures of the direct impact of hematophagous flies on feeder cattle: a serious potential economic impact. En préparation.

Desquesnes M., et al. (2021) Insecticide-impregnated screens used under « multi target method » for hematophagous fly control in cattle: a proof of concept. *Ecology and Control of Vector-borne Diseases*, 6, pp. 91-105.

Desquesnes M., et al. (2022) The Use of « Tail-Pedometers » to Evaluate the Impact of Dipterans in Feeder Cattle. *Insects*, 13(7), p. 616.

Salou E., et al. (2019) Innovative tools in the control of Palpalis group tsetse: plastic screens. 35th General Conference of the International Scientific Council for Trypanosomiasis Research and Control (ISCTRC) and 18th PATTEC National Coordinators Meeting, Abuja, Nigeria.

Sharif S., et al. (2020) Attractiveness and specificity of different polyethylene blue screens on *Stomoxys calcitrans* (Diptera: Muscidae). *Insects*, 11(9), p. 575.

Début du projet : 2015 | Durée : 48 mois |
Instrument : PRCE | Financement ANR : 493 863 €

Partenaires

UMR 1225 IHAP, INRAE | UMR 5175 CEFE, EPHE, CNRS, IRD,
 Université de Montpellier | AtoZ Textile Mills LTD, Arusha
 (Tanzanie) | Kasetsart University, Bangkok (Thaïlande)

Coordination

Marc Desquesnes – marc.desquesnes@cirad.fr – UMR 17
 INTERTRYP, Cirad, IRD

La méthode des écrans multiples (20 par élevage) FlyScreens, imprégnés de deltaméthrine, pour le contrôle des stomoxes dans une ferme laitière en Thaïlande.
 © Marc Desquesnes



ForRISK

Réduction de la densité forestière pour minimiser la vulnérabilité de l'épicéa commun et du sapin blanc aux sécheresses extrêmes – une évaluation des risques

Rappel des objectifs

ForRISK s'ancre dans l'analyse d'une expérience d'une durée de 50 ans pour la gestion forestière.

On prévoit que les sécheresses sévères augmenteront en intensité et en fréquence, entraînant des risques écologiques et économiques sans précédent pour la santé et la productivité des forêts. Le projet examine les effets interactifs de la sécheresse et de la densité de population des arbres sur la résistance et la résilience de la croissance des arbres, ainsi que les mécanismes écophysologiques contribuant à la réponse à la sécheresse de l'épicéa commun (*Picea abies*) et du sapin blanc (*Abies alba*), deux espèces clés pour la foresterie européenne. Les résultats serviront à évaluer les risques économiques de ces deux essences dans le cadre de différents scénarios de gestion et de changement climatique.

Résultats majeurs

Les recherches ont montré que : (1) le sapin présentait une résistance et une résilience à la sécheresse plus élevées que l'épicéa ; (2) les facteurs d'influence différaient entre les sécheresses légères et sévères ; (3) l'épicéa était moins résistant aux sécheresses sévères lorsqu'il était en compétition avec le sapin ; (4) des peuplements plus denses ont été associés à une moindre résistance et résilience aux sécheresses sévères ; (5) les arbres plus grands étaient plus résistants aux événements de sécheresse légère, mais moins résistants et résilients aux sécheresses sévères.

Le projet a permis l'obtention d'un financement supplémentaire dans le cadre du LabEx ARBRE.

Production scientifique et valorisation

Le projet ForRISK a donné lieu à trois articles dans des revues à comité de lecture, à plusieurs exposés lors de conférences scientifiques (par exemple, l'Union internationale des instituts de recherches forestières) et à l'organisation d'une série de séminaires d'une demi-journée « Impacts de la sécheresse sur les forêts – stratégies d'adaptation potentielles » à l'université de Freiburg en Allemagne.

Début du projet : 2017 | Durée : 58 mois |

Financement ANR : 200 000 €

Partenaires

Albert-Ludwigs-Universität Freiburg (Allemagne) |
Forstliche Versuchs- und Forschungsanstalt Baden-
Württemberg (Allemagne) | Institut fédéral de recherches
sur la forêt, la neige et le paysage WSL (Suisse) |
Eidgenössische Technische Hochschule ETH Zurich (Suisse)

Coordination

Matthias Cuntz – matthias.cuntz@inrae.fr –
UMR Silva, INRAE



FRIMOUSS

Modélisation intégrative des fruits vers un système de sélection unifié

Rappel des objectifs

Ce projet vise à générer un ensemble de données sans précédent, de l'expression des gènes à la composition de la biomasse et tout au long de la croissance et de la maturation du fruit. Il cherche à développer, paramétrer puis valider plusieurs modèles permettant de simuler divers aspects de la biologie du fruit. Il a recours à des modèles pour élucider les principes généraux impliqués dans la croissance et la qualité des fruits. Ce projet utilise les techniques et méthodes suivantes : suivi de culture, transcriptomique, protéomique, métabolomique, modélisation mathématique et statistique.

Résultats majeurs

Les recherches ont permis (1) d'établir que la vitesse de croissance d'un fruit est étroitement liée à la composition de sa biomasse, (2) de fournir le premier modèle *in silico* de *turnover* des protéines publié chez les plantes, et (3) de montrer que la modélisation intégrative permet d'envisager l'amélioration conjointe de la production de biomasse et de la qualité des fruits.

Production scientifique et valorisation

Belouah I., et al. (2019) Modeling protein destiny in developing fruit. *Plant Physiology*, 180(3), pp. 1709-1724.

Cakpo C.B., et al. (2020) Model-assisted comparison of sugar accumulation patterns in ten fleshy fruits highlights differences between herbaceous and woody species. *Annals of Botany*, 126(3), pp. 455-470.

Chen J., et al. (2021) Modelling predicts tomatoes can be bigger and sweeter if biophysical factors and transmembrane transports are fine-tuned during fruit development. *New Phytologist*, 230(4), pp. 1489-1502.

Roch L., et al. (2020) Biomass composition explains fruit relative growth rate and discriminates climacteric from non-climacteric species. *Journal of Experimental Botany*, 71(19), pp. 5823-5836.

Début du projet : 2015 | Durée : 58 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 501 702 €

Partenaires

UMR 1287 EGFV, Bordeaux Sciences Agro, ISVV
Bordeaux-Aquitaine, Université de Bordeaux, INRAE |
UR 1115 PSH, INRAE

Coordination

Yves Gibon – yves.gibon@inrae.fr – UMR 1332 BFP, INRAE,
Université de Bordeaux

Verger d'actinidiés (kiwi)
utilisé dans le cadre
du projet FRIMOUSS.
© Léa Roch



FROG

Réponses fonctionnelles des aquifères souterrains aux pratiques d'infiltration en milieu urbain

Rappel des objectifs

Face aux enjeux cruciaux associés à la ressource en eau, diverses techniques de recharge artificielle des aquifères ont été développées. Néanmoins, l'impact de ces pratiques sur la contamination en polluants émergents (pharmaceutiques, contaminants biologiques...) et le fonctionnement des écosystèmes souterrains reste largement méconnu. Afin de combler ce manque, le projet collaboratif FROG avait pour principaux objectifs de (1) développer des outils d'évaluation de la contamination chimique (pesticides et pharmaceutiques) et microbiologique de la nappe par les pratiques d'infiltration d'eau de ruissellement pluvial, (2) d'utiliser ces outils afin de déterminer les facteurs hydrologiques et hydrogéologiques associés aux systèmes d'infiltration permettant d'expliquer les réponses chimiques et biologiques de l'écosystème souterrain, et (3) d'apporter des éléments de compréhension aux opérationnels pour la conception et la gestion des ouvrages (bassins) utilisés pour la recharge des nappes en milieu urbain.

Résultats majeurs

Basés sur plusieurs sites instrumentés de l'Observatoire de terrain en hydrologie urbaine (OTHU), le projet FROG a permis de (1) développer des capteurs passifs originaux pour évaluer les contaminations en pesticides et pharmaceutiques dans les eaux souterraines (en collaboration avec l'université de Portsmouth (Royaume-Uni), et de (2) sélectionner des substrats artificiels efficaces pour évaluer la biodiversité et l'activité des biofilms microbiens dans la nappe. Ces outils ont permis de montrer que l'infiltration des eaux de ruissellement pluvial pouvait contaminer la nappe en quelques composés (ex. : diuron et fluopyram), mais aussi diluer des pesticides historiques dans la nappe (ex. : atrazine). Les analyses sur substrats artificiels ont permis de montrer que l'augmentation des flux de matière organique transitant de la surface vers la nappe tendait à stimuler le compartiment microbien. En lien avec les conditions hydrologiques et hydrogéologiques, il a été montré que le temps de transit dans la zone non saturée jouait un rôle majeur dans les transferts de matière organique et de bactéries de la surface vers la nappe. Comme la zone non saturée joue un rôle de protection de la nappe, plus le temps de transit de l'eau d'infiltration dans la zone non saturée est long, plus les processus de rétention et d'épuration des contaminants sont efficaces. En lien avec ce type de résultats, le projet FROG a permis de réaliser un guide pour les décideurs en termes de métrologie des systèmes d'infiltration et de conception des ouvrages.

Production scientifique et valorisation

À ce jour, le projet a donné lieu à 11 publications dans des revues scientifiques internationales à comité de lecture dont les quatre suivantes :

Voisin J., et al. (2018) Aquifer recharge with stormwater runoff in urban areas: Influence of vadose zone thickness on nutrient and bacterial transfers from the surface of infiltration basins to groundwater. *Science of The Total Environment*, 637, pp. 1496-1507.

Pinasseau L., et al. (2020) Emerging polar pollutants in groundwater: Potential impact of urban stormwater infiltration practices. *Environmental Pollution*, 266, p. 115387.

Colin Y., et al. (2020) Coalescence of bacterial groups originating from urban runoffs and artificial infiltration systems among aquifer microbiomes. *Hydrology and Earth System Sciences*, 24, pp. 4257-4273.

Lebon Y., et al. (2023) Aquifer recharge by stormwater infiltration basins: hydrological and vadose zone characteristics control the impacts of basins on groundwater chemistry and microbiology. *Science of The Total Environment*, 865, p. 161115.

Cette production scientifique s'accompagne d'un guide opérationnel à destination des gestionnaires.

Début du projet : 2017 | Durée : 54 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 620 688 €

Partenaires

UMR 5557 LEM, CNRS, Université Claude Bernard Lyon 1, VetAgro Sup, INRAE | UMR 5280 ISA, CNRS, Université Claude Bernard Lyon 1 | UMR 5001 IGE, CNRS, Université Grenoble Alpes, INRAE, IRD, Grenoble INP

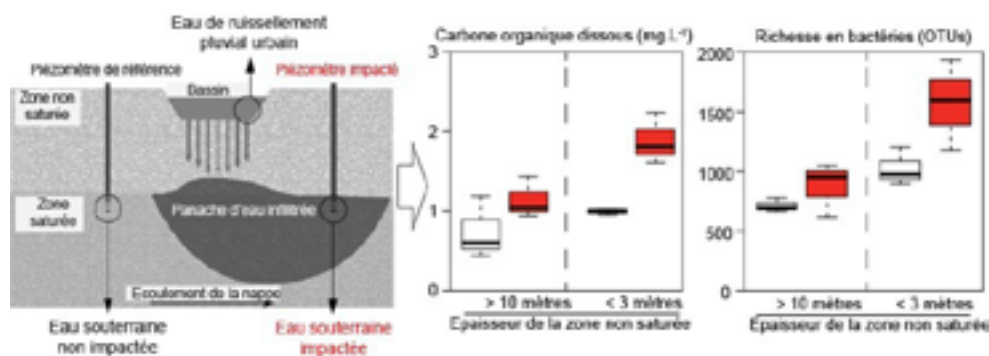
Coordination

Florian Mermillod-Blondin –
 florian.mermillod-blondin@univ-lyon1.fr – UMR 5023
 LEHNA, CNRS, Université Claude Bernard Lyon 1, ENTPE

Plan d'échantillonnage de la nappe sous système d'infiltration et conséquence de l'infiltration sur la matière organique dissoute et la diversité bactérienne dans la nappe.

Box plots : blanc = référence, rouge = zone impactée.

© Florian Mermillod-Blondin



FunctionalStreams

Discriminer l'impact des composantes du changement global sur les cours d'eau de tête de bassin

Rappel des objectifs

L'enjeu de ce projet est la levée d'un verrou scientifique. Il vise à préciser l'impact des changements globaux sur le fonctionnement des cours d'eau de tête de bassin. Ces écosystèmes sont vulnérables, car ils interceptent les nutriments venant du bassin versant, sont sujets au réchauffement lié au changement climatique, tout en étant particulièrement sensibles en raison de leur éloignement des principaux foyers de perturbations anthropiques. Alors que les effets individuels des composantes du changement global commencent à être bien connus, les effets combinés de ces facteurs, tels qu'ils s'expriment en milieu naturel, restent très peu étudiés. La non-additivité de ces effets (les effets en combinaison diffèrent de la somme des effets séparés) est une hypothèse soutenue par les rares études de communautés très simplifiées. Ce projet vise à combler ce manque de connaissances, par l'évaluation quantitative des effets séparés et combinés des deux principales composantes du changement global. Le projet met en place des approches emboîtées, de l'écosystème au microcosme, et complémentaires dans leurs objectifs. Les chercheurs proposent une perspective intégrée de la compréhension des impacts des changements globaux sur les cours d'eau.

Résultats majeurs

Le fait le plus marquant est la quasi-inexistence d'interaction entre la température et la teneur en azote, signifiant que les effets de ces deux facteurs s'additionnent simplement (= additivité). Ce résultat est d'autant plus remarquable qu'il a été obtenu à toutes les échelles d'étude et le long de gammes de teneurs en azote dissous et de températures représentatives des changements attendus au XXI^e siècle. Ceci facilite la modélisation et améliore la prédiction de l'évolution fonctionnelle des écosystèmes de rivière. Toutefois, les chercheurs ont aussi montré le rôle sous-jacent de paramètres insuffisamment pris en compte jusque-là (teneur en phosphore dissous, salinisation des eaux et contribution des invertébrés détritivores).

Production scientifique et valorisation

Gossiaux A., et al. (2020) Temperature and nutrient effects on the relative importance of brown and green pathways for stream ecosystem functioning: A mesocosm approach. *Freshwater Biology*, 65(7), pp. 1239-1255.

Jabiol J., et al. (2019) Litter quality modulates effects of dissolved nitrogen on leaf decomposition by stream microbial communities. *Microbial Ecology*, 77, pp. 959-966.

Jabiol J., et al. (2020) Variable temperature effects between heterotrophic stream processes and organisms. *Freshwater Biology*, 65(9), pp. 1543-1554.

Réveillon T., et al. (2019) Repeatable inter-individual variation in the thermal sensitivity of metabolic rate. *Oikos*, 128(11), pp. 1633-1640.

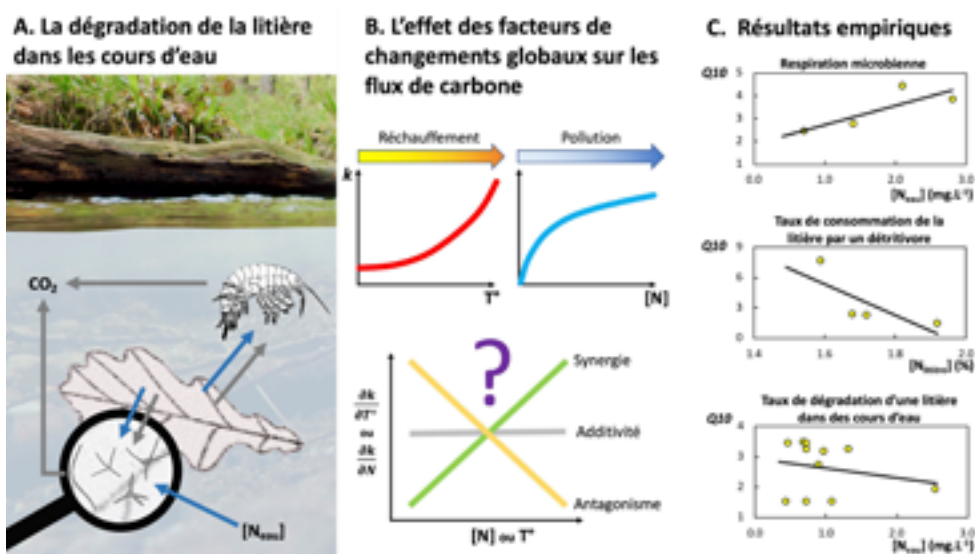
Début du projet : 2014 | Durée : 60 mois | Instrument : PRC | Financement ANR : 497 746 €

Partenaire
UMR 7360 LIEC, CNRS, Université de Lorraine

Coordination
Eric Chauvet – eric.chauvet@univ-tlse3.fr – UMR 5245, Laboratoire Écologie fonctionnelle et environnement, CNRS, Université de Toulouse III-Paul Sabatier, Toulouse INP

A. Flux de carbone et d'azote quantifiés ; B. Relation attendue entre intensité des flux de carbone (k) et température et/ou azote ; C. Effets variables ex- et in situ de la disponibilité en azote sur la sensibilité à température (Q_{10}) de processus bio- et écologiques sous-tendant des flux de carbone.

© Antoine Lecerf



GENOMITE

Nouvelle génération d'outils durables pour lutter contre les acariens ravageurs émergents dans le contexte du changement climatique

Rappel des objectifs

Au besoin d'adapter l'agriculture aux effets du changement climatique se joint la nécessité de répondre aux impératifs de réduction de la dépendance aux produits phytosanitaires. La prise en compte conjointe implique un niveau de complexité que nous avons abordé avec GENOMITE qui a pour ambition de fournir une base pour des stratégies d'adaptation des pratiques agricoles. Le projet est centré sur la tomate, une culture à forte valeur ajoutée en Europe et sensible aux acariens. Le projet explore de nouvelles pistes pour une mobilisation des régulations naturelles et la gestion des communautés dans l'agrosystème afin de proposer des solutions respectueuses de l'environnement. GENOMITE étudie la direction et l'amplitude de l'impact du changement climatique sur la dynamique des populations de ravageurs, *Tetranychus urticae* et *Trypanosoma evansi* en particulier, et modélise afin de prédire les risques liés aux acariens dans un scénario de changement climatique.

Résultats majeurs

Les plants stressés par la sécheresse seront plus enclins aux épidémies d'acariens dans un scénario de changement climatique, impactant la production. Nous avons démontré que la sécheresse aura un impact différent sur les acariens ravageurs dans les localités du Sud et du Nord, et que des changements majeurs dans les performances des acariens sont attendus dans les régions plus humides de l'Union européenne. Le stress de la sécheresse augmentera la performance des acariens ravageurs, ce qui représente une menace croissante pour la sécurité alimentaire, mais cela soutient également le besoin d'une agriculture locale intelligente. L'ensemble de ces données est utile pour la prise de décision dans le choix des cultivars et pour le criblage des accessions de tomates adaptées à la sécheresse.

En modélisant les futures aires de répartition potentielle des espèces, les résultats montrent une expansion de l'aire de répartition du ravageur (*Tetranychus urticae*) et la modification des zones d'efficacité du prédateur (*Phytoseiulus persimilis*). Ces travaux prennent en compte la réponse adaptative des organismes aux nouvelles conditions environnementales pour estimer comment celles-ci peuvent affecter les prédictions des modèles et considèrent en parallèle l'information sur la distribution à la fois des ravageurs et des acariens prédateurs candidats à la lutte biologique avec des données d'occupation des surfaces agricoles pour prévoir les nouveaux risques de pullulations des ravageurs. Enfin, les prédictions issues des modèles sont validées par une étude expérimentale de plein champ.

En plus de la tomate, les ravageurs étudiés sont présents aussi sur de nombreuses autres filières de production comme les fruits et légumes avec des applications de ces travaux pour d'autres cultures.

Les résultats obtenus ouvrent des perspectives de recherche sur les interactions plante-ravageur-prédateur et les nouvelles pratiques culturales mises en œuvre pour une adaptation de l'agriculture au changement climatique (gestion de l'irrigation, gestion des sols). GENOMITE a permis l'élargissement du réseau de collaborateurs avec l'obtention d'un projet H2020 (<https://www.superpests.eu/>).

Production scientifique et valorisation

Santamaria M.E., et al. (2018) Host plant use by two distinct lineages of the tomato red spider mite, *Tetranychus evansi*, differing in their distribution range. *Journal of Pest Science*, 91(1), pp. 169-179.

Migeon A., et al. (2021) The response to drought-stressed host plants varies among herbivorous mite populations from a climate gradient. *PCI Zool.*

Litskas V., et al. (2019) Impacts of climate change on tomato, a notorious pest and its natural enemy: Small scale agriculture at higher risk. *Environmental Research Letters*, 14(8).

Les résultats du projet ont été présentés lors de 5 congrès internationaux, GENOMITE a également été labellisé par Innov'Alliance.

Début du projet : 2014 | Durée : 48 mois |

Financement ANR : 181 962 €

Partenaires

East Malling Research (Royaume-Uni) | Max Planck Institut für Molekulare-Pflanzenphysiologie (Allemagne) | Cyprus University of Technology (Chypre) | University of Amsterdam (Pays-Bas) | University of Gent (Pays-Bas) | Universidad Politécnica de Madrid (Espagne) | Centro de Investigaciones Biológicas (Espagne) | University of Western Ontario (Canada)

Coordination

Maria Navajas – maria.navajas@inrae.fr –
UMR 1062, CBGP, INRAE, IRD, Cirad, Montpellier SupAgro

Distribution potentielle en Europe en 2050 (scénario CSIRO MX 3.0) de *Tetranychus urticae*, acarien ravageur des solanacées, parmi une liste de plus de 200 cultures d'importance économique. L'évolution potentielle des zones de culture de la tomate a été modélisée et les résultats superposés à la projection de l'expansion du ravageur et l'efficacité de son contrôle par l'ennemi naturel, l'acarien *Phytoseiulus persimilis*.

© Alain Migeon, INRAE



GenoPopTaille

Estimation de la taille absolue de populations marines en danger par identification génétique des paires parent-descendant

Rappel des objectifs

L'enjeu de ce projet était le développement d'une nouvelle méthode génétique d'estimation de la taille absolue (nombre de géniteurs) d'une population marine exploitée d'espèces de grande taille telle que les raies et les requins. La population étudiée était la raie bouclée (*Raja clavata*) du golfe de Gascogne. Le projet avait trois objectifs complémentaires : (1) l'étude de la structure génétique et de la connectivité des populations de raie bouclée de l'Atlantique et de la Méditerranée ; (2) l'évaluation de l'applicabilité plus large de la méthode ; et (3) l'évaluation de l'utilisation des capsules d'œufs des raies comme alternative aux biopsies pour collecter des échantillons génétiques. Des échantillons ont été collectés auprès d'un réseau de collègues européens pour la génomique et la connectivité ($n > 600$) ainsi qu'au débarquement des bateaux de pêche et lors de campagnes à la mer pour la population du golfe de Gascogne ($n > 7000$). Des méthodes génétiques ont été utilisées (séquençage RAD-Seq, génotypage de 9120 marqueurs SNP sur puce Illumina) ainsi que des méthodes de statistique et de modélisation comme l'analyse des données génétiques pour identification des marqueurs SNP.

Résultats majeurs

Les résultats majeurs sont : (1) une estimation de l'abondance absolue de la population de raie bouclée du golfe de Gascogne par méthode génétique (CKMR [*close-kin mark recapture*]) et l'évaluation de la structure de métapopulation ; (2) une analyse de l'effet du nombre de marqueurs génétiques et de l'effectif d'échantillons sur l'estimation de la taille de population efficace basée sur des données de séquençage RAD-Seq ; (3) l'estimation par simulation de l'effectif d'échantillons nécessaire pour estimer la taille de population efficace ; (4) des estimations de biomasse monospécifique et plurispécifique (cinq espèces de raie du golfe de Gascogne) ; et (5) l'estimation par simulation de la connectivité génétique et démographique des populations de raie bouclée. Le projet a permis l'identification de marqueurs SNP liés au sexe et du système de détermination du sexe chez la raie bouclée. Le projet a permis l'extension de la collaboration en Méditerranée pour l'analyse de connectivité génétique. Il a également permis une contribution directe à l'appui à la politique publique au niveau européen, par intégration de l'estimation d'abondance CKMR aux avis scientifiques du Conseil international pour l'exploration de la mer (CIEM) sur les captures durables pour la population étudiée.

Production scientifique et valorisation

Marandel F., *et al.* (2019) Determining long-term changes in a skate assemblage with aggregated landings and limited species data. *Fisheries Management and Ecology*, 26(4), pp. 365-373.

Marandel F., *et al.* (2019) Estimating effective population size of large marine populations, is it feasible? *Fish and Fisheries*, 20(1), pp. 189-198.

Trenkel V. M., *et al.* (2020) Methods for identifying and interpreting sex-linked SNP markers and carrying out sex assignment: application to thornback ray (*Raja clavata*). *Molecular Ecology Resource*, 20, pp. 1610-1619.

Trenkel V. M., *et al.* (2022) Close-kin mark-recapture abundance estimation: practical insights and lessons learned. *ICES Journal of Marine Science*, 79, pp. 413-422.

Début du projet : 2015 | Durée : 48 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 458 428 €

Partenaires

UMR 6539 LEMAR, Université de Bretagne occidentale, CNRS, IRD, Ifremer | Unité LGPMM, Ifremer

Coordination

Pascal Lorange – pascal.lorange@ifremer.fr –
 Unité EMH, Ifremer

Mâle adulte de raie bouclée
 du golfe de Gascogne.
 © Pascal Lorange, Ifremer



GOVENPRO

L'histoire du gouvernement de l'environnement par la propriété (fin XVIII^e siècle-présent, Europe, États-Unis, mondes coloniaux et post-coloniaux)

Rappel des objectifs

Le projet GOVENPRO se proposait d'aborder un sujet qui, malgré son importance, n'avait jamais fait l'objet d'un programme de recherche systématique : l'histoire des formes de gouvernement de l'environnement par la propriété, depuis la fin du XVIII^e siècle. Il répond à quatre objectifs scientifiques et un objectif organisationnel : (1) produire une analyse historique des formes d'action publique opérant sur les environnements par l'entremise de la propriété ; (2) renouveler les recherches sur l'histoire des communs environnementaux ; (3) produire une histoire environnementale des dynamiques de propriété ; (4) élaborer une histoire sociale et politique des discours théoriques liant propriété et ressources/environnement ; et (5) impulser une dynamique fédératrice autour du thème du gouvernement de l'environnement par la propriété. Pour atteindre ses objectifs scientifiques, le projet mobilisait les approches de l'histoire environnementale, de l'histoire de l'État et des politiques publiques, de l'histoire sociale des sciences et des techniques, de l'anthropologie et des sciences politiques. En plus des recherches individuelles, une enquête collective, à l'échelle globale, privilégiant les sources historiques (archives, sources imprimées) a été réalisée et des enquêtes ethnographiques de terrain ont aussi été menées sur propriété et environnement en terrain post-colonial (Vietnam, Inde).

Résultats majeurs

GOVENPRO a d'abord démontré, en analysant les différentes dimensions, l'importance de systèmes de propriété vernaculaires des écosystèmes, actifs du passé à aujourd'hui, en parallèle des normes étatiques et/ou en concurrence avec celles-ci. Les travaux de GOVENPRO ont aussi révélé l'hybridité de long terme des communs environnementaux dont le projet a montré que, contrairement aux idées reçues, ils sont souvent très liés aux États qui peuvent par exemple les promouvoir comme outils de gouvernement indirect. GOVENPRO a produit également des travaux pionniers en matière de gouvernement public de l'environnement par la propriété, en éclairant son rôle dans l'histoire longue de la structuration des États territoriaux. Enfin, le projet a été novateur, à propos d'une autre thématique majeure : celle des risques et des catastrophes, dont il a proposé une lecture sociohistorique d'ensemble par le prisme de la propriété.

Les deux post-doctorants du projet ont par la suite obtenu un poste. L'un d'entre eux a obtenu un financement de l'ANR dans le cadre d'un projet en lien avec le thème de GOVENPRO. Le projet a créé des synergies innovantes entre des historiens et des spécialistes du temps présent (anthropologie, sciences politiques) autour des thématiques de l'environnement, du gouvernement des ressources, des catastrophes, du développement soutenable et des rapports Nord-Sud au temps de l'Anthropocène.

Production scientifique et valorisation

Locher F. (dir.), (2020) *La nature en communs. Ressources, environnement et communautés (France et Empire français, XVII^e-XXI^e siècle)*, éditions Champ Vallon.

Elie M., Locher F. (eds.), (2018) Crash Testing Property. How disasters reshape and reveal property institutions (Europe and Asia, 19th-21st c.). *Global Environment, special issue*, 11(2).

Graber F., Locher F. (dir.), (2018) *Posséder la nature. Environnement et propriété dans l'histoire*, éditions Amsterdam.

Ce projet a donné lieu à l'organisation d'une conférence internationale réunissant plus de 30 participants de plus de dix pays, *Property and environment in developing countries*, à Paris, les 7 et 8 juin 2017.

Début du projet : 2014 | Durée : 46 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 282 605 €
Partenaire
 IRD
Coordination
 Fabien Locher – flocher@ehess.fr –
 UMR 8558 CRH, EHESS, CNRS

S'approprier
un environnement
mouvant : clôture dans
une rizière (Laos).
© Wikimedia Commons



GRaSP

Caractérisation du déterminisme génétique du choix du partenaire symbiotique pour une amélioration de la symbiose fixatrice d'azote chez le pois

Rappel des objectifs

GRaSP est un projet de recherche collaboratif ayant pour objectif finalisé une augmentation de la culture de pois en France, ceci pour une pratique plus écologique de l'agriculture. La culture de légumineuses comme le pois permet une production de graines à haute teneur en protéines, sans apport d'engrais azoté, grâce à l'établissement d'une symbiose fixatrice d'azote avec des bactéries du sol, les rhizobia. Cependant, au champ, les populations de rhizobia présentes dans les sols sont variables pour leur efficacité à fixer l'azote ou leur capacité à noduler le pois. Le projet vise à acquérir une meilleure connaissance des déterminants génétiques de l'interaction entre pois et rhizobia, pour pouvoir l'optimiser dans les conditions de plein champ, et ainsi améliorer la fixation symbiotique et le rendement des cultures de pois et leur intérêt pour les agriculteurs. Deux approches génétiques ont été menées : (1) une analyse de génétique d'association pour une identification sans *a priori* des gènes de la plante et des gènes bactériens impliqués dans le choix de partenaires ; (2) une analyse ciblée de gènes bactériens (gènes nod) et végétaux (LysM-RLK) déjà connus pour leur rôle dans l'établissement des symbioses rhizobiennes et le contrôle de la spécificité d'hôte. Ces deux approches ont été suivies d'expérimentations preuves de concept au champ.

Résultats majeurs

Le projet GRaSP a permis la caractérisation génomique et fonctionnelle de larges panels de diversité des partenaires symbiotiques (pois et rhizobium) et la constitution de collections représentatives de cette diversité (336 pois et 28 rhizobia). Le projet a aussi donné lieu à une extension de collaborations internationales pour l'étude de la domestication chez le pois et celle du complexe d'espèce *Rhizobium leguminosarum*. Des accessions de pois sauvages ou premiers domestiqués, peu étudiées dans les travaux précédents, ont été génotypées et analysées. La grande diversité du complexe d'espèces de rhizobium nodulant le pois, longtemps regroupées dans le symbiovar *viciae* de l'espèce *Rhizobium leguminosarum*, a été mise en évidence. Le programme a nécessité le développement de méthodes performantes pour la caractérisation du choix de partenaire symbiotique (phénotypage à haut débit en RhizoTubes® sur plateforme 4PMI de l'INRAE de Dijon, metabarcoding, etc). Les données obtenues ont montré un grand contraste de choix de rhizobia parmi les diverses accessions de pois étudiées et l'analyse de génétique d'association menée a permis d'identifier chez le pois des gènes contrôlant ce choix.

Parmi ceux-ci se trouve le gène LYKX, un membre de la famille des LysM-RLK, et d'autres gènes impliqués dans divers processus biologiques. Des mutants dans des gènes identifiés ont été obtenus par TILLING pour une validation fonctionnelle de leur rôle dans le choix de partenaire. Enfin, des couples variété de pois-souche de rhizobium, identifiés comme présentant une interaction préférentielle, ont été testés en serre pour leur efficacité symbiotique, puis au champ. L'ensemble des résultats obtenus constitue la base de nouveaux projets en cours ou à venir.

Production scientifique et valorisation

Le projet a donné lieu à diverses productions dont cinq publications scientifiques, une publication de vulgarisation dans une revue internationale, des présentations et posters à des colloques internationaux, des présentations à des séminaires nationaux, dans le cadre du métaprogramme HOLOFLUX, du projet PeaMUST (PIA), de l'Institut Carnot Plant2Pro et de réseaux.

Début du projet : 2017 | Durée : 69 mois |
Instrument : PRCE | Financement ANR : 720 000 €

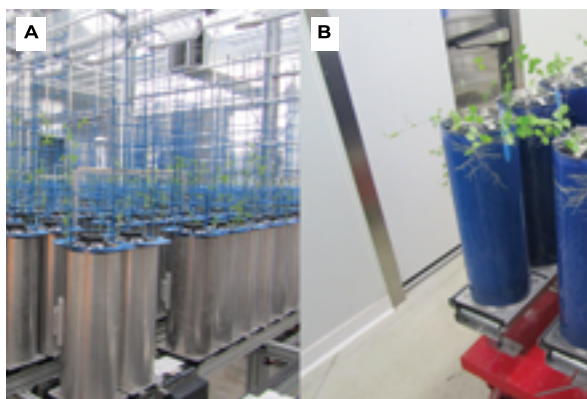
Partenaires

UMR LIPME, CNRS, INRAE, Université Toulouse III – Paul Sabatier | UMR LSTM, IRD, Cirad, INRAE, Université de Montpellier, Institut Agro Montpellier | UMR IPSIM, CNRS, INRAE, Institut Agro Montpellier, Université de Montpellier | Terres Inovia

Coordination

Virginie Bourion – virginie.bourion@inrae.fr – UMR Agroécologie, INRAE

A- Expérimentation en RhizoTubes® de 336 accessions de pois inoculées avec un mélange de 28 souches de *Rhizobium leguminosarum*.
 B- Vue de huit accessions différentes au dépotage après trois semaines de culture.
 © Damien Ollivier, INRAE



GrassLandscape

Combiner la génomique du paysage et la génétique quantitative pour une adaptation régionale des prairies européennes au changement climatique

Rappel des objectifs

Les prairies naturelles et semées offrent des services écosystémiques indispensables. Comment utiliser la grande diversité d'écotypes naturels dans les espèces végétales des prairies pour permettre leur adaptation au changement climatique ?

L'objectif principal de ce projet était de caractériser la diversité génétique naturelle d'adaptation au climat d'une graminée des prairies (*Lolium L. perenne*, ray-grass anglais) au sein de son aire de distribution spontanée en mobilisant simultanément des concepts et méthodes issues de la génétique écologique et de l'amélioration des plantes. Pour cela, 427 populations naturelles de cette espèce ont été extraites des collections agronomiques. Ces populations ont fait l'objet d'un génotypage haut-débit et ont été phénotypées au champ dans trois lieux aux climats contrastés. Les conditions environnementales aux sites d'origine de ces populations ont été précisément documentées. L'analyse des données a combiné une approche phylogéographique et la recherche de polymorphismes génomiques associés à l'adaptation au climat des sites d'origine des populations ainsi qu'à leurs caractéristiques phénotypiques. Les résultats obtenus ont été utilisés pour évaluer la vulnérabilité des populations locales de ray-grass anglais au changement climatique et proposer des actions favorisant une adaptation régionale de l'espèce à ce changement par la valorisation de sa diversité adaptative naturelle.

Résultats majeurs

L'analyse phylogéographique a révélé que la structuration géographique actuelle de la diversité naturelle du ray-grass anglais résultait en grande partie de variations climatiques successives au cours de l'ère quaternaire. Une nouvelle méthode de détection du signal de la sélection combinant simultanément les données de génotypage, de phénotypage et d'environnement aux sites d'origine des populations a été conçue et mise en œuvre. Les principales stratégies d'adaptation au climat identifiées correspondent à l'ajustement de la phénologie et de la saisonnalité de croissance aux conditions climatiques locales, ainsi qu'à une optimisation de l'aptitude du ray-grass anglais à la compétition pour les ressources dans les climats les plus favorables. La distribution environnementale des loci adaptatifs détectés a été modélisée. La projection de ces modèles dans les climats régionaux de l'Europe prédits pour les prochaines décennies a permis de construire des indices de vulnérabilité des populations naturelles locales au changement climatique et de prévoir des déplacements des zones géographiques favorables aux différents écotypes.

Les résultats obtenus ont été utilisés pour rationaliser et sécuriser la conservation de la diversité du ray-grass anglais dans les centres de ressources génétiques européens et ils ouvrent des perspectives concrètes pour l'adaptation de cette espèce au changement climatique par la migration assistée et l'amélioration variétale.

Production scientifique et valorisation

Blanco-Pastor J. L., et al. (2019) Pleistocene climate changes, and not agricultural spread, accounts for range expansion and admixture in the dominant grassland species *Lolium perenne* L. *Journal of Biogeography*, 46, pp. 1451-1465.

Keep T., et al. (2020) High-throughput genome-wide genotyping to optimize the use of natural genetic resources in the grassland species perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.). *Genes/Genomes/Genetics*, 10, pp. 3347-3364.

Blanco-Pastor J. L., et al. (2020) Canonical correlations reveal adaptive loci and phenotypic responses to climate in perennial ryegrass. *Molecular Ecology Resources*, 21, pp. 849-870.

Keep T., et al. (2021) To grow or survive: which are the strategies of a perennial grass to face severe seasonal stress? *Functional Ecology*, 35, pp. 1145-1158.

Les résultats obtenus ont été valorisés dans le projet ImprovLoliumCol (2019-2021) du groupe de travail Espèces fourragères du Réseau européen de ressources génétiques.

Début du projet : 2014 | Durée : 48 mois |

Financement ANR : 272 960 €

Partenaires

UMR 5175 CEFE, EPHE, CNRS, IRD, Université de Montpellier
| Aberystwyth University Breeding methodologies
(Royaume-Uni) | Leibniz Institut für Pflanzengenetik und
Kulturpflanzenforschung (IPK) Genebank (Allemagne)

Coordination

Jean-Paul Sompoux – jean-paul.sompoux@inrae.fr –
URP3F, INRAE

Vue aérienne de l'évaluation
phénotypique sur le site
INRAE de Lusignan de
427 populations naturelles
de ray-grass anglais extraites
des collections des centres
de ressources génétiques
européens.

© Eric Roy, INRAE Lusignan



HAPAR

Le paradoxe de la spécialisation chez un parasite de micro-algues responsables de marées rouges

Rappel des objectifs

Le parasitisme est un mode alimentaire très courant dans l'arbre de la vie, émergeant de manière indépendante dans de nombreuses lignées. Les *Myxozoa* sont un exemple de cette diversité, avec l'évolution indépendante de parasites humains (tels que l'agent responsable du paludisme) et des parasites ubiquistes du plancton marin (comme les *Syndiniales*). Ce projet a pour objectif l'étude comparée du patrimoine génétique de ces lignées issues d'un ancêtre commun, afin de mieux comprendre leur adaptation respective. Pour atteindre cet objectif, le projet utilise des méthodes telles que le séquençage complet du génome (pour accéder au patrimoine génétique), le profil d'expression au cours du processus infectieux, ainsi que l'étude de l'association au niveau cellulaire et subcellulaire à l'aide de techniques de microscopie à haute résolution (comme la reconstitution 3D et le nanoSIMS). Ce projet est centré sur l'étude de parasites marins infectant des micro-algues responsables de marées rouges en système côtier, dont certaines sont capables de produire des toxines paralysantes.

Résultats majeurs

L'exploration des génomes du parasite du plancton marin a révélé une organisation structurale atypique, un mode d'expression inédit et encore non élucidé, et une réduction drastique de leurs organelles (mitochondrie et plaste). En particulier, ces parasites présentent une mitochondrie fonctionnelle, aérobique, ayant le plus petit mitogénome découvert à ce jour. Ce parasite se développe dans le noyau de son hôte (une micro-algue), alors que les organelles productrices d'énergie (plastides, mitochondries) de ce dernier restent relativement intactes pendant la majeure partie de l'infection. Une infection rapide du noyau de l'hôte pourrait être une stratégie de « zombification », permettant au parasite de digérer les chromosomes riches en nutriments et d'échapper à la défense cytoplasmique de son hôte, tout en bénéficiant de la production de carbone et d'énergie maintenue dans la cellule hôte. Ce projet a également été l'occasion de travailler sur la notion d'espèces au sein de cette lignée parasitaire par une approche polyphasique (intégrant des comparaisons phénotypiques, de niche écologique et génomique), ayant révélé l'existence de nombreuses espèces cryptiques. Ce projet a permis l'obtention de financements supplémentaires, l'extension de collaborations internationales et thématiques, la création de nouveaux protocoles et de nouvelles bases de données, et une base de réflexion pour la création d'une conférence internationale Jacques Monod en 2022.

Production scientifique et valorisation

Farhat S., et al. (2021) Rapid protein evolution, organellar reductions, and invasive intronic elements in the marine aerobic parasite dinoflagellate *Amoebophrya* spp. *BMC Biology*, 19(1).

Decelle J., et al. (2022) Intracellular development and impact of a marine eukaryotic parasite on its zombified microalgal host. *ISME Journal*, 16, pp. 2348-2359.

Kayal E., et al. (2020) Dinoflagellate host chloroplasts and mitochondria remain functional during *Amoebophrya* infection. *Frontiers in Microbiology*, 11, p. 600823.

John U., et al. (2019) An aerobic eukaryotic parasite with functional mitochondria that likely lacks a mitochondrial genome. *Science Advances*, 5(4), p. eaav1110.

Début du projet : 2015 | Durée : 48 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 526 680 €

Partenaires

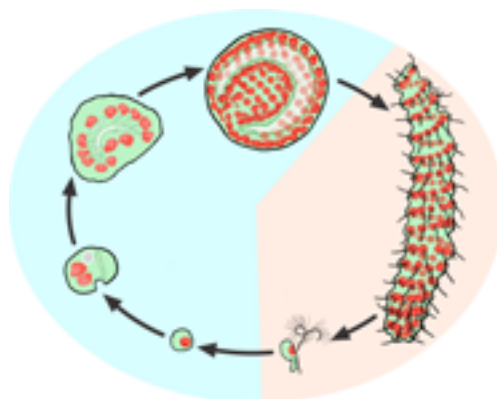
Genoscope, CEA | Gent University (Belgique) | FR 2424, Station Biologique de Roscoff, CNRS, Sorbonne Université

Coordination

Laure Guillou – lguillou@sb-roscoff.fr – UMR 7144, Adaptation et Diversité en Milieu Marin, CNRS, Sorbonne Université

Cycle de vie du parasite *Amoebophrya ceratii* (*Syndiniales*), parasitant des micro-algues de type *Dinophyceae*, et alternant stade intracellulaire (et intranucléaire) à gauche (en bleu) et stade libre à droite (en rose).

© Laure Guillou et Catharina Alves de Souza



HydroGen

Métagénomique comparative comme instrument de mesure pour la biodiversité. Application à l'étude de la vie dans les océans

Rappel des objectifs

L'enjeu principal de ce projet est la levée d'un verrou scientifique et technique. Le projet HydroGen a pour objectif de concevoir de nouveaux outils algorithmiques et statistiques pour mesurer et analyser la biodiversité à l'aide de la métagénomique comparative. L'application proposée est l'étude de la biodiversité océanique à travers l'analyse métagénomique d'échantillons d'eau de mer prélevés lors de l'expédition Tara Océans. Le projet utilise comme méthode la comparaison massive de données de séquençage métagénomique. Les grands projets de métagénomiques, comme l'étude du microbiote intestinal humain (projet HMP) ou l'étude de la biodiversité marine (projet Tara Océans), prélèvent des milliers d'échantillons environnementaux. Ces échantillons contiennent une flore microbienne impressionnante qui peut être révélée via l'analyse de l'ADN des organismes présents dans le milieu. L'ensemble est séquencé sans séparation préalable des ADN entre individus. Ainsi, chaque échantillon porte une signature métagénomique globale représentant la population du prélèvement. L'enjeu est de comparer l'ensemble de ces signatures pour établir des cartographies permettant de distinguer ou regrouper des populations. La difficulté vient des volumes de données à traiter : le séquençage d'un seul échantillon génère plusieurs centaines de millions (108) de petites séquences d'ADN, ce qui représente, pour un projet métagénomique, plusieurs téra-octets de données à analyser.

Résultats majeurs

Une méthode simple pour comparer deux ensembles de séquences d'ADN (deux échantillons métagénomiques) est de compter le nombre de séquences communes, ou proches. L'intersection donne une idée de la ressemblance entre deux échantillons. Malheureusement, cette méthode ne passe pas à l'échelle : le nombre de comparaison deux à deux à effectuer entre échantillons est gigantesque ($108 \times 108 = 1016$). L'approche du projet HydroGen est de réduire les séquences d'ADN à un ensemble de mots (~30 caractères) et d'opérer les traitements dans ce nouvel espace. Des algorithmes parallèles de comptage de mots très efficaces ont ainsi été conçus pour résoudre le problème en un temps raisonnable.

La méthodologie est concrètement mise en œuvre dans un logiciel appelé Simka. Ce logiciel prend en entrée un nombre quelconque d'échantillons métagénomiques et produit une matrice de distances entre tous les échantillons. Plusieurs types de distance, basés sur les standards écologiques usuels, sont proposés. Simka a été testé sur

le Human Microbiome Project (HMP) pour lequel 690 échantillons métagénomiques sont disponibles (32 milliards de séquences d'ADN). Le calcul sur une machine de 200 CPUs a pris un peu moins de 24 heures. Les résultats obtenus sont en tout point comparables à ceux présentés dans la publication de référence.

Production scientifique et valorisation

Benoit G., et al. (2016) Multiple comparative metagenomics using multiset k-mer counting. *PeerJ Computer Science*, 2, p. e94.

Benoit G., et al. (2020) SimkaMin: fast and resource frugal de novo comparative metagenomics. *Bioinformatics*, 36(4), pp. 1275-1276.

Marchet C., et al. (2020) A resource-frugal probabilistic dictionary and applications in bioinformatics. *Discrete Applied Mathematics*, 274, pp. 92-102.

Richter D. J., et al. (2022) Genomic evidence for global ocean plankton biogeography shaped by large-scale current systems. *eLife*, 3, p. 11:e78129.

Début du projet : 2014 | Durée : 54 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 399 246 €

Partenaires
 INRAE | AgroParisTech | Genoscope, CEA

Coordination
 Pierre Peterlongo – pierre.peterlongo@inria.fr – Inria

La goélette Tara.
 © Yann Cordelle Wikimedia
 Commons [CC BY 3.0]



ILETOP

Impact des polluants historiques et émergents sur les prédateurs supérieurs marins de l'Arctique

Rappel des objectifs

Les enjeux du projet sont de déterminer l'évolution de la contamination spatiotemporelle des écosystèmes arctiques et de déterminer les effets individuels et populationnels des polluants. Les principaux objectifs sont d'examiner les variations spatiales des niveaux de polluants chez les oiseaux marins provenant de sites exposés à différents niveaux de contamination, d'étudier les tendances à long terme des niveaux de polluants chez les oiseaux marins de l'Arctique, de déterminer les effets hormonaux et écologiques de l'exposition aux polluants et d'étudier les variations saisonnières de la contamination pour comprendre comment les schémas de migration à grande échelle et les distributions contrastées de reproduction et de non-reproduction affectent les oiseaux marins de l'Arctique. Les méthodes utilisées sont les analyses chimiques de polluants et d'hormones, les analyses isotopiques et génétiques ainsi que le déploiement de *loggers*.

Résultats majeurs

ILETOP a apporté de nombreuses informations nouvelles sur la contamination des oiseaux marins de l'Arctique pendant la période de reproduction et durant la période d'hivernage en dehors de l'Arctique, et sur les effets des polluants sur ces prédateurs. ILETOP a permis de montrer les larges variations spatiales et temporelles de la contamination du milieu par le mercure (Hg) et les polluants organiques dans la zone nord-atlantique et dans l'Arctique. Ces variations sont liées à différents facteurs d'ordre trophique, mais aussi environnementaux. En termes d'effets, ILETOP a permis de montrer qu'il existe des effets différés dus à la contamination hivernale sur la reproduction estivale. Pour le mercure, les effets semblent concerner les adultes reproducteurs plutôt que les poussins. En revanche, le transfert sélectif des composés perfluorés à longue chaîne de la mère vers ses œufs, pourrait avoir des conséquences sur la nouvelle génération puisqu'ils perturbent le dépôt de testostérone maternelle dans l'œuf. Le projet ILETOP a permis de renforcer le partenariat entre le LIENSs, le CEBC, EPOC, et de constituer un consortium plus large sur la problématique de l'effet des stressseurs sur les oiseaux arctiques, notamment avec la Norvège.

Production scientifique et valorisation

Les travaux issus du projet ILETOP ont fait l'objet de 18 articles sur les oiseaux arctiques qui ont été publiés dans les meilleures revues d'écotoxicologie et de nombreuses communications dans des conférences nationales et internationales.

Tartu S., *et al.* (2022) A U-turn for mercury concentrations over 20 years: how do environmental conditions affect exposure in Arctic seabirds? *Environmental Science and Technology*, 56, pp. 2443-2454.

Albert C., *et al.* (2021) Seasonal variation of mercury contamination in Arctic seabirds: a pan-arctic assessment. *Science of the Total Environment*, 750, p. 142201.

Blévin P., *et al.* (2020) Contaminants, prolactin and parental care in an Arctic seabird: Contrasted associations of perfluoroalkyl substances and organochlorine compounds with egg-turning behavior. *General and Comparative Endocrinology*, 291, p. 113420.

Renedo M., *et al.* (2020) Contrasting spatial and seasonal trends of methylmercury exposure pathways of Arctic seabirds: combination of large-scale tracking and stable isotopic approaches. *Environmental Science and Technology*, 54(21), pp. 13619-13629.

Début du projet : 2016 | Durée : 65 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 591 840 €

Partenaires

UMR 5805 EPOC, Université de Bordeaux, CNRS, EPHE, Bordeaux INP | UMR 5175 CEFE, CNRS, EPHE, IRD, Université de Montpellier | UMR 6282 Biogéosciences, Université de Bourgogne, CNRS, EPHE, UBFC | UMR 7372 CEBC, Université de La Rochelle, CNRS

Coordination

Paco Bustamante – paco.bustamante@univ-lr.fr – UMR 7266 LIENSs, La Rochelle Université, CNRS

Mouettes tridactyles
(*Rissa tridactyla*).
© Paco Bustamante



InvaCost

Insectes envahissants et leurs coûts pour la biodiversité, l'économie et la santé humaine

Rappel des objectifs

Des études récentes suggèrent que le changement climatique et les invasions biologiques pourraient devenir les plus grandes menaces mondiales pour la biodiversité au cours des prochaines décennies. Les prévisions sont cruciales pour alerter les scientifiques et les décideurs sur les risques potentiels à venir.

L'objectif principal de notre projet était de développer des scénarios prédictifs d'invasions d'insectes et de leurs effets sur l'environnement et les sociétés humaines en réponse au changement climatique. Nous avons utilisé des méthodes de pointe et performantes issues de l'écologie prédictive, et les meilleures estimations du coût des espèces invasives pour alimenter des modèles économiques et/ou de santé publique. La question sur laquelle nous nous sommes concentrés est simple : comment le climat modifiera-t-il les zones potentielles d'invasions par les espèces d'insectes sélectionnées, et quels seront les coûts associés pour les sociétés humaines ? À mesure que le climat continuera de changer au cours des prochaines décennies, de nombreuses espèces d'insectes devraient étendre leur aire de répartition géographique, en suivant leur climat de prédilection, ce qui affectera la biodiversité, l'économie et la santé humaine et animale dans de nouvelles régions. Notre objectif d'identifier ces espèces et les régions nouvellement inadaptées est également crucial pour estimer les coûts globaux et concevoir des mesures de contrôle efficaces.

Résultats majeurs

Le principal fait marquant est la création de la plus grande base de données existante au monde de coûts économiques des espèces envahissantes : InvaCost. Cette base de données est décrite dans une publication dans la revue *Nature Scientific Data*.

Production scientifique et valorisation

Du point de vue valorisation, nous pouvons citer la méta-analyse qui en est tirée, que les trois partenaires du projet ont collectivement réalisée, sur les coûts économiques actuels des insectes envahissants au niveau mondial tels que déjà publiés dans la littérature. Cette synthèse a été publiée dans la revue *Nature Communications*.

Une synthèse plus ambitieuse, sur l'ensemble des coûts économiques des espèces envahissantes – tout taxons confondus – a été entreprise devant le succès de cette première publication. Celle-ci est publiée la revue *Nature*, également avec les trois partenaires. Un total de

49 études, toutes fondées sur les analyses de cette base de données, sont en cours de réalisation ou de rédaction, la majorité comprenant deux des partenaires, voire les trois.

36 publications internationales à comité de lecture ont été publiées, et ces travaux ont été présentés dans 16 conférences scientifiques nationales et internationales. Le projet InvaCost (<http://invacost.fr/>) a déjà donné lieu à des interviews dans plusieurs articles dans la presse nationale et sur internet (*Le Monde*, *Le Figaro*, *Le Journal du Dimanche*, France Inter, RTL...) et à plusieurs conférences tout public. Une BD de vulgarisation gratuite a également été produite : <http://www.laguerredesfourmis.com/>

Début du projet : 2014 | Durée : 54 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 431 257 €

Partenaires

UMR 5474 LAMETA, CNRS, INRAE, CIHEAM,
 Université de Montpellier | UMR 224 MIVEGEC, CNRS,
 IRD, Université de Montpellier

Coordination

Franck Courchamp – franck.courchamp@cnrs.fr – UMR
 8079 ESE, Université Paris Saclay, CNRS, AgroParisTech

Longicorne asiatique
 (*Anoplophora glabripennis*),
 insecte envahissant originaire
 d'Asie de l'Est, dont les larves
 attaquent de nombreuses
 espèces d'arbres.
 © Marion Javal



M6fossils

Identification moléculaire, minéralogique, morphologique et isotopique des micro- et macrofossiles aux échelles micro et nano

Rappel des objectifs

Le projet s'attelle à la recherche des plus anciennes traces de vie et de contraintes sur la nature de fossiles emblématiques, incluant certains des plus anciens micro-organismes et certaines des plantes terrestres les plus primitives.

Notre objectif est de réaliser un couplage fort entre plusieurs approches de caractérisation de pointe des fossiles, tout en développant de nouvelles méthodologies. La microscopie, jusqu'à l'échelle nanométrique, permet de rechercher des formes cellulaires d'origine biologique, et de décrire la structure des cellules avérées. Les analyses isotopiques informent sur les réactions métaboliques. Les analyses minéralogiques mettent en évidence des (bio)minéraux pouvant informer sur les métabolismes et/ou les processus de fossilisation. Les analyses moléculaires permettent de mieux comprendre les conditions de fossilisation et de démontrer des dérivés fossiles de certaines bio(macro)molécules, comme la lignine. Une avancée technique majeure de notre projet est de caractériser les molécules organiques fossiles à l'échelle cellulaire afin de pouvoir recouper l'ensemble des informations obtenues par nos différentes approches. Un instrument unique a pour cela été développé.

Résultats majeurs

Un couplage de signatures morphologiques et minéralogiques a identifié des cyanobactéries ayant produit de l'oxygène par photosynthèse il y a 1,9 milliards d'années (Ga), ainsi que des micro-organismes benthiques ayant probablement métabolisé du fer en eaux profondes il y a ~2,3 Ga. Des signatures isotopiques ont indiqué le métabolisme d'oxydation anaérobie du méthane il y a 2,7 Ga. Les structures cellulaires, observées jusqu'à l'échelle nanométrique, couplées aux signatures moléculaires, nous permettent de contraindre l'évolution des plantes terrestres les plus primitives.

Ce projet a structuré un consortium issu de sept laboratoires lillois appliquant des compétences en physique et chimie à des questions paléontologiques. Un instrument unique (μ L2MS) a été conçu qui, couplé à d'autres techniques, nous ouvre la voie à la caractérisation moléculaire des fossiles à l'échelle microscopique. De nombreuses collaborations nationales et internationales ont été mises en place pour et suite à ce projet. Les méthodes développées dans ce projet trouvent actuellement une application supplémentaire en appui de la recherche de traces de vie au-delà de la Terre (exobiologie).

Production scientifique et valorisation

Les analyses des fossiles du Protérozoïque ont fait l'objet de trois publications ainsi que d'une publication de revue. Les analyses des plus anciennes traces de vies issues de roches archéennes ont été publiées dans deux articles ainsi qu'un article de revue. Les méthodes analytiques de ce projet ont été détaillées dans un chapitre de livre et un article. Les analyses des plantes fossiles ont fait l'objet d'un premier article. Plusieurs articles sont en préparation ou soumis.

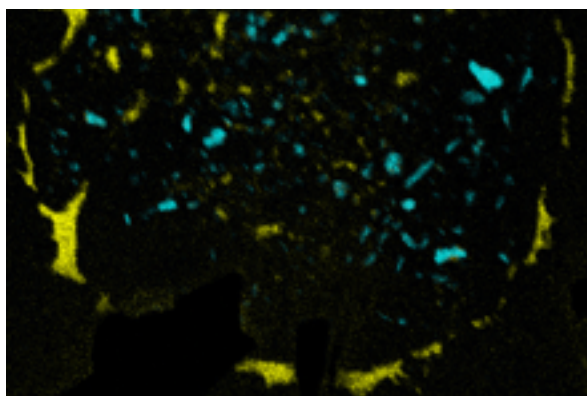
Début du projet : 2015 | Durée : 70 mois |
Instrument : JCJC | Financement ANR : 340 000 €

Coordination

Kévin Lepot – kevin.lepot@univ-lille.fr – UMR 8187 LOG,
 Université de Lille, CNRS, ULCO

Ultrastructures
 carbonées (en jaune)
 et minéraux ferrugineux
 (en bleu), microfossile
 de 1,88 milliards d'années,
 largeur 5,2 micromètres.

© Kévin Lepot,
 Université de Lille



MARINALGAE4aqua

Improving bio-utilisation of marine algae as sustainable feed ingredients to increase efficiency and quality of aquaculture production

Rappel des objectifs

L'enjeu principal du projet est d'améliorer la durabilité de l'alimentation aquacole en développant des ressources alternatives algales, économiquement viables, réduisant l'usage des farines et des huiles de poisson ainsi que l'impact de l'aquaculture sur l'environnement et la biodiversité. Les objectifs sont : (1) d'utiliser la culture d'algues marines pour éliminer les composés minéraux présents dans les effluents d'élevage de poissons et améliorer la qualité de l'eau ; (2) d'identifier des protéines, lipides et additifs dans les différentes algues épuratives et de les utiliser comme ressource alimentaire pouvant accroître la capacité digestive du poisson et le métabolisme des nutriments, et ainsi améliorer la croissance du poisson et la qualité de sa chair ; et (3) de fournir aux consommateurs des aliments sains et sûrs avec une plus large acceptation sociétale.

Plusieurs espèces de micro-algues, ainsi que des consortia naturels de micro-algues ont été cultivés sur des effluents de production aquacoles (bassins d'élevages ou de sédimentation) afin d'optimiser les conditions de culture. Des procédés de prétraitement des macro-algues et des micro-algues ont été développés afin d'en améliorer la digestibilité. Des additifs dérivés de macro-algues marines (oligosaccharides) ont aussi été développés. De nombreux essais de digestibilité et de croissance ont été menés sur les bars et les saumons, alimentés avec des régimes partiellement substitués par les algues cultivées et transformées dans le cadre du projet.

Résultats majeurs

Les principaux résultats ont été : (1) l'optimisation et la mise à l'échelle industrielle de la culture de *N. gaditana* sur effluents aquacoles ; (2) la production en *raceway* d'un consortium naturel de micro-algues marines ; (3) le développement de procédés de traitement des algues (breveté) afin d'en améliorer la digestibilité et l'efficacité ; (4) la production d'oligosaccharides ; (5) des essais de croissance et de digestibilité démontrant la faisabilité de l'utilisation de ces nouveaux ingrédients ; et (6) la démonstration des bénéfices des prétraitements et/ou des additifs, et de leurs impacts potentiels sur la santé digestive.

Aucun risque pour la qualité ou la sécurité des produits n'a été identifié. L'analyse économique montre néanmoins que l'optimisation des coûts doit être poursuivie.

Le projet a permis une collaboration étroite entre les partenaires avec de nombreux échanges d'échantillons (algues et extraits pour les régimes, échantillons biologiques, etc.). Une collaboration externe

a conduit au dépôt d'un brevet sur les procédés de traitement des algues. Des collaborations se poursuivent par ailleurs en dehors du projet, avec par exemple une collaboration entre le Ceva et la Nord University sur l'usage d'oligosaccharides algaux pour l'alimentation des poissons, et leur impact sur la santé digestive et l'immunité.

Production scientifique et valorisation

Valente L. M. P., et al. (2021) Physical processing or supplementation of feeds with phytogenic compounds, alginate oligosaccharide or nucleotides as methods to improve the utilization of *Gracilaria gracilis* by juvenile European seabass (*Dicentrarchus labrax*). *Aquaculture*, 530, p. 735914.

Gupta S., et al. (2019) Macroalga-Derived Alginate Oligosaccharide Alters Intestinal Bacteria of Atlantic Salmon. *Frontiers in Microbiology*, 10.

Valente L. M. P., et al. (2021) Microalgae as feed ingredients for livestock production and aquaculture. In : C.M. Glanakis (ed.) *Microalgae*. Academic Press, pp. 239-312.

Dourou M., et al. (2018) Fish farm effluents are suitable growth media for *Nannochloropsis gaditana*, a polyunsaturated fatty acid producing microalga. *Eng Life Sci*, 18, p. 851.

Début du projet : 2016 | Durée : 61 mois |

Financement ANR : 127 498 €

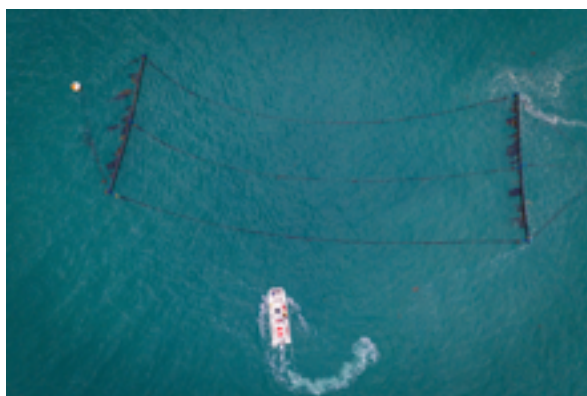
Partenaires

Ifremer | Interdisciplinary Centre of Marine and Environmental Research, University of Porto (Portugal) | Technical University of Denmark | University of Patras (Grèce) | University of Udine (Italie) | Nord University (Norvège) | Çukurova University (Turquie) | Central Fisheries Research Institute (Turquie) | Hellenic Centre for Marine Research (Grèce) | ALGAplus Lda | Plagton S.A.

Coordination

Ronan Pierre – ronan.pierre@ceva.fr – Ceva

Structure flottante de culture d'algues marines.
© Ceva, Guillaume Le Berre



MARIS

Gestion et analyse de risque d'une plante invasive (*Ulex europaeus* [L.] : apports de la modélisation de la niche socio-écologique et de la dynamique de population de l'espèce le long d'un large gradient climatique

Rappel des objectifs

En matière d'invasion biologique, l'une des principales menaces qui pèsent sur la biodiversité en milieu insulaire particulièrement, l'enjeu actuel est de croiser les approches socio-écologiques et de biosécurité.

En effet, de précédentes études ont souligné l'importance de la prise en compte du contexte sociologique dans l'étude du succès de l'invasion d'une espèce dans un territoire donné. Couplée à une approche écologique, cette analyse du contexte sociologique doit permettre de mieux comprendre comment l'espèce peut se propager dans l'espace et s'y développer en analysant les dispositifs de gestion, en particulier leur élaboration et leur mise en œuvre par les gestionnaires (limitation de l'extension). La biosécurité, quant à elle, permet d'évaluer le potentiel invasif des espèces et d'aider à planifier la gestion *a priori* du risque d'invasion (limitation de l'arrivée). Une approche durable et réaliste pour la gestion des espèces exotiques envahissantes est de coupler ces deux types d'approches. Le projet MARIS vise à tester si l'utilisation de la modélisation informatique et de méthodologies d'analyse des risques permet un tel couplage, en utilisant l'ajonc d'Europe comme modèle biologique.

Résultats majeurs

Une étude de la niche climatique de l'espèce a été menée par modélisation à l'échelle mondiale et par des expérimentations avec des individus d'origines native et invasive. Le rejet de souche et la dispersion longue distance des graines ont été étudiés expérimentalement. En sociologie, des enquêtes sociohistoriques, un recueil du point de vue des acteurs, et une comparaison entre sites envahis et natifs ont été réalisés. Un modèle informatique du cycle de vie de l'espèce, incluant sa dispersion longue distance, les milieux favorables, et les actions de gestion limitant sa propagation a été développé. Une analyse de risques du cycle de vie de l'espèce et des audits des perceptions des risques des acteurs impliqués dans la gestion de l'espèce dans un territoire envahi ont été réalisés.

Des variations de la niche climatique entre ajoncs natifs et invasifs ont été mises en évidence. La dispersion des graines se fait à très longue distance. L'intensité de la lutte contre l'ajonc est décorrélée du degré d'envahissement et de l'efficacité des dispositifs de gestion. Le modèle biologique suggère deux actions : le développement d'une canopée d'essences natives et la non-perturbation des sites colonisés. Elles sont en cohérence avec les risques perçus pour le contrôle à l'aide de glyphosate et le problème de délai entre la détection précoce

de l'espèce et la réalisation du geste technique. Le modèle biologique développé a permis la finalisation d'une plateforme de modélisation déposée par MAD-Environnement.

Production scientifique et valorisation

Plus d'une dizaine d'articles scientifiques dans des revues internationales à comité de lecture ont été produits au cours du projet. Les résultats de ce projet ont également fait l'objet d'une douzaine de présentations orales dans des congrès internationaux et nationaux, et de sept chapitres d'ouvrage. Treize rapports d'étudiants, allant du niveau master 1 à la thèse de doctorat, ont été produits au cours du projet. La distribution mondiale des ajoncs a été diffusée en *open access* sur la base de données OSURIS (Atlan, Limbada) dont ECOBIO, ESO, OSUR sont partenaires.

J. Arrevalo a donné une interview télévisé sur le projet MARIS. Trois articles de vulgarisation scientifique ont été produits. Une conférence de vulgarisation a été donnée par A. Atlan sur « les ajoncs autour du monde ». Des résultats du projet ont été utilisés comme matériaux de cours de niveau Master 2. L'analyse de risque du cycle de vie de l'ajonc a été valorisée dans le domaine de la cybersécurité lors d'un groupe de travail pour EBIOS 2018 (ANSSI). Une communication présentant le projet MARIS a obtenu le *Lambda Mu d'or* au congrès de l'Institut de maîtrise des risques de 2020.

Début du projet : 2015 | Durée : 54 mois |
Instrument : PRCE | Financement ANR : 486 681 €

Partenaires

MAD-Environnement | UMR 6553 Ecobio, CNRS, Université de Rennes | UMR 6590 ESO, CNRS | SCION (Nouvelle-Zélande) | Universidad de La Laguna (Espagne)

Coordination

Maya Gonzalez – maya.gonzalez@agro-bordeaux.fr – UMR ISPA, INRAE, Bordeaux Sciences Agro

Expérimentation de
transplantation de plantules
le long d'un gradient
altitudinal (Tenerife, Canaries)
avec station météorologique.
© Zaira Negrin



MICROREGAL

Adaptations du microbiome intestinal humain aux changements passés et présents d'alimentation et de mode de vies

Rappel des objectifs

L'enjeu du projet est la compréhension des interactions hôte-microbe pour éclairer les politiques de santé publique. L'objectif principal était de comprendre en quoi les modifications des modes de vies humains affectent le microbiote intestinal, et donc de trouver les facteurs causaux qui expliquent sa mauvaise biodiversité en milieu urbain industrialisé. Pour ce faire, les chercheurs ont collecté des données biologiques et culturelles dans des populations le long d'un gradient d'urbanisation au Cameroun pour tester les corrélations entre diverses variables d'intérêt. Les méthodes utilisées sont la métagénomique, l'anthropologie nutritionnelle et la bio-informatique.

Résultats majeurs

Les chercheurs ont observé des changements importants de composition bactérienne entre les milieux semi-urbain, rural et urbain échantillonnés au Cameroun pour des bactéries connues pour digérer les graisses et les fibres. Ces différences attestent donc, très probablement, des changements d'alimentation. Par contre, ils n'ont pas trouvé de différences significatives de diversité bactérienne entre les trois populations, suggérant que la diminution de consommation de fibres et les meilleures conditions sanitaires en milieu urbain n'ont pas (ou pas encore) entraîné de perte de diversité. Les chercheurs ont également, pour la première fois, pu étudier l'influence conjointe de deux protozoaires intestinaux, *Entamoeba* et *Blastocystis*, sur le microbiote intestinal, et ils ont trouvé que *Blastocystis* a un effet plus important que *Entamoeba* sur la structure microbienne intestinale, bien que les deux protozoaires aient des effets cumulatifs. Ces résultats suggèrent que ces protozoaires interagissent avec le microbiote bactérien par l'intermédiaire de différents mécanismes qui restent à déterminer.

Production scientifique et valorisation

Even G., et al. (2021) Changes in the human gut microbiota associated with colonization by *Blastocystis* sp. and *Entamoeba* spp. in non-industrialized populations. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 11, p. 533528.

Lokmer A., et al. (2020) Response of the human gut and saliva microbiome to urbanization in Cameroon. *Scientific Reports*, 10(1), p. 2856.

Lokmer A., et al. (2019) Use of shotgun metagenomics for the identification of protozoa in the gut microbiota of healthy individuals from worldwide populations with various industrialization levels. *PLoS One*, 14(2), p. e0211139.

Chabé M., et al. (2017) Gut protozoa: friends or foes of the human gut microbiota. *Trends in Parasitology*, 33(12), p. 925-934.

Début du projet : 2015 | Durée : 59 mois |
Instrument : JCJC | Financement ANR : 201 236 €

Coordination

Laure Segurel –laure.segurel@univ-lyon1.fr – UMR 7206
Éco-Anthropologie, MNHN, CNRS, Université de Paris

Préparation et vente
de beignets à Yaoundé,
Cameroun, 2017.
© Laure Segurel



NICE CROPS

Bio-stimulateurs chitiniques naturels pour une agriculture durable

Rappel des objectifs

L'agriculture moderne devra trouver des solutions pour réduire l'utilisation des intrants chimiques, sans diminuer ses rendements. Le projet NICE CROPS repose sur l'idée que ces solutions sont à trouver dans les processus biologiques naturels.

Le principal objectif de NICE CROPS est de mieux comprendre les processus biologiques tels que le développement racinaire, la réponse immunitaire des plantes et les symbioses impliquant certains micro-organismes du sol. Ces micro-organismes améliorent, comme des biofertilisants naturels, la nutrition minérale et hydrique des plantes. Or, des découvertes récentes ont montré que des molécules dérivées de la chitine appelées lipo-chito-oligosaccharidiques (LCOs) et chito-oligosaccharidiques (COs), produites naturellement par ces micro-organismes, stimulent, selon leur nature, les différents processus mentionnés plus haut. Les objectifs de NICE CROPS étaient donc d'avoir une vue plus complète des micro-organismes capables de produire ces molécules, de mieux comprendre les bases moléculaires de leur perception par les plantes et d'optimiser leur synthèse. Les objectifs à plus long terme sont d'utiliser ces molécules naturelles et biodégradables en agriculture pour, en améliorant la nutrition et la santé des plantes, limiter les besoins en engrais, irrigation et traitements phytosanitaires.

Résultats majeurs

De nouvelles structures de LCOs, de nouveaux organismes producteurs et des rôles inattendus, non symbiotiques, de ces molécules ont été découverts. Les bases moléculaires de la reconnaissance des LCOs par les plantes, et la manière dont les plantes utilisent certains de ces récepteurs dans les endosymbioses, mais aussi dans les réponses immunitaires, ont été décrits. De nouveaux gènes de plante impliqués dans le développement racinaire ont été mis au jour. Des approches novatrices, en chimie analytique et en synthèse chimio-enzymatique, pour purifier et synthétiser des dérivés de chitine ont été mises au point.

Une collaboration extrêmement fructueuse avec une équipe américaine est née au cours du projet NICE CROPS. Nous avons démontré que les molécules de signalisation facteurs Nod et facteurs Myc, appartenant à la famille des LCOs et primitivement connues comme signaux symbiotiques uniquement produits par les bactéries *Rhizobia* et les champignons endomycorhiziens, étaient en fait des hormones fongiques synthétisées par la majorité des champignons. Cette découverte a été publiée dans deux revues prestigieuses (*Plant cell* et *Nature Communications*).

Production scientifique et valorisation

Ce projet a donné lieu à :

- 13 publications dans des revues scientifiques internationales (*Nature Communications*, *Plant Cell*, *New Phytol*, *J. Exp. Bot.*, *Bioconjugate Chem.*, *Biochem. J.*, *Carbohydr. Polym.*, *Glycoconj. J.*, *Curr. Opin. Plant Biol.*) D'autres publications sont en préparation.

- 9 communications invitées dans des congrès nationaux et internationaux.

- 6 conférences grand public.

Début du projet : 2015 | Durée : 60 mois |

Instrument : PRCE | Financement ANR : 745 202 €

Partenaires

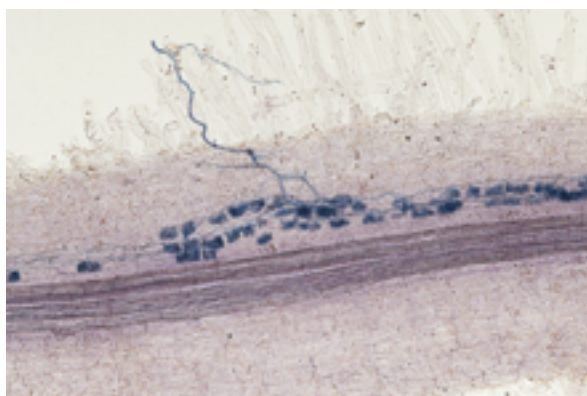
UMR 2594 Lipme, CNRS, INRAE, Université Toulouse III - Paul Sabatier | UPR 5305 Cermav, CNRS

Coordination

Guillaume Bécard – guillaume.becard@univ-tlse3.fr – UMR 5546 LRSV, Université Toulouse III - Paul Sabatier, CNRS

Colonisation d'une racine par un champignon symbiotique mycorhizien (coloré en noir) après avoir été reconnu par la plante hôte grâce à des signaux fongiques COs et LCOs.

© G. Bécard, LRSV.



NOOT

Les gènes NOOT gardiens de l'identité des nodosités symbiotiques et de l'abscission

Rappel des objectifs

Les gènes *NOOT-BOP-COCH-LIKE (NBCL)* codent pour des cofacteurs de transcriptions clés pour le développement des plantes.

Ces gènes ont initialement été décrits chez *Arabidopsis thaliana* (BOP1 et BOP2) comme contrôlant l'identité et le développement des organes végétatifs et reproductifs de la plante. Par ailleurs, l'équipe avait montré que les gènes *NBCL* de *Medicago truncatula* (*NOOT1*) et de *Pisum sativum* (*COCH1*) contrôlaient l'identité des nodosités fixatrices d'azotes chez les légumineuses.

Comme chez *Arabidopsis thaliana*, les légumineuses et les céréales possèdent généralement deux paralogues (*NBCL1* et *NBCL2*). Les fonctions de ces paralogues étaient alors mal définies chez ces plantes.

Le projet NOOT avait pour enjeu la description des rôles des gènes *NBCL* dans le contrôle de l'identité des nodosités symbiotiques chez les légumineuses et dans le développement végétatif et reproductif des légumineuses et des céréales.

De par l'utilisation de mutants d'insertions, TILLING et CRISPR-Cas9, nous avons caractérisé par génétique inverse les simples et doubles mutants de deux légumineuses modèles (*Medicago truncatula* et *Lotus japonicus*), d'une légumineuse cultivée (*Pisum sativum*) ainsi que de la monocotylédone modèle *Brachypodium distachyon*.

Résultats majeurs

Les travaux effectués dans le cadre du projet NOOT ont permis de montrer que les gènes paralogues *NBCL1* et *NBCL2* sont tous deux essentiels pour maintenir l'identité des nodosités fixatrices d'azote chez *Medicago truncatula*, *Pisum sativum* et *Lotus japonicus*.

Chez *Medicago truncatula* et *Pisum sativum*, les doubles mutants développent des nodosités partiellement converties en racines (homéose). Ces nodosités ne peuvent plus héberger de bactéries symbiotiques (*Rhizobia*) et sont non fonctionnelles.

Chez les légumineuses, les gènes *NBCL* sont aussi essentiels pour la formation et le développement des stipules, des glandes nectarifères, des feuilles, des inflorescences, des fleurs et des graines ainsi que pour l'abscission des organes aériens.

Chez *Brachypodium distachyon*, les gènes *NBCL* régulent le développement des feuilles, le tallage, l'élongation cellulaire, la composition des parois cellulaires, le développement des inflorescences et des fleurs, la transition vers la phase reproductive ainsi que le rendement en grains. En revanche, chez *Brachypodium*, les gènes *NBCL* ne participent pas à l'abscission des organes aériens.

Ce projet a donné lieu à plusieurs collaborations internationales et permis d'étendre nos connaissances sur cette famille de gènes clés du développement des plantes. Nos travaux démontrent également que certaines fonctions associées aux *NBCL* sont conservées chez les angiospermes.

Production scientifique et valorisation

Liu S., et al. (2022) *Brachypodium distachyon* UNICULME4 and LAXATUM-A are redundantly required for development. *Plant Physiology*, 188(1), pp. 363-381.

Magne K., et al. (2020) Roles of BdUNICULME4 and BdLAXATUM-A in the non-domesticated grass *Brachypodium distachyon*. *The Plant Journal*, 103(2), pp. 645-659.

Magne K., et al. (2018) MtNODULE ROOT1 and MtNODULE ROOT2 are essential for *Medicago truncatula* indeterminate nodule identity. *Plant Physiology*, 178(1), pp. 295-316.

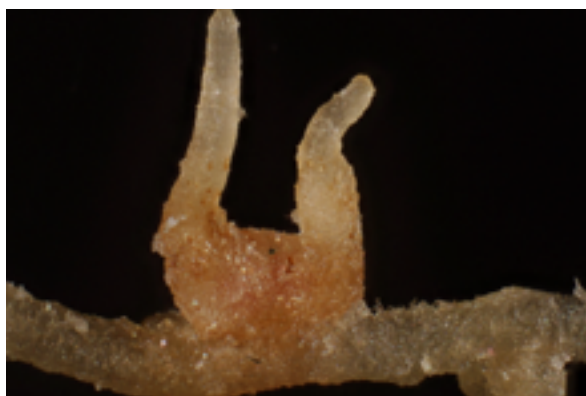
Magne K., et al. (2018) *Lotus japonicus* NOOT-BOP-COCH-LIKE1 is essential for nodule, nectary, leaf and flower development. *The Plant Journal*, 94(5), pp. 880-894.

Début du projet : 2014 | Durée : 60 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 277 536 €

Partenaire
 IPS2, Université Paris-Saclay, CNRS, INRAE, Université Évry,
 Université de Paris

Coordination
 Pascal Ratet – pascal.ratet@cnrs.fr – CNRS

Nodosité convertie
 en racine issue d'un double
 mutant *Pscoch1coch2*
 de *Pisum sativum*.
 © Kévin Magne



Origin-Alps

Origine, assemblage et conservation de la diversité végétale dans les Alpes européennes

Rappel des objectifs

L'un des principaux objectifs de la biologie et de l'écologie est de comprendre les processus historiques et contemporains qui sous-tendent les patrons spatiaux de biodiversité et les points chauds de biodiversité caractéristiques de certaines régions.

L'objectif principal de ce projet est donc de reconstruire les mécanismes évolutifs et écologiques qui ont conduit à l'émergence de la flore des Alpes européennes et d'utiliser ces connaissances pour évaluer les stratégies de protection actuelles. Au cours de la dernière décennie, les deux partenaires du projet (WSL et LECA) ont entrepris un important effort d'échantillonnage et de séquençage des 4 500 taxons végétaux présents dans les Alpes, ce qui représente une source sans précédent de données génomiques brutes pour le projet actuel.

Résultats majeurs

Ceci sera complété par la compilation et l'harmonisation des données éco-informatiques sur l'ensemble de la flore alpine (caractéristiques des espèces, distribution géographique et relevés de végétation), et l'analyse bio-informatique des données de séquençage acquises sur l'ensemble de la flore alpine. Le projet étudiera ensuite la dynamique macro-évolutive de l'ensemble de la flore alpine, la structure phylogénétique des métacommunautés végétales, la structure de la biodiversité végétale en relation avec les réseaux d'aires protégées.

Nous avons constitué une base de données sur la répartition des espèces (10 millions d'occurrences), sur les traits biologiques des espèces (jusqu'à 40 traits) et sur les séquences génomiques pour l'ensemble des 4 500 espèces et sous-espèces présentes dans les Alpes. Cette base de données a été utilisée pour mener des travaux portant sur la spéciation et la diversification des espèces végétales, sur la distribution géographique des espèces et la structure des communautés végétales, ainsi que pour la planification de la conservation en relation avec les patrons de biodiversité. Les données génomiques ont également été utilisées dans le cadre de projets secondaires, axés sur l'étude ciblée de certains clades riches en espèce endémiques et constituant l'originalité de la biodiversité végétale alpine.

Production scientifique et valorisation

Le projet a permis de nombreuses publications scientifiques dans des revues internationales évaluées par des pairs, plusieurs conférences publiques, ainsi que la création (cofinancée par l'Institut français de bio-informatique) d'une base de données pour la présentation et l'accès aux données génomiques de toutes les plantes arctico-alpines : <https://data.phyloalps.org/browse/>

Le projet a également donné lieu à un documentaire scientifique sur la biologie évolutive de la flore alpine : <https://vimeo.com/ondemand/surlesilesduciel/233104682>

Début du projet : 2017 | Durée : 54 mois |
Instrument : PRCI | Financement ANR : 323 000 €

Partenaires

Swiss Federal Institute for Forest, Snow and Landscape Research WSL (Suisse)

Coordination

Sébastien Lavergne – sebastien.lavergne@univ-grenoble-alpes.fr – UMR 5553 LECA, CNRS, Université Grenoble Alpes, Université Savoie Mont-Blanc

Androsace saussurei
 (Primulacées), espèce
 nouvelle pour la science,
 décrite dans le cadre du projet
 sur le Rocher de l'Heureux
 Retour (massif du Mont-Blanc).
 © S. Lavergne



OUTPACE

Séquestration océanique du CO₂ et fixation d'azote atmosphérique dans l'océan oligotrophe

Rappel des objectifs

Il s'agit ici de s'atteler à l'exploration de la pompe biologique de carbone océanique (BCP) qui influence fortement la concentration en CO₂ atmosphérique, et par conséquent le climat de la Terre, dont l'altération est un enjeu sociétal majeur actuel.

Le projet OUTPACE était organisé autour de trois objectifs principaux. Il s'agissait de : (1) donner une description zonale de la biogéochimie et de la diversité biologique dans le Pacifique tropical sud-ouest (WTSP) durant l'été austral ; (2) étudier la production biologique et son devenir (incluant l'exportation de carbone) dans trois sites contrastés, avec une attention particulière pour la production supportée par la fixation d'azote ; et (3) obtenir une représentation satisfaisante des principaux flux biogéochimiques (carbone, azote, phosphore, silicium) et de la dynamique du réseau trophique planctonique.

Dans le contexte du réchauffement global, l'océan change rapidement et initier de grands programmes océanographiques est d'une importance majeure si nous voulons comprendre comment la séquestration du carbone océanique va évoluer dans le futur.

Le projet OUTPACE est l'aboutissement d'un long processus qui a permis à des scientifiques de différents domaines (de physiciens spécialisés dans la navigation lagrangienne à des biologistes spécialistes des gènes et de la biodiversité/fonction à l'échelle individuelle des cellules) de travailler ensemble dans le même projet. Le couplage original de techniques alliant l'imagerie satellitale, les flotteurs lagrangiens, les profileurs de turbulence, les capteurs biogéochimiques et les outils moléculaires a permis une acquisition en temps réel de variables physiques, chimiques et biologiques. Cette stratégie lagrangienne nous a permis de suivre la même masse d'eau pendant plusieurs jours et d'être certains de pouvoir relier nos résultats à des processus biologiques internes à la masse d'eau.

Résultats majeurs

La fixation de N₂ est le processus majeur introduisant l'azote nécessaire pour soutenir la BCP et permettre une assimilation significative de carbone atmosphérique par l'océan. Le lien direct entre fixation de N₂ et exportation de carbone proposé pour le WTSP, point chaud de la fixation de N₂ océanique, nécessite de considérer les changements à courtes échelles de temps, comme en particulier celle associée au changement climatique en cours. La disponibilité en P pourrait apparaître comme le contrôle ultime de l'apport d'azote par la fixation de N₂ et par conséquent de l'efficacité de la BCP.

Le projet OUTPACE a confirmé l'expertise de la communauté scientifique française en océanographie et a permis de renforcer les collaborations françaises avec les équipes internationales. Le projet a permis à environ 50 scientifiques de sept laboratoires de recherche français et de collaborateurs dans sept pays étrangers (États-Unis, Israël, Allemagne, Suède, Fidji, Chili, Japon) de travailler ensemble et produire de nombreux résultats utiles pour la communauté internationale.

Production scientifique et valorisation

Les résultats du projet ont été communiqués dans 27 articles publiés dans une issue spéciale de la revue *Biogeosciences* et neuf autres articles ont été publiés en dehors de l'issue spéciale.

Moutin T., et al. (2017) Interactions between planktonic organisms and biogeochemical cycles across trophic and N₂ fixation gradients in the western tropical South Pacific Ocean: a multidisciplinary approach (OUTPACE experiment). *Biogeosciences*, 14, 13.

Le projet a permis la mise en base de données nationale (<http://www.obs-vlfr.fr/proof/php/outpace/outpace.php>) et internationale (NOAA) de l'ensemble des données obtenues.

Ce projet a donné lieu à l'organisation d'une session spéciale lors du meeting ASLO de 2017 à Hawaii (États-Unis), à la présentation de la campagne océanographique OUTPACE lors de la COP 21 à Paris et à de nombreuses conférences grand public.

Début du projet : 2014 | Durée : 48 mois |

Instrument : PRCI | Financement ANR : 398 911 €

Partenaires

UMR 7159 LOCEAN, CNRS, IRD, MNHN, Sorbonne Université

| UMR 7093 LOV, IMEV, CNRS, Sorbonne Université | Bar-Ilan University (Israël) | WHOI (États-Unis)

Coordination

Thierry Moutin – thierry.moutin@univ-amu.fr –

UMR 7294 MIO, Université d'Aix-Marseille, Université de Toulon, CNRS, IRD

<https://moutin.mio.osupytheas.fr/>

<https://outpace.mio.univ-amu.fr>

Filaments de *Trichodesmium* spp. (fixateur d'azote) observés à la surface de l'eau au cours de la mission océanographique OUTPACE (19 février - 3 avril 2015) à bord du navire océanographique L'Atalante dans le Pacifique tropical sud-ouest.

© Thierry Moutin



P3

People, pollutions and pathogens: mountain ecosystems as sentinels of change

Rappel des objectifs

L'enjeu de ce projet est d'étudier les interactions entre pathogènes émergents, espèces et écosystèmes sentinelles dans un contexte de changement global. L'objectif principal de P3 est de comprendre l'impact du changement climatique sur les bassins versants des montagnes et les risques pour les parties prenantes et le grand public. P3 a développé une base de données commune, combinant des informations sur les différentes chaînes de montagnes visées, il a établi un réseau international de stations de terrain en montagne. Le projet a permis de collecter des données le long de gradients sur la pollution et les pathogènes dans le contexte socio-écologique et de les utiliser pour modéliser différents paramètres biotiques et abiotiques. P3 a contribué à des avancées majeures dans le développement des études sur les bassins versants (EBV) de montagnes en collaboration avec la Mountain Research Initiative (aujourd'hui GEO Mountains).

Résultats majeurs

P3 a également fait progresser le concept de la pyramide des maladies et notre compréhension de l'écologie microbienne des montagnes et de son importance pour la qualité de l'eau des lacs. Le projet a aussi mis en évidence un niveau important de pollution dans les lacs de montagne, qui a un impact sur les organismes d'eau douce et les agents pathogènes de manière disparate, augmentant ainsi le risque pour la santé humaine et animale. Les chercheurs ont étudié les risques dus aux micropolluants pour les lacs de haute altitude et ont mis au point un indicateur de pollution pour les sites dans les Pyrénées et à Oman. Ils ont acquis un vaste ensemble de données sur la pollution organique dans la Sierra Nevada et l'ont comparé à la présence d'agents pathogènes dans des spécimens de musée. Ils ont généré de vastes ensembles de données sur les microbiomes par séquençage MiSeq et ont lié hydrologie et perturbations écologiques des écosystèmes. Les connaissances acquises dans le cadre du projet P3 ont permis au coordinateur Dirk Schmeller de postuler avec succès à la chaire Axa d'écologie fonctionnelle de la montagne, située à l'ENSAT de l'INP de Toulouse.

Production scientifique et valorisation

Bates K.A., et al. (in press) Environmental and Anthropogenic Factors Shape the Skin Bacterial Communities of a Semi-Arid Amphibian Species. *Microbial Ecology*.

Schmeller D.S., et al. (2022) Scientists' warning of threats to mountains. *Science of the Total Environment*, 853, p. 158611.

Machate O., et al. (2022) Complex chemical cocktail, containing insecticides diazinon and permethrin, drives acute toxicity to crustaceans in mountain lakes. *Science of the Total Environment*, 828, p. 154456.

Sentenac H., et al. (2022) The significance of biofilms to human, animal, plant and ecosystem health. *Functional Ecology*, 33, pp. 294-313.

Début du projet : 2016 | Durée : 59 mois |

Financement ANR : 268 931 €

Partenaires

Helmholtz Center for Environmental Research (Allemagne) |
Nanjing Institute of Geography and Limnology (Chine) |
San Francisco State University (États-Unis)

Coordination

Dirk Schmeller – dirk.schmeller@ensat.fr – UMR 5245 LEFE, CNRS, INP Toulouse, Université Toulouse III Paul Sabatier

Gourg de Rabas, dans la réserve naturelle de Néouvielle. Ce site est emblématique car les populations d'amphibiens ont commencé à rebondir, passant d'une quasi-extinction locale due au pathogène *Batrachochytrium dendrobatidis* en 2012 à une petite population pendant le projet P3 en 2019 et 2020. Cela donne l'espoir que certains effets négatifs des pathogènes puissent être surmontés.

© Dirk Schmeller



PAVIS

Évaluation des relations entre les aires marines protégées et les espèces invasives

Rappel des objectifs

Ce projet contribue à l'avancement des connaissances dans le domaine de l'écologie des invasions et fournit des lignes directrices spécifiques pour la gestion des espèces marines envahissantes. Il a pour objectif d'étudier (1) si les aires marines protégées (AMP) influencent l'expansion des espèces exotiques/indigènes en expansion et atténuent leurs effets sur les peuplements natifs, (2) si les effets écologiques de ces espèces pourraient altérer, réduire ou annuler l'effet de protection des écosystèmes par les AMP, et (3) si les activités économiques locales, telles que la pêche artisanale et la plongée de loisir, réalisées au sein des AMP et aux alentours, ont été impactées par la présence d'espèces exotiques/indigènes en expansion. L'étude sera axée sur les espèces de poisson exotiques/indigènes en expansion en mer Méditerranée. Au cours de la première année du projet, des méthodes d'observation non destructrices seront utilisées dans huit AMP et des sites adjacents soumis à la pêche, suivant un plan d'échantillonnage répliqué sur plusieurs échelles spatiales. Les méthodes suivantes ont été utilisées pour explorer les questions scientifiques du projet, y compris la revue systématique, la méta-analyse, les techniques de recensement visuel, les expériences *in situ*, les analyses statistiques univariées et multivariées et l'analyse multicritère.

Résultats majeurs

Les principaux résultats du projet démontrent que les aires marines protégées ne sont pas en mesure de contrôler les invasions biologiques à moins que des mesures de gestion supplémentaires ne soient adoptées à l'intérieur de leurs limites (par exemple, la récolte ciblée d'espèces envahissantes dans les aires marines protégées). Les poissons herbivores envahissants ont des impacts profonds sur les écosystèmes marins et des mesures de gestion devraient être adoptées. Les activités économiques, telles que la pêche en dehors des zones marines protégées, ont également été affectées. Le projet a permis l'extension de réseaux de collaboration dans six pays de la Méditerranée.

Production scientifique et valorisation

Giakoumi S., *et al.* (2017) Assessing the effects of marine protected areas on biological invasions: A global review. *Frontiers in Marine Science*, 4, p. 49.

Giakoumi S., *et al.* (2017) Ecological effects of full and partial protection in the crowded Mediterranean Sea: a regional meta-analysis. *Scientific Reports*, 7(1), p. 8940.

Giakoumi S., *et al.* (2019) Exploring the relationships between marine protected areas and invasive fish in the world's most invaded sea. *Ecological Applications*, 29(1), p. e01809.

Giakoumi S., *et al.* (2019) Management priorities for marine invasive species. *Science of The Total Environment*, 688, pp. 976-982.

Giakoumi S., *et al.* (2019) Patterns of predation on native and invasive alien fish in Mediterranean protected and unprotected areas. *Marine Environmental Research*, 150, p. 104792.

Début du projet : 2016 | Durée : 39 mois |

Financement ANR : 365 335 €

Coordination

Sylvaine Giakoumi – sylvaine.giakoumi@gmail.com – UMR 7035 ECOSEAS, CNRS, Université Côte d'Azur

Une espèce envahissante, le poisson lion (*Pterois miles*), dont la récolte ciblée dans les aires marines protégées peut apporter des bénéfices pour les pêcheurs et la biodiversité native.

© Alexis Pey



POLLINET

Structure et efficacité des réseaux de pollinisation dans des environnements changeants

Rappel des objectifs

L'objectif de POLLINET est de développer une étude mécanistique des systèmes plantes-pollinisateurs en disséquant les stratégies de butinage des pollinisateurs, en étudiant leur impact sur la reproduction des plantes, et en déterminant comment cela varie en réponse à des changements environnementaux. Trois méthodes principales sont utilisées. Les chercheurs réalisent d'abord des expériences comportementales sur les déplacements des pollinisateurs (abeilles domestiques et bourdons) à l'aide de fleurs artificielles équipées de caméras et de lecteurs de puces RFID pour l'identification individuelle des insectes dans un grand champ dépourvu de fleurs naturelles. Ils analysent ensuite les routes suivies par les pollinisateurs et leurs interactions avec des outils mathématiques d'analyse réseaux. Ils prédisent enfin les comportements de ces mêmes pollinisateurs dans des nouveaux environnements selon des scénarios de changements globaux à l'aide de simulations numériques de modèles mathématiques.

Résultats majeurs

Les chercheurs ont développé et validé une nouvelle méthodologie basée sur les réseaux spatiaux pour analyser les mouvements et les interactions entre les animaux en conditions naturelles. Ils ont montré que les abeilles domestiques et les bourdons suivaient des stratégies spatiales d'utilisation des ressources différentes, malgré leurs habitats et écologies sociales très proches. Ces analyses de mouvements ont révélé des règles d'apprentissage très simples permettant aux pollinisateurs de limiter les interactions compétitives et donc de maximiser leur efficacité de butinage à la fois au niveau individuel et collectif. Les chercheurs ont développé des modèles mathématiques robustes permettant de prédire les déplacements et les interactions des pollinisateurs dans la nature. POLLINET a apporté des résultats préliminaires précieux pour l'obtention d'un *ERC Consolidator* « BEE-MOVE » en 2020. Le projet a aussi permis à un post-doc d'obtenir un poste de maître de conférence.

Production scientifique et valorisation

Dubois T., et al. (2021) A model of resource partitioning between foraging bees. *PLoS Computational Biology*, 17, p. e1009260.

Brebner J., et al. (2021) Bumblebees strategically use ground-level linear features in navigation. *Animal Behaviour*, 179, pp. 147-160.

Pasquaretta C., et al. (2020) Analysis of temporal patterns in animal movement networks. *Methods in Ecology and Evolution*, 12, pp. 101-113.

Klein S., et al. (2017) Why bees are so vulnerable to environmental stressors. *Trends in Ecology & Evolution*, 32, pp. 268-278.

Début du projet : 2017 | Durée : 54 mois |
Instrument : JCJC | Financement ANR : 308 076 €

Coordination

Mathieu Lihoreau – mathieu.lihoreau@univ-tlse3.fr – UMR 5169 CRCA, CNRS et Université de Toulouse III-Paul Sabatier

Bourdons collectant de l'eau sucrée sur une fleur artificielle. L'environnement est dépourvu de fleurs naturelles et de repères visuels panoramiques. Les bourdons portent un tag pour identification individuelle.
 © Tamara Gomez-Moracho



PRIME TRADEOFFS

Process Integration into Multispecies and Ecosystem models: Resulting ecological, economic and social trade offs

Rappel des objectifs

L'enjeu principal de ce projet est le développement d'un modèle écosystémique marin avec, comme entités structurantes, les groupes fonctionnels trophiques et les flottilles de pêche pour évaluer l'effet des changements historiques sur la structure du réseau trophique et ses interactions, ainsi que l'étude de scénarios climatiques et de gestion des pêcheries. Le modèle a vocation à informer sur la gestion écosystémique des pêches dans les eaux européennes et à évaluer des scénarios de gestion et de changements environnementaux. Le projet met en œuvre la modélisation statistique, ainsi que l'analyse statistique de séries de données environnementales, de communautés de poissons et de pêcheries.

Résultats majeurs

Le projet a permis de : (1) proposer une démarche opérationnelle pour mettre en place l'approche écosystémique des pêches en tenant compte la productivité d'un écosystème marin et des interactions trophiques ; (2) proposer une approche statistique pour régionaliser (*downscaling*) les projections climatiques à large échelle pour leur utilisation dans les modèles écosystémiques régionaux. L'application à deux cas d'étude contrastés montre la nécessité d'utiliser un modèle spécifique pour chaque cas ; (3) analyser les prix de ventes des produits de la pêche par groupe fonctionnel trophique révélant une forte variation saisonnière et une relation négative (système de demande inverse) entre quantité et prix au niveau des groupes fonctionnels, ce qui était connu uniquement au niveau des espèces ; (4) développer un modèle de réseau trophique marin et ajustement au cas du socio-écosystème du golfe de Gascogne ainsi que d'identifier l'importance des effets indirects de la pêche et de la densité-dépendance des groupes fonctionnels. L'analyse intégrée a montré une augmentation récente de la biomasse des groupes trophiques, ce qui indique une amélioration de l'état de l'écosystème du golfe de Gascogne. Les résultats des premiers scénarios permettent de quantifier la propagation attendue des effets de mesures de gestion de la pêche dans le réseau trophique. L'autre leçon est que l'homogénéité écologique au sein de groupes fonctionnels ne va pas de pair avec une homogénéité des prix de vente.

Production scientifique et valorisation

Hosack G.R., *et al.* (2019) Functional group based marine ecosystem assessment for the Bay of Biscay via elasticity analysis. *PeerJ*, 7, p. e7422.

Oliveros-Ramos R., *et al.* (2023) A multi-model selection approach for statistical downscaling and bias correction of Earth System Model outputs for regional impact applications.

Trenkel V.M. (2018) How to provide scientific advice for ecosystem-based management now. *Fish and Fisheries*, 19(2), pp. 390-398.

Début du projet : 2016 | Durée : 36 mois |
Financement ANR : 65 437 €

Partenaires

University of Hamburg (Allemagne) | Institute of Marine Research (Norvège) | National Institute of Aquatic Resources (Royaume-Uni) | Ciencia y Tecnología Marina y Alimentaria (Espagne)

Coordination

Verena Trenkel – verena.trenkel@ifremer.fr –
Unité EMH, Ifremer

Chalutier dans le golfe
de Gascogne lors d'une
campagne scientifique.
© Pascal Lorange Ifremer



PSYCHE

Réponses systémiques des plantes aux changements environnementaux

Rappel des objectifs

Ce projet explore un front de science et vise à la généralisation des mécanismes et réponses associés aux régulations systémiques du développement du système racinaire par la disponibilité en nutriments et les stress abiotiques et biotiques. Les principaux objectifs sont l'analyse transcriptomique de la réponse systémique à la disponibilité en azote, au stress osmotique et à un pathogène racinaire (*Aphanomyces euteiches*), les analyses de corégulation, l'identification des gènes soumis à des signatures de sélection, l'étude du rôle des voies de signalisation systémique médiées par des peptides de signalisation, et celle de la conservation de ces régulations entre *M. truncatula* et le pois. Les techniques et méthodes utilisées sont les analyses transcriptomiques (RNAseq), le *clustering* de corégulation, les scans de sélection épistatique (GWESS) et la génétique (mutants).

Résultats majeurs

Les résultats majeurs du projet sont : (1) l'identification de réseaux de corégulation communs aux réponses systémiques à la disponibilité en azote, au stress osmotique et au pathogène racinaire *A. euteiches* ; (2) l'identification des réseaux de corégulation régulés par la voie de régulation systémique médiée par le récepteur *Compact Root Architecture 2* (CRA2) ; (3) l'identification de gènes potentiellement co-évolués comme étant fonctionnellement reliés (peptide de signalisation « CLAVATA3-like » et récepteur associé) ; et (4) l'identification de mutants chez le pois. Ce projet a permis le renforcement des collaborations entre les partenaires du réseau.

Production scientifique et valorisation

Baudry K., et al. (2022) Analyzing multifactorial RNA-Seq experiments with dicoexpress. *Journal of visualized experiments JoVE* [Preprint], (185).

Lambert I., et al. (2020) DiCoExpress: a tool to process multifactorial RNAseq experiments from quality controls to co-expression analysis through differential analysis based on contrasts inside GLM models. *Plant Methods*, 16(1), p. 68.

Lambert I., et al. (2020) Responses of mature symbiotic nodules to the whole-plant systemic nitrogen signaling. *Journal of Experimental Botany*, 71(16), pp. 5039-5052.

Pervent M., et al. (2021) Systemic control of nodule formation by plant nitrogen demand requires autoregulation-dependent and independent mechanisms. *Journal of Experimental Botany*, 72(22), p. 7942.

Moreau C., et al. (2021) Nitrate-induced CLE35 signaling peptides inhibit nodulation through the SUNN receptor and miR2111 repression. *Plant Physiol*, 185(3), pp. 1216-1228.

Début du projet : 2017 | Durée : 54 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 603 372 €

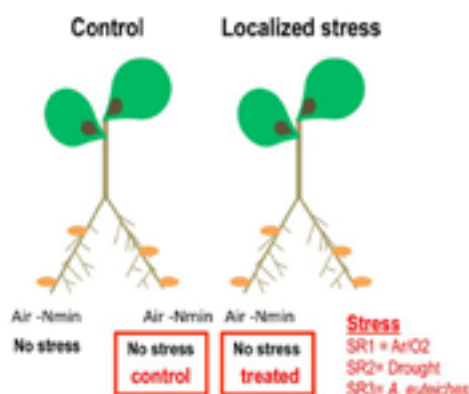
Partenaires

UMR 9213 IPS2, CNRS, Université Paris-Saclay | UAR 3426 BioCampus Montpellier, Université de Montpellier, CNRS, Inserm | UMR 1355 Institut Sophia Agrobiotech, Université Côte d'Azur | UMR 040 LSTM, Université de Montpellier, INRAE, IRD, Cirad, Montpellier SupAgro

Coordination

Florian Frugier – florian.frugier@cnr.fr – CNRS

Stratégie expérimentale de « split-root » utilisée dans le projet PSYCHE pour étudier les réponses systémiques à la disponibilité en azote et aux stress biotiques et abiotiques.
© Marc Lepetit



SPECREP

Répétabilité du processus de spéciation chez les papillons : réplifications naturelles dans une zone de suture

Rappel des objectifs

Le projet cherche à comprendre la répétabilité du processus de spéciation le long d'un gradient environnemental, avec levée de verrous scientifique (génomique du groupe étudié) et technique (reproduction des espèces en captivité). Il vise à caractériser la divergence phénotypique et génétique, et l'isolement reproducteur chez des paires de sous-espèces de six espèces de papillons *Ithomiini* (une tribu de 393 espèces) qui forment des zones de contact parallèles à l'interface entre l'Amazonie et les Andes. Les objectifs du projet sont de : (1) quantifier la divergence pour des traits écologiques majeurs (plantes larvaires, motif coloré, phéromones, hauteur de vol) et la contribution de ces traits à l'isolement reproducteur entre sous-espèces ; (2) quantifier la divergence génétique et caractériser l'architecture génétique de l'isolement reproducteur ; (3) identifier les bases génétiques des traits écologiques, en générant au préalable des génomes de référence pour deux des espèces ; et (4) analyser la relation entre divergence et isolement reproducteur dans un cadre comparatif et, plus généralement, l'histoire de la diversification des *Ithomiini*.

Résultats majeurs

Nous avons mis en évidence une variation entre espèces pour la divergence phénotypique entre sous-espèces andine et amazonienne, notamment le motif coloré et les phéromones, avec également un rôle variable de ces traits pour l'isolement reproducteur. En revanche, nous n'avons trouvé de divergence entre sous-espèces pour la plante larvaire et la hauteur de vol chez aucune de ces espèces. Par ailleurs, nous avons montré une variabilité entre espèces pour la différenciation génétique et le flux de gènes entre sous-espèces, allant de sous-espèces indifférenciées génétiquement à des sous-espèces presque totalement isolées reproductivement. Nous avons généré des génomes de référence pour trois espèces, et trouvé des gènes potentiellement impliqués dans la variation du motif coloré, des phéromones et dans l'isolement reproducteur chez ces espèces. Enfin, nous avons reconstitué l'histoire de la diversification des papillons ithomiines, montrant que les Andes ont joué un rôle majeur depuis le Miocène en préservant les lignées anciennes de l'extinction liée à la présence d'un système aquatique en Amazonie, puis en offrant une diversité de niches écologiques.

Production scientifique et valorisation

Chazot N., *et al.* (2019) Renewed diversification following Miocene landscape turnover in a Neotropical butterfly radiation. *Global Ecology and Biogeography*, 28(8), pp. 1118-1132.

Gauthier J., *et al.* (2020) Contrasting genomic and phenotypic outcomes of hybridization between pairs of mimetic butterfly taxa across a suture zone. *Molecular Ecology*, 29, pp. 1328-1343.

McClure M., Elias M., (2016) Unravelling the role of host plant expansion in the diversification of a Neotropical butterfly genus. *BMC Evolutionary Biology*, 16, p. 128.

McClure M., *et al.* (2019) Does divergent selection predict the evolution of mate preference and reproductive isolation in the tropical butterfly genus *Melinaea* (Nymphalidae: Ithomiini)? *Journal of Animal Ecology*, 88, pp. 940-952.

Début du projet : 2015 | Durée : 56 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 498 290 €

Partenaires

GenScale, INRIA, IRISA, CNRS, Université de Rennes |
UMR 7618 iEES Paris, Sorbonne Université, CNRS, INRAE,
IRD, Université Paris Cité, UPEC

Coordination

Marianne Elias – marianne.elias@mnhn.fr – UMR 7205
ISYEB, MNHN, CNRS, Sorbonne Université, EPHE,
Université des Antilles

Accouplement entre les deux sous-espèces de *Melinaea menophilus*. Malgré leur différenciation phénotypique, elles ne présentent pas de différenciation génétique, du fait d'absence d'isolement reproducteur.
© M. McClure



SPHINX

Comprendre et prédire l'adaptation des espèces aux changements environnementaux chez les insectes

Rappel des objectifs

Dans un contexte de crise de la biodiversité, le déclin des insectes apparaît comme une conséquence majeure de l'impact de l'humain sur l'environnement. Pourtant, on ignore encore largement les mécanismes et les dynamiques des réponses des insectes aux changements environnementaux. Un obstacle majeur réside dans les fortes lacunes de connaissances sur leur diversité, leur distribution, leurs biologie et écologie, ou encore leur évolution.

En utilisant pour modèles des papillons, SPHINX développera les bases théoriques et empiriques visant à comprendre les dynamiques évolutives et spatiales de leur diversité à l'échelle globale, et à évaluer les réponses de leurs communautés aux changements environnementaux. Il s'agit en premier lieu de reconstruire les dynamiques de la diversification de ces insectes par une approche de reconstruction phylogénétique alliant données phylogénomiques et codes-barres ADN pour un échantillonnage exhaustif des espèces. Les phylogénies permettront de tester des modèles de diversification et d'évaluer les rôles de facteurs abiotiques (événements paléogéologiques et climatiques) et biotiques (traits d'histoire de vie) sur ces dynamiques.

La documentation *in situ* de communautés de ces papillons au Gabon et en Guyane permettra de confronter les prédictions théoriques dérivées des analyses de diversification aux réponses observées de ces communautés dans des environnements impactés par la déforestation.

Résultats majeurs

SPHINX a permis de générer le tout premier jeu de données phylogénomique pour analyser l'évolution des espèces de *Saturniidae* et *Sphingidae*, deux familles de papillons distribuées et diversifiées sur tous les continents. Avec près de 1200 marqueurs génomiques séquencés pour plus de 2000 espèces, et les codes-barres ADN de plus de 5000 espèces, ces papillons représentent des modèles uniques pour l'étude des origines et des déterminismes de la diversité chez les insectes dans un contexte évolutif.

Le volet expérimental s'est appuyé sur plusieurs missions au Gabon et en Guyane où un nouveau protocole standardisé de collecte de ces papillons a permis d'échantillonner plus de 7000 spécimens, tous identifiés par une approche métagénomique afin d'analyser les compositions de ces communautés.

Les résultats obtenus amènent à réviser la classification de ces papillons et démontrent le rôle joué par certains traits d'histoire (masse

corporelle, mode de nymphose, régime alimentaire des chenilles) dans les dynamiques de diversification, mais aussi dans le déterminisme des réponses aux changements environnementaux actuels. Ces analyses des traits d'histoire de vie ont été permises par la synergie entre SPHINX et le projet ACTIAS, financé par la FRB dans le cadre du programme CESAB (Centre de synthèse et d'analyse sur la biodiversité) et ayant mené à la compilation de l'ensemble de ces données de traits.

Production scientifique et valorisation

Le projet SPHINX a donné lieu à une douzaine de publications scientifiques internationales.

Ballesteros Mejia L., *et al.* (2020) A global food plant dataset for wild silkmoths and hawkmoths and its use in documenting polyphagy of their caterpillars (*Lepidoptera: Bombycoidea: Saturniidae, Sphingidae*). *Biodiversity Data Journal*, 8, p. e60027.

Correa-Carmona Y., *et al.* (2021) Functional and taxonomic responses of tropical moth communities to deforestation. *Insect Conservation and Diversity*, 15, pp. 236-247.

Hamilton C.A., *et al.* (2022) Hidden phylogenomic signal helps elucidate Arsenurine silkmoth phylogeny and the evolution of body size and wing shape trade-offs. *Systematic Biology*, 71(4), pp. 859-874.

Début du projet : 2017 | Durée : 75 mois |

Instrument : PRC | Financement ANR : 495 097 €

Partenaires

UMR 5174 EDB, CNRS, IRD, Université de Toulouse III-Paul Sabatier | UMR 1062 CBGP, INRAE, IRD, Cirad, Montpellier SupAgro | UMR 5175 CEFE, EPHE, CNRS, IRD, Université de Montpellier | URZF, INRAE | UMR 5553 LECA, CNRS, Université Grenoble Alpes, Université Savoie Mont-Blanc | UMR 5554 ISEM, CNRS, Université de Montpellier

Coordination

Rodolphe Rougerie – rodolphe.rougerie@mnhn.fr – UMR 7205 ISYEB, MNHN, Sorbonne Université, EPHE, Université des Antilles

Échantillonnage standardisé par piège lumineux des *Saturniidae* et des *Sphingidae* en Guyane et au Gabon.

© Carlos Lopez-Vaamonde, Rodolphe Rougerie



SWING

Invasion mondiale de la drosophile à aile tachetée : Génétique, plasticité et potentiel évolutif

Rappel des objectifs

Le succès d'une invasion biologique dépend grandement de la capacité de l'organisme à s'adapter à son nouvel environnement. Le projet partenarial SWING propose d'étudier les mécanismes mis en jeu dans l'invasion spectaculaire d'un ravageur de fruits, *Drosophila suzukii*.

Les deux mécanismes clés impliqués dans l'adaptation sont la variation génétique, moteur de l'évolution, et la plasticité phénotypique qui permet aux populations de survivre aux nouvelles pressions de sélection. Dans ce projet, nous avons étudié les processus évolutifs en jeu lors d'une invasion biologique. De façon plus précise, nous avons proposé de : (1) décrire et quantifier précisément la variation phénotypique au sein des populations et entre elles, en utilisant la génétique quantitative et les analyses des normes de réaction ; (2) caractériser précisément les voies d'invasion à l'échelle mondiale, et caractériser la variation moléculaire associée au succès de l'invasion, en utilisant les approches de la génomique et de la transcriptomique ; (3) analyser le rôle des éléments transposables (ET) dans l'adaptation ; (4) étudier le rôle des symbiotes dans l'adaptation à la plante hôte.

Résultats majeurs

Le premier résultat majeur de nos travaux concerne la plasticité phénotypique qui a été estimée sur une grande diversité de traits morphologiques et physiologiques pour six populations (françaises, japonaises et américaines). Nous observons, comme attendu une plasticité très importante à la température de développement pour l'ensemble des traits avec parfois des variations de normes de réaction entre les différentes populations. Cependant, dans la grande majorité des cas, les différences de plasticité entre populations sont faibles, les populations envahissantes n'étant en général pas plus plastiques que les natives, suggérant que la plasticité phénotypique n'a pas joué de rôle majeur dans le processus d'invasion de *D. suzukii*. Au niveau moléculaire, les résultats déjà obtenus et publiés ont permis de déterminer certaines régions génomiques impliquées dans les processus adaptatifs chez *D. suzukii* (en particulier deux gènes : *RhoGEF64C* et *cpo*). L'analyse des ET a permis de montrer qu'ils représentaient 47% du génome et nous avons identifié 15 insertions d'ET potentiellement adaptatives. Enfin, nous avons montré le rôle des bactéries et levures du microbiote sur l'adaptabilité de *D. suzukii*. Au niveau méthodologique, le projet a également permis le développement de nouveaux outils que ce soit au niveau phénotypique

(combinaison de microscopie électronique, photogrammétrie et morphométrie géométrique), moléculaire (*metabarcoding*) et statistique (graphe d'admixture, méthode BayPass).

Production scientifique et valorisation

Ce projet a donné lieu à une vingtaine de publications déjà publiées, certaines ont été déposées dans *Biorxiv* et sont en attente d'évaluation. 25 communications ont été effectuées dans des conférences scientifiques nationales et internationales, deux vers le grand public. Deux logiciels ont été réalisés.

Début du projet : 2016 | Durée : 63 mois |
Instrument : PRC | Financement ANR : 566 169 €

Partenaires

UMR 7205 ISYEB, MNHN, Sorbonne Université, EPHE,
Université des Antilles | UMR 1062 CBGP, INRAE, IRD, Cirad,
Montpellier SupAgro

Coordination

Patricia Gibert – patricia.gibert@univ-lyon1.fr – UMR 5558
LLBE, CNRS, Université Lyon 1, VetAgro Sup



Drosophila suzukii.
© Colin, UMR 5558

URBASTRESS

Influence de l'urbanisation sur les populations de vertébrés : une approche écophysiologique

Rappel des objectifs

Les enjeux du projet de recherche sont de comprendre l'impact des modifications anthropiques liées à l'urbanisation sur les populations d'oiseaux sauvages. Les principaux objectifs du projet sont de : (1) faire un état des lieux du statut de la biodiversité aviaire et de populations d'oiseaux en milieu urbain ; (2) évaluer l'état de santé des populations urbaines d'oiseaux et les contraintes anthropiques « clefs » qui contraignent ces populations ; et (3) comprendre les capacités d'adaptation des populations à des perturbations anthropiques urbaines. Pour atteindre ces objectifs, le projet repose sur des inventaires de biodiversité/populations en milieu urbain, une approche écophysiologique permettant d'évaluer l'état de santé des populations et de comprendre les mécanismes d'adaptation aux contraintes urbaines, et des expériences en captivité ou en milieu naturel pour comprendre l'impact de contraintes spécifiques (bruit, lumière, pollution) sur les individus.

Résultats majeurs

Dans le cadre de ce projet, les chercheurs ont pu montrer un effondrement de certaines populations d'oiseaux en ville, un impact d'un mode de vie urbain sur leur état de santé, et l'impact des pollutions sonore, lumineuse et chimique sur les oiseaux urbains. Ils ont aussi pu identifier des politiques permettant de promouvoir la biodiversité ordinaire en ville. Ce projet a permis de développer des partenariats avec des acteurs locaux (collectivités territoriales), de former des étudiants au métier de la recherche (deux thèses et un post-doc), de développer des collaborations nationales avec des chercheurs d'autres instituts.

Production scientifique et valorisation

Beaugeard E., *et al.* (2019) Does urbanization cause stress in wild birds during development? Insights from feather corticosterone levels in juvenile house sparrows (*Passer domesticus*). *Ecology and Evolution*, 9(1), pp. 640-652.

Mohring B., *et al.* (2021) Investigating temporal and spatial correlates of the sharp decline of an urban exploiter bird in a large European city. *Urban Ecosystems*, 24, pp. 501-513.

Beaugeard E., *et al.* (2021) Green infrastructures and ecological corridors shape avian biodiversity in a small French city. *Urban Ecosystems*, 24, pp. 549-560.

Deviche P., *et al.* (2023) Past and future: Urbanization and the avian endocrine system. *General and Comparative Endocrinology*, 332, p. 114159.

Début du projet : 2017 | Durée : 54 mois |
Instrument : JCJC | Financement ANR : 286 200 €
Coordination
Frédéric Angelier – frederic.angelier@cebc.cnrs.fr –
UMR 7372 CEBC, Université de La Rochelle, CNRS

Rouge-gorge dans un parc urbain. En ville, les oiseaux font face à des contraintes multiples. Elles imposent des ajustements physiologiques et comportementaux majeurs pour permettre à certaines espèces de persister en ville.
© Frédéric Angelier



Annexes

- Annexe 1 | Définitions
- Annexe 2 | Acronymes
- Annexe 3 | Constitution du corpus de projets
- Annexe 4 | Construction et préparation du fichier des partenaires
- Annexe 5 | Enquête auprès des porteurs de projets
- Annexe 6 | Méthodologie d'analyse lexicométrique
- Annexe 7 | Liste des documents stratégiques et de prospective analysés
- Annexe 8 | Liste des projets analysés et données synthétiques

Ces termes sont signalés par un astérisque (*) dans le texte

Anthropocène

L'Anthropocène est une proposition d'ère géologique qui marque l'impact des activités humaines sur les écosystèmes et la géologie de la Terre. Ce terme est dérivé du grec *anthropos* (humain) et *kairos* (nouveau).

Certains scientifiques et géologues affirment que l'Anthropocène devrait être reconnu comme une nouvelle ère parce qu'il représente un changement fondamental dans le système terrestre, susceptible d'avoir un impact sur la planète pendant des millions d'années à venir. D'autres affirment que l'Anthropocène n'est pas une époque géologique officiellement reconnue faisant l'objet de discussions au sein de la communauté scientifique. En particulier, s'il y a un consensus sur le fait que l'Anthropocène débute avec la révolution industrielle, qui correspond à une augmentation significative de l'activité humaine et de la consommation de ressources, entraînant des changements dans l'atmosphère terrestre, l'utilisation des sols et la biodiversité, l'événement marquant cette période dans les strates géologiques fait encore l'objet de débat.

Biologie de la conservation

La biologie de la conservation est une discipline scientifique qui vise à comprendre et à préserver la biodiversité et les écosystèmes de la planète. Elle s'intéresse à la fois aux espèces individuelles et aux systèmes écologiques dans lesquels elles vivent, ainsi qu'à l'interaction entre les êtres humains et leur environnement.

Écologie

Les objectifs de l'écologie sont multiples et incluent notamment de :

- comprendre les processus écologiques et les interactions entre les êtres vivants et leur environnement ;
- prédire les conséquences des changements environnementaux sur les écosystèmes et sur les êtres vivants ;
- concevoir des stratégies de conservation et de gestion des ressources naturelles ;
- élaborer des politiques environnementales durables.

L'écologie s'intéresse à plusieurs niveaux d'organisation, allant de l'individu à la biosphère. Elle se concentre sur l'étude des cycles biogéochimiques, de la diversité biologique, de l'organisation et de la structure des écosystèmes, ainsi que sur les processus qui les régulent. L'écologie étudie également les impacts sur les écosystèmes des activités humaines comme la pollution, le changement d'usage des sols, la surpêche, les changements climatiques, etc.

Espèces envahissantes vs espèces invasives

Les expressions « espèces envahissantes » et « espèces invasives » sont souvent utilisées de manière interchangeable, mais il existe une légère différence entre les deux. Une espèce envahissante est une espèce qui se propage rapidement dans un nouvel environnement où elle peut causer des dommages à l'écosystème existant. Si l'espèce est en dehors de sa zone de distribution d'origine, on parle alors d'espèces exotiques (ou non indigènes) envahissantes. Une espèce invasive a la particularité d'avoir établi une population stable qui se propage activement, elle entraîne systématiquement une perturbation de l'écosystème existant au détriment des espèces natives.

Génomique

La génomique est une branche de la biologie qui étudie l'ensemble des gènes, des séquences d'ADN et des variations génétiques d'un organisme ou d'une espèce. Elle implique l'analyse des séquences d'ADN, la comparaison des génomes, l'étude de l'expression des gènes, la recherche de mutations génétiques et la compréhension des fonctions génétiques. La génomique est devenue de plus en plus importante dans la recherche médicale, la biologie évolutive, la biotechnologie et l'agriculture. Elle permet notamment de comprendre les mécanismes sous-jacents de diverses maladies, de concevoir de nouveaux traitements personnalisés, de créer des plantes et des animaux résistants aux maladies et aux ravageurs, et d'améliorer la production alimentaire.

Holobionte

L'holobionte consiste en un organisme hôte et tous les micro-organismes qui y vivent, y compris les bactéries, les virus, les champignons et autres micro-organismes. Le concept d'holobionte souligne le fait que de nombreux organismes ne sont pas seulement des entités individuelles, mais des communautés complexes de différents organismes qui travaillent ensemble pour survivre et prospérer.

Méiofaune

La méiofaune est un ensemble d'organismes très petits, qui mesurent généralement entre 0,1 mm et 1 mm de taille. Ce terme, largement employé pour les organismes du benthos, s'emploie désormais aussi pour les organismes du sol.

Nature

Les définitions de ce terme sont nombreuses et, trop souvent, l'être humain y est inscrit en opposition au principe de nature. Le concept de Nature dont nous nous revendiquons ici est celui porté par Philippe Descola. Il serait périlleux de le résumer en quelques phrases. Aussi, nous proposons de retenir comme dérivée grossière, les deux premières définitions du Larousse en ligne à savoir (1) « le monde physique, l'univers, l'ensemble des choses et des êtres, la réalité » et (2) « l'ensemble de forces ou principe supérieur, considéré comme à l'origine des choses du monde, de son organisation ». La distinction humain-nature n'a donc pas de sens. Nous lui préférons celle d'humain/non-humain ».

One Health

Le concept de *One Health*, « une seule santé », est une approche holistique qui reconnaît l'interdépendance entre la santé humaine, la santé animale et la santé environnementale. Cette approche vise à promouvoir une collaboration et une coordination entre les professionnels de la santé humaine, animale et environnementale pour prévenir et contrôler les maladies émergentes, les zoonoses (maladies transmises des animaux à l'humain) et les menaces pour la santé publique.

Partenaire

Il s'agit d'une entité physique ou morale impliquée contractuellement dans un des projets scientifiques étudiés dans le cadre du présent cahier.

Partenariat

Il s'agit d'une relation contractuelle, financière ou non, associant deux partenaires au sein d'un même projet scientifique étudié au sein du présent cahier.

Pathogènes émergents

Les pathogènes émergents sont des agents infectieux qui apparaissent soudainement dans une population et provoquent des maladies qui n'étaient pas présentes auparavant dans cette population. Ils peuvent être causés par de nouveaux micro-organismes qui se développent, ou par des micro-organismes existants qui mutent et acquièrent de nouvelles capacités pathogènes.

Phénotypage

Le phénotypage est l'étude et la caractérisation des traits physiques, morphologiques, physiologiques et comportementaux d'un organisme vivant, tels qu'ils s'expriment à travers son phénotype observable. Il peut être utilisé dans de nombreux domaines de la biologie, notamment en écologie, en agronomie, en biotechnologie, en médecine et en génétique, pour comprendre les relations entre les caractéristiques phénotypiques et les facteurs environnementaux ou génétiques.

Risque

« Le terme "risque" est ambivalent, souvent utilisé pour faire référence à un événement indésirable susceptible de se produire. Dans une vision "classique", le risque est représenté par le croisement d'un aléa et d'une vulnérabilité, comportant éventuellement une dimension "exposition". Cette représentation est parfois déclinée spécifiquement pour un type de risque particulier. Elle est parfois complétée pour intégrer les capacités adaptatives des collectifs concernés. » (Meschinet de Richemond, 2016). Selon le groupe Prospective de l'INRAE, la notion de « risque naturel » englobe notamment ce qui est qualifié de risques d'origine climatique ou biotique par la communauté INRAE. Il définit les risques « environnementaux » comme étant « les risques d'origine chimique et biologique, pour les individus, populations et communautés au sein des différents compartiments (sol, eau, air) des écosystèmes plus ou moins anthropisés, des agro-écosystèmes ou des systèmes de production animale, ainsi que des milieux urbains. Le périmètre considéré englobe notamment les risques écotoxicologiques et ceux associés à la problématique de Réutilisation des eaux usées traitées (REUT). Le cas particulier de l'eutrophisation des milieux aquatiques, qui a récemment fait l'objet d'une Expertise scientifique collective, est traité dans un encadré spécifique dans la section 5 du rapport complet »⁽¹⁾.

Séquençage

Le séquençage consiste à déterminer l'ordre linéaire des composants d'une macromolécule comme les acides aminés d'une protéine, où les sucres d'un polysaccharide. Le séquençage des acides nucléiques (A, C, G, T) qui constituent la molécule d'ADN et d'ARN a révolutionné l'étude du vivant en permettant d'accéder aux gènes et à leurs fonctions ainsi qu'à leurs variations qui caractérisent la biodiversité. Le séquençage de génomes de référence permet aujourd'hui de développer des approches de génomiques comparatives. La phylogénomique permet de retracer l'histoire évolutive entre les organismes.

Services écosystémiques

Les services écosystémiques sont l'ensemble des bénéfices tirés par les sociétés humaines de la biodiversité et du fonctionnement des écosystèmes. On parle par exemple des services d'approvisionnement qui sont l'ensemble des ressources fournies par les écosystèmes (nourriture, fibre, bois...).

1. Extrait de rapport INRAE 2020. DOI : 10.15454/db0p-0s25 (<https://hal.inrae.fr/hal-03267088>), p22)

Acronymes des appels à projets

6° extinction : Quantifier la perte de diversité biologique ; Comprendre et agir sur les processus biologiques, économiques et sociaux qui l'accompagnent. *Édition 2009.*

AAPG : Appel à projets générique.

ACHN : Accueil de chercheurs de haut niveau. *Multiples éditions.*

ADD : Agriculture et développement durable. *Édition 2006.*

AgroBiosphère : Viabilité et adaptation des écosystèmes productifs, territoires et ressources face aux changements globaux. *Édition 2011.*

ALIA : Alimentation et industries alimentaires. *Édition 2008.*

ALID : Systèmes alimentaires durables. *Multiples éditions.*

ANIAH : Animal Health and Welfare. *Édition 2014.*

Arimnet : Agricultural research in the Mediterranean Network. *Multiples éditions.*

ASTRID : Accompagnement spécifique des travaux de recherches et d'innovation défense. *Multiples éditions.*

Belmont IOF : Belmont Forum and G8 International Opportunities Fund. *Édition 2013.*

Bilatéral Fr-Qu secteur maritime : Appel à projets franco-qubécois dans le secteur maritime. *Édition 2019.*

Bilatéral Fr-Qu SHS : Appel à projets franco-qubécois dans le secteur des sciences humaines et sociales. *Édition 2016.*

BDIV : Programme biodiversité. Éditions 2005-2007.

BIOADAPT : Adaptation : des gènes aux populations. Génétique et biologie de l'adaptation aux stress et aux perturbations. *Édition 2013.*

Biodiversa : Réseau européen des agences et ministères qui programment et financent la recherche sur la biodiversité, les services écosystémiques et les solutions fondées sur la nature en Europe. *Multiples éditions.*

Bio-E : Programme national de recherche sur les bio-énergies. *Édition 2007.*

GMGE : Génomique microbienne à grande échelle. *Édition 2007.*

GPLA : Réseau de génomique végétale GENOPLANTE. *Édition 2010.*

Bio-ME : Biomatières et énergies. *Édition 2012.*

BIOSYS : Biologie systémique.

CES : Contaminants écosystèmes santé. *Édition 2008.*

CESA : Contaminants et environnements : santé, adaptabilité, comportements et usages. *Multiples éditions.*

CEP(&S) : Changements environnementaux planétaires et sociétés. *Édition 2010.*

CHIN : Chaires industrielles. *Multiples éditions.*

CIS : Calcul intensif et simulation. *Édition 2006.*

COFASP : Cooperation in Fisheries, Aquaculture and Seafood Processing. *Édition 2015.*

CONTINT : Contenus numériques et interactions. *Édition 2010.*

COSINUS : Conception et simulation. *Édition 2009.*

CULT : Métamorphoses des sociétés. Émergences et évolutions des cultures et des phénomènes culturels. *Édition 2012.*

ECCO : Écosphère continentale. *Édition 2005.*

ECOTECH : Programme production durable et technologies de l'environnement. *Édition 2009.*

Émergence/Émergence-BIO : Émergence et maturation de projets de biotechnologies à fort potentiel de valorisation. *Éditions 2008 et 2012.*

Écophyto-Maturation : Des innovations au service du plan Écophyto. *Éditions multiples.*

ECO-TS : Programme écotechnologies et écoservices. *Édition 2012.*

EMIDA : Maladies infectieuses des animaux de rente. *Édition 2011.*

EMPB : Émergence et maturation de projets en biotechnologies et technologies de la santé. *Éditions 2005 et 2006.*

ERA-NET : European Research Area Network.

FACCE SURPLUS : Sustainable and Resilient Agriculture for Food and Non-Food Systems. *Multiple éditions.*

FACCE SusCrop : Cofund on Sustainable Crop Production. *Multiple éditions.*

Forest Value : Innovation pour la bio-économie forestière. *Multiple éditions.*

FRAL SHS : Appel à projets franco-allemand en sciences humaines et sociales. *Édition 2012.*

GANI : Réseau de génomique animale GENANIMAL. *Édition 2010.*

GENM : Génomique. *Édition 2008.*

GENOM-BTV : Génomique et biotechnologies végétales. *Édition 2009.*

GLOB : Métamorphose des sociétés. Globalisation et gouvernance. *Édition 2012.*

GMCE : Génomique microbienne à grande échelle. *Édition 2007.*

GPLA : Réseau de génomique végétale GENOPLANTE. *Édition 2010.*

IC4WATER : Water Resource Management in Support of the United Nations Sustainable Development Goals. *Multiplés éditions.*

JFS ASIE : Southeast Asia-Europe Joint Funding Scheme for Research and Innovation. *Édition 2016.*

JPI-FACCE : Joint Programming Initiative on Agriculture, Food Security and Climate Change. *Multiplés éditions.*

JPI-OCEANS – micro-plastics : Ecological Aspects of Microplastics. *Édition 2015.*

JPI-Water : Défis liés à l'eau dans un monde en mutation. *Multiplés éditions.*

LabCom : Laboratoires communs entre partenaires académiques et privés. *Multiplés éditions.*

LEAP Agri : Long Term EU-Africa Research and Innovation Partnership on Food and Nutrition Security and Sustainable Agriculture. *Multiplés éditions.*

MariFish : Cordination of European Marine Fisheries Research. *Édition 2009.*

Méditerranée : Favoriser la gestion durable de l'eau pour la croissance économique et la durabilité de la région méditerranéenne. *Édition 2016.*

MIE : Maladies infectieuses, immunité et environnement. *Édition 2008.*

MIIM : Microbiologie – immunologie. *Édition 2012.*

NET-BIOME : Towards Biodiversity Management in Support of Sustainable Development in Tropical and Subtropical EU. *Édition 2011.*

Neuro : Neurosciences, neurologie et psychiatrie. *Édition 2006.*

OGM : Programme national de recherches sur les Organismes génétiquement modifiés. *Édition 2007.*

P2N : Nanotechnologies et nanosystèmes. *Édition 2010.*

Pathogenomics : Génomique et post-génomique des bactéries et des champignons pathogènes pour l'homme et de la réponse de l'hôte à ces micro-organismes. *Édition 2010.*

Plant Genomics : Réseau de génomique végétale GENOPLANTE. *Édition 2006.*

PLANT-KBBE : Plant Alliance for Novel Technologies - Towards Implementing the Knowledge-Based Bio-Economy in Europe. *Multiplés éditions.*

PNRA : Programme national de recherches en alimentation et nutrition humaine. *Édition 2005.*

PRECODD : Programme écotechnologies et développement durable. *Édition 2006.*

PRIMA : Partnership for Research and Innovation in the Mediterranean Area. *Multiplés éditions.*

RIB : Biotechnologies. *Édition 2006.*

RPIB : Recherches partenariales et innovation biomédicale. *Édition 2012.*

SARGASSUM : « Recherche, développement et innovation » sargassum. *Multiplés éditions.*

SEASERA : Towards Integrated Marine Research Strategy and Program. *Édition 2011.*

SEST : Santé-environnement et santé-travail. *Édition 2005.*

SHSI : Appel blanc en sciences humaines et sociales. *Édition 2011.*

SOCC : Sciences, technologies et savoirs en société. *Multiplés éditions.*

SOC&ENV : Sociétés & changements environnementaux. *Édition 2012.*

SUDS : Les Suds, aujourd'hui. *Édition 2007.*

Sumforest : Des forêts durables pour les sociétés du futur. *Multiplés éditions.*

SVSE3 : Appel blanc en infectiologie, immunologie. *Édition 2011.*

SYSTERRA : Écosystèmes, territoires, ressources vivantes et agricultures. *Multiplés éditions.*

SYSBIO : Systems Biology. *Édition 2009.*

SYSCOMM : Systèmes complexes et modélisation mathématique. *Édition 2008.*

TRANSMED : Études transdisciplinaires sur l'avenir de la Méditerranée. *Édition 2012.*

Tremplin-ERC : Accompagner l'excellence scientifique en soutenant des candidats ayant des dossiers de très haut niveau. *Multiplés éditions.*

VD : Villes durables. *Édition 2008.*

Vulnérabilité : Vulnérabilité, milieux et climat. *Édition 2007.*

Autres

APA : Accès aux ressources génétiques et le partage juste et équitable des avantages découlant de leur utilisation.

CDB : Convention sur la Diversité Biologique.

GEMAPI : Gestion des milieux aquatiques et la prévention des inondations.

GIEC : Groupe d'experts intergouvernemental sur l'évolution du climat (*Intergovernmental Panel on Climate Change* - IPCC).

IPBES : Plateforme intergouvernementale scientifique et politique sur la biodiversité et les services écosystémiques (*Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services*).

IUCN : Union internationale pour la conservation de la nature.

MAPTAM : Loi du 27 janvier 2014 de modernisation de l'action publique territoriale et d'affirmation des métropoles.

PatriNat : Centre d'expertise et de données sur le patrimoine naturel.

PNACC2 : Plan national d'adaptation au changement climatique 2.

SCAMP : Stratégie de création des aires marines protégées.

SCAP : Stratégie de création des aires protégées.

REDD + : Réduction des émissions de gaz à effet de serre dues à la déforestation et à la dégradation des forêts.

Organismes de recherche

Cemagref : Centre d'étude du machinisme agricole du génie rural des eaux et des forêts.

Cirad : Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement.

CNRS : Centre national de recherche scientifique.

Ifremer : Institut français de recherche pour l'exploitation de la mer.

INRAE : Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement.

INRA : Institut national de recherche agronomique.

IRD : Institut de recherche pour le développement.

La sélection et l'extraction des projets au sein de la base de données de l'ANR s'est appuyée sur une liste de mots clés établie à partir du thésaurus « Biodiversité »⁽²⁾ aussi connu sous le nom de BiodivThes⁽³⁾, élaboré par le GDR Semandiv⁽⁴⁾, en veillant à retenir des mots qui ne documentent pas tant la thématique que les jargons, expressions et termes susceptibles d'être employés dans un résumé de candidature.

Ces mots clés ont été recherchés parmi les titres, résumés et listes de mots clés, aussi bien français qu'anglais, des projets des bases de données de l'ANR (7677 projets). Une phase de tri itérative, à dire d'experts, a ensuite été menée en visant une acception aussi large que possible du champ de la biodiversité (1252 projets), dont trois s'avèreront ensuite impropres à l'utilisation dans le logiciel d'analyse sémantique employé. La méthodologie est détaillée ci-dessous par étape.

Pour identifier et extraire les projets pertinents au sein des bases de données de l'ANR, une liste de mots clés a été élaborée pour constituer une sorte de thésaurus « biodiversité » propre aux résumés de candidature à l'ANR.

Construction du thésaurus *ad hoc*

Les quelque 3300 mots ou groupes de mots en anglais du thésaurus BiodivThes⁽⁵⁾ ont été passés en revue par les experts associés à la production du cahier afin d'éliminer les mots ou expressions redondants ou peu usités, isolément ou par racine commune (i.e. taxonom pour taxonomy, taxonomic, etc.). Simultanément ont été identifiés les mots qui, pris seuls, couvraient des champs disciplinaires connexes à la thématique « biodiversité » (ex. : climat, géomorphologie) ou trop vastes (écologie). Ils ont été conservés en combinaison à d'autres termes pour éviter de capter des pans entiers de projets sans lien effectif avec la biodiversité (ex. : ecolog devenu ecolog x marine). Par ailleurs, les chaînes de caractères ont été simplifiées pour obtenir une racine pouvant correspondre à plusieurs mots (ex. : prenat, polyphag ; les singulier/pluriel) ; les mots avec plusieurs orthographes possibles ont été doublés ou triplés lorsque nécessaire (ex. : meta barcoding, meta-barcoding, metabarcoding) ; les mots concernant les taxons (ex. : bee) et les noms de lieu (ex. : mountain) ont été retirés ; des sigles ont été ajoutés lorsque nécessaire (ex. : CBD pour Convention on Biological Diversity). Au final, la liste des mots clés devait capter les jargons, expressions et termes susceptibles d'être employés dans un résumé de candidature.

Une comparaison avec les mots clés retenus dans l'étude Biodiversa 2018 a ensuite été effectuée afin d'identifier de possibles lacunes. Puis, la liste a été traduite en français via DeepL et relue par les experts associés à la production du cahier. Certains mots ou groupes de mots en anglais ont été traduits par un mot ou un groupe de mots en français (ex. : *sustainable crop*, *sustainable agriculture* traduits par culture durable).

La liste finale des mots clés contient 582 mots, groupes et combinaisons de mots en anglais et 538 en français. Il s'agit de mots simples (ex. : allélopath), de groupes de mots (ex. : écologie souterraine) et de combinaisons de mots (ex. : native x espèce).

Extraction

La liste des mots clés a été utilisée pour extraire des données brutes de deux bases de données de l'ANR en mai 2020 (SIM et Yatoola). Les projets financés par des instruments d'aide à la constitution de réseaux de recherche en vue de candidater à des appels européens (ex. : MRSEI) ont été écartés.

Ces données brutes ont constitué une liste initiale de 7677 projets

financés de 2005 à 2019, tous appels confondus, hors projets des Programmes investissements d'avenir (PIA) et France 2030. À chaque projet étaient associées les informations suivantes : département ANR, code décision, année d'édition de l'appel à projets, acronyme du projet, résumé en français et résumé en anglais (selon leur disponibilité), nom de l'appel et/ou du programme de l'appel, nom de l'instrument de financement et du comité de sélection, somme des aides totales allouées aux partenaires du projet. La complétude de l'extraction a été testée par croisement de la liste avec les projets sélectionnés et financés via le comité « Terre Vivante » de l'AAPG entre 2014 et 2019 et par croisement avec les projets français de la base de données de Biodiversa2. Quelques allers-retours vers notre thésaurus ont été faits jusqu'à ce que l'extraction obtenue contienne tous ces « projets tests ». L'ambition d'exhaustivité visait à réduire le risque d'écarter des projets pouvant intéresser la thématique du cahier.

Sélection

Cette première liste de 7677 projets extraits contenait naturellement de nombreux projets hors sujet qu'il a fallu écarter. Ce tri a été fait à dire d'expert par classement en trois niveaux de pertinence (« 0 » = « pas biodiversité » ; « 1 » = « à discuter » ; « 2 » = « biodiversité ») des projets répartis aléatoirement entre les sept experts du comité. Trois itérations successives ont été nécessaires, après élimination des projets classés « 0 » pour parvenir à une liste stabilisée de 1259 projets considérés comme formant le corpus du cahier. Chaque itération a fait l'objet d'un échange entre les experts pour valider collectivement les éliminations et vérifier la précision suffisante et la clarté des critères d'inclusion et d'exclusion.

Les critères d'inclusion (classement en « 2 ») ou d'exclusion (classement en « 0 ») ont été définis ainsi :

Éléments pour classer les projets en « 2 »

- Projets avec « biodiversité » entendue dans une approche large (par ex. : inclure le fonctionnement des écosystèmes même si dans une approche plutôt « physique »), des gènes aux écosystèmes, en passant par structure, fonction, évolution, composition – espèce humaine incluse.
- Projets d'étude génomique fonctionnelle comparative.
- Projets traitant de l'exploitation de la biodiversité.

Éléments pour classer les projets en « 0 »

- Projets avec une approche moléculaire, génétique et physiologique sur une espèce modèle.
- Projets portant sur un individu, un génome, sans comparaison.
- Projet à visée de développement biotechnologique.

Les trois itérations se sont déroulées comme suit :

- Chaque expert se voit attribuer aléatoirement 1096 projets à classer à partir de leurs titres et résumés.
- Un premier classement individuel (v1) en répartissant les projets entre les trois classes « 0 », « 1 », ou « 2 », avec la consigne d'être conservateur à ce stade.
- En réunion, chaque expert expose aux autres entre un et six projets de sa liasse qu'il a classés en « 0 », « 1 » et « 2 », afin de vérifier collectivement la pertinence des critères d'inclusion et d'exclusion, et ainsi préciser le périmètre du cahier.
- Les experts conduisent un deuxième classement individuel (v2), sur leur liasse initiale (pas de redistribution à l'issue de la première itération). À l'issue de deuxième itération, les projets initialement classés « 1 » et qui se retrouvent classés « 1 » ou « 2 », sont redistribués aléatoi-

rement entre les experts, à raison de de 70 ou 71 projets par expert.

- Les experts effectuent un troisième classement individuel (v3) sur cette nouvelle liasse. À l'issue de cette troisième itération, le classement des 57 derniers projets encore classés « 1 » a été effectué par discussion et décision collégiale.

Nettoyage

Ce classement à dire d'experts a produit une sélection de 1 252 projets financés entre 2005 et 2019, formant le corpus d'étude du cahier. Les données des titres et résumés ont été nettoyées : 106 résumés manifestement non renseignés ou tronqués et trop courts pour être exploitables ont été récupérés sur les sites internet des projets, puis validés par les experts ; 30 projets n'avaient de résumé qu'en anglais dans les données de l'ANR, leur version française officielle a été retrouvée *via* les sites internet des projets ou les questionnaires des appels spécifiques concernés (Biodiversa notamment).

Et nous avons dû en écarter deux qui étaient trop fortement tronqués, donc sémantiquement trop incomplets pour contribuer valablement à une analyse lexicométrique. Un autre a ensuite été écarté car excessivement marqué par la répétition une vingtaine de fois dans le résumé d'un néologisme qu'il était le seul à employer.

Les résultats présentés dans ce cahier portent donc sur un panel de 1 249 projets^[6].

2. <https://skosmos.loterre.fr/BLH/fr/page/-/FHNG3BCR-H>.

3. <https://agroportal.lirmm.fr/ontologies/BIODIVTHES>.

4. <https://www.inist.fr/qui/reseaux/>.

5. plus disponible au moment de la publication de ce cahier ;

voir <https://agroportal.lirmm.fr/ontologies/BIODIVTHES>

et <https://skosmos.loterre.fr/BLH/fr/> sous copyright INIST

(<http://www.inist.fr/>).

6. Voir annexe 7.

En utilisant les codes décision des 1252 projets retenus, l'ANR a extrait la liste des partenaires associés (signataires du consortium de recherche annexé à la convention financière de l'ANR).

À chaque partenaire étaient associées les informations suivantes : code décision du partenaire et code décision du projet, acronyme du projet, année d'édition de l'appel et ville/pays de réalisation des travaux, statut du partenaire (coordinateur ou non), son genre, la catégorie de son établissement de rattachement (ex. : divers public, laboratoire public), l'adresse des tutelles gestionnaires et hébergeantes.

Le nettoyage du fichier de 5018 lignes, truffé de coquilles et incomplet, a été réalisé en plusieurs étapes et en combinaison avec le fichier « partenaires hors PIA » mis en ligne par l'ANR. Il s'agissait de :

- l'harmonisation du nom du partenaire avec le déroulé des acronymes ; harmonisation du niveau de description à celui de l'établissement (université, organisme, entreprise, école...) – et pas celui du laboratoire – en croisant les informations disponibles avec le nom du/de la responsable scientifique ;
- dans le cas des Unités mixtes de recherche (UMR), des Unités mixtes internationales (UMI), etc., une des tutelles a été choisie en se basant, par ordre d'information disponible, sur la tutelle hébergeante, à défaut la tutelle gestionnaire ou, à défaut, sur l'organisme du/de la responsable scientifique. Les pays ont été rapportés à la France pour les établissements français, même si le laboratoire était situé à l'étranger ;

• la catégorie des partenaires établie par l'ANR a été revue et adaptée afin de couvrir un large panel de statuts : collectivités territoriales, décideurs et financeurs, école d'enseignement supérieur, établissement public de santé (EPS), établissement public administratif (EPA), établissement public industriel et commercial (EPIC), université, université à l'étranger, institut de recherche à l'étranger, établissements publics à caractère scientifique, culturel et professionnel (EPSCP), établissement public à caractère scientifique et technologique (EPST), divers public, fondation, organisme non gouvernemental (ONG), très petite entreprise (TPE), petite et moyenne entreprise (PME), entreprise de taille intermédiaire/grande entreprise (ETI-GE), entreprise à l'étranger, divers privés. Dans ce cadre, toutes les structures de recherche étrangères publiques ou privées – à l'exception des universités – ont été regroupées sous la dénomination « Institut de recherche à l'étranger », et tous les types de structures commerciales à l'étranger ont été regroupés sous la dénomination « Entreprise à l'étranger ».

Les choix effectués lors du nettoyage ont ainsi harmonisé les données pour les rendre exploitables, mais ont également induit des biais.

L'enquête a été conduite en sollicitant tous les porteurs des projets financés par l'AAPG depuis 2014. Il s'agissait d'interroger les porteurs de projets sur des recherches suffisamment récentes pour qu'ils y trouvent un intérêt et qu'ils n'aient pas trop d'effort d'exploration dans le passé à faire. L'objectif de l'enquête était de collecter les informations de contenu pour les fiches du cahier et de profiter de cette collecte pour interroger les porteurs sur leur méthode de recherche : disciplines mobilisées, échelles spatiales et temporelles étudiées, formes d'approches et échelles d'étude de la biodiversité, formes de collaborations scientifiques et non académiques.

L'échantillon est constitué par l'ensemble des questionnaires reçus. Dans l'optique de capter la diversité des projets, nous avons effectué deux relances sur la période d'enquête (entre le 13 décembre 2020 et le 31 janvier 2021).

Le questionnaire d'enquête a été développé sous LimeSurvey et diffusé par mail. Sur les 346 envois, nous avons reçu 100 réponses exploitables, dont 50 réponses complètes qui forment les fiches descriptives du cahier.

Les 100 réponses exploitables contribuent aux analyses statistiques présentées dans le corps du cahier. Dix d'entre elles présentaient des incompréhensions manifestes de remplissage et ont été corrigées en conséquence :

- six réponses cochaient toutes les disciplines proposées, y compris « Autre », mais classaient les disciplines par ordre d'importance dont plusieurs étaient mises à « zéro » ; tout le reste des questions étaient correctement complétées ;
- quatre n'avaient coché aucune discipline, pas même « Autre », alors que, soit dans le titre, les projets étaient positionnés sur de la simulation numérique, soit dans les bases de données ERC de l'ANR, ils étaient inscrits sur des sciences numériques et de l'écologie ; nous avons corrigé le « complètement géographique » de ces mêmes projets.

Le questionnaire d'enquête était organisé en trois volets :

1. Informations descriptives du projet

- Informations sur le porteur de projet : 4 questions.
- Titre, acronyme, années de début et de fin, appel d'émargement : 4 questions.
- Qualification des objets de biodiversité pris en compte dans le projet d'après la typologie croisée de Noss : 3 questions :
 - composition : paysages – communautés/écosystèmes – populations/espèces – gènes ;
 - fonctions : processus paysagers/perturbations naturelles/anthropiques – processus écosystémiques/interactions inter-spécifiques – processus démographiques/cycles de vie – processus génétiques ;
 - structure : patrons paysagers, structure d'habitat, structure de population, structure génétique.
- Échelles spatiales et temporelles du projet : 2 questions.
 - spatial : international, national, régional (intra-pays), local, multisite, un seul site, laboratoire.
 - temporel :
 - temps géologiques (de 4 milliards d'années à 11700 avant notre ère),
 - Holocène (de 11700 avant notre ère à 1610) : avec deux sous-périodes proposées (avant et après 1492, année considérée comme marquant l'extension des commerces),
 - Anthropocène (de 1610 aux temps actuels) : avec trois sous-périodes (avant 1945, entre 1945 et 1990, de 1990 à nos jours),
 - construction des futurs (prospectives, scenarios...).

- Disciplines mobilisées : 1 question (liste à cocher de façon ordonnée + « autre »). Disciplines proposées : écologie, agronomie, biologie, sociologie, sciences politiques, économie, éthologie, droit, philosophie, autre.
- Habitats pris en compte d'après la typologie de l'IUCN : 1 question.
- Terrains géographiques pris en compte (découpage en grandes éco-régions planétaires) : 1 question.
- Niveaux taxonomiques pris en compte : 2 questions (d'après *Catalogue of Life 2019*).

2. Informations de contenu pour la fiche-projet à inclure dans le cahier

- Les enjeux et objectifs du projet de recherche :
 - indiquer les enjeux scientifiques, sociétaux, etc., qui permettent de contextualiser le projet de recherche (250 caractères max) ; par exemple : exploration d'un front de science, levée de verrou scientifique & technique, prolongement d'autres travaux, contribution explicite à politique publique environnementale... ;
 - expliciter les objectifs (y compris, si nécessaire, le contexte du projet), la ou les questions principales et les travaux envisagés pour y répondre (1000 caractères max).
- Les techniques et méthodes déployées durant le projet :
 - présenter la(es) technique(s)/méthode(s) déployée(s) durant le projet de recherche afin de répondre aux objectifs présentés précédemment (800 caractères max).
- Les résultats majeurs du projet :
 - principaux résultats scientifiques : présenter le(s) principal(ux) résultat(s) scientifique(s) obtenu(s) au regard de(s) objectif(s) présenté(s) précédemment (600 caractères max) ;
 - résultats connexes : présenter le(s) principal(ux) résultat(s) connexe(s) obtenu(s) dans le cadre du projet (600 caractères max) ; par exemple : création/extension de réseau de collaboration, obtention de financement(s) supplémentaire(s), dépôt de brevet(s), accès de post-doctorants à des postes... Si cela est pertinent, développer la réussite d'une collaboration inter- ou trans-disciplinaire.
- Les valorisations et transferts des résultats du projet : 2 questions.
 - auprès de la sphère académique : préciser les modes de valorisation(s) et de transfert(s) de(s) résultat(s) de la recherche réalisée dans le cadre du projet auprès de la sphère académique (600 caractères max) ; par exemple : publications scientifiques, création de jeux/base de données FAIR, colloque(s) ou séminaire(s)...
 - auprès de la société : préciser les modalités de valorisation(s) et de transfert(s) de(s) résultat(s) de la recherche réalisée dans le cadre du projet auprès de la société (600 caractères max) ; par exemple : contribution du(es) résultat(s) à une politique publique environnementale, à une étude d'impacts, rédaction de « résumé(s) pour décideur(s) » ou de guide(s) méthodologique(s), colloque(s) ou séminaire(s), création de jeux/base de données FAIR...

3. Caractérisation des parties prenantes et collaborations durant le projet

- 1 question croisant les types de structures et la nature de leur implication dans le projet qualifiée en quatre niveaux « information – consultation – implication – collaboration » :
 - indiquer le(s) type(s) de partenaire(s) sollicité(s) et préciser la nature de(s) collaboration(s) mise(s) en place durant le projet de recherche en cochant le degré d'engagement du(es) partenaire(s) impliqué(s) durant le projet de recherche ;
 - types de structures : ONG, autres privés, fondations, EPIC, EPA, EPST, autres publics, écoles d'enseignement supérieur, collectivités territoriales, décideurs financeurs publiques, structures de recherche étrangères.

- définitions :
 - information : vous avez informé les parties prenantes en leur fournissant des informations concrètes pour faciliter leur compréhension du projet ;
 - consultation : vous avez obtenu un(des) retour(s) d'informations de la part des parties prenantes, après leur avoir fourni des informations adéquates ;
 - implication : vous avez informé les parties prenantes durant le projet et vous êtes assurés que leurs préoccupations soient intégrées dans la prise de décision ;
 - collaboration : le travail réalisé a été un véritable partenariat avec les parties prenantes, cela pour l'ensemble des étapes du projet.
- 1 ultime question ouverte : « autre information ».

La lexicométrie a été définie par L. Lebart et A. Salem en 1994 comme un « ensemble de méthodes permettant d'opérer des réorganisations formelles de la séquence textuelle et des analyses statistiques sur le vocabulaire d'un corpus de textes »⁽⁷⁾. Ce type d'analyse est adapté pour les corpus de textes conséquents et il consiste ainsi à appliquer des calculs statistiques à un corpus de textes⁽⁸⁾. Nous avons choisi d'utiliser le logiciel libre IRaMuTeQ, qui permet le traitement statistique des données textuelles. Ce type d'analyse n'oppose pas analyse quantitative et analyse qualitative, elle permet au contraire d'accéder à une porte d'entrée pour une analyse qualitative précise par la suite.

Le logiciel IRaMuTeQ (version 0.7 alpha2) est conçu en interface du logiciel R afin de faciliter les analyses statistiques textuelles multidimensionnelles. Notamment, il permet d'effectuer des analyses factorielles des correspondances (AFC), des classifications hiérarchiques descendantes avec application de la méthode de Reinert (CHD), des analyses de similitudes selon diverses méthodes de calculs (ADS) et des nuages de mots.

Les différentes étapes sont souvent répétées de façon itérative, jusqu'à stabilisation des résultats autour d'un corpus considéré comme homogène et des mots clés correctement reconnus.

1/ La préparation du corpus et son formatage pour être importé dans IRaMuTeQ ; la construction du dictionnaire spécifique au corpus, du fait de l'importance sémantique de certaines combinaisons de mots ou de certaines mots composés.

2/ Les analyses statistiques proprement dites (AFC, CHD, ADS).

Préparation et prétraitement du corpus

1. Préparation et formatage du corpus

Cette étape consiste à effectuer le regroupement de tous les résumés en un seul corpus de texte, de lui adjoindre les variables d'intérêt visées pour l'analyse, et de le convertir au format requis pour son importation dans IRaMuTeQ. Elle peut être décomposée comme suit :

- préparation sous excel, par un contrôle manuel des 1249 résumés ;
- insertion d'une ligne immédiatement au-dessus de chaque résumé avec incrémentation d'une série de quatre étoiles (**** balise IRaMuTeQ de nouveau texte), avec, à sa suite et sur la même ligne, les variables d'intérêts chacune précédée d'une étoile (*). Pour deux variables d'intérêt (année, identifiant du projet), cela donne par exemple, pour le premier résumé du corpus : *****annee_05 *id_0001.
- exportation au format texte UTF8.

Deux variables d'intérêt ont été retenues : les années de conventionnement (ou « années d'édition » des appels à projets) et les projets individuels (par codage unique), afin de pouvoir étudier les variations temporelles des thématiques étudiées et revenir à l'échelle du projet pour apprécier l'importance relative des thématiques. Elles sont matérialisées dans le corpus au moment de sa concaténation.

2. Nettoyage, lemmatisation et construction du dictionnaire

Le logiciel IRaMuTeQ possède, par défaut, un dictionnaire français lui permettant de reconnaître les formes du corpus indexé (chaque mot, verbe, article, etc., est une forme, au sens d'IRaMuTeQ) au cours d'un processus appelé lemmatisation, qui permet de regrouper les mots de même origine (les pluriels et les singuliers d'un même mot ou adjectif, les versions conjuguées d'un verbe, l'orthographe, etc.).

Une première étape de nettoyage permet d'adapter le dictionnaire d'IRaMuTeQ : par retour dans le fichier texte (version excel, plus simple), concaténation manuelle de certains mots ou mots composés comme « développement durable » ou « service écosystémique » en « développement_durable » ou « service_écosystémique » pour que le logiciel les reconnaisse (puis vérification manuelle dans le listing du

dictionnaire) au risque de les voir disparaître dans les formes qualifiées de banales car non discriminantes.

Le nettoyage est suivi d'une procédure automatique de lemmatisation⁽⁹⁾ qui consiste à regrouper les mots par similitude d'origine (pluriels, conjugaisons, orthographe...) pour aboutir à une liste de formes lexicales uniques. Plusieurs allers-retours peuvent être nécessaires entre la préparation, le nettoyage et la lemmatisation.

Le dictionnaire français d'IRaMuTeQ doit ensuite être modifié pour prendre en compte ces nouvelles formes. La procédure d'enregistrement retient l'ensemble des formes ayant une fréquence d'apparition supérieure à 5, qui est la fréquence minimale prise en compte par le logiciel IRaMuTeQ pour les analyses lexicographiques. Elle nous a conduits à produire un lexique spécifique de 7204 formes « actives » (noms communs, adjectifs, adverbes). Ont été classés en formes « supplémentaires » les articles, adjectifs démonstratifs indéfinis ou interrogatifs, les auxiliaires, les verbes, les chiffres, conjonctions, onomatopées, pronoms, etc.

La lemmatisation se termine par une segmentation du corpus, qui permet de tenir compte de la notion de voisinage avec plus de finesse qu'un simple comptage de formes (analyses des similitudes, voir plus loin). Elle est effectuée automatiquement par le logiciel. Elle découpe le corpus en segments de texte dont la taille est généralement « de quelques formes à quelques dizaines de formes »⁽¹⁰⁾. Dans notre cas, le logiciel a produit un découpage en 16287 segments de 36 formes consécutives environ.

Les procédures d'analyse

1. La classification hiérarchique descendante (CHD) selon la méthode de Reinert

Parmi les outils d'analyse proposés par IRaMuTeQ, nous avons retenu la classification hiérarchique descendante (CHD) de Reinert, qui est une approche exploratoire permettant « de mettre à jour les mondes lexicaux du corpus »⁽¹¹⁾, qui sont les classes finales de la CHD, souvent restituées sous forme d'un dendrogramme.

7. Lebart L., Salem A., (1994) *Statistique textuelle*, Dunod.
<http://ses-perso.telecom-paristech.fr/lebart/ST.html>

8. Lejeune C. (2017) *Chapitre 9. Analyser les contenus, les discours ou les vécus ? À chaque méthode ses logiciels* !, Marie Santiago Delefosse éd., Les méthodes qualitatives en psychologie et sciences humaines de la santé. Dunod, 2017, pp. 203-224.

9. Lemmatisation : regroupement sous une forme canonique (en général à partir d'un dictionnaire) des occurrences du texte. En français, ce regroupement se pratique en général de la manière suivante : les formes verbales à l'infinitif, les substantifs au singulier, les adjectifs au masculin singulier, les formes élidées à la forme sans élision. Lebart et Salem, 1988.
<https://catalogue.bnf.fr/ark:/12148/cb369542787>

10. Marpsat M., (2010) La méthode Alceste. *Sociologie* [Online], n°1, vol. 1.
<http://journals.openedition.org/sociologie/312> : La segmentation « découpe le texte à étudier en unités de contexte élémentaires (u.c.e.), ou segments, de taille réduite. Ces u.c.e. sont composées d'une ou plusieurs lignes de texte consécutives d'environ 200 caractères et terminées si possible par une ponctuation, sinon par un séparateur comme un blanc. Elles sont regroupées par concaténation en unités de contexte (u.c.) de telle sorte que ces u.c. contiennent un nombre minimal de formes analysables différentes. Ce nombre est calculé pour optimiser la stabilité des classifications. ».

11. Reinert M., (1983) Une méthode de classification descendante hiérarchique : application à l'analyse lexicale par contexte.
Les cahiers de l'analyse des données, 8(2), pp. 187-198.
http://www.numdam.org/item/CAD_1983__8_2_187_0/

La technique de classification de Reinert repose sur une série de bi-partitions construite sur la base d'une analyse factorielle des correspondances menée sur un tableau binaire (absence/présence) qui croise les unités textuelles choisies avec les formes pleines sélectionnées⁽¹²⁾.

En effet, dans la CHD, l'analyse ne porte que sur les formes dites « pleines » (les verbes, les noms, les adverbess, les adjectifs) par contraste avec les formes supplémentaires (ou mots outils : les prépositions, les pronoms, les adjectifs possessifs, certains verbes et adverbess fréquents...), dans le but d'alléger les calculs sans rien perdre sur le fond.

Son application concrète au corpus est fort bien décrite par Maryse Marpsat⁽¹³⁾ :

« [Une fois lemmatisé et découpé en segments] le corpus est modélisé par un tableau lexical comprenant en ligne les [segments] et, en colonne, les formes lemmatisées analysables du texte. [...] Une classification descendante hiérarchique (à chaque pas, la classe la plus grande est divisée en deux) regroupe ces [segments] en classes, ou mondes lexicaux différenciés par la distribution de leur vocabulaire. [...] Le tableau lexical comporte la valeur 1 quand la forme lemmatisée est présente dans [le segment] et la valeur 0 lorsqu'elle est absente. Il est réorganisé pour produire deux classes de formes les plus contrastées possibles (c'est-à-dire employées à des moments distincts) ; la plus grande est ensuite découpée en deux, etc. On réalise ainsi dix classes ; ce nombre étant « élevé », les classes risquent de dépendre beaucoup du découpage en [segments]. On cherche donc le nombre de classes stables, en réalisant deux classifications successives, sur [une segmentation] de dimension légèrement différente, et en les comparant (par croisement et utilisation d'un test du khi2). On restreint ensuite les classes aux formes qui sont présentes dans les deux classifications. On obtient ainsi des classes d'énoncés significatifs qui renvoient à des mondes lexicaux. Les énoncés d'une même classe sont similaires entre eux, et aussi différents que possible des énoncés d'une autre classe. »

2. Mise en œuvre opérationnelle dans le logiciel

La CHD peut être opérée dès lors que le dictionnaire et la sélection des formes pleines sont validés. Elle est précédée d'une ultime lemmatisation et segmentation du corpus (processus automatique dans le logiciel). Après paramétrage des règles de la classification souhaitée, le logiciel produit un dendrogramme et des tableaux de contingence qui sont à la fois globaux et par variables d'intérêt. Ils permettent d'analyser en détail les formes associées à chaque classe. Le paramétrage est réajusté jusqu'à ce que le nombre de classes produites fasse sens au regard du jeu de données et des objectifs de l'étude.

Dans notre cas, la classification a été conduite en deux temps. Une première CHD comptait une thématique qui nous est apparue comme hors champ, car elle regroupait des termes relatifs à l'organisation administrative et disciplinaire des projets de recherche (formes associées : « académique », « collaboration », « partenaire », « européen », « base_de_données », « algorithme », « mathématique », « chimie », « science », « géographie »...). Après élimination des segments de texte associés à cette classe hors champ (13,3% de segments de textes), une seconde CHD a été produite avec 87,6% de segments classés (76% des segments du corpus initial). C'est celle sur laquelle l'ensemble de l'analyse du cahier est conduit.

3. Les paramètres finaux de classification retenus

- Les clés d'analyse : elles permettent de définir quelles formes seront prises en compte dans l'analyse (« formes pleines »). En l'occurrence : adjectifs, noms communs et adverbess. Les autres formes ainsi que les formes non reconnues sont classées en formes supplémentaires.

- Les paramètres de la CHD : « simple sur segments de texte », nb min segm/classe=0, nb classes finales 1^{re} phase = 42, nb max formes analysées 30 000, méthode svd = irlba.

Les tableaux produits

- Le tableau « tableafcm.csv » : formes pleines retenues (ligne) x modalités des variables d'intérêt sélectionnées (col). Chaque cellule d'intersection est remplie par les effectifs de chaque forme pour chaque modalité. C'est le contenu présenté par le logiciel dans l'onglet « Effectifs formes » de la CHD.

- Le tableau « tablespecf.csv » : en ligne, les formes pleines retenues ; en colonne, les modalités des variables d'intérêt sélectionnées. Chaque cellule d'intersection est remplie par les scores de spécificité⁽¹⁴⁾ de chaque forme à chaque modalité. C'est le contenu présenté par le logiciel dans l'onglet « formes » de la CHD.

- Le tableau « chistable.csv » : formes (ligne) x classes (col). Chaque cellule d'intersection est remplie par le khi2 d'association de la forme à la classe.

- Le tableau « Profiles.csv » : compile par classe, et pour chaque forme et modalité de chaque variable d'intérêt, les effectifs de segments de texte local et global, le khi2 d'association, et le p de significativité du khi2 en question.

- Le tableau présentant les formes banales : ce sont les formes ou mots qui ne sont pas sur- ou sous-représentés dans l'ensemble des années d'édition. Ces formes ne caractérisent aucune classe ni aucune modalité d'une variable d'intérêt. Il s'agit du vocabulaire courant ou usuel.

Analyse et traitement des tableaux de contingence

L'analyse des tableaux de contingence⁽¹⁵⁾ issus de la classification⁽¹⁶⁾ (« tableau de spécificités ») a été conduite sur :

- les formes, selon la valeur du khi2, pour construire une première interprétation thématique de la classe ;
- les projets, pour affiner l'interprétation thématique des classes, à dire d'expert ;
- les années, pour étudier comment la prépondérance de ces classes a varié dans le temps.

Un nouveau tableau a été construit permettant de mettre les projets eux-mêmes en relation avec les classes :

- à partir du tableau des profils a été construit un tableau à double entrée (classes de Reinert (col) x projets (ligne)), avec le khi2 d'association, filtré sur les seules valeurs significatives (cellules d'intersection laissées vides si khi2 non significatif) ;
- il permet d'appréhender la répartition des projets par classe, voire de classer les projets par thématique (classes de Reinert) ;
- il permet aussi le contrôle des analyses (par ex. : repérer la sur-représentation de formes dans un ou deux résumés).

4. Analyse et graphes de similitude (ADS)

L'analyse de similitude est un instrument issu de la théorie des graphes, classiquement utilisée pour décrire des représentations sociales tirées d'enquêtes⁽¹⁷⁾.

Appliquée aux corpus de textes, elle permet d'en visualiser la structure par modélisation des relations de voisinage entre formes, au sein des segments de textes⁽¹⁸⁾. Le voisinage statistique entre les formes est établi par le calcul d'un indice de co-occurrence fondé sur le test du khi2, au sein des segments puis des textes. La modélisation ainsi produite du voisinage lexical rend visibles les familles ou communautés lexicales.

Elle peut être conduite sur l'ensemble du corpus (indépendamment des variables d'intérêt) ou par modalité d'une variable (et donc

également par classe de la CHD, ce qui peut aider à en dessiner les contours et formuler le récit).

Sa restitution graphique (graphe de similitude) est établie à partir des formes ayant une fréquence supérieure à 100 au sein du corpus global (seuil correspondant aux 433 formes pleines les plus fréquentes de notre corpus).

Pour l'obtenir, il a fallu faire le choix du seuil de fréquence (maximale ou minimale) d'apparition d'une forme. Cela détermine l'échantillon du corpus, i.e. le jeu de données, qui sera analysé.

Ainsi, quand le nombre d'occurrences est élevé, on peut resserrer l'analyse sur les formes ayant une fréquence supérieure à 100. On peut aussi écarter des formes trop dominantes à l'aide des seuils max pour les exclure de l'analyse.

Le paramétrage retenu dans notre cas comprend :

- les indices de proximité calculés à partir des occurrences ;
- la représentation de Fruchterman-Reingold ;
- le traitement des communautés par le « edge.betweenness » (cocher « halo » pour les rendre visible), et en privilégiant les effectifs comme critères de représentation.

Il a fallu définir une très large fenêtre de restitution pour faciliter la lisibilité du graphe et revoir la taille de police pour la lisibilité des nœuds.

Le code couleur associé aux modalités de la variable d'intérêt n'est pas maîtrisé, il n'est donc pas un support de comparaison entre les graphes.

Différents paramètres sont modifiables manuellement en fonction de la lisibilité et de la facilité de lecture que l'on souhaite obtenir. Il est ainsi possible d'empêcher le recouvrement de certaines formes et d'associer la proportionnalité des liens entre les formes à l'occurrence de celles-ci.

12. Ratinaud P., Marchand P. (2012) *Application de la méthode ALCESTE à de « gros » corpus et stabilité des « mondes lexicaux » : analyse du « CableGate » avec IRaMuTeQ*. 11^{es} Journées internationales d'Analyse statistique des Données Textuelles, Liège, Belgique, pp. 835-844.

13. Marpsat M., (2010) La méthode Alceste. *Sociologie* [Online], n°1, vol. 1. <http://journals.openedition.org/sociologie/312>

14. « Pour calculer le score absolu, les segments de texte sont classés en fonction de l'association statistique forte d'un segment à une classe lexicale (test statistique du khi2) » source : Saigh D., et al. (2017) Contribution linguistique à une classification automatique des communautés de sens et à leur analyse. *Questions de communication*, 31, pp. 161-182.

« Le calcul de spécificités permet d'évaluer les variations quantitatives d'emploi entre les différentes sous-parties d'un corpus [...]. L'indice de spécificité intègre le fait que la déviation est confirmée par un grand nombre de cas ou non [...]. Mesurant des probabilités, il peut mettre en évidence des variations d'usage, et apprécier l'importance de celles-ci, leur caractère plus ou moins notable ». Source : Pincemin B., (2020) *La textométrie en question*. In : Magri V., (dir.) Linguistique et traitements quantitatifs, *Le français moderne*, 1, pp. 26-43.

15. Dans ce tableau figurent par classe et pour chaque forme, et chaque modalité de chaque variable (donc chaque projet et chaque année d'édition), le khi2 d'association et la valeur de p associée. On en a dérivé trois tableaux de contingence des khi2 d'association : un entre formes et classes, un entre projets et classes, et un entre années d'édition et classe. Les analyses ont été conduites sur les données ayant un khi2 >10,827 (soit p<0,001).

16. « pour un risque d'erreur de 5% une valeur du chi² théorique de 3,84 permet de valider la dépendance de deux variables, ou, ici, entre une classe et une forme. Un chi² supérieur à 10,827 fournit des résultats très fiables » Pelissier D., (2016) Initiation à la lexicométrie. Approche pédagogique à partir de l'étude d'un corpus avec le logiciel IRaMuTeQ. V4, https://presnumorg.hypotheses.org/files/2016/04/Initiation_lexico_iramuteq_Mars2017_v6.pdf

17. Ratinaud P., Marchand P. (2012) *L'analyse de similitude appliquée aux corpus textuels : les primaires socialistes pour l'élection présidentielle française (septembre-octobre 2011)*. 11^e Journées internationales d'Analyse statistique des Données Textuelles, Liège, Belgique, pp. 687-699 (en ligne : <http://lexicometrica.univ-paris3.fr/jadt/jadt2012/tocJADT2012.htm>).

18. *Ibid.*

Chaumet J.-M., et al. (2009) *Agrimonde. Agricultures et alimentations du monde en 2050 : scénarios et défis pour un développement durable*. CIRAD, INRA.
<https://enpc.hal.science/hal-02938677>

Coreau A., et al. (2015) *BioPIQuE 2013 : 25 questions émergentes pour les politiques publiques de biodiversité*. AgroParisTech.
<https://hal.science/hal-01184907>

Didier C. (2019) *État des lieux préliminaires des risques biologiques et microbiologiques en lien avec le déploiement des biotechnologies dans l'usine du futur*. INERIS.
<https://www.ineris.fr/sites/ineris.fr/files/contribution/Documents/Etat%20des%20lieux%20Risques%20Bio%20et%20Biotechnologies.pdf>

Guégan J.-F., et al. (2017) *Biodiversité et Néonicotinoïdes : revisiter les questions de recherche*. Fondation pour la recherche sur la biodiversité.
<https://www.fondationbiodiversite.fr/wp-content/uploads/2019/06/FRB-Biodiversite-neonicotinoides.pdf>

Hervieu H., et al. (2017) *L'exercice Aqua2030 : comment imaginer les politiques de demain sur l'eau et les milieux aquatiques à la fois dans ses dimensions nationale et territoriale ?* *Sciences Eaux & Territoires*, 22, pp. 62-67.
<https://doi.org/10.3917/set.022.0062>

Institut de recherche pour le développement (2015) *Rapport de conjoncture et de prospective scientifiques*.
https://pateo.ird.fr/content/download/230598/3477501/version/3/file/RCPS_19_11.pdf

Lacroix D., et al. (2019) *La montée du niveau de la mer : conséquences et anticipations d'ici 2100, l'éclairage de la prospective*. AllEnvi.
<https://archimer.ifremer.fr/doc/00598/70975/>

Mastrángelo M.E., et al. (2019) Key knowledge gaps to achieve global sustainability goals. *Nature Sustainability*, 2, pp. 1115-1121.
<https://doi.org/10.1038/s41893-019-0412-1>

Le Mouél C., et al. (2016) *Hypotheses about the future of the drivers of the "land use and food security" system and their translation into quantitative hypotheses*. Agrimonde-Terra foresight: Land use and food security in 2050. CIRAD, INRA.
<https://www.inrae.fr/sites/default/files/pdf/agrimonde-terra-determinants-en-anglais.doc.pdf>

Mora O. (2016) *Scenarios of land use and food security in 2050*. Agrimonde-Terra foresight: Land use and food security in 2050. CIRAD, INRA.
<https://www.inrae.fr/sites/default/files/pdf/agrimonde-terra-scenarios-en-anglais.doc.pdf>

Ouvrage collectif (2012) *Explore 2070 : Élaboration et évaluation de stratégies d'adaptation face à l'évolution des hydrosystèmes et des milieux côtiers dans un contexte de changement climatique à l'horizon 2050-2070*. Coord. De Lacaze X., OFB.
<https://professionnels.ofb.fr/fr/node/44>

Ouvrage collectif (2012) *Prospective de l'Institut Écologie et Environnement du CNRS*, Avignon. Les Cahiers Prospectives, Hors-série. CNRS.
<https://www.inee.cnrs.fr/fr/prospectives-de-linstitut-ecologie-et-environnement-0>

Ouvrage collectif (2013) *Droit, écologie et économie de la biodiversité*. Les Cahiers Prospectives. CNRS.
<https://www.inee.cnrs.fr/fr/prospective-droit-ecologie-et-economie-de-la-biodiversite>

Ouvrage collectif (2013) *Prospective Mer*. Les Cahiers Prospectives. CNRS.
<https://www.inee.cnrs.fr/fr/prospective-mer>

Ouvrage collectif (2015) *Prospective scientifique pour la recherche française sur la biodiversité 2015*. Fondation pour la recherche sur la biodiversité.
<https://www.fondationbiodiversite.fr/wp-content/uploads/2019/06/FRB-Prospective-2015.pdf>

Ouvrage collectif (2017) *Prospective de l'Institut Écologie et Environnement du CNRS*, Bordeaux. Les Cahiers Prospectives, Hors-série. CNRS.
<https://www.inee.cnrs.fr/fr/prospectives-de-linstitut-ecologie-et-environnement>

Ouvrage collectif (2018) *Rapport de Prospective. Conseil Scientifique de l'Institut Écologie et Environnement*. CNRS.
<https://rapports-du-comite-national.cnrs.fr/wp-content/uploads/rapportdeprospectiveineemandat20152018.pdf>

Ouvrage collectif (2020) *Mobilisation de la FRB par les pouvoirs publics français sur les liens entre Covid-19 et biodiversité*. Fondation pour la recherche sur la biodiversité.
<https://www.fondationbiodiversite.fr/wp-content/uploads/2020/05/Mobilisation-FRB-Covid-19-06-2021-Ok-FR.pdf>

Paillard S., et al. (2020) *La Biodiversité et l'Agenda 2030 : Quelle trajectoire pour zéro perte nette de biodiversité en France métropolitaine ?* Future Earth.
<https://futureearth.org/wp-content/uploads/2020/11/22La-biodiversite-et-l22Agenda20203020Rapport20FR.pdf>

Sala P. (2013) *Biodiversité et Territoires 2030 : cinq scénarios d'évolution (volets 1 et 2 de l'exercice de prospective)*. Ed. Mission prospective. Ministère de l'Écologie.
<https://temis.documentation.developpement-durable.gouv.fr/docs/Temis/0078/Temis-0078550/20770.pdf>

Silvain J.-F. (Ed) (2009) *Prospective pour la recherche française en biodiversité*. Fondation pour la recherche sur la biodiversité.
<https://hal.inrae.fr/hal-02820971>

Vilotte O., et al. (2016) *Document d'Orientation #Inra2025*. INRA.
<https://dx.doi.org/10.15454/1.4821335498627292E12>

Liste des 1249 projets étudiés

Consulter la liste des projets :

<https://anr.fr/fileadmin/documents/2023/ANR-Bilan-15-ans-biodiversite-dec2023-Liste-projets.pdf>

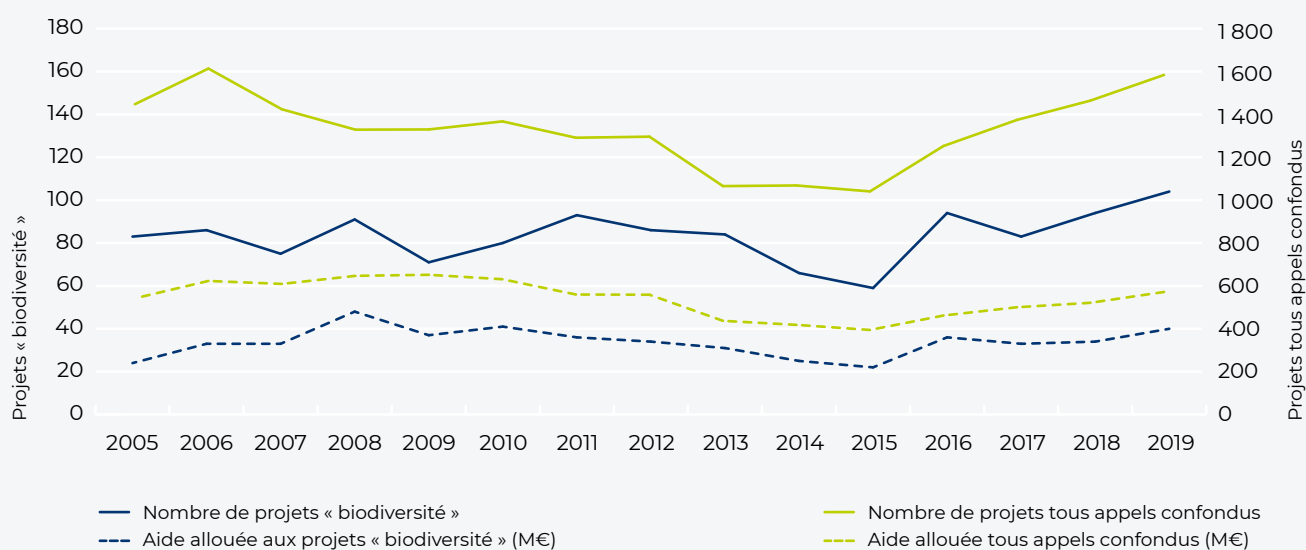
Données synthétiques

Tableau 5 : Récapitulatif pour la période 2005-2019 du nombre de projets et des aides allouées aux projets « biodiversité » retenus pour cette étude et des aides allouées aux projets financés par l'ANR (incluant les projets « biodiversité »).

	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019
Nombre de projets « biodiversité »	83	86	75	91	71	80	93	86	84	66	59	94	83	94	104
Nombre de projets tous appels confondus	1454	1622	1430	1334	1335	1373	1296	1301	1068	1071	1043	1257	1380	1471	1592
Aide allouée aux projets « biodiversité » (en M€)	24	33	33	48	37	41	36	34	31	25	22	36	33	34	40
Aide allouée tous appels confondus (en M€)	539	621	607	645	650	629	557	556	433	414	390	458	497	518	569

Figure 30 : Évolution annuelle du nombre de projets « biodiversité » et du nombre total de projets financés par l'ANR, ainsi que de l'aide allouée correspondante. Le ratio moyen sur la période est équivalent (6,2 %), que ce soit en nombre de projets ou en aide allouée.

Le nombre de projets et l'aide allouée se lisent : sur l'ordonnée de droite pour l'ensemble des projets financés par l'ANR (inclus les projets « biodiversité ») et sur l'ordonnée de gauche pour l'ensemble des projets « biodiversité » examinés dans cette étude. Figure tirée des données du tableau ci-dessus.



Direction de la publication : Thierry Damerval
Direction de la rédaction : Fabrice Impériali (ANR), Hélène Soubelet (FRB)
Relecture : Anne-Hélène Prieur-Richard (ANR)
Conception et coordination scientifique : Sébastien Barot (IRD), Didier Bazile (Cirad),
Line Le Gall (MNHN), Aurélie Delavaud (FRB), Anne Lieutaud (ANR)
Rédaction : Anne Lieutaud (ANR) et Aurélie Delavaud (FRB)
Autres contributions : Martin Plancke (FRB), Robin Almansa (FRB), Claire Bléry (FRB), Pauline Coulomb (FRB),
Robin Goffaux (FRB), Antoine Morisot (ANR), Dimitri Neaux (ANR), Anne-Hélène Prieur-Richard (ANR),
Pierre Ratinaud (Université Toulouse 2), Hélène Soubelet (FRB), Dominique Vachez (CNRS)
Analyse des données : Martin Plancke (FRB), Anne Lieutaud (ANR), Aurélie Delavaud (FRB), Robin Goffaux (FRB)
Coordination éditoriale : Nathalie Mamosa
Préparation de copie et correction : Sandra Lumbroso
Conception graphique : Nadège Theil
Impression : Reprotechnique

Photo de couverture : © Adobe Stock

anr®

Agence nationale de la recherche
86 rue Regnault – 75013 Paris

www.anr.fr

www.appelsprojetsrecherche.fr

Suivre notre actualité sur :  @agencerecherche  ANR  ANR

S'inscrire à la newsletter : anr.fr/fr/newsletter