



HAL
open science

Les modèles hiérarchiques spatiaux-temporels : une modélisation intégrée du processus à l'observation

Florence F. Carpentier, Fabien Laroche, Catherine Laredo, Sylvie Huet

► **To cite this version:**

Florence F. Carpentier, Fabien Laroche, Catherine Laredo, Sylvie Huet. Les modèles hiérarchiques spatiaux-temporels : une modélisation intégrée du processus à l'observation. Conference Ecology, Sep 2010, Montpellier, France. hal-02751632

HAL Id: hal-02751632

<https://hal.inrae.fr/hal-02751632>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Ecologie 2010

Colloque national d'écologie scientifique
2-3-4 Septembre 2010
Montpellier



 **Communications orales
et posters**

A l'initiative des réseaux : AFEM - COMEVOL - ECOVEG - JEF - PPD - REID - SFE - TRAITS



Communications orales et posters

Colloque Ecologie 2010
Montpellier 2-3-4 septembre 2010

A l'initiative des réseaux : AFEM - COMEVOL - ECOVEG - JEF - PPD - REID - SFE - TRAITS

Editeurs : Jean-Claude Bertrand - Anne Bonis - Thierry Caquet - Alain Franc - Eric Garnier - Isabelle Olivieri
Christophe Thébaud - Jacques Roy. Conception graphique et réalisation : Bénédicte Martin

Comité Scientifique

- * Alain Franc, animateur (INRA Bordeaux, ComEvol)
- * Jacques Roy, animateur (CNRS Montpellier, JEF)
- * Jean-Claude Bertrand (Univ Marseille, AFEM)
- * Anne Bonis (Univ Rennes, Ecoveg)
- * Thierry Caquet (INRA Rennes)
- * Eric Garnier (CNRS Montpellier, GDR Traits)
- * Isabelle Olivieri (Univ Montpellier, PPD)
- * Jean-Sébastien Pierre (Univ Rennes)
- * Christophe Thébaud (Univ Toulouse, SFE)

Comité Local d'Organisation

- * Eric Garnier, président (CNRS)
- * Ilhem Bentaleb (Univ Montpellier 2)
- * Eric Blanchart (IRD)
- * Christopher Carcaillet (EPHE)
- * Maryse Foglizzo-Gautier (CNRS)
- * Guila Ganem (Univ Montpellier 2)
- * Philippe Hinsinger (INRA)
- * Jean-Dominique Lebreton (CNRS)
- * Marie-Laure Navas (SUPAGRO)
- * Serge Rambal (CNRS)
- * Jacques Tassin (CIRAD)
- * Eric Vindimian (CEMAGREF)
- * Bénédicte Martin (CNRS)

Colloque Ecologie 2010

L'écologie scientifique est une discipline bien vivante en France, soutenue par de nombreuses universités et plusieurs organismes de recherche. Elle est structurée en diverses thématiques animées par plusieurs réseaux. De nombreux fronts de connaissance et de questions sociétales actuelles nécessitent la rencontre de toutes ces thématiques. Lancé à l'initiative des réseaux AFEM, ComEvol, EcoVeg, GDR Traits, JEF, PPD, REID et de la SFE, ce colloque est le premier réunissant les différents acteurs de l'écologie scientifique française.

Ce colloque est une tribune commune de l'ensemble des courants de pensées et disciplines de l'écologie scientifique, notamment ses dimensions historiques (l'écologie fonctionnelle, l'écologie des communautés, l'écologie évolutive), mais également ses récents développements, ramifications et regroupements conceptuels durant les dernières décennies, des individus aux paysages en passant par les populations, communautés et écosystèmes. Des réseaux ayant une activité régulière de réunions annuelles, comme le Petit Pois Dérivé (génétique et biologie évolutive), les Journées d'Ecologie Fonctionnelle, ComEvol (Ecologie des Communautés et Evolutive) ont choisi cette tribune commune pour leur réunion annuelle. La Société Française d'Ecologie y organise un symposium sur l'érosion de la biodiversité, et décerne son Grand Prix de la SFE.

Il y a six conférences plénières, dont deux lors du symposium de la SFE. Quarante-trois sessions sont organisées, et se déroulent en parallèle, par ensemble de trois, ou sept. Elles concernent (i) l'écologie évolutive, de sa dimension d'évolution moléculaire à la macroécologie, (ii) l'écologie fonctionnelle, de l'écologie des flux aux relations entre diversité et fonctionnement, (iii) l'écologie microbienne, tant des sols qu'aquatique, (iv) l'écologie des interactions intimes et durables, comme le parasitisme, (v) l'ingénierie écologique et la gestion des territoires, (vi) l'écotoxicologie et l'écologie chimique, (vii) la modélisation au service de l'écologie.

L'écologie scientifique a été dès sa naissance (fin du XIXème siècle) confrontée à des préoccupations sociétales environnementales et de gestion. Les analyses et propositions pour une meilleure gestion se font en symbiose avec les progrès en connaissances plus fondamentales, comme le démontreront un grand nombre de sessions.

Une soirée est organisée pour que l'ensemble des acteurs de l'écologie scientifique en France puissent exprimer leur analyse des enjeux et perspectives.

Ce colloque est soutenu par de nombreuses institutions menant des travaux en écologie scientifique: Cemagref, Cirad, CNRS, INRA, IRD, Montpellier SupAgro, Universités, ainsi que par le Ministère de l'Écologie, de l'Énergie, du Développement durable et de l'Aménagement du territoire, la région Languedoc-Roussillon et l'Agglomération de Montpellier.

Au nom du comité scientifique et du comité local d'organisation, nous vous souhaitons un excellent colloque.

Alain Franc (INRA) & Jacques Roy (CNRS)
Co-animateurs du Comité Scientifique
Eric Garnier (CNRS)
Président du Comité Local d'Organisation

Programme

Le colloque Ecologie 2010 a lieu au Corum, le Palais des Congrès de Montpellier au centre de la ville. L'espace d'accueil des participants, où se trouvent aussi les stands des éditeurs scientifiques et une partie des posters, est situé dans l'espace Antigone 2, entre les salles Antigone 1 et Antigone 3, au niveau 2 du Corum.

L'auditorium Pasteur (745 places) accueille les sessions plénières du matin, puis les sessions parallèles s'enchaînent dans 3 salles le matin puis 7 salles l'après-midi. Un deuxième espace dédié aux posters se trouve au niveau 1, dans les salles Joffre 1 et 2.

Le cocktail de bienvenue (mercredi soir), le buffet de la soirée des réseaux (jeudi soir) et le dîner du vendredi soir ont lieu dans l'espace «Déjeuner» au niveau 3, sous la verrière.

Mercredi 1er septembre 2010

	Pasteur	Antigone 1	Antigone 3	Joffre 1	Barthez	Rondelet	Sully 1	Sully 2
18.00	Accueil et enregistrement des participants suivi d'un pot de bienvenue dans l'espace Antigone 2							

Jeudi 2 septembre 2010

	Pasteur	Antigone 1	Antigone 3	Joffre 1	Barthez	Rondelet	Sully 1	Sully 2
08.00	Accueil des participants dans l'espace Antigone 2							
08.30	Ouverture du colloque dans l'auditorium Pasteur							
09.00	Plénière 01 : Pierre-Henri Gouyon dans l'auditorium Pasteur							
09.45	Plénière 04 : Stephan Hättenschwiler dans l'auditorium Pasteur							
10.30	Pause café							
11.00	session 02	session 05	session 08					
12.30	Pause repas							
14.00		session 02	session 14	session 11	session 09	session 06	session 12	session 16
15.30	Pause café							
16.00		session 27	session 15	session 11	session 10	session 07	session 13	session 17
17.30	Pause							
18.00		Présentations des réseaux	session posters dans les espaces Joffre 2 et 3 et Antigone 2					
19.30	Buffet «soirée réseaux» à l' espace déjeuner au niveau 3							

Vendredi 3 septembre 2010

	Pasteur	Antigone 1	Antigone 3	Joffre 1	Barthez	Rondelet	Sully 1	Sully 2
09.00	Plénière 18 : Sandra Lavorel dans l'auditorium Pasteur							
09.45	Plénière 22 : Philippe Normand dans l'auditorium Pasteur							
10.30	Pause café							
11.00	session 19	session 26	session 23					
12.30	Pause repas							
14.00		session 20	session 24	session 03	session 28	session 29	session 31	session 33
15.30	Pause café							
16.00		session 21	session 25	session 03	session 28	session 30	session 32	session 34
18.00	session posters dans les espaces Joffre 2 & 3 et Antigone 2							
20.00	Dîner à l'espace déjeuner au niveau 3							

Samedi 4 septembre 2010

	Pasteur	Antigone 1	Antigone 3	Joffre 1	Barthez	Rondelet	Sully 1	Sully 2
09.00	Plénière 35 : Michel Loreau dans l'auditorium Pasteur							
09.40	Plénière 36 : Anne Larigauderie dans l'auditorium Pasteur							
10.20	Remise du Grand Prix de la Société Française d'Ecologie dans l'auditorium Pasteur							
10.30	Pause café							
11.00	session 37	session 40	session 42					
12.30	Pause repas							
14.00		session 38	session 42	session 49	session 44	session 46	session 41	session 48
15.30	Pause café							
16.00		session 39	session 43	session 49	session 45	session 47	session 41	session 48
17.30	Fin du colloque							

Les sessions

- Session 01** : Plénière : Biodiversité et banques : une alliance contre nature (P.H. Gouyon)
- Session 02** : Adaptation des bioagresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique (E.Fournier - J. Carlier - T. Giraud - F. Halkett - V. Ravigné)
- Session 03** : Conséquences (co)évolutives des infections multiples (Y. Michalakis)
- Session 04** : Plénière : La décomposition dans une forêt amazonienne et ses conséquences pour les cycles du carbone et des nutriments (S. Hättenschwiler)
- Session 05** : Biodiversité, fonctionnement et services dans les écosystèmes terrestres (E. Kazakou)
- Session 06** : Biodiversité et fonctionnement des milieux aquatiques continentaux (M. Bormans - Y. Lagadeuc - P. Marmonier - D. Debroas)
- Session 07** : De la conservation de la biodiversité à la gestion des services écosystémiques (V. Maris)
- Session 08** : Agriculture, paysage et biodiversité (Ph. Roche)
- Session 09** : L'écologie du paysage, une discipline scientifique entre processus écologiques et processus décisionnels (Ph. Roche)
- Session 10** : Aide à la décision pour la gestion et la conservation des ressources et patrimoines écologiques (E. Prévost - M. Cohen de Lara)
- Session 11** : Ecologie moléculaire : analyse de la sélection dans les populations naturelles et de l'adaptation (N. Bierne)
- Session 12** : Interactions entre compartiments souterrains et aériens : interactions biotiques (C. Roumet - M. Chauvat)
- Session 13** : Interaction entre compartiments souterrains et aériens : rôle de la diversité fonctionnelle (C. Roumet - M. Chauvat)
- Session 14** : Décrire et comprendre les interactions au sein de l'écosystème marin (S. Mahévas - E. Rivot - J. Lobry)
- Session 15** : Adaptation au changement climatique de l'individu à l'écosystème: modèles physio-démo-génétiques (S. Oddou - H. Davi)
- Session 16** : Paleoécologie: effets des perturbations naturelles et anthropiques sur les communautés végétales et lacustres (D. Barboni)
- Session 17** : Ecoinformatique et ontologie en écologie (B. Amiaud - I. Mougenot)
- Session 18** : Plénière : Distribution des services écosystémiques à l'échelle du paysage : le rôle des traits fonctionnels végétaux
- Session 19** : Adaptations aux changements globaux (J-F. Soussana)
- Session 20** : Physiologie des écosystèmes et changements globaux (L. Misson - S. Rambal)
- Session 21** : Modélisation du fonctionnement des écosystèmes en lien avec le climat (N. Viovy)
- Session 22** : Plénière : Génomes et écologie microbienne (Ph. Normand)
- Session 23** : Les concepts d'écologie sont ils appropriés au monde microbien? (A. Brauman - J.-C. Bertrand - M. Buée)
- Session 24** : Ecologie microbienne des sols (A. Brauman, J.-C. Bertrand, M. Buée, X. Nesme)

- Session 25** : Ecologie microbienne aquatique : les biofilms (S. Pesce - B. Montuelle - A. Bouchez)
- Session 26** : Evolution des traits phénotypiques dans l'écosystème naturel (B. Pujol - A. Charmentier)
- Session 27** : Polymorphismes sexuels et systèmes de reproduction: données vs. modèles
(P-O. Cheptou)
- Session 28** : Modélisation mécaniste : réponses aux perturbations environnementales, de l'individu à la population (V. Ducrot - M. Alunno-Bruscia - T. Burgeot - L. Lagadic)
- Session 29** : Variabilité inter- et intra-spécifique des traits fonctionnels (I. Till - M.-L. Navas)
- Session 30** : Diversité fonctionnelle et assemblage des communautés
(F. Viard-Crétat - D. Vile - C. Violle)
- Session 31** : Isotopes stables en écologie : de la cellule à la biosphère
(J. Ghashghaie - D. Epron - F. Badeck)
- Session 32** : Diversité fonctionnelle: principes et patrons (J. Roy)
- Session 33** : Les modèles hiérarchiques spatiaux-temporels : une modélisation intégrée du processus à l'observation (F. Mortier - N. Bez)
- Session 34** : L'ingénierie écologique questionne l'écologie fondamentale (M. Blouin)
- Session 35** : Plénière : Les défis de la science de la biodiversité (M. Loreau)
- Session 36** : Plénière : Constat alarmant pour la biodiversité, et nouveaux mécanismes à l'interface science-politique (A. Larigauderie)
- Session 37** : L'érosion de la biodiversité: état des lieux et enjeux en 2010 (J. Chave)
- Session 38** : Ecologie et géographie de la conservation (R. Mathevet - P. Marty)
- Session 39** : Approche macroécologique de la conservation de la biodiversité (V. Devictor - F. Leprieur)
- Session 40** : Invasions biologiques: au croisement de l'écologie et de l'évolution
(B. Facon - V. Ravigné - A. Estoup)
- Session 41** : Conséquences écologiques et socio-économiques des introductions d'espèces
(G. Thiébaud - A. Dutartre - J. Tassin)
- Session 42** : Règles d'assemblage des communautés : quelles questions et quelles méthodes ?
(F. Muñoz)
- Session 43** : Interactions plantes - herbivores (E. Corket)
- Session 44** : Ecotoxicologie évolutive (M-A. Coutellec)
- Session 45** : Ecologie du stress chimique (E. Vindimian)
- Session 46** : Couplages réseaux trophiques - flux biogéochimiques dans les écosystèmes terrestres et aquatiques (M. - E. Perga - A. Bec)
- Session 47** : Intégration de l'interaction Génotype x Environnement dans l'étude des capacités d'adaptation (H. Frérot - F. Roux)
- Session 48** : Ecologie du déplacement : tracking, cartographie des habitats et modélisation
(S. Benhamou)
- Session 49** : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique (C. Grison - G. Ganem - B. Schatz)

Communications orales

Session 01 : Plénière

Biodiversité et banques : une alliance contre nature

Pierre-Henri Gouyon

La biodiversité est à la fois la richesse et le handicap de la biologie. Émerveillés par elle, les biologistes se perdent régulièrement dans la description infinie des particularités des systèmes qu'ils étudient. Que ce soit des taxons, des gènes ou des voies de signalisation, une imposante littérature en atteste. Fascinés que nous sommes par cette diversité, nous perdons de vue la nécessaire recherche de généralité par delà les particularismes : l'arbre, qu'il soit vivant ou phylogénétique cache souvent la forêt. Une conséquence de cette difficulté est que les quelques généralités que nous connaissons sont souvent oubliées quand il s'agit de traiter d'une question précise. Darwin a affirmé, en 1859, que les différences entre genres, entre espèces, entre variétés et entre individus « se fondent l'une dans l'autre en une série insensible » et s'est rapidement rendu compte que la fixation de la biologie sur l'espèce comme unité constituait un frein épistémologique fort. Dès 1860, il écrit dans une correspondance son désespoir de voir les naturalistes le comprendre. Il ajoute : « des gens intelligents qui ne sont pas des naturalistes et n'ont pas une vision bigote du terme espèce montrent plus de clarté d'esprit ». Fixer l'espèce a sans doute été utile pour établir les bases de la classification au cours du XVIII^{ème} siècle. Mais depuis Darwin, nous disposons d'une vision globale de la biodiversité allant continuellement de l'individu à l'ensemble de la biosphère. Les entités pertinentes sont des lignées, des phyla, des clades selon la discipline concernée. L'espèce n'est qu'un élément dans ce schéma d'ensemble et nous restons fixés dessus. Dans la vision fixiste pré-Lamarckienne, il serait logique de construire des arches de Noé, conservatoires, banques de graines etc. Mais depuis 150 ans, nous savons que la biodiversité est un processus dynamique. Dans ce cadre, la congeler n'a aucune utilité en soi. Au mieux, ces reliques permettront de réensemencer des espaces redevenus propices à la diversification si nous en produisons suffisamment rapidement. Au pire, ces sanctuaires nous rassureront et nous dispenseront de gérer les milieux de façon à produire ces espaces. Le pire advient quand, sur une vision scientifique du XVIII^{ème} siècle, viennent s'adosser les technologies du XXI^{ème}. Là, on atteint la démesure et on voit que nos sociétés laissent s'éteindre de multiples lignées tout en développant des techniques pour ressusciter un malheureux mammouth ou encore notre agriculture mondialisée dévaster toute la richesse des variétés cultivées tout en bâtissant d'énormes frigos destinés à en conserver les gènes. Notre communauté sera-t-elle assez forte et assez claire pour montrer que la science de la biodiversité condamne ces approches et que la technologie, si elle se met au service d'une vision fautive du vivant, ne peut conduire qu'au désastre ? C'est le défi majeur qu'elle doit relever.

Contact : Pierre-Henri Gouyon - MNHN - gouyon@mnhn.fr

Session 02 : Adaptation des bioagresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique

Identification d'indicateurs de durabilité des résistances des plantes aux maladies

Josselin Montarry - Bérenger Janzac - Alain Palloix - Benoit Moury

Une résistance est dite durable si elle a conservé son efficacité après avoir été utilisée de manière prolongée sur de grandes surfaces et en présence de l'agent pathogène. Cette définition ne permet pas de prédire la durabilité des résistances, et pour identifier des indicateurs de durabilité, il est nécessaire de comprendre les modalités d'adaptations des populations pathogènes. L'interaction entre le piment et le virus Y de la pomme de terre constitue un système d'étude pertinent pour rechercher des critères de durabilité, entre autre parce que les résistances disponibles présentent des durabilités contrastées. Nous cherchons ici à expliquer la forte durabilité de la résistance dominante qui est conférée au piment par le gène *Pvr4*. En effet, ce gène de résistance est déployé sur le terrain depuis une vingtaine d'années sans qu'aucune adaptation du virus ciblé n'ait été observée. Pour ce faire, nous nous sommes intéressés au déterminisme génétique de l'adaptation du virus aux génotypes de piment porteurs de *Pvr4*, ce qui consiste à identifier la ou les mutations responsable(s) de cette adaptation (mutations de virulence), mais aussi à l'impact de ces mutations sur la fitness du virus, en mesurant des « coûts de virulence » et d'éventuelles compensations de ces coûts. Une unique substitution nucléotidique dans la région codant la polymérase virale suffit pour l'adaptation. Il semble donc que, dans le cas de *Pvr4*, le nombre de mutations conférant la virulence n'explique pas la forte durabilité observée. Les mesures de la fitness relative des variants virulents et avirulents dans des plantes sensibles inoculées par les deux virus en mélange montrent que l'adaptation à *Pvr4* confère au PVY un fort coût de compétitivité. A plus long terme, aucune mutation compensatrice n'a été trouvée, et la réversion mutationnelle semble être la seule solution pour le variant virulent de regagner de la fitness. Le fort coût de virulence explique donc en partie la durabilité observée du gène majeur de résistance *Pvr4*. Cependant, nous proposons que le mécanisme exploité par le virus pour compenser les coûts de virulence constitue également un indicateur de la durabilité des résistances.

Contact : Josselin Montarry - INRA - Pathologie Végétale - Avignon : josselin.montarry@avignon.inra.fr

Session 02 : Adaptation des bioagresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique

La variabilité des gènes d'avirulence viraux conditionne t-elle la durabilité des résistances chez les plantes ?

Benoît Moury - Béranger Janzac - Frédéric Fabre - Alain Palloix

Afin de définir de nouveaux critères prédictifs de la durabilité des résistances des plantes à leurs bioagresseurs, nous avons testé l'existence d'un lien entre d'une part la durabilité des résistances aux virus et d'autre part la diversité moléculaire des facteurs d'avirulence correspondants ou bien la contrainte évolutive s'exerçant sur ces facteurs. En effet, l'émergence de populations virales capables de contourner une résistance nécessite l'accumulation d'une ou plusieurs mutations dans ces facteurs d'avirulence. Or, plus un facteur d'avirulence est variable, plus il aura de chances que sa séquence possède ou acquière les mutations particulières permettant au virus de s'adapter à la résistance correspondante et moins cette résistance sera durable. Par ailleurs, plus l'évolution du facteur d'avirulence est contrainte, plus les mutations qui pourraient apparaître dans ce gène auront des effets négatifs sur la fitness du virus et plus la résistance correspondante sera durable. Afin de tester ces hypothèses, nous avons retenu 20 pathosystèmes plante-virus pour lesquels il était possible d'estimer l'ensemble de ces paramètres. La contrainte évolutive exercée sur les facteurs d'avirulence a été estimée par le ratio entre les taux de substitutions non synonymes et synonymes affectant les gènes codant pour ces facteurs. Les résultats n'indiquent aucun lien significatif entre la diversité moléculaire des facteurs d'avirulence et la durabilité des résistances correspondantes. Par contre, un lien significatif a été observé entre la contrainte évolutive exercée sur les facteurs d'avirulence et la durabilité des résistances correspondantes. Nos résultats suggèrent également que l'estimation de cette contrainte évolutive pourrait être utilisée comme un prédicteur précoce de la durabilité potentielle des gènes de résistance, utilisable en amont dans les schémas de création variétale.

Contact : Benoît Moury - Pathologie Végétale, INRA - Avignon : moury@avignon.inra.fr

Session 02 : Adaptation des bioagresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique

Génétique de l'adaptation en environnements constants et variables : bases moléculaires de l'évolution de la virulence d'un virus de plante

Rémy Froissart - Chiraz Jridi

L'étude des bases génétiques de l'adaptation des virus est cruciale pour mieux comprendre les émergences virales et anticiper sur les stratégies de lutttes appropriées. Nous proposons ainsi de suivre la cinétique d'accumulation des mutations au cours de l'adaptation et d'évaluer leur expression phénotypique dans différents environnements (mesure de la valeur sélective et de virulence). Nous avons mis en place une évolution expérimentale in vivo du virus de la mosaïque du chou-fleur (CaMV). Des populations virales ont été transmises de plante à plante dans deux environnements constants (transmission uniquement dans *Arabidopsis thaliana* ou *Nicotiana bigelovii*) et dans un environnement à variabilité temporelle (transmission alternativement dans les deux espèces végétales). Pour chacun de ces trois traitements, nous avons initié 10 populations virales indépendantes qui évoluent en parallèle. Après cinq et dix passages de plante à plante, nous avons pu détecter des mutations apparaissant de manière parallèle dans différentes populations évoluant de manière indépendante dans un même environnement constant. Ces mutations parallèles sont associées à une augmentation de la valeur sélective virale et de la virulence (i.e. diminution de la valeur sélective de l'hôte imputable au parasite) dans les populations ayant évolué dans les environnements constants. Les mutations parallèles sont donc des signatures de l'adaptation à l'environnement. De plus, nous démontrons un « coût à la spécialisation » puisque les populations s'adaptant à un hôte présentent une valeur sélective moindre par rapport à l'ancêtre dans l'hôte alternatif. Des études de protéomique ciblées sur les « usines virales » sont actuellement en cours afin de mettre en évidence les modifications moléculaires virales et/ou cellulaires liées à l'adaptation du virus à son hôte. Par ailleurs, aucune mutation parallèle n'a été observée dans les populations ayant évolué en environnement variable. De plus, leurs valeurs sélectives et virulences sont restées stables dans la grande majorité des populations. Enfin, dans la mesure où aucune mutation parallèle n'est commune aux trois environnements testés, l'évolution moléculaire de parasites « généralistes » semble ne pas correspondre à un cumul des caractères adaptatifs qui apparaissent dans les différents environnements rencontrés. Ces résultats suggèrent la présence d'un compromis (trade-off) dans l'adaptation, une mutation étant bénéfique dans un environnement donné et délétère dans un autre. Les résultats de l'évolution génomique et phénotypique seront présentés ainsi que les premiers résultats de protéomique.

Contact : Rémy Froissart - BGPI - INRA-CIRAD - Supagro / GEMI, CNRS-IRD remy.froissart@montp.cnrs.fr

Session 02 : Adaptation des bioagresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique

Evolution expérimentale de la bactérie phytopathogène *Ralstonia solanacearum* : bases moléculaires de l'adaptation à ses plantes hôtes

Alice Guidot - Wei Jiang - Patrick Barberis - Christophe Andalo - Jean-Baptiste Ferdy - Sébastien Carrere - Brigitte - Crouau-Roy - Emilie Lecompte - Christian Boucher - Jérôme Gouzy - Christophe Thébaud - Stéphane Genin

Nous nous intéressons aux mécanismes d'adaptation des parasites à leur hôte en prenant comme modèle la bactérie phytopathogène *Ralstonia solanacearum* et diverses espèces de plantes. *R. solanacearum* se caractérise par une forte diversité phénotypique et génotypique et un fort potentiel évolutif étant capable de s'adapter à la plupart des environnements agro-pédo-climatiques. Afin de mieux comprendre les bases moléculaires de l'adaptation de *R. solanacearum* à ses plantes hôtes, nous avons entrepris un projet d'évolution expérimentale de la bactérie sur diverses plantes. Pour cela, un clone de la souche GMI1000 a été maintenu sur huit espèces de plantes variant dans leur sensibilité à *R. solanacearum* par des expériences de passages en série pendant plus de 300 générations bactériennes. Des populations de clones dérivés de la souche GMI1000 ont ainsi été obtenues. La fitness des clones dérivés est mesurée par des essais de compétition *in planta* avec le clone ancestral. Les résultats sont variables selon l'hôte. Les clones dérivés sur l'aubergine résistante ont une fitness 10 à 100 fois supérieure à celle du clone ancestral dans cette variété d'aubergine. Par contre, les clones dérivés sur la tomate résistante ne présentent aucun gain de fitness par rapport au clone ancestral. Les clones dérivés sur le haricot présentant un gain de fitness sur le haricot par rapport au clone ancestral ont une perte de fitness sur la tomate sensible (Trade-off ?). Les génomes complets du clone ancestral et de dix clones dérivés ont été séquencés. Des outils bioinformatiques ont été mis au point pour la détection des altérations génomiques dans les clones dérivés en comparaison avec le clone ancestral. Entre 7 et 176 altérations génomiques (mutations ponctuelles, délétions, insertions) ont été détectées dans les clones dérivés. Les 176 altérations ont été détectées dans un clone présentant une délétion de 105 pb dans le gène *mutS*. Parmi les 330 gènes mutés entre les 10 clones analysés, 30 sont connus comme ayant un rôle dans le pouvoir pathogène de la bactérie. La connaissance des gènes acquérant et fixant des mutations adaptatives en réponse aux pressions de sélection imposées par les différents hôtes sera une avancée majeure dans notre compréhension des mécanismes d'adaptation de *R. solanacearum*, ainsi que des processus évolutifs chez les bactéries.

Contact : Alice Guidot - LIPM, INRA - Toulouse - Alice.Guidot@toulouse.inra.fr

Session 02 : Adaptation des bioagresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique

Role of positive selection in emerging fungal diseases

Gabriela Aguilera - Tatiana Giraud - Helene Chiapello - Benjamin Devier - Elisabeth Fournier - Lilian Gout

In recent years there has been an explosion in the number of studies investigating the adaptations that make of fungi effective pathogens infecting plant and animal species. Comparative genomic studies have shown that gene family expansions contribute with an extended genetic repertoire allowing for new host and new environment colonizations. Genome reorganisation also provides new opportunities and enhanced capabilities for infection. Finally, new gene functions generally arise through the fixation of new, advantageous mutations through positive selection. Here I compare the role of positive selection in the evolution of pathogenic fungal genomes. I will pay special attention to the different adaptations leading to specialisation to different hosts and environments, contrasting how this affect specialised and generalist species.

Contact : Gabriela Aguilera - ESE, CNRS-Université Paris Sud-AgroParisTech / MIG INRA - Orsay / Jouy-en Josas - gabriela.aguilera@u-psud.fr

Session 02 : Adaptation des bioagresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique

Structure génétique et origine géographique d'une épidémie de rouille du peuplier dans la vallée de la Durance

Constance Xhaard - Axelle Andrieux - Bénédicte Fabre - Pascal Frey - Fabien Halkett

La quantification des flux de gènes entre populations d'agents pathogènes évoluant sur des plantes hôtes cultivées et sauvages revêt une grande importance pour la gestion des résistances aux maladies. Les populations pathogènes hébergées dans le compartiment sauvage constituent un réservoir de diversité génétique à partir duquel peuvent émerger de nouveaux individus virulents. En outre, l'introggression dans le compartiment sauvage de facteurs de virulence préalablement sélectionnés dans le compartiment cultivé peut constituer une contrainte forte pour la gestion des résistances déployées. La rouille du peuplier, causée par *Melampsora larici-populina*, constitue la principale contrainte phytosanitaire en populiculture. Depuis 1980, le cultivar 'Beaupré' porteur du gène de résistance R7 a été majoritairement planté en France et est resté immun pendant 15 ans, mais une fois contourné par l'agent pathogène, des épidémies drastiques se sont développées. Les isolats de *M. larici-populina* porteurs de la virulence 7 (Vir7) se sont largement dispersés et ont également introgressé les populations infectant l'hôte sauvage, *Populus nigra*, sur l'ensemble du territoire. Le site de la vallée de la Durance semble toutefois préservé de cette introgression grâce à son isolement géographique et son enclavement dans les Alpes. Dans cette vallée où coexistent à la fois une ripisylve à *P. nigra* et quelques plantations (portant notamment le cultivar 'Beaupré'), une épidémie clonale se propage chaque année le long de la rivière. Elle est initiée par un événement de reproduction sexuée du champignon dans la partie amont (dû à la présence de mélèzes, l'hôte alternant de *M. larici-populina*). Cette épidémie permet de suivre annuellement la dynamique d'introggression des isolats Vir7 dans le fond génétique sauvage. Malgré l'admixture (mélange d'isolats Vir7 et Avr7) observée dans les sites sauvages les plus en aval, nous avons constaté un maintien de la différenciation génétique (et peu de flux de gènes contemporain) entre les isolats Vir7 et Avr7. Dans un second temps, nous avons recherché quels pourraient être les facteurs expliquant cette différenciation et son maintien au cours du temps. Nous avons en particulier testé l'effet du relief très prononcé dans la partie amont de la vallée sur l'isolement reproducteur des deux entités génétiques.

Contact : Constance Xhaard - UMR 1136 Interactions Arbres-Microorganismes INRA Nancy-Université - Nancy - xhaard@nancy.inra.fr

Session 02 : Adaptation des bioagresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique

Emergence de maladies et spéciation écologique par saut d'hôte: l'importance des traits permettant une pléiotropie entre adaptation à l'hôte et isolement reproducteur

Pierre Gladieux - Fabien Guerin - Tatiana Giraud - Valérie Caffier - Luciana Parisi - Frederique Didelot - Bruno Le cam

Les champignons sont responsables de très nombreuses maladies émergentes chez les plantes. Ces maladies peuvent avoir des conséquences dévastatrices, et il est donc fondamental d'en comprendre l'origine. Des travaux récents révèlent que la spéciation par saut d'hôte, un cas particulier de spéciation écologique, est un mode fréquent d'émergence de nouvelles pathologies fongiques. Certains traits d'histoire de vie des champignons pathogènes seraient en fait très favorables à des phénomènes de spéciations rapides par saut d'hôte. Ce serait notamment le cas des traits permettant une pléiotropie entre adaptation à l'hôte et isolement reproducteur (les «traits magiques»), bien que les preuves expérimentales restent partielles. En utilisant une combinaison de génotypage microsatellite multilocus, de croisements *in vitro* et de tests de pouvoir pathogène, nous montrons qu'un nombre limité de gènes impliqués dans la pathogénie des populations virulentes émergentes du champignon responsable de la tavelure du pommier permettent une pléiotropie entre adaptation à l'hôte et isolement reproducteur. Parce que le champignon se reproduit à l'intérieur de son hôte, l'existence d'allèles des gènes de pathogénie empêchant complètement l'infection des arbres non-hôtes constitue une barrière suffisante (dite barrière «de non viabilité des immigrants») pour maintenir, seule, à la fois la différenciation génétique et des combinaisons alléliques adaptatives entre populations sympatriques spécifiques de variétés différentes. Notre étude constitue une des rares démonstrations empiriques de l'existence de « traits magiques » - le cas le plus favorable à la spéciation écologique - et la première preuve que la non viabilité des immigrants peut jouer ce rôle. Ce type de mécanisme d'isolement reproducteur pourrait être fréquent chez les champignons pathogènes et faciliter des spéciations par saut d'hôte: de nombreux ascomycètes et oomycètes, responsables des maladies les plus dommageables pour les plantes agricoles ou forestières, présentent en effet une phase de reproduction sexuée se déroulant à l'intérieur de leur hôte. Reconnaître que les pathogènes présentant ce type de cycle de vie sont capables de réaliser des spéciations rapides par saut d'hôte comporte des implications pratiques très importantes. Pour les stratégies de lutte nécessitant l'identification spécifique des pathogènes, la capacité de spéciation rapide implique l'utilisation de marqueurs évoluant rapidement pour délimiter les espèces, et l'interstérilité ne peut constituer un critère. Le potentiel de spéciation rapide par saut d'hôte doit aussi être pris en compte dans les modèles visant à prédire ou comprendre l'émergence de maladies.

Contact : Pierre GLADIEUX - Université Paris Sud -Orsay - pierre.gladieux@u-psud.fr

Session 02 : Adaptation des bioagresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique

Radiation adaptative du puceron du pois sur Fabacées sauvages et cultivées.

Jean Peccoud - Nancy Moran - Manuel Plantegenest - Anthony Ollivier - Jean-Christophe Simon

Les pratiques agricoles peuvent augmenter disponibilité de ressources potentielles pour les insectes phytophages. Les adaptations impliquées dans l'exploitation de ces nouvelles niches peuvent s'avérer incompatibles avec l'exploitation optimale de la niche originelle (sauvage). Ces compromis écologiques et génétiques limitent les échanges entre populations exploitant différentes niches (plantes hôtes), et peuvent conduire à la leur spéciation. Un exemple fameux concerne la mouche de la pomme, initialement sur aubépine, et dont une population a divergé sur pommier suite à son introduction en Amérique du Nord. Nous nous intéressons ici aux populations du puceron du pois, parasite de nombreuses Fabacées (légumineuses) sauvages et cultivées. Par des approches de mesures de fitness, de phylogéographie et de génétique des populations, nous montrons que les populations de puceron du pois sont en cours de spéciation par adaptation à des plantes différentes. Nous datons la divergence des sous-espèces du puceron du pois et discutons la possibilité d'un rôle de la domestication de certaines plantes hôtes dans leur radiation adaptative.

Contact : Jean Peccoud - BGPI, INRA-CIRAD, Supagro - jean.peccoud@supagro.inra.fr

Session 02 : Adaptation des bioagresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique

Un cadre théorique pour étudier les interactions plantes - champignons pathogènes foliaires

Virginie Ravigné - Audrey Andanson - Bénédicte Fabre - Elisabeth Fournier - Pascal Frey - Frédéric Grognard - Ludovic Mailleret - Didier Tharreau - Fabien Halkett

Les organismes vivants tirent leurs ressources de l'environnement et les allouent aux différentes fonctions biologiques assurant leur développement (e.g. : croissance, survie, reproduction...). La quantité de ressources disponibles dans un environnement étant finie voire souvent limitante, les individus doivent faire des compromis au niveau de l'allocation des ressources à leurs différentes fonctions biologiques. Ces compromis dans l'allocation des ressources vont se retrouver au niveau des traits d'histoire de vie (e.g. : âge et taille à maturité, nombre de descendants...), conditionnant ainsi les capacités d'adaptation des individus à leur environnement. Plus spécialement, nous postulons qu'étudier les stratégies d'allocation des ressources et leurs implications en termes d'histoire de vie permettrait de mieux comprendre les interactions hôtes-parasites. Pour ce faire, nous avons cherché, dans le cas de champignons phytopathogènes foliaires, les stratégies optimales d'allocation des ressources ponctionnées à l'hôte, entre la croissance mycélienne et la production de spores, dans différentes conditions écologiques. Nous observons qu'il n'est jamais optimal d'allouer un pourcentage fixe des ressources exploitées au mycélium et aux spores. Au contraire, la stratégie optimale comporte généralement une période de latence, c'est-à-dire un temps au cours duquel toute l'énergie est investie dans la croissance mycélienne et où aucune spore n'est produite. Nous avons ensuite étudié les conséquences de la stratégie optimale d'allocation des ressources sur les traits d'histoire de vie, tels que mesurés expérimentalement chez les champignons phytopathogènes (taille des lésions, temps de latence, quantité de spores produites) et testé certaines de ces prédictions en regard de données biologiques.

Contact : Virginie Ravigné - BGPI, CIRAD-INRA-SupAgro - Montpellier - virginie.ravigne@cirad.fr

Session 02 : Adaptation des bioagresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique

La résistance dans le paysage variétal : modélisation bayésienne de la dynamique pluri-annuelle à grande échelle de la rouille brune du blé

Julien Papaix - Philippe Du Cheyron - Henriette Goyeau - Hervé Monod - Christian Lannou

On considère classiquement qu'une variété de blé est résistante ou sensible selon que ses gènes de résistance majeurs sont contournés ou pas. Or l'expression de la résistance au champ (la résistance «observée», qui découle des facteurs de résistance de la plante et de la composition de la population parasite) dépend également d'une composante quantitative (résistance quantitative chez la plante, agressivité chez le parasite) encore très mal comprise et évaluée. Dans cette étude, nous proposons une analyse des liens entre fréquence des variétés dans le paysage cultivé et résistance au champ de ces variétés, sur l'exemple de la rouille brune du blé (*Puccinia triticina*). Pour ce travail, nous disposions de trois jeux de données représentant (i) la fréquence des variétés majoritaires dans le paysage en blé français (ONIC), (ii) le suivi des populations de rouille brune du blé sur chacune de ces variétés (INRA BIOGER) et (iii) les notes de sévérité mesurées sur un réseau d'essais (Arvalis). En supposant que sur une saison la dispersion homogénéise rapidement la composition du nuage de spores à l'échelle de la France, nous avons fait l'hypothèse que la fréquence des variétés dans le paysage influence la composition des populations qu'elles hébergent, et que cette évolution des populations de rouille se répercute ensuite sur le niveau de résistance attribué aux variétés. Nous avons mené l'analyse conjointe des 3 jeux de données en développant un modèle hiérarchique. L'estimation des paramètres s'est faite grâce au logiciel Jags, dans un cadre bayésien implémenté via les méthodes MCMC. Nous avons ainsi mis en évidence des interactions préférentielles entre pathotypes et variétés, basées sur des mesures quantitatives de maladie, et non uniquement sur le système classique gène-pour-gène. Nous avons montré l'existence d'un lien entre la fréquence des variétés dans le paysage, la proportion de certains pathotypes (parmi l'ensemble des pathotypes compatibles) et la sévérité de maladie observée sur les variétés. Dans le cas d'une variété (Soissons) autrefois très représentée dans le paysage, la baisse de fréquence de cette variété s'accompagne d'une augmentation de son niveau de résistance mesuré au champ, alors même que Soissons reste sensible à la grande majorité des pathotypes présents dans la population. Ce lien fréquence – résistance s'explique par la variation d'un seul pathotype, très agressif sur Soissons. Dans une perspective méthodologique, ce travail a permis de développer une approche d'investigation et de mise en relation de jeux de données très hétérogènes à une échelle macroscopique.

Contact : Julien Papaix - BIOGER, INRA - Thiverval-Grignon - julien.papaix@jouy.inra.fr

Session 03 : Conséquences (co)évolutives des infections multiples

Co-infections, sélection de parentèle et évolution de la virulence

Samuel Alizon - Sébastien Lion

Les co-infections d'un hôte par plusieurs souches de parasites sont la règle plutôt que l'exception. Ces co-infections ont un effet direct sur l'hôte car la virulence globale (c'est-à-dire le taux de mortalité de l'hôte co-infecté) dépend fortement des interactions intra-hôte entre souches. Pour prédire l'évolution de la virulence dans ce contexte, de nombreux modèles utilisent une approche de sélection de parentèle qui néglige la dynamique intra-hôte des parasites ainsi que la dynamique épidémiologique de l'infection dans la population d'hôtes. Nous montrons que ces deux limitations majeures peuvent conduire à des prédictions quantitativement et même qualitativement erronées, et introduisons un modèle dynamique explicite d'évolution de la virulence couplant les niveaux intra- et inter-hôte.

Contact : Samuel Alizon - CNRS, UMR 2724 - Montpellier : samuel.alizon@montp.cnrs.fr

Session 03 : Conséquences (co)évolutives des infections multiples

Assemblages de parasites et d'hôtes: la complexité nous aidera-t-elle à mieux comprendre l'évolution de la virulence?

Thierry Rigaud - Marie-Jeanne Perrot-Minnot - Mark J.F. Brown

Les interactions impliquant plusieurs espèces de parasites (multi-parasitisme) ou plusieurs espèces d'hôtes (parasites multi-hôtes) sont la règle, plutôt que l'exception, en conditions naturelles. Cependant, un nombre limité d'études se sont penchées ces situations réalistes, certes, mais complexes. Par exemple, les conséquences du multi-parasitisme sur l'évolution de la virulence et de la transmission parasitaire sont peu comprises. En particulier, on doit noter un déficit d'études théoriques sur ce sujet (contrairement aux études sur les co-infections intraspécifiques), et tout semble à inventer dans ce domaine. Quelques études expérimentales ou empiriques ont identifié les facteurs clés modulant la dynamique des multi-infections (compétition, médiation par le système immunitaire de l'hôte ou favorisation de la recombinaison), et qui conduisent à des changements de virulence. Elles manquent cependant de généralité, et une approche théorique semble nécessaire pour affiner les prédictions. Au contraire, les parasites multi-hôtes ont reçu un intérêt théorique plus affirmé. Les facteurs clés permettant d'expliquer des variations de virulence et/ou de transmission sont : des compromis de virulence entre les différents hôtes exploités, les variations de qualité entre les espèces hôtes et les variations entre patrons de transmission (notamment les différences entre transmission intra- et inter-espèces). Les quelques études empiriques disponibles montrent que la transmission entre espèces joue en effet un rôle crucial dans l'évolution de la virulence, mais l'image générale des phénomènes impliqués reste encore floue. Finalement, l'impact de la totalité de la complexité des relations hôtes-parasites (c'est-à-dire la prise en compte simultanée des assemblages d'hôtes et de parasites au sein d'un même écosystème) n'a jamais été abordé. Une telle approche (pour ne pas dire un tel Graal) nécessitera des études trans-disciplinaires, liant la structure des réseaux écologiques à l'évolution.

Contact : Thierry Rigaud - Université de Bourgogne - UMR CNRS Biogéosciences - Dijon : thierry.rigaud@u-bourgogne.fr

Session 03 : Conséquences (co)évolutives des infections multiples

Conflit intraspécifique sur la manipulation de l'hôte entre différents stades larvaires d'un parasite acanthocéphale

Lucile Dianne - Thierry Rigaud - Elsa Léger - Sébastien Motreuil - Alexandre Bauer - Marie-Jeanne Perrot-Minnot

Chez les parasites à cycles complexes, l'hôte intermédiaire a la fonction primordiale de « véhicule » permettant la transmission du parasite vers l'hôte suivant dans le cycle. Lorsque des stades parasitaires conspécifiques différant dans leur maturité (i.e. dans leur infectivité pour l'hôte définitif) partagent le même hôte intermédiaire, un conflit pour la transmission est attendu. Ce conflit est basé sur des pressions de sélection opposées pour la transmission (via la mort de l'hôte par prédation) versus la croissance (via la survie de l'hôte) des stades infectieux et non infectieux respectivement. Chez les parasites à transmission trophique manipulant le comportement de leur hôte intermédiaire, un tel conflit peut mener soit au « sabotage » de la manipulation comportementale par le stade non infectieux, soit à l'exclusion du second parasite par le primo-infectant. Nous avons testé ces hypothèses chez le parasite acanthocéphale de poisson *Pomphorhynchus laevis*, capable de manipuler le comportement de son hôte intermédiaire amphipode *Gammarus pulex*. Dans le cas d'une co-infection séquentielle (i.e. par des stades infectieux et non infectieux), l'intensité de la manipulation comportementale des gammarus est légèrement diminuée, sans toutefois être totalement annulée. Nos résultats suggèrent alors d'importants coûts subis par les stades infectieux et non infectieux (en termes de transmission et de survie respectivement) lorsqu'ils co-existent dans le même gammarus. De plus, le parasite primo-infectant ne semble pas en mesure d'exclure un second parasite chez les gammarus séquentiellement co-infectés. Ainsi, nos résultats ne nous ont pas permis de vérifier totalement les hypothèses de sabotage et d'exclusion. L'intensité des pressions de sélection permettant l'émergence de stratégies d'optimisation de la transmission ainsi que, d'un point de vue proximal, les mécanismes sous-jacents à la manipulation comportementale, sont discutés.

Contact : Lucile Dianne - Université de Bourgogne, UMR CNRS 5561 Biogéosciences - Dijon
lucile.dianne@u-bourgogne.fr

Session 03 : Conséquences (co)évolutives des infections multiples

Infections multiples par des symbiotes à transmission verticale : conflit ou coopération ?

Fabrice Vavre - Laurence Mouton - Emilie Vautrin - Gwénaelle Gueguen - Frédéric Fleury

Les études concernant les infections multiples se sont principalement concentrées sur les parasites à transmission horizontale. Dans la nature, et en particulier chez les arthropodes, on constate de plus en plus fréquemment que la co-existence intra-individuelle concerne également des symbiotes à transmission verticale qu'ils soient mutualistes ou parasites de la reproduction. Dans cet exposé, nous reviendrons sur les conditions qui permettent cette co-existence, malgré les limites qu'impose l'environnement hôte en termes d'espace et de ressources. Nous analyserons également les trajectoires évolutives et co-évolutives que peuvent prendre ces associations tout à fait particulières. En effet, la co-transmission des symbiotes de génération en génération conduit à une forte cohésion génétique de l'ensemble du compartiment symbiotique propice à l'évolution de la coopération et de la dépendance entre symbiotes. L'ensemble de ces points sera abordé à la fois du point de vue théorique et expérimental.

Contact : Fabrice Vavre - Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, UMR CNRS 5558, Université Lyon 1 - Villeurbanne - vavre@biomserv.univ-lyon1.fr

Session 03 : Conséquences (co)évolutives des infections multiples

Intra- and interspecific competition among helminth parasites : Effects on species association and on the trematode *Coitocaecum parvum* life history strategy, size and fecundity

Clément Lagrue - Robert Poulin

Larval helminths with complex life-cycles often share intermediate hosts with other individuals of the same and/or different species. Competition for resources and conflicts over transmission routes are likely to influence both the association patterns between species and the life history strategies of each individual. Parasites sharing common intermediate hosts may have evolved ways to avoid or associate with other species depending on their definitive host. If not, individual parasites could develop alternative life history strategies in response to association with particular species. Three sympatric species of helminths exploit the gammarid amphipod *Paracalliope fluviatilis* as an intermediate host in New Zealand: the acanthocephalan *Acanthocephalus galaxii*, the trematode *Microphallus* sp. and the trematode *Coitocaecum parvum*; *C. parvum* is a facultative progenetic parasite that can abbreviate its life-cycle from three to two hosts, thus eliminating the need for trophic transmission to the definitive hosts. All three parasite species rely on trophic transmission (i.e. the predation of their intermediate host by the appropriate definitive host) to complete their life-cycle. However, whereas adult *A. galaxii* and *C. parvum* are both fish parasites, *Microphallus* sp. infects birds, inducing a potentially strong conflict of interest between co-infecting parasites over transmission routes from intermediate to definitive hosts. First, we found no association, either positive or negative, among the three parasite species. This result tends to show that these parasites are not able to avoid or preferentially associate with other parasite species larvae depending on their definitive host. Second, the effects of intra- and interspecific interactions were also measured in the trematode *C. parvum*. Intra- and interspecific competition seemed to affect both the life history strategy and the size and fecundity of *C. parvum*. Firstly, the proportion of progenesis was higher in *C. parvum* individuals sharing their host with *Microphallus* sp., the bird parasite, than in any other situation. Second, the intensity of intraspecific competition apparently constrained the ability of *C. parvum* to adopt progenesis and limited both the growth and egg production of progenetic individuals. These results show that the life history strategy adopted by a parasite may be influenced by other parasites sharing the same host.

Contact : Clément Lagrue - CNRS Ecolab UMR 5245 - Toulouse - clement.lagrue@gmail.com

Session 03 : Conséquences (co)évolutives des infections multiples

Monogamie et changements de partenaire chez un parasite monogame

Sophie Beltran - Jérôme Boissier

La compétition entre les mâles et le choix des femelles, deux composantes de la sélection sexuelle, semblent être impliquées dans les changements de partenaire. Chez *Schistosoma mansoni*, un parasite monogame social mais pas génétique (il y a des changements de partenaire), un effet de la densité en mâles est démontré : plus il y a de mâles, plus il y a de changements de partenaire (Beltran *et al.*, 2009). Parallèlement, un choix des femelles a été mis en évidence : ce choix se fait pour un mâle plus dissimilaire (Beltran *et al.*, 2008). En effet, lorsqu'on propose un mâle en ré-infestation plus différent de la femelle que ne l'est le partenaire initial, la femelle change de partenaire. Inversement, lorsqu'on propose un mâle en ré-infestation plus similaire à la femelle que ne l'est le partenaire initial, la femelle ne change pas de partenaire. Ce choix des femelles pour la dissimilarité induirait un gain d'hétérozygotie pour la descendance. En parallèle, une immunité protectrice à la ré-infestation, appelée immunité concomitante, existe chez les schistosomes (Smithers and Terry, 1969). En effet, des hôtes primo-infestés sont capables de détruire de nouvelles larves sans que les adultes déjà installés en soient affectés (Brown and Grenfell, 2001). De plus, des travaux récents au laboratoire ont montré que cette immunité est plus efficace si la ré-infestation et la primo-infestation sont de même génotype (Dumont *et al.*, 2007). L'immunité concomitante serait alors une forme de manipulation de l'hôte par le parasite pour favoriser le brassage génétique de ce dernier. Une hypothèse pourrait donc expliquer d'un point de vue mécanistique ce choix de la femelle pour la dissimilarité, c'est ce que l'on appelle la reconnaissance indirecte qui implique qu'il existerait un polymorphisme antigénique lié à l'échelle génotypique, reconnu par le système immunitaire de l'hôte. En cas de ré-infestation, l'hôte lutterait alors plus habilement contre les génotypes similaires à ceux auxquels il a déjà été confronté durant la primo-infestation et laisserait davantage passer et en plus grande densité les individus les plus différents favorisant à son insu la diversité du parasite. Tous ces éléments vont dans le sens d'une implication des infections multiples dans l'évolution de l'interaction *Schistosoma mansoni*-hôte vertébré, notamment dans la génération de diversité génétique et dans l'élaboration de stratégies de reproduction du parasite.

Contact : Sophie Beltran - BETM - Perpignan - beltran.sophie@univ-perp.fr

Session 03 : Conséquences (co)évolutives des infections multiples

Liens génétiques entre immunité des larves et adultes de drosophile, conséquences pour leurs parasites spécifique

Simon Fellous - Brian P Lazzaro

Un même hôte peut être infecté par plusieurs parasites simultanément (co-infections) ou bien à des moments différents de sa vie. Dans ce second cas, les parasites peuvent même infecter des stades de vie différents de leur hôte ; comme, par exemple, les stades larvaires et adultes des insectes holométaboles. Cependant, au travers des liens qui lient immunité larvaire et immunité adulte, la pression parasitaire sur un des stades de vie peut avoir des répercussions sur les parasites spécifiques de l'autre stade de vie. Je présenterai mes travaux sur l'immunité de *Drosophila melanogaster*, ils indiquent que les défenses des larves et des adultes sont parfois contrôlées par les mêmes facteurs génétiques. Par conséquent, des pathogènes qui n'infectent pas le même stade de vie d'un insecte peuvent néanmoins s'influencer mutuellement au travers de l'évolution du système immunitaire de leur hôte.

Contact : Simon Fellous - CNRS - ISEM - UMR5554 - Montpellier : simonfellous@free.fr

Session 04 : Plénière

La décomposition dans une forêt amazonienne et ses conséquences pour les cycles du carbone et des nutriments

Stephan Hättenschwiler

Les forêts tropicales sont en train de changer rapidement, principalement suite à la déforestation intensive. Le rôle clé des forêts tropicales dans le cycle global du carbone a stimulé une vive discussion sur leur importance dans la mitigation du changement climatique. La pertinence des analyses dépendent fortement de la disponibilité de modèles fiables et robustes et donc sur de bonnes connaissances des processus clés du cycle du carbone comme l'assimilation photosynthétique, la croissance des plantes, et la décomposition de la matière organique morte.

Le paradigme actuel concernant les facteurs de contrôle principaux de la décomposition a été établi essentiellement à partir d'études dans des écosystèmes non tropicaux, ce qui pourrait induire des limitations pour la compréhension et des biais pour la prédiction du cycle de carbone dans les forêts tropicales. Nos études récentes dans une forêt Amazonienne en Guyane Française pauvre en nutriment du sol remettent en cause la perception habituelle que : (1) les nutriments contenus dans la matière organique morte exercent un contrôle majeur sur la décomposition, (2) les animaux du sol ont une contribution mineure à la décomposition, (3) des conditions climatiques favorables à la décomposition permettent un taux de décomposition rapide en forêt tropicale.

En effet, la forte variation en concentration de nutriments dans les feuilles mortes de plusieurs espèces d'arbres n'explique pas la variation de décomposition de ces feuilles. Par contre, la décomposition est bien corrélée avec la qualité du carbone (tannins et carbohydrates non-structuraux) et est fortement dépendante de l'activité de la faune du sol. Malgré les conditions climatiques (température, humidité) presque optimales, le taux de décomposition en forêts tropicales est comparable à celui des forêts tempérées et est beaucoup plus lent lorsque l'on corrige pour la forte différence en température entre les deux zones climatiques.

Ces données suggèrent que cette lente décomposition dans la forêt tropicale étudiée est le résultat d'une sélection pour un syndrome de pauvre qualité de litière avec pour conséquence une diminution de l'abondance et de l'activité des organismes décomposeurs limités par l'énergie. Nous proposons l'hypothèse que la réduction des décomposeurs est compensée par une augmentation du rôle des mycorhizes dans l'accès aux nutriments limitants par les plantes. Ce genre d'interaction entre organismes spécifique aux forêts tropicales influence fortement les flux de carbone et de nutriments lors de la décomposition, ce qui pourrait rendre inefficace les modèles basés sur les processus établis en zone tempérée.

Contact : Stephan Hättenschwiler - CEFÉ/ CNRS - Montpellier - stephan.hattenschwiler@cefe.cnrs.fr

Session 05 : Biodiversité, fonctionnement et services dans les écosystèmes terrestres

Utiliser un modèle de dynamique forestière pour prédire la relation entre productivité et diversité spécifique et fonctionnelle

Xavier Morin - Lorenz Fahse - Harald Bugmann

Le changement climatique que subit actuellement la biosphère affecte le fonctionnement des écosystèmes, et notamment leur productivité. Les forêts, écosystèmes clés dans le cycle du carbone et dans les interactions entre biosphère et climat, n'échappent pas à ces changements. Cependant le changement climatique a également un impact sur la composition des communautés forestières, et donc sur leur diversité. Il est ainsi essentiel de comprendre le lien entre diversité et productivité pour être en mesure de prédire les changements de productivité forestière en réponse au changement climatique. De nombreuses expérimentations ont été réalisées au cours des dernières années pour décrire cette relation diversité-productivité, mais les résultats produits restent équivoques. Cela est particulièrement vrai pour les écosystèmes forestiers car la plupart des expérimentations ont été réalisées dans des prairies et avec des espèces herbacées de fait des difficultés techniques à conduire de telles études sur des arbres et sur une longue durée. Ici, nous proposons l'utilisation de modèles de dynamique forestière comme une alternative intéressante pour étudier le lien entre diversité des espèces ligneuses et productivité forestière. Pour cela, nous avons effectué des simulations avec le modèle de trouées (en anglais « gap model ») ForClim, qui permet de prédire la composition d'une forêt et sa productivité en fonction de facteurs abiotiques (température, précipitations, conditions de sol) et biotiques (compétition, facilitation). Les simulations ont concerné 12 sites en Suisse, choisis pour représenter un fort gradient climatique (8°C) et pour être représentatifs d'une grande partie des écosystèmes forestiers tempérés à l'échelle de l'Europe. Pour chaque site, les simulations ont consisté à faire varier le nombre d'espèces présentes dans la communauté (de 1 à 30) pour étudier les conséquences sur la productivité de l'écosystème à long terme. Nous avons également étudié les conséquences sur la variabilité temporelle de la productivité. Enfin, en regroupant les espèces par types fonctionnels, nos simulations nous ont également permis d'explorer la relation entre diversité fonctionnelle et productivité. Dans un contexte forestier où l'expérimentation s'avère délicate, nos résultats montrent que le recours à la modélisation est un outil pertinent pour explorer la relation diversité-productivité, dans la limite de nos connaissances actuelles des mécanismes régissant la dynamique forestière.

Xavier Morin - ETH Zürich - Forest Ecology Group - Zürich - xavier.morin@env.ethz.ch

Session 05 : Biodiversité, fonctionnement et services dans les écosystèmes terrestres

Evolution of plant strategies in a meta-ecosystem: influence on nutrient cycling rates and on source-sink dynamics

Tiphaine Le Mao - Sébastien Barot - Nicolas Loeuille

Nutrient cycling rates are influenced by plant functional strategies for nutrient acquisition and recycling. Evolution of such strategies modify ecosystem functioning and thus alter ecosystem services. Spatial heterogeneity in evolutionary pressures (e.g. due to the spatial heterogeneity of human activities) can lead to complex ecological and evolutionary dynamics at the landscape scale. Yet, predictions about the effects of the interaction between evolution and spatial heterogeneity on biodiversity, ecosystem functioning and associated services are not well established. We follow the dynamics of a nutrient inside a source-sink meta-ecosystem (i.e. created by a spatial heterogeneity in evolutionary pressures). Depending on trade-offs types between functional strategies, we show how evolution of such strategies transforms sources ecosystems into sinks and vice versa, and how the speed of this transformation is affected by ecosystem mineralization properties. Consequently, ecosystem services such as invasive species regulation, primary productivity/genetic diversity supply and mineralization rates can be affected.

Contact : Tiphaine Le Mao - INRA/Université Paris 6 UMR 7625 - Paris : tlemao@snv.jussieu.fr

Session 05 : Biodiversité, fonctionnement et services dans les écosystèmes terrestres

Agroforestry systems : how to conciliate production and biodiversity conservation ?

Nathalie Lamanda - Olivier Deheuvels - Jacques Wery

Coffee and cocoa trees are perennial crops cultivated in the humid tropics mainly by smallholders, with no mechanization, little or no inputs. These crops are cultivated in agroforestry system (AFS) which are characterized by a strong diversity of tree species, a multistrata structure and an ecological functioning close to that of forests. AFS show a wide diversity of structure resulting from the local conditions and from farmer's practices. Until the last decade, these systems have been largely ignored by agronomists who were focused on productivity improvement, through more intensively led monocropping systems. Environmental concerns raise a new interest in AFS. In the tropical "biodiversity hotspots", it is now widely documented that these systems provide a number of environmental services among which biodiversity conservation. In these regions, AFS are also often one of the main sources of the farmer's income. In order to improve farmers' livelihood, we need to seek designs and management options which combine productive performances and environmental services related to biodiversity conservation. In this paper we analyse the trade offs between the productivity of the main perennial crop and the tree biodiversity in the SAF. This analysis was based on the characterization of the structure of these AFS, i.e. the nature of the components (trees species cultivated or not), and their 2D spatial organization expressed as the level of shade on the perennial crop. This approach was applied in Guinea (West Africa) and in Costa Rica (Central America) on samples of about thirty plots in each area. In each plot, coffee/cocoa production was assessed and inventories of the structure and composition of the tree vegetation were carried out. Shannon and richness indexes were calculated to assess the level of tree biodiversity. Additional inventories were carried out in "natural forests" to serve as reference. Four main types of structure of the AFS in Costa Rica and 3 in Guinea were identified. They induced a high variability in coffee or cocoa yield and in tree biodiversity in both regions. This variability is related to AFS structure: significant differences in yield and levels of tree biodiversity were identified between the most contrasted types of structure. The intermediates types of structure present an interesting trade off between productivity and tree biodiversity suggests that the perennial crop productivity can be increased while keeping a high level of tree biodiversity.

Contact : Nathalie Lamanda - CIRAD, UMR System, Montpellier : nathalie.lamanda@cirad.fr

Session 05 : Biodiversité, fonctionnement et services dans les écosystèmes terrestres

Réponse fonctionnelle des communautés d'ectomycorhizes aux perturbations environnementales

Jean Garbaye - Alain Franc - Muhamad Arif Ali - Pierre-Emmanuel Courty - Coralie Damon - Myriam Duchemin- Simon Egli - Jana Ernst - Laurence Fraissinet-Tachet - Felicia Ghergel - Sylvia Hütter - Roland Marmeisse - Martina Peter- Claude - Plassard - Karin Pritsch - Franck Richard- François Rineau - Mélanie Roy- Michael Schlöter - Marc-André Selosse

Les essences forestières sociales des forêts tempérées accèdent aux ressources du sol par l'intermédiaire d'organes mixtes symbiotiques établis entre les racines et des champignons : les ectomycorhizes. Huit activités enzymatiques secrétées par les ectomycorhizes et impliquées dans la mobilisation des éléments nutritifs contenus dans la matière organique du sol ont été mesurées au printemps et en automne pendant deux années consécutives dans les placeaux témoins et traités de dix sites expérimentaux en France, Allemagne et Suisse. Les facteurs contrôlés expérimentalement sont le régime hydrique, les dommages foliaires, l'essence forestière, la chimie et le tassement du sol. En parallèle, le statut taxonomique des symbiotes fongiques a été déterminé par ribotypage (PCR-séquençage direct de l'ITS fongique). L'analyse de la variance (site, essence, date de prélèvement, traitement, taxon fongique) des activités enzymatiques dans les communautés d'ectomycorhizes ainsi décrites révèle que le profil d'activité enzymatique est avant tout déterminé par le taxon fongique, puis par le site et la date de prélèvement, alors que le traitement ne contribue à la variance totale que pour quelques pourcents. Au plan taxonomique, toutes les communautés présentent le même type de structure, avec un petit nombre d'espèces dominantes et un grand nombre d'espèces rares. Les espèces varient selon le site mais ne sont que modérément affectées par les traitements. Les espèces dominantes ont des activités enzymatiques plus élevées que les espèces rares, ce qui est conforme à une hypothèse d'exclusion compétitive basée sur les fonctions. Ces résultats suggèrent que le déterminant principal de la structure fonctionnelle des communautés d'ectomycorhizes est l'assemblage des espèces, ce qui alimente les débats actuels sur les processus d'assemblage liés à la diversité fonctionnelle.

Contact : Jean Garbaye - INRA, Interactions Arbres-Microorganismes - Nancy : garbaye@nancy.inra.fr

Session 05 : Biodiversité, fonctionnement et services dans les écosystèmes terrestres

Spatial scale of oilseed rape pollen dispersal by insects in an openfield landscape

Rémy Chifflet - Etienne Klein - Claire Lavigne - Violette Le féon - Agnès Ricroch - Jane Lecomte - Bernard Vaissière

Both experimental data and modelling of pollen movement at the landscape scale to date do not clearly differentiate between wind- and insect-vectored dispersal. To quantify the intensity and spatial scale of pollen dispersal by insect pollinators in an agricultural landscape, bait point of flowering male-sterile (MS) plants of oilseed rape (OSR; *Brassica napus* L.) were located at six distances (10 to 1100 m) from the closest OSR fields and feral populations. Flower-visiting insects were caught by net on MS flowers and used to hand-pollinate flowers of OSR MS plants grown in a pollenproof greenhouse to assess their potential pollen carry-over. A large diversity of insects contributed to OSR pollen flow and led to a seed, but no pollen beetle *Meligethes aeneus* gave a seed. Logistic regression analyses of the seed set success from the hand pollinations demonstrated that seed set significantly increased with the proximity of OSR fields, the size of the pollinating insect and the temperature while it was not affected by the insect order or genus. Seed set, both observed and predicted by the model, was not null for flowers pollinated with large bees caught at > 1100 m from the nearest OSR field. Our method can be used on any entomophilous plant species to assess insect-borne pollen dispersal. In OSR, it provided clear evidence that a large array of insect species can transfer viable pollen, some over considerable distances, yet only a 39.4% of the insects caught on MS flowers carried OSR pollen. Our results provide data to improve the modelling of pollen dispersal from entomophilous crops at the landscape scale, an essential process to reduce pollen-borne gene dispersal from GM plants to wild and cultivated relatives.

Contact : Rémy Chifflet - INRA - UMR 406 Abeilles et Environnement - Avignon : chifflet@avignon.inra.fr

Session 06 : Biodiversité et fonctionnement des milieux aquatiques continentaux

Les algues benthiques accélèrent la décomposition de la matière organique en cours d'eau : un cas de « priming effect » aquatique ?

Michael Danger - Eric Chauvet - Paola Chavez - Antoine Lecerf

Les producteurs primaires et les décomposeurs (bactéries et champignons) sont à la base du fonctionnement de la plupart des écosystèmes, tant terrestres qu'aquatiques. Les interactions entre ces deux groupes sont complexes, et sont connues comme étant dépendantes de la disponibilité des ressources dans le milieu (lumière, nutriments). Celles-ci peuvent s'étendre de la compétition pour les ressources minérales au commensalisme, voire au mutualisme. Les litières d'origine terrestre constituent l'une des principales sources de nutriments et d'énergie dans de nombreux cours d'eau, et sont alors essentiellement dégradées par les *hyphomycètes aquatiques* (champignons). Dans les zones où la lumière n'est pas limitante, des organismes autotrophes (principalement des algues benthiques) sont également susceptibles de se développer sur ces litières, entrant en interaction avec les décomposeurs. De très rares études, menées principalement *in situ*, ont tenté d'étudier les conséquences de ces interactions sur les processus fonctionnels au sein des cours d'eau, en particulier sur les processus de décomposition de la litière. Les résultats de ces études restent cependant assez contradictoires. L'objectif de notre étude était d'apporter des réponses quant au déterminisme des interactions algues benthiques – hyphomycètes aquatiques, et d'étudier les conséquences de ces interactions sur le devenir de la matière organique détritique. Des expériences en microcosmes ont été menées, mettant en relation une souche de diatomée benthique (*Nitzschia palea*) et des décomposeurs (hyphomycètes aquatiques et bactéries) sur une litière végétale (feuilles d'aulne), et ce dans différents contextes de disponibilité de ressources. Les différents compartiments biologiques et les taux de décomposition de la litière ont été suivis tout au long des 42 jours d'expérience. La densité algale s'est avérée être négativement influencée par la présence de champignons, ce qui semble mettre en évidence des phénomènes de compétition entre ces deux groupes d'organismes. En contrepartie, la biomasse fongique apparaît peu affectée par la présence des algues, bien que l'activité de sporulation (quantité et diversité des spores) des champignons ait été légèrement accrue en présence d'algues. Finalement, les différents traitements ont fortement influé sur les taux de décomposition de la litière. En particulier, la présence d'algues dans les milieux les moins riches en nutriments a fortement accéléré la décomposition de la litière, et augmenté sa qualité (ratios C/N et C/P). Une hypothèse permettant d'expliquer ce résultat serait que les algues, en exsudant du carbone labile, pourraient favoriser l'activité fongique en leur fournissant une source de carbone complémentaire, constituant un cas de « priming effect » en milieu aquatique.

Contact : Michael Danger - UMR CNRS 7146 - LIEBE, Université de Metz - Metz - danger@univ-metz.fr

Session 06 : Biodiversité et fonctionnement des milieux aquatiques continentaux

Effets « top-down » directs et indirects d'un prédateur sur la densité des proies et la décomposition de la matière organique

Clément Lagrue - Sylvain Lamothe - Antoine Lecerf

Les prédateurs aquatiques sont connus pour avoir des effets importants sur les communautés de proies, directement par la consommation et indirectement par émigration des proies fuyant le prédateur. En revanche, l'importance respective des deux effets, direct et indirect, est difficile à quantifier. De plus, l'impact « top-down » du prédateur sur le processus de décomposition de la matière organique par les espèces proies est mal connu. Le but de cette étude était donc de séparer et quantifier les effets relatifs de la consommation des proies, de leur émigration et/ou du stress engendré par la présence et les interactions non létales entre prédateur et proies. Le modèle de prédateur utilisé est la larve de libellule *Cordulegaster boltonii*. Pour déterminer les effets directs et indirects du prédateur, nous avons mis au point une nouvelle technique de ligature des mandibules du masque des larves de *C. boltonii* ; partie extensible des pièces buccales permettant la capture des proies. Des expériences en milieu naturel (utilisation de cages pour maintenir les larves d'odonate) et en laboratoire (aquariums) ont été menées parallèlement afin de déterminer les effets du prédateur sur les communautés d'invertébrés naturelles et la décomposition de la matière organique mais également pour quantifier les conséquences plus subtiles de certaines interactions prédateur-proies en milieu contrôlé. Les expériences en laboratoire permettant également de quantifier les taux de consommation de proies par le prédateur et de matière organique par les proies ainsi que les différents effets des interactions prédateur-proies. Les résultats montrent que le prédateur a des effets directs et indirects sur la densité de proies et la décomposition de la matière organique. Les effets directs de la prédation sont clairement les plus importants sur le taux de décomposition de la matière organique qui est fortement ralenti en présence du prédateur. Cependant, des effets indirects existent, la décomposition de la matière organique étant ralentie en présence de prédateurs ligaturés et donc incapables de se nourrir. Les expériences en laboratoire ont également montré que différentes espèces de proies participaient différemment au processus de décomposition de la matière organique et étaient plus ou moins vulnérables à la prédation.

Contact : Clément Lagrue - CNRS Ecolab UMR 5245 - Toulouse - clement.lagrue@gmail.com

Session 06 : Biodiversité et fonctionnement des milieux aquatiques continentaux

Dynamique et devenir du phytoplancton le long du continuum terre/mer

Stéphane Fraisse - Myriam Bormans - Yvan Lagadeuc

Le gradient de contraintes environnementales le long du continuum terre-mer entraîne des modifications au sein des communautés aquatiques. Par ailleurs, les rivières sont des systèmes très dynamiques induisant une variabilité à court (à l'échelle journalière) et long terme (à l'échelle annuelle) de ces contraintes abiotiques. La communauté phytoplanctonique est particulièrement sensible à ces changements car elle présente de courts temps de réponse. C'est dans ce contexte que s'intègre notre étude. Il s'agit d'une part de comparer selon un axe spatio-temporel, les caractéristiques phytoplanctoniques (composition spécifique, biomasse et productivité mesurée au moyen d'un phytoPAM) de deux fleuves présentant un degré d'anthropisation différent, et d'autre part d'évaluer le devenir du phytoplancton le long des deux estuaires. Parallèlement aux mesures des variables du phytoplancton, les contraintes environnementales (lumière, concentration en nutriments, salinité, matières en suspension...) seront décrites pour tous les sites d'échantillonnage qui se répartissent le long du continuum terre/mer. Via un échantillonnage à haute fréquence (tous les quatre jours) aux différentes saisons, nous serons en mesure d'évaluer la variabilité de la réponse du phytoplancton face à la variabilité des contraintes environnementales. Les premiers résultats obtenus lors de la campagne printanière valident nos hypothèses de travail, à savoir des différences des caractéristiques phytoplanctoniques entre les deux rivières et d'amont en aval. Par ailleurs, on assiste à de profonds changements de la communauté phytoplanctonique le long des estuaires, dès les faibles salinités, changements qui diffèrent également entre les deux estuaires. La présentation portera sur la comparaison entre les résultats de la campagne de printemps et ceux de la campagne estivale (à venir) pendant laquelle nous nous attendons à des différences de composition spécifique et du devenir du phytoplancton en réponse à de nouvelles contraintes (luminosité, temps de résidence...).

Contact : Stéphane Fraisse - UMR ECOBIO 6553 - Rennes - stephane.fraisse@univ-rennes1.fr

Session 06 : Biodiversité et fonctionnement des milieux aquatiques continentaux

Quelles conditions physico-chimiques au sein d'une annexe hydraulique ?

Catherine Boisneau - Nina Richard - Brigitte Ruaux

Les annexes hydrauliques font partie intégrante de la mosaïque des ensembles fonctionnels d'une plaine alluviale. A cette échelle, l'existence de divers gradients de connexion avec le chenal principal conduit à une variété des conditions environnementales présentant des dynamiques temporelles variées. Nous avons cherché à identifier les différentes phases de fonctionnement d'une annexe hydraulique, dont le débit de connexion est supérieur au module. Des enregistrements, à pas de temps horaire, 10 cm au dessus du fond, avec une sonde multi-paramètres (MS5 OTT), de la température, de la conductivité, du pH et de la concentration en dioxygène, accompagnés de mesures ponctuelles de phosphore total, ammonium, nitrates et chlorophylle *a* ont été utilisés de la mi août 2009 à la mi mars 2010. Hors période de connexion, 6 phases de fonctionnement sont reconnues. Elles traduisent un milieu, alimenté par la nappe alluviale, riche en nutriments, à forte activité photosynthétique et siège d'une très forte activité de dégradation de la matière organique. Les conditions sont hypoxiques à certaines heures de la journée de la mi août jusqu'au 21 octobre. Elles sont hypoxiques en permanence, autour de 0,1mg/L, à partir de la mi-décembre. Du 3 janvier 2010 au 17 mars 2010, 4 phases de connexion avec la Loire sont survenues. Chacune de ces phases se caractérise par une succession de 3 séquences, de durée variable, où les valeurs de température, conductivité, pH et concentration en dioxygène rejoignent celles de la Loire. Lors des phases de déconnexion, le retour aux valeurs antérieures se fait de manière très rapide, 46 heures pour le pH et le dioxygène et plus lentement, 15 jours pour température et 10 jours pour la conductivité. Les conditions physico-chimiques rencontrées dans les annexes hydrauliques sont très éloignées de celles du chenal principal. Elles traduisent une activité biologique très intense.

Contact : Catherine Boisneau - Université Tours CITERES UMR CNRS - Tours - catherine.boisneau@univ-tours.fr

Session 07 : De la conservation de la biodiversité à la gestion des services écosystémiques

La place des services écosystémiques dans l'évaluation des impacts et la conception de mesures compensatoires : enjeux théoriques et pratiques

Fabien Quetier

De récentes dispositions nationales et communautaires adoptées pour encadrer les dommages aux milieux naturels accordent une place de premier plan à l'obligation de compenser les impacts sur la biodiversité par des actions positives en faveur de la biodiversité au moins équivalentes aux pertes résiduelles, c'est-à-dire les pertes dues aux impacts qui n'ont pu être évitées ou atténuées par des mesures de réduction d'impact. Nous vivons donc ce que les auteurs du récent rapport du Conseil d'Analyse Stratégique sur l'approche économique de la biodiversité ont appelé une «redécouverte de la compensation». Les mesures compensatoires y font l'objet d'un débat technique, fondé sur le constat partagé d'un manque de rationalité : Pourquoi tel ratio de compensation ? Pourquoi compenser consiste ici à restaurer un habitat et là à «simplement» gérer un état existant ? Pourquoi compenser pour telle espèce et non telle autre ? En parallèle à ces débats, la notion de service écosystémique est utilisée de façon croissante pour justifier la conservation de la nature par les bénéfices directs et indirects que la biodiversité et les écosystèmes apportent aux individus et aux sociétés. Dans ce contexte de convergence croissante entre des objectifs de conservation de la biodiversité et de continuité dans la fourniture de services par les écosystèmes, l'évaluation des impacts, des actions de compensation et de leur équivalence écologique doit maintenant prendre en compte les services écosystémiques. Ceci pose de nombreuses questions théoriques et pratiques, qui s'ajoutent aux questions sur l'équivalence en termes de biodiversité : Qui doit identifier et quantifier les niveaux de service ? Selon quels principes circonscrire les bénéficiaires des services fournis par un site donné ? Quelle place donner aux questions d'équité ? La responsabilité d'un aménageur s'applique-t-elle à l'accès aux services fournis en compensation ? Sur le terrain, la notion de service a déjà été incorporée dans certaines méthodes et pratiques d'évaluation de l'équivalence écologique comme la «resource equivalency analysis» (REA) américaine. Elles ne répondent cependant que partiellement aux questions qu'engendre l'extension de méthodes conçues pour évaluer des impacts sur des espèces ou des habitats à l'évaluation d'impacts sur les services et donc sur le bien-être des populations affectées.

Contact : Fabien Quetier - LECA CNRS : fabien.quetier@ecosystem-services.org

Session 07 : De la conservation de la biodiversité à la gestion des services écosystémiques

Quelques concepts clés pour un enseignement critique de la notion de «services écologiques»

Yves Girault - Yves Alpes

Au cours du XXème siècle, des très nombreuses campagnes de sensibilisation ont mis l'emphase sur la disparition des espèces, dans l'espoir de susciter un intérêt du public pour la biodiversité, et un engagement en faveur de sa protection. On peut se demander aujourd'hui si ce n'était pas se tromper de cible ! Cette stratégie ignore en effet les conséquences de deux évolutions parallèles : - celle du discours des « sciences naturelles » et de la biologie, qui est passée d'une approche descriptive et taxonomique à une analyse des interdépendances, illustrée par le concept « d'écosystème », - celle du discours des économistes, qui a progressivement intégré (à travers des notions comme celle d'externalités ou de « services rendus par les écosystèmes »), une théorie gestionnaire de la biodiversité, en y affectant des prix, des coûts, des valeurs d'actualisation... En témoigne l'importance acquise par la notion de « services écologiques », qui est devenue un champ majeur d'investigation scientifique ainsi que l'une des raisons les plus fréquemment invoquées par des scientifiques et des gestionnaires pour justifier l'urgence qu'il y a à protéger la biodiversité. En focalisant les informations sur les coûts (ou le manque à gagner) liés à la disparition de certaines ressources, qu'il s'agisse de ressources cynégétiques, halieutiques, forestières, pharmaceutiques, etc., on privilégie une approche très economiciste et ressourciste de l'environnement, qui joue sur l'ambiguïté de la notion de patrimoine. Pour les « défenseurs de la nature », le terme est utilisé métaphoriquement (le « patrimoine commun de l'humanité »), tandis que pour les « éco-économistes », il faut l'entendre au sens notarial (valeur monétaire, gestion dans le temps). Il paraît donc urgent de mettre en évidence les rapports de force qui sous-tendent les débats actuels autour de la biodiversité, pour distinguer clairement ce qui relève des savoirs et des valeurs.

Contact : Yves Girault - Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN) : girault@mnhn.fr

Session 07 : De la conservation de la biodiversité à la gestion des services écosystémiques

Anthropocentrisme versus Ecocentrisme : un saut évolutif ?

Francois Sarrazin - Jane Lecomte

Depuis ses fondements, la conservation de la biodiversité s'articule autour de stratégies anthropocentres ou écocentres. Ainsi, bien que le MEA souligne les liens entre écosystèmes et bien-être de l'humanité, il reconnaît que les actions anthropiques sur les écosystèmes résultent de considérations sur ce bien-être mais aussi sur la valeur intrinsèque des espèces et des écosystèmes. Les mesures de gestion qui permettent de préserver les services écosystémiques s'inscrivent dans la poursuite d'une trajectoire évolutive humaine pour laquelle la valeur sélective est maximisée sur le moyen terme. Au delà, la recherche de bien-être semble correspondre au moins en partie à une tentative d'émancipation du phénotype vis-à-vis des processus de transmission du génotype. Cependant, les traits ainsi mobilisés ayant été initialement sélectionnés pour maximiser la valeur sélective, fonctionnent sur un principe de croissance relative qui démultiplie les impacts des activités humaines sur la biodiversité. Ces mesures de gestion orientent alors implicitement ou explicitement les trajectoires écologiques et évolutives de la biodiversité suivant des objectifs définis sur des temps relativement courts autour d'enjeux correspondants aux besoins actuels de populations humaines concernées. La protection de la biodiversité pour sa valeur intrinsèque, dans des démarches écocentriques, relève d'une autre logique qui voit l'homme tenter de limiter son empreinte sur les systèmes naturels indépendamment de considérations directement liées à ses propres intérêts. Difficile à définir et à quantifier, la valeur intrinsèque semble rendre les choix opérationnels plus complexes lorsqu'il s'agit d'arbitrer entre la satisfaction de besoins humains. Néanmoins, quel que soit le positionnement philosophique adopté, anthropo- ou écocentré, on peut s'interroger sur le challenge que constitue à l'échelle évolutive cette pratique qui fait potentiellement de l'homme la seule espèce susceptible de concevoir sa neutralité vis-à-vis d'autres entités ou processus biologiques au-delà de relations symbiotique, mutualiste ou de réciprocité. Pour être simple, laisser s'exprimer les dynamiques darwiniennes d'autres entités biologiques, sans tenter de les maîtriser, nous ferait justement sortir de cette logique darwinienne. La trop grande absence de cette mise en perspective évolutive nous semble actuellement empêcher la perception de l'inertie des processus en jeu dans les relations homme - nature et notamment la mise en place de mesures efficaces de conservation de la biodiversité. Ce constat questionne les stratégies actuelles qui pourraient réclamer, au delà d'une simple réorientation, un saut évolutif majeur. Ce saut est-il possible, souhaitable et à quel prix ? La réponse à ces questions nécessite de fait une co-construction mobilisant écologie et sciences de l'Homme.

Contact : Francois Sarrazin -Museum Nationale d'Histoire Naturelle Paris : sarrazin@mnhn.fr

Session 08 : Agriculture, paysage et biodiversité

Quantifier les effets du paysage sur la flore des champs cultivés : synthèse des connaissances et perspectives

Sandrine Petit - Mélanie Le Guilloux - Bruno Chauvel - Sabrina Gaba - Béatrice Sauzeau - Didier Lecoer

Les recherches menées en écologie du paysage ont montré que l'occurrence et l'abondance de nombreux taxa sont en partie modulées par la configuration spatiale du paysage où ils évoluent. Ces relations ont été bien étudiées pour des organismes inféodés à un type d'habitat (spécialistes) et pour des habitats souvent temporellement stables. Ces caractéristiques s'appliquent peu à la flore adventice des cultures qui est composée d'espèces souvent capables de se développer sur un spectre de cultures assez large et qui se maintiennent dans un agro-écosystème hautement perturbé et temporellement très dynamique. Pourtant, dans le contexte d'une agriculture durable où l'utilisation d'herbicides sera réduite, il est crucial de savoir dans quelle mesure l'organisation spatio-temporelle des paysages agricoles (bordures de champs, organisation spatio-temporelle des systèmes de culture, espaces non cultivés) peut représenter un levier de gestion pour les espèces adventices. Le postulat à la base de cet effet serait que les conditions qui prévalent aux alentours de la parcelle influencent la composition des communautés d'adventices dans la parcelle. Les bases scientifiques alimentant ce postulat sont peu nombreuses puisque les recherches sur les espèces adventices se sont jusqu'à récemment essentiellement limitées à mesurer les effets de facteurs agronomiques à l'échelle de la parcelle. Nous présentons ici les résultats de recherches en cours sur le rôle de l'organisation spatio-temporelle des mosaïques agricoles sur les communautés adventices. Ces travaux ont été conduits sur trois zones ateliers françaises et le suivi de la flore effectué à différentes échelles spatiales (intra-parcellaire, parcelles sur une région, mosaïque continue de cultures et d'espaces non cultivés) et selon différents protocoles (échantillonnage basé parcelle ou échantillonnage régulier sur une grille à l'échelle du paysage). Ces études mettent en évidence un effet de variables paysagères sur la richesse spécifique des parcelles ainsi que sur la composition des communautés, que ce soit au niveau taxonomique ou fonctionnel. Nous discutons des avancées méthodologiques qui sont nécessaires en termes d'articulation entre écologie du paysage et agronomie pour pouvoir aller plus loin dans l'étude des filtres agronomiques et spatiaux structurant les communautés adventices à l'échelle d'un paysage.

Contact : Sandrine Petit - INRA, UMR 1210 BGA - Dijon - sapetit@dijon.inra.fr

Session 08 : Agriculture, paysage et biodiversité

Les régulations biologiques dans les paysages agricoles

Claire Lavigne - Annie Quin - Pierre Franck - Benoît Ricci - Benoît Sauphanor - Aude Vialatte - Claude Monteil - Jean-Pierre Sarthou

Les paysages agricoles forment une mosaïque complexe d'éléments cultivés ou semi-naturels dont la composition et la configuration varient pendant la durée d'une saison de culture ainsi qu'entre saisons. La manipulation de cette mosaïque peut être un moyen de lutte contre les bio-agresseurs des cultures en favorisant, notamment, leur contrôle par des prédateurs et parasitoïdes (Tscharntke *et al.* 2007) car l'abondance de ces auxiliaires dans les cultures est souvent corrélée à la proportion d'habitats non cultivés dans le paysage. L'abondance et la diversité des auxiliaires ne garantissent cependant pas systématiquement un meilleur contrôle des bioagresseurs (Letourneau *et al.* 2009). La dynamique spatio-temporelle et la nature des habitats cultivés impactent également celle des auxiliaires, certaines espèces pouvant y trouver des ressources complémentaires (e.g. miellat ou nectar) à certaines périodes de leurs cycles de vie. Les approches utilisées pour étudier les régulations biologiques et identifier les mécanismes impliqués dans la lutte biologique par conservation sont principalement celles de l'écologie du paysage: corrélations avec des proportions d'occupation du sol dans des zones tampons ; exploration à base de modèles mécanistes des patterns spatiaux observés. Une difficulté est de considérer les interactions entre différents auxiliaires et entre auxiliaires, ravageurs et proies/hôtes de substitution, et non pas les dynamiques des uns ou des autres isolément. Qui plus est, la mise en évidence de relations trophiques n'implique pas nécessairement un service écologique efficace (réduction des dégâts). Nos équipes travaillent sur deux systèmes contrastés : (1) la régulation des pucerons des céréales par les syrphes aphidiphages dans des mosaïques agricoles (grandes cultures et bois de feuillus). Nous y avons montré que la présence de zones boisées favorisait au printemps les populations de syrphes dans les céréales mais n'avons pas mis en évidence de réduction concomitante des populations de pucerons ; et (2) la prédation et le parasitisme du carpocapse des pommes, un lépidoptère dont la chenille se développe dans le fruit, dans les paysages de vergers de Basse vallée de la Durance. Nos résultats soulignent la difficulté de mettre en évidence des effets paysagers dans ce contexte : les taux de parasitisme et de prédation du carpocapse et la diversité de ses parasitoïdes y dépendent principalement des caractéristiques de phytoprotection. Nous présenterons pour ces deux exemples, les approches menées, les obstacles rencontrés et les solutions trouvées.

Contact : Claire Lavigne - INRA - UR 1115 PSH - Avignon - claire.lavigne@avignon.inra.fr

Session 08 : Agriculture, paysage et biodiversité

Biodiversité et paysage viticole : importance des milieux interstitiels et influence du contexte paysager

Joséphine Pithon - Guillaume Pain - Jeanne Vallet - Hervé Daniel - Véronique Beaujouan

Les relations entre viticulture et biodiversité semblent peu connues en comparaison d'autres paysages agricoles. L'étude porte sur la biodiversité ordinaire d'un paysage viticole : l'AOC Saumur-Champigny. Ce paysage comprend un réseau diversifié d'espaces interstitiels ou «espaces imbriqués entre les parcelles» : murs, talus, fossés, zones herbacées, friches, haies... Notre objectif était d'évaluer et comparer la biodiversité de 2 taxons (plantes et oiseaux) dans ces milieux viticoles et d'estimer l'influence du contexte paysager sur ces communautés (richesse, composition). Douze fenêtres d'1 km² comportant au minimum 25% de vigne ont été sélectionnées dans des contextes paysagers différents (boisé, bâti, vigne ou mixte). L'ensemble des espaces interstitiels (plus de 3 800) a été cartographié et décrit. Deux transects par fenêtre, d'1km de long, ont été échantillonnés. L'avifaune y a été relevée durant 3 années (2008, 2009 & 2010) avec deux passages ; la flore a été relevée dans les espaces interstitiels présents dans une bande de 50m de large avec deux passages (avril-mai, juin-juillet). Enfin, dans chaque fenêtre, les territoires des passereaux ont été cartographiés sur des blocs de vignes de 10ha sur deux années (8 visites par an). Ces espaces interstitiels occupent environ 10% de la surface des fenêtres et sont très majoritairement herbacés. Au total, 95 espèces d'oiseaux ont été détectées ainsi que 433 taxa floristiques dont 20 inscrits sur la liste rouge des Pays-de-la-Loire. Le contexte paysager influe peu sur la richesse spécifique, mais modifie la composition des communautés. 34% des espèces végétales sont trouvées dans un seul contexte paysager, et notamment dans les fenêtres contenant des boisements. La flore des fenêtres strictement viticoles est peu originale même si certaines espèces peuvent être assez rares à l'échelle régionale. La présence de talus, murs, arbres etc. dans les espaces interstitiels contribue de façon importante à la richesse floristique et avifaunistique de ces espaces. La composition avifaunistique des fenêtres dominées par vigne et bâti se distingue clairement de celles mixtes et forestières. Seulement 46 espèces d'oiseaux ont été observées dans des blocs de 10ha purement viticoles (dont quelques espèces rares) et seulement 12 sont fréquentes (> 30 contacts). Parmi ces dernières, 3 préfèrent la vigne, 6 les espaces interstitiels, et 3 ne montrent aucune préférence. La diversité des espaces interstitiels et la mosaïque d'occupation du sol présentes sur ce territoire contribuent fortement à sa biodiversité, même si les vignes en elles-mêmes sont peu utilisées par les oiseaux et présentent une flore assez banale.

Contact : Joséphine Pithon - Groupe ESA - Angers - j.pithon@groupe-esa.com

Session 08 : Agriculture, paysage et biodiversité

Transfert de polluants : quels apports de l'écologie du paysage ?

Renaud Scheifler - Francis Raoul - Clémentine Fritsch - Michaël Coeurdassier - Patrick Giraudoux

"Will there ever be a field of landscape ecotoxicology?"

Ainsi John Cairns Jr questionnait-il la communauté des écotoxicologues en 1993, évoquant sa fascination pour les récents développements de l'écologie du paysage (Cairns Jr 1993). L'écotoxicologie, une discipline née de la toxicologie dans les années 1960 qui étudie le devenir et les effets des polluants dans les écosystèmes, n'a eu de cesse, en marge des approches classiques nécessaires aux travaux appliqués exigés par la société (évaluation du risque par exemple), d'adopter les concepts et les outils de l'écologie. Cependant, si les écotoxicologues se sont effectivement appropriés un certain nombre d'outils utilisés également par l'écologie du paysage (télédétection, géostatistiques, etc.), peu d'entre eux ont réellement adopté ses concepts et posé les hypothèses selon lesquelles le paysage pouvait moduler le transfert et les effets des polluants. Ces hypothèses, pourtant, ne manquent pas. Pourquoi le paysage (agricole, urbain, forestier, etc.), autant que le type de sol ou les propriétés pédologiques, variables très considérées en écotoxicologie, n'influencerait-il pas l'interception, la rétention ou la rémanence des polluants ? Pourquoi le paysage, par son influence sur les patrons de biodiversité, donc la complexité verticale (diversité dans chaque niveau trophique) et horizontale (nombre de niveaux trophiques, longueur des chaînes alimentaires, etc.) des réseaux trophiques, n'influencerait-il pas le transfert des polluants dans les écosystèmes, alors que son rôle dans la transmission des pathogènes commence à être clairement établi ? Pourquoi le paysage, en fonction de la manière dont il est exploité spatialement et temporellement par les organismes, n'influencerait-il pas le transfert (intensité du transfert, etc.) et les effets (effet aggravant ou atténuant de l'abondance des ressources alimentaires, etc.) des polluants ? Le mariage de l'écologie du paysage et de l'écologie des transferts de toxiques, aurait l'avantage, dans une approche systémique partagée, de prendre en compte l'espace et le temps, la variété des échelles significantes et l'impact de l'homme sur son environnement. La présente communication a pour but, en s'appuyant sur quelques exemples, d'explorer ce que pourrait-être ce champ de recherche.

Contact : Renaud Scheifler - Chrono-Environnement - Besançon - renaud.scheifler@univ-fcomte.fr

Session 08 : Agriculture, paysage et biodiversité

Mutation agricole et dynamiques des paysages et de la biodiversité sous différents scénarios de politiques publiques dans une zone de moyenne montagne méditerranéenne

Jocelyn Fonderflick - Jacques Lepart - Paul Caplat - Max Debussche - Pascal Marty

En Europe, les changements d'utilisation des terres sont fortement liés aux politiques publiques et notamment à la Politique Agricole Commune (PAC). Prédire localement les conséquences de ces politiques sur l'agriculture, les paysages et la biodiversité nécessite de comprendre les interactions entre les dynamiques sociales, économiques et écologiques à l'échelle des territoires. Nous avons étudié au moyen de scénarios prospectifs, les effets possibles des changements agricoles sur les paysages et la biodiversité dans une zone de moyenne montagne méditerranéenne, le Causse Méjan. Cette zone est caractérisée par de vastes pelouses qui ont été maintenues pendant des siècles par l'agriculture et qui sont aujourd'hui progressivement colonisées par des pins. Nous avons construit quatre scénarios qui décrivent les changements possibles d'ici 2030, selon différentes politiques publiques. Ces quatre scénarios, tenant compte d'études prospectives disponibles pour l'agriculture française et l'espace rural, sont : « tendances actuelles », « libéralisation », aménagement de la nature, option « espèces patrimoniales » et option « processus naturel ». Pour chaque scénario, nous avons analysé les forces motrices qui déterminent les changements d'utilisation des terres, notamment en lien avec la viabilité économique des exploitations et leur façon de pâturer l'espace. La dynamique du paysage a été modélisée à l'aide de Modèle Linéaire Généralisé combinant des facteurs environnementaux et l'utilisation des terres. La biodiversité a été caractérisée par des espèces nettement plus fréquentes sur le Causse Méjan qu'à l'échelle française, ce qui confère à ce territoire une responsabilité importante pour leur conservation (critère de « responsabilité »). Sur cette base, nous avons retenu 15 espèces d'oiseaux et 45 espèces de plantes. En déterminant leur habitat, il est possible d'anticiper la dynamique de leur population en fonction des changements des paysages prédits. Nos résultats montrent clairement que la très grande majorité des 60 espèces sélectionnées dépend principalement des milieux ouverts. En permettant de maintenir et d'accroître ces milieux ouverts, le scénario « aménagement de la nature, option espèces patrimoniales » se révèle le plus favorable pour la biodiversité à l'horizon 2030. Ce scénario a été également évalué positivement par les acteurs locaux. Les résultats obtenus sont discutés en regard de l'intérêt d'une approche inter/transdisciplinaires et de l'apport des scénarios auprès des acteurs locaux dans la définition de politiques de conservation de la biodiversité.

Contact : Jocelyn Fonderflick - UMR CEFE - Montpellier - jocelyn.fonderflick@supagro.inra.fr

Session 08 : Agriculture, paysage et biodiversité

Ecologie du paysage et transferts de pathogènes

Patrick Giraudoux - Francis Raoul

Comprendre les mécanismes d'émergence régionale et mondiale d'organismes pathogènes dans le cadre des changements globaux constitue un des défis scientifiques posés à l'écologie. Selon les estimations, de 60 % à 80 % des organismes pathogènes pour les humains ont une origine animale ou un lien indirect avec la faune. L'écologie de la transmission des maladies infectieuses conduit le plus souvent à étudier des processus impliquant des interactions entre plusieurs espèces, voire entre plusieurs communautés. La distribution spatiale et les dynamiques temporelles des maladies infectieuses sont en effet dépendantes de la biodiversité, de la dynamique des populations d'hôtes, de l'herbivorie, de la prédation, de la dispersion individuelle et de l'hétérogénéité des conditions physiques et chimiques, toutes variables contrôlées à des degrés divers par le paysage. Pavlovski (1964) a forgé le terme «épidémiologie paysagère», Rioux et al. (1990), celui d'éco-épidémiologie pour désigner une approche systémique intégrant des méthodes héritées de l'écologie et de l'épidémiologie. Elle pointe l'importance de la définition de risques spatiaux, temporels, et populationnels. Cependant, les concepts de l'écologie du paysage y sont peu ou pas intégrés, de même que l'importance de l'observation multi-échelle des dynamiques de population d'hôtes et des interactions entre le paysage et ces dynamiques (Giraudoux *et al.* 2008). Patz *et al.* (2004) dans un article intitulé «Unhealthy landscapes: policy recommendations on land use change and infectious disease emergence» recommandent la création et le soutien de centres de recherche et d'enseignement d'excellence en écologie et santé, afin, entre autres, de faciliter la conduite de recherches interdisciplinaires et la formation de professionnels capables d'accompagner non seulement ce type de recherche mais aussi la diffusion des résultats acquis en direction du grand public et des décideurs. Les concepts élaborés dans le domaine de l'écologie du paysage sont particulièrement adaptés à ce type d'intégration pluridisciplinaire où doivent se rencontrer spécialistes de la biodiversité, de la dynamique des populations, des sciences de la santé (humaine, animale et végétale) et des sciences humaines. Cette communication a pour but de présenter le cadre général de cette approche et de l'illustrer par quelques exemples.

Contact : Patrick Giraudoux - UMR Université de Franche-Comté - CNRS - INRA Chrono-Environnement
Besançon : patrick.giraudoux@univ-fcomte.fr

Session 09 : L'écologie du paysage : une discipline scientifique entre processus écologiques et processus décisionnels

Vers une articulation des processus de gestion agricole et des processus écologiques

Céline Pelosi - Jacques Baudry - Michel Goulard - Gérard Balent

Le principal obstacle au développement de plans de gestion durable des paysages pour la conservation de la biodiversité réside dans le fait que les niveaux d'organisation de la gestion du paysage par les acteurs locaux coïncident rarement avec les niveaux d'organisation des processus écologiques. Cette discordance de niveaux, appelée 'spatial scale mismatch', est une des raisons qui explique le manque d'efficacité des mesures agri-environnementales. Nous avons réalisé une synthèse bibliographique pour décrire la manière dont les auteurs identifient le 'spatial scale mismatch' dans la littérature. Nous faisons l'hypothèse que les solutions proposées par les auteurs pour concilier gestion agricole et conservation de la biodiversité s'appuient sur des cadres théoriques qui pourraient permettre d'aller vers une articulation des processus de gestion et des processus écologiques. La théorie de la hiérarchie et l'écologie du paysage sont mobilisées par les auteurs qui suggèrent une gestion 'multi-échelles' et des approches au niveau du paysage pour solutionner cette discordance de niveaux. La gestion collective et la coordination sont également proposées comme solution mais les aides agri-environnementales actuelles, données aux exploitants individuels, ne favorisent pas une gestion coordonnée entre les différents intervenants du paysage. A partir de cette synthèse bibliographique, nous formulons deux hypothèses pour expliquer les difficultés pour résoudre le 'spatial scale mismatch' : (1) les auteurs n'ont généralement pas une vision systémique puisqu'ils considèrent séparément les processus de gestion et les processus écologiques et (2) la terminologie est utilisée de façon inappropriée et les cadres théoriques sont mobilisés de manière non rigoureuse. A partir de l'analyse de ces hypothèses, nous proposons des pistes de travail pour mieux articuler la gestion agricole et les processus écologiques. Ces pistes sont une première étape pour proposer un cadre d'analyse plus intégrateur.

Contact : Céline Pelosi - INRA-INPT/ENSAT - UMR 1201 DYNAFOR - Toulouse : celine.pelosi@toulouse.inra.fr

Session 09 : L'écologie du paysage : une discipline scientifique entre processus écologiques et processus décisionnels

Influence du paysage sur la colonisation et la dynamique de population de pucerons en parcelles et sur le contrôle biologique

Amélie Bourgeade - Stefaniya Kamenova - Virginie Guyot - Diab Hassan - Vincent Bretagnolle - Bertrand Gauffre - Nicolas Parisey - Jacques Baudry - Ronan Marrec - Kevin Hidalgo - Aude Vialatte - Manuel Plantegenest

L'impact négatif des pesticides sur la santé humaine et l'environnement nécessite la mise en place de nouvelles stratégies de protection des cultures pour une production économiquement rentable et écologiquement respectueuse. L'influence du paysage sur l'abondance des populations de ravageurs et des auxiliaires des cultures, comme sur les pertes de rendement, commence à être scientifiquement étayée. Cependant, de par la difficulté de mener des études agroécologiques à une large échelle spatiale et à différents niveaux trophiques, les processus écologiques à l'échelle du paysage influençant la production agricole ne sont toujours que peu connus. L'influence du paysage sur les ravageurs peut se faire soit directement (en « diluant » la culture par exemple, certains éléments du paysage pouvant représenter aussi des barrières à la dispersion, des zones refuge ou encore d'hivernation), soit indirectement, en favorisant les auxiliaires ou au contraire en les limitant (de la même façon en fournissant des ressources alternatives, des zones refuges, des barrières, etc...). De plus, cette influence du paysage peut s'exercer de façon différente sur les deux composantes des pullulations de ravageurs: durant la phase de colonisation des parcelles, et durant la phase de croissance des populations de ravageurs *in situ*. L'objectif de cette étude est de mettre en évidence les liens entre (i) les caractéristiques de l'environnement parcellaire à différentes échelles spatiales (des bordures de parcelles à l'environnement dans un rayon de plusieurs centaines de mètres, (ii) les pullulations locales de ravageurs et (iii) l'intensité du contrôle biologique. Des comptages de pucerons ailés (colonisateurs) et aptères, de momies (pucerons attaqués par des parasitoïdes) et de prédateurs (larves de syrphes, chrysopes, hémérobies, coccinelles et carabes) sont menés au sein de parcelles et leurs bordures des sites ateliers Vallées et Coteaux de Gascogne (31), Chizé (79) et Pleine-Fougères (35). L'influence de la composition et de la structure des paysages dans lesquels se situent les parcelles sur la diversité et l'abondance des insectes ravageurs et auxiliaires au sein des parcelles et des bordures adjacentes est analysée statistiquement, afin de mettre en évidence les facteurs écologiques et paysagers de la colonisation et de la croissance des populations de ravageurs des grandes cultures. Cette étude fait partie du projet de recherche Landscaphid (2010-2013), financé par le programme ANR Systerra.

Contact : Amélie Bourgeade - UMR INRA-INP-ENSAT Dynafor - Toulouse - amelie.bourgeade@hotmail.fr

Session 09 : L'écologie du paysage : une discipline scientifique entre processus écologiques et processus décisionnels

Influence de la structure du paysage et des rotations culturales sur la biodiversité des abeilles solitaires

Violette Le Feon - Françoise Burel - Mickaël Henry - Agnès Ricoch - Bernard Vaissière - Jacques Baudry

Les abeilles assurent la pollinisation d'une part importante des espèces de plantes sauvages et cultivées. Aussi, leur déclin actuel peut menacer le maintien de ce service écosystémique. De nombreux travaux mettent en évidence l'impact négatif de l'intensification agricole sur ces insectes. En particulier, leur abondance et leur richesse spécifique diminuent avec la régression des habitats semi-naturels. Dans ce type d'études, la mosaïque agricole est typiquement appréhendée comme un ensemble homogène et défavorable aux abeilles. Notre objectif est d'analyser l'influence de la composition et de la structure du paysage sur les abeilles solitaires en prenant en compte l'hétérogénéité de la mosaïque, à travers les rotations culturales. L'étude est menée dans un paysage bocager de l'Ouest de la France, en période de floraison du colza, culture nectarifère potentiellement attractive pour les abeilles. Les abeilles solitaires sont échantillonnées à l'aide de pièges colorés sur 15 bordures de champs de colza et sur 35 bordures autres, positionnées aléatoirement dans le paysage. A l'aide de modèles linéaires généralisés, nous testons l'influence sur la richesse et l'abondance des abeilles de (1) la structure du paysage (indice d'ouverture du paysage), (2) la proportion de prairies permanentes, (3) la proportion d'éléments boisés (haies, bois), (4) la proportion de cultures. Cette dernière variable est appréhendée de deux façons soit en considérant la nature des parcelles au moment de l'échantillonnage des insectes, soit en prenant en compte l'histoire des parcelles sur les cinq dernières années. Trois échelles spatiales sont considérées (cercles de 400, 800 ou 1200 m de rayon). Les résultats indiquent une richesse spécifique et une abondance plus élevées au niveau des bordures colza que des bordures non-colza, indiquant l'utilisation importante de cette culture par les abeilles solitaires. A l'échelle 400 m, l'abondance au niveau du colza augmente avec l'accroissement de la proportion de parcelles en céréales au moment de l'échantillonnage. Aux échelles 800 et 1200 m, l'abondance au niveau du non-colza est affectée positivement par la proportion de prairies permanentes. En ce qui concerne les parcelles cultivées, la proportion de parcelles toujours en céréales au cours des cinq dernières années influe négativement sur l'abondance et la richesse, tandis que la proportion de parcelles mixtes (au moins une année de prairie temporaire au cours des cinq dernières années) a un effet positif sur la richesse. Notre étude met en évidence l'intérêt des rotations diversifiées, incluant des prairies temporaires, pour la biodiversité des pollinisateurs dans les agroécosystèmes.

Contact : Violette Le Feon - Université Rennes 1 - UMR Ecobio - Rennes - violettelf@hotmail.com

Session 09 : L'écologie du paysage : une discipline scientifique entre processus écologiques et processus décisionnels

L'hétérogénéité des paysages est-elle la solution pour conserver les oiseaux des milieux agricoles ?

François Chiron - Ondine Filippi-Codaccioni - Frédéric Jiguet - Vincent Devictor

Diversifier les habitats est souvent proposé comme une mesure clé de conservation de la biodiversité dans les paysages agricoles en Europe. Cependant, les indicateurs utilisés pour évaluer l'effet de compensation lié à cette mesure se limitent le plus souvent à la diversité spécifique et à l'abondance des populations, et ne prennent pas en compte le degré de vulnérabilité des espèces. L'importance de cette mesure pour stopper le déclin des espèces spécialistes des milieux agricoles en Europe n'est donc pas totalement vérifiée. Dans cette présentation, nous avons testé si la diversité des habitats non agricoles dans un paysage intensif permet le maintien des espèces d'oiseaux, et si cet effet potentiel varie suivant le degré de spécialisation des espèces aux habitats agricoles. Dans ce but, nous avons modélisé la dynamique spatiale de 20 espèces d'oiseaux agricoles dans des paysages intensifs en France de 2001 à 2007. Nos résultats montrent que la diversité non cultivée réduit à la fois les probabilités d'extinction et de colonisation locales, de même que le taux d'occupation des espèces. Bien que cela suggère un possible effet stabilisant de la diversité liée aux habitats adjacents sur la dynamique des espèces, celles-ci ne sont pourtant pas plus présentes dans des paysages à forte diversité. De plus, nous montrons que les espèces les plus spécialistes sont les plus affectées par la diversité non agricole en terme de capacité de (re)colonisation locale. Ces résultats prouvent l'intérêt de prendre en compte certains traits écologiques, comme la spécialisation des espèces à l'habitat, afin de mieux comprendre la réponse des espèces à l'évolution du paysage, et de déterminer précisément l'importance et de quelle façon réaménager le paysage pour conserver les espèces d'oiseaux des milieux agricoles.

Contact : François Chiron - MNHN - CERSP UMR 7204 - Paris - fchiron@mnhn.fr

Session 09 : L'écologie du paysage : une discipline scientifique entre processus écologiques et processus décisionnels

Sélection des paysages culturels par les oiseaux: une différence de perspective entre Europe et Amérique du Nord et pourquoi ?

Jean-Louis Martin - David Kirk - Kathy Lindsay - Pierre Drapeau - Marc-André Villard

Au cours des siècles passés, l'agriculture (terres cultivées et milieux semi naturels nichés dans des paysages cultivés), l'industrie forestière (forêts gérées), et l'urbanisation ont été des facteurs de premier ordre dans la mise en place des paysages d'Europe et d'Amérique du Nord. Cette communication examinera la sélection de ces paysages culturels par l'avifaune et comment la recherche s'y est intéressée sur les deux continents en mettant l'accent sur les paysages dominés par l'agriculture. L'étude des avifaunes des paysages agricoles présente un contraste inter-continental marqué. Alors que les paysages agricoles d'Europe sont caractérisés par une avifaune bien individualisée et reconnue comme telle cela ne semble pas être le cas en Amérique du Nord. Une partie de cette différence résulte d'une différence de perspective plutôt que d'une réalité intrinsèque. La recherche en Amérique du Nord perçoit surtout les terres cultivées comme une entrave à l'avifaune autochtone originaire des milieux naturels herbacés et ouverts. En Europe, les chercheurs perçoivent les terres cultivées et les milieux semi-naturels associés à l'agriculture comme des habitats de plein droit pour l'avifaune locale. Il s'ensuit que la recherche européenne s'est intéressée aux patrons et aux mécanismes de sélection des paysages cultivés par les oiseaux, avec des conséquences majeures sur la perception de cette avifaune par le public et sa prise en compte par les gestionnaires. Ce n'est pas le cas en Amérique du Nord. Les études de la sélection des milieux urbanisés ou des fragments forestiers par les oiseaux présentent moins de contraste entre les deux continents à la fois dans les approches et dans l'interprétation des résultats. Les communautés d'oiseaux des villes nord-américaines se distinguent toutefois par la présence d'un cortège, bien défini et ubiquiste, d'espèces introduites d'origine européenne, alors que les villes d'Europe se caractérisent par des avifaunes qui, sauf exception, sont exclusivement constituées d'espèces autochtones ayant colonisé la ville. A l'opposé, l'étude des avifaunes des forêts boréales gérées présente des similitudes remarquables entre les deux continents tant dans les questions que dans les interprétations. Notre analyse suggère que la compréhension de la sélection des paysages culturels par les oiseaux est le résultat d'une interaction subtile entre la réalité de terrain et la perception de cette réalité par ceux qui souhaitent comprendre les patrons et les mécanismes qui régissent la sélection de ces paysages par les oiseaux.

Contact : Jean-Louis Martin - CNRS, CEFE, UMR 5175 - Montpellier - jean-louis.martin@cefe.cnrs.fr

Session 10 : Aide à la décision pour la gestion et la conservation des ressources et patrimoines écologiques

Etude de la résilience d'une forêt après culture pour planifier la restauration écologique d'un corridor - Parc National d'Andohahela, Sud Est de Madagascar

Mélissa De Wilde - Elise Buisson - Fidy Ratovoson - Jimmy Randrianaivo - Stéphanie Carrière - Pete Lowry

Afin d'aider à la décision sur les objectifs et la mise en œuvre de projets de restauration, les besoins doivent être identifiés au préalable. Obtenir des informations de base sur l'écosystème de référence et étudier sa résilience constituent le premier travail à effectuer. L'objectif de l'étude est d'évaluer l'influence d'anciennes cultures sur brûlis sur la résilience d'une forêt de transition au Sud-Est de Madagascar. Le site d'étude se situe dans une zone de transition le long d'un gradient altitudinal et de précipitation entre une forêt tropicale humide en altitude et une forêt tropicale sèche en plaine. La restauration de «trouées» dans ce corridor étroit et sinueux pourrait être essentielle pour maintenir la connectivité alors que les impacts du changement climatique semblent être particulièrement sévères dans cette région. Des relevés de végétation et de sol ont été effectués au niveau de 26 parcelles cultivées et abandonnées (recrûs) depuis 3 à 30 ans (approche synchronique) et au niveau de 19 forêts adjacentes (témoins). Aucune relation entre l'âge d'abandon, la richesse spécifique, la composition et la structure de la végétation ne peut être établie. Il y a des différences nettes entre la végétation des recrûs et des forêts. Les recrûs ne sont pas colonisés par les espèces forestières et sont dominés par *Mimosa delicatula* qui est absente de la forêt de transition. La dynamique végétale au niveau des recrûs ne semble donc pas mener à la forêt de référence mais plutôt à des fourrés épineux dominés par *Mimosa delicatula*. Différentes perspectives de recherche et les conséquences pour la restauration seront exposées.

Contact : Mélissa De Wilde - UMR CNRS 5023 - Villeurbanne : melissa.de-wilde@univ-lyon1.fr

Session 10 : Aide à la décision pour la gestion et la conservation des ressources et patrimoines écologiques

Le role des aires de protection pour la conservation des espèces à l'échelle mondiale

Soizic Le Saout - Ana Rodrigues

L'influence croissante de l'homme sur les écosystèmes naturels est responsable de la perte massive de diversité biologique à l'échelle mondiale. Les aires de protection sont largement reconnues comme l'outil de conservation le plus important. Recouvrant plus de 12% de la surface terrestre du globe et mises en place dans presque toutes les nations du monde, elles sont aujourd'hui l'une des principales formes d'occupation des sols à l'échelle mondiale. C'est pourquoi, il apparaît pertinent de s'interroger sur le rôle des aires de protection pour la conservation des espèces. Ainsi, nous avons étudié l'importance des aires de protection pour la conservation des vertébrés à l'échelle mondiale. Nous avons combiné deux approches complémentaires, basées sur des analyses SIG de superposition spatiale entre la distribution de 13 947 espèces d'amphibiens, de mammifères et d'oiseaux et 83 433 aires de protection. Tout d'abord, nous avons estimé le nombre d'espèces possédant une forte dépendance spatiale aux aires de protection. Ensuite, nous avons estimé et cartographié le degré d'irremplaçabilité de chaque aire de protection pour la conservation des espèces, en développant un nouvel indicateur facilement généralisable et applicable à de multiples échelles aussi bien nationales que régionales. Nous avons identifié 560 espèces ayant plus de 95% de leur distribution recouverte par des aires de protection. Nous avons ensuite mis en évidence les sites les plus irremplaçables parmi ceux du réseau actuel d'aires de protections, et nous avons identifié ceux qui étaient les plus vulnérables aux activités anthropiques. Les espèces les plus dépendantes des aires de protection et les aires de protection les plus irremplaçables sont principalement localisées dans les biomes tropicaux ayant un forte richesse spécifique et un haut degré d'endémisme. Les aires de protection ayant à la fois un haut niveau d'irremplaçabilité et de vulnérabilité sont les sites pour lesquels un renforcement des efforts de conservation est particulièrement urgent.

Contact : Soizic Le Saout - CEFE, CNRS Montpellier : slesaout@yahoo.fr

Session 10 : Aide à la décision pour la gestion et la conservation des ressources et patrimoines écologiques

Évaluation de l'efficacité des mesures de protection pour les grands mammifères exploités

Lucille Palazy - Christophe Bonenfant - Franck Courchamp - Jean-Michel Gaillard

Les systèmes de classification UICN et CITES sont censés attirer l'attention des pouvoirs publics et prévenir l'extinction des espèces, parmi lesquelles se trouvent de nombreuses espèces exploitées par l'Homme (chasse de subsistance, chasse au trophée, chasse commerciale). Plusieurs faiblesses du système ont été mises en évidence. En 2007, Rivalan *et al.* ont montré que le commerce des 46 espèces animales étudiées augmentait disproportionnellement pendant l'intervalle de temps entre la décision de classer l'espèce à un appendice CITES supérieur (arrêt de l'exploitation) et l'application des mesures de protection associées. À l'heure actuelle, 122 espèces (soit 35%) de grands mammifères herbivores sont considérées comme menacées (i.e. selon leur statut UICN). 25% d'entre elles font actuellement l'objet d'une chasse au trophée plus ou moins intense. Cette activité commerciale étant la principale source de revenu dans plusieurs pays en développement, la pérennité des espèces cibles est essentielle aussi bien du point de vue biologique qu'écologique. Or nos travaux précédents suggèrent que plus une espèce est rare, plus elle est attrayante pour la chasse au trophée, ce qui maintient de fait une pression de chasse importante sur des espèces fragiles. Ainsi, nous avons examiné l'effet des différents changements de statut UICN et CITES sur le nombre d'individus tirés pour la chasse au trophée. Sur la base de données du Safari Club International et de la CITES, nous avons testé l'hypothèse que le passage d'une espèce donnée à un statut de plus en plus alarmant se traduit, dans les 5 années suivantes, par une diminution du nombre d'individus chassés pour leur trophée. Contrairement à notre prédiction, nous montrons ici que la tendance de l'exploitation en fonction du statut de protection des espèces de grands mammifères herbivores ne correspond pas à celle attendue par la mise en place des mesures de protection. En effet, le nombre de prises annuelles chez l'espèce n'est pas modifié, dans la majorité des cas, par l'augmentation du degré de protection de son statut. Elle augmente même dans certains cas. Il y a plusieurs causes possibles à cela, telles qu'un manque de connectivité entre les ONG consultatives (i.e., IUCN) et les ONG coercitives (i.e., CITES), ou une valorisation de l'espèce par les exploitants directement due à sa classification à un statut de protection plus forte. Ainsi, la transformation et l'amélioration du système de gestion des espèces sont requises d'urgence pour la sauvegarde des espèces exploitées et menacées d'extinction.

Contact : Lucille Palazy - Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive UMR CNRS 5558 - Lyon : lucille.palazy@u-psud.fr

Session 10 : Aide à la décision pour la gestion et la conservation des ressources et patrimoines écologiques

Productions durable pour écosystèmes exploités

Michel De Lara - Eladio Ocaña - Ricardo Oliveros Ramos - Jorge Tam

Dans la pêche, les prises autorisées sont d'habitude définies espèce par espèce. Par exemple, la production maximale soutenable (MSY) repose sur un modèle scalaire de stock. Qui plus est, les calculs sont faits à l'équilibre. L'approche de précaution de l'ICES ne se place pas à l'équilibre (elle projette des abondances sur une année), mais repose sur des modèles dynamiques mono-spécifiques en classes d'âge.

D'autre part, de plus en plus l'accent est mis sur des modèles multi-espèces et sur la gestion dite écosystémique. Par exemple, le Sommet mondial sur le développement durable a encouragé l'application de l'approche écosystémique avant 2010. Enfin, la durabilité est un but majeur d'accords internationaux et de directives en gestion des pêches.

Dans ce contexte, nous définissons la notion de productions soutenables pour un écosystème. Nous mettons l'accent sur la cohérence de long terme entre objectifs contradictoires, écologiques et économiques. Nous fournissons une méthode de calcul de productions soutenables au moyen d'une analyse de viabilité de modèles génériques dynamiques d'écosystèmes exploités. Nous appliquons notre approche à un modèle Lotka-Volterra pour le couple anchois-merlu dans l'upwelling Péruvien. Notre analyse suggère que, pendant l'écroulement de l'anchois entre les années 1971 et 1981, la pêche aurait théoriquement pu être gérée «viablement», avec des productions au-dessus des niveaux attendus tout en assurant la conservation biologique. La théorie du contrôle et des méthodes de viabilité nous permettent de prendre en compte des considérations écosystémiques (multi-espèces, multi-objectifs) et contribuent à intégrer dynamique et long terme, que l'on ne considère généralement que peu dans la gestion traditionnelle des pêches.

Contact : Michel De Lara - Ecole des Ponts ParisTech - Université Paris-Est CERMICS : delara@cermics.enpc.fr

Session 11 : Ecologie moléculaire : Analyse de la sélection dans les populations naturelles et de l'adaptation

Détecter et mesurer la sélection dans les jeux de données de polymorphisme

Renaud Vitalis - Kevin Dawson - Mark Beaumont

Le développement rapide des technologies de séquençage et de génotypage à haut débit permet désormais l'accès facilité et à moindre coût à une grande quantité d'information sur la diversité génétique des populations, y compris chez des espèces pour lesquelles une connaissance fine de la structure du génome n'est pas encore disponible. Détecter des signatures de sélection revient in fine à distinguer parmi les forces agissant sur l'évolution des fréquences alléliques celles qui ont un effet global sur l'ensemble des marqueurs (migration et dérive) de celles qui ont un effet local (sélection et mutation). La plupart des méthodes actuelles appliquées aux données génomiques repose sur l'étude de statistiques descriptives résumant la variabilité de chaque locus au niveau intra et/ou inter populationnel (FST, Extended Haplotype Heterozygosity-EHH, etc.) pour identifier ceux qui présentent des valeurs aberrantes sous l'hypothèse de neutralité. Les distributions de ces statistiques sous l'hypothèse neutre sont alors estimées (i) à partir de données simulées ; (ii) directement à partir des données réelles. Alternativement, des méthodes s'appuyant sur une modélisation explicite d'un « effet locus » et d'un « effet population » sur la différenciation ont été proposées dans un cadre hiérarchique bayésien, sur la base de modèles de génétique des populations en dérive pure ou à l'équilibre migration-dérive. Plus généralement, les différentes méthodes proposées jusqu'à présent reviennent à étudier des écarts à un modèle neutre plus ou moins complexe et ne permettent donc pas de quantifier directement l'effet de la sélection. Nous présenterons donc ici une nouvelle approche qui tient compte explicitement de la sélection (afin d'en mesurer, quantitativement, les effets). La méthode que nous proposons repose sur une approximation de diffusion pour la distribution des fréquences alléliques dans une population subdivisée. Nous utilisons un algorithme de Monte Carlo par chaînes de Markov (Monte Carlo Markov Chains, MCMC), pour estimer les paramètres du modèle. Nous montrerons les performances de cette approche sur des jeux de données simulées, et présenterons quelques exemples d'applications sur des données humaines.

Contact : Renaud Vitalis - CNRS - INRA, CBGP - Montpellier - vitalis@supagro.inra.fr

Session 11 : Ecologie moléculaire : Analyse de la sélection dans les populations naturelles et de l'adaptation

Résistance à l'insecticide bactérien *Bacillus thuringiensis* var. *israelensis* : criblage génomique et identification d'un gène candidat chez le moustique *Aedes aegypti*

Aurélié Bonin - Margot Paris - Guillaume Tetreau - Jean-Philippe David - Laurence Després

Bacillus thuringiensis var. *israelensis* (*Bti*) est un insecticide bactérien largement employé en France et dans le monde pour lutter contre la prolifération des moustiques. Le *Bti* contient 6 toxines actives différentes, ce qui est un frein efficace à l'apparition de résistance dans les populations naturelles de moustique. Pourtant, le *Bti* peut persister dans les sites traités plusieurs mois après épandage des spores, voire même proliférer. Ceci pose évidemment la question de l'évolution de la résistance au *Bti* en milieu naturel. Dans le but d'étudier cette résistance, nous avons utilisé une litière de feuilles toxiques riche en spores de *Bti* pour sélectionner une souche du moustique *Aedes aegypti* pendant 18 générations. Si cette souche présente une résistance modérée au *Bti*, les niveaux de résistance aux toxines individuelles sont nettement plus élevés (jusqu'à 50 fois). Il semble donc que plusieurs mécanismes de résistance (et donc plusieurs gènes) soient en jeu. Afin d'identifier les bases génétiques sous-jacentes, nous avons procédé à un criblage génomique sur la souche sélectionnée et une souche témoin sensible. Pour ce faire, nous avons développé environ 500 marqueurs génétiques associés à des éléments transposables de type MITE (Miniature Inverted-repeat Transposable Element). Nous avons ensuite positionné sur le génome d' *Ae. aegypti* les marqueurs présentant une différenciation génétique inter-souche particulièrement élevée. Plusieurs gènes candidats ont été identifiés à proximité de ces marqueurs très différenciés. Deux d'entre eux ont été examinés plus en détail par séquençage et analyse d'expression : le gène d'une cadhérine et celui d'une aminopeptidase, qui peuvent agir soit au niveau de la fixation (cadhérine et aminopeptidase) ou de l'activation (aminopeptidase) des toxines. Chez la souche résistante, le gène de la cadhérine est significativement sous-exprimé par rapport à la souche sensible. Il présente également un polymorphisme nucléotidique compatible avec l'action d'une sélection directionnelle, avec par exemple un excès de mutations rares en comparaison avec les mutations de fréquence intermédiaire. Globalement, ces résultats confortent le rôle du gène de cette cadhérine dans la résistance au *Bti*, même s'il est probable que d'autres gènes soient également impliqués. Des analyses complémentaires seront donc nécessaires pour élucider complètement les bases génétiques dans ce cas de résistance multigénique.

Contact : Aurélié Bonin - Laboratoire d'Ecologie Alpine - Grenoble - bonin.aurelie@gmail.com

Session 11 : Ecologie moléculaire : Analyse de la sélection dans les populations naturelles et de l'adaptation

Génomique des populations et identification des gènes de l'immunité associés à la résistance à la peste dans les populations naturelles de *Rattus rattus* à Madagascar

Carine Brouat - Charlotte Tollenaere - Jean-Marc Duplantier - Svilena Ivanova - Stéphanie Jacquet - Anne Loiseau - Lila Rahalison

Les pathogènes, notamment ceux à forte létalité, exercent des pressions de sélection très importantes pouvant conduire à des changements évolutifs extrêmement rapides chez leurs hôtes. Déterminer les bases génétiques des traits phénotypiques n'est pas une tâche aisée, notamment chez les espèces non modèles. Dans ce contexte, les approches de génomique des populations peuvent permettre d'identifier des locus différenciant du reste du génome car soumis à des effets spécifiques liés à la sélection naturelle. Afin d'identifier les gènes associés à la résistance à un pathogène dans les populations naturelles d'hôtes, nous avons développé ce type d'approche sur une espèce non modèle, le rat noir *Rattus rattus*, réservoir de la peste à Madagascar. La peste est une zoonose d'origine bactérienne (infection à *Yersinia pestis*), pouvant être transmise à l'homme, dont les rongeurs sont les réservoirs et les puces les vecteurs. A Madagascar, la région des hauts plateaux centraux est une zone d'endémie de la peste depuis les années 1920, le réservoir principal de la maladie étant le rat noir. Des expériences d'infestation expérimentale ont révélé que les rats issus de la zone de peste sont génétiquement beaucoup plus résistants à la peste que les rats issus de la zone sans peste. Sur les rats malgaches, une approche de génomique des populations basée sur des marqueurs AFLP a permis d'identifier 22 marqueurs (9% des 249 marqueurs AFLP) potentiellement sous sélection exercée par la peste (différenciation génétique entre zone de peste et zone sans peste plus forte que l'attendu neutre) dans les populations naturelles. Une étude d'association génotype-phénotype a révélé une différence significative pour deux de ces 22 loci entre des rats survivants ou non à un challenge par la peste en laboratoire. L'identification des 22 loci outliers a été réalisée par séquençage puis localisation sur le génome complet d'une espèce proche, *R. norvegicus*. Plusieurs gènes de l'immunité ont ainsi été identifiés au voisinage de ces marqueurs, représentant des candidats solides en terme de résistance à la peste.

Contact : Carine Brouat - IRD - Montpellier - brouat@ird.fr

Session 11 : Ecologie moléculaire : Analyse de la sélection dans les populations naturelles et de l'adaptation

Dérive, sélection et plasticité phénotypique contribuent au polymorphisme d'expression du gène Tnf- α chez le campagnol roussâtre avec des conséquences sur l'épidémiologie de l'*Hantavirus puumala*

Emmanuel Guivier - Maxime Galan - Yannick Chaval - Anne Xuereb - Alexis Ribas Salvador - Jean-François Cosson - Nathalie Charbonnel

La cytokine Tumor Necrosis Factor alpha (TNF- α) joue un rôle central dans la réponse immunitaire contre les agents infectieux, mais une sur-expression de cette molécule est associée à des symptômes pathologiques. Le niveau d'expression du gène Tnf- α reflète donc une balance entre tolérance et résistance de l'hôte à certaines infections. L'action de différentes forces microévolutives incluant dérive, migration et sélection peut entraîner une variabilité spatiale de cette balance entre populations d'hôtes. Ceci peut avoir des conséquences épidémiologiques importantes en terme de transmission et de distribution géographique des agents infectieux. Nos recherches portent sur l'*Hantavirus Puumala* (PUUV) dont le réservoir principal est le campagnol roussâtre (*Myodes glareolus*). Dans les Ardennes, il existe un gradient nord-sud d'incidence des fièvres hémorragiques causées par PUUV chez l'homme. Nous émettons l'hypothèse que ce gradient reflète les prévalences de PUUV dans les populations de campagnols roussâtres, et que ces prévalences sont corrélées aux niveaux d'expression du gène Tnf- α . Nous avons donc échantillonné des populations de *M. glareolus* le long de ce transect nord-sud. Nous avons quantifié l'expression du gène Tnf- α , séquencé le promoteur de ce gène, et estimé les prévalences en PUUV. Nous avons ensuite appliqué les approches de génétique des populations et d'écologie des communautés pour analyser l'influence relative des forces évolutives neutres et des pressions de sélection potentielles (facteurs abiotiques et communautés parasitaires) sur la variabilité spatiale de l'expression du gène Tnf- α . Nos résultats montrent une corrélation significative négative entre le niveau d'expression du gène Tnf- α et la prévalence en PUUV. Le paysage participe à cette corrélation puisque le gène Tnf- α est plus exprimé en bocage, où les prévalences sont faibles, qu'en forêt, où les prévalences sont fortes. Les forces évolutives neutres ne peuvent expliquer ce patron. En effet, l'étude de la différenciation génétique des populations montre que les populations de bocage sont soumises à une forte dérive génétique, où la sélection ne peut être effective. En revanche, la dérive dans les populations de forêt est très faible, et différentes pressions de sélection pour de faibles niveaux d'expression du gène Tnf- α pourraient s'exercer. Ces pressions pourraient être liées aux communautés d'helminthes, celles-ci étant plus diversifiées en forêt et très différenciées des communautés observées en bocage. Les forts niveaux d'expression de Tnf- α observés en bocage pourraient en revanche être liés à la plasticité phénotypique. L'analyse des fréquences alléliques du promoteur du gène Tnf- α devrait nous permettre de répondre à cette question.

Contact : Emmanuel Guivier - UMR CBGP - Montferrier sur Lez - guivier@supagro.inra.fr

Session 11 : Ecologie moléculaire : Analyse de la sélection dans les populations naturelles et de l'adaptation

Candidate gene variation along an altitudinal gradient in *Fagus sylvatica*

Hadrien Lalagüe - Bruno Fady - Pauline Garnier-Géré - Santiago González-Martínez - Yao-Cheng Lin - Sylvie Oddou - Muratorio - Federico Sebastiani - Giovanni Vendramin

Beech forests (*Fagus sylvatica* L.) cover about 12 million hectares in Europe. Beech wood is much appreciated worldwide so that many beech forests are regularly harvested for timber production. Apart of its economical importance, European beech has also a major role in soil preservation and water cycles, which makes this species a target of ecologically-minded conservation. In order to confront the observed and predicted climatic trends, beech populations will have to adapt in situ and/or to migrate to higher latitudes/altitudes, or to rely on plasticity. Except in the southern part of Europe where beech seems to suffer of drought, beech groves are expanding their distribution range. Altitudinal gradients are therefore interesting models to study the relative importance of adaptation and gene flow in response to climate. This study is part of a project aiming at investigating variation at candidate genes related to cold and drought tolerance in *Fagus sylvatica* along an altitudinal gradient on Mont Ventoux Evoltree ISS. Here we present our strategy for the identification and selection of putative candidate genes involved in the response to abiotic stress in beech. About 40.000 ESTs, sequenced within the European Network of Excellence "EVOLTREE", have been processed. Different strategies were adopted to select the genes. Some hundreds primer pairs were designed and tested for amplification and polymorphism. Polymorphisms at the selected genes are then genotyped to estimate level and distribution of diversity within a population sampled along an altitudinal gradient and to dissect the role of selective pressures and demographic dynamics in European beech.

Contact : Hadrien Lalagüe - INRA-URFM - Avignon - hadrien.lalague@avignon.inra.fr

Session 11 : Ecologie moléculaire : Histoire de la différenciation adaptative et spéciation

Un test de l'hypothèse de spéciation écologique basé sur la combinaison d'une inférence démographique et d'une approche de génomique de l'adaptation

Xavier Vekemans - Camille Roux - Vincent Castric - Maxime Pauwels - Pierre Saumitou-Laprade

Un mécanisme de spéciation est considéré comme «écologique» quand les barrières au flux génique entre deux entités apparaissent comme une conséquence directe ou indirecte d'une sélection agissant de manière différentielle sur des traits phénotypiques associés à des environnements contrastés. En cours de spéciation, le mécanisme de spéciation écologique peut être détecté au travers de l'observation d'une différenciation génomique en mosaïque entre les deux entités, avec une plus forte différenciation dans les régions génomiques proches des QTLs de l'adaptation environnementale. Après l'installation de fortes barrières au flux génique, cependant, ce patron génomique disparaît et il devient difficile d'identifier une signature de spéciation écologique. Nous proposons une approche originale pour identifier un processus de spéciation écologique, basée d'une part sur une approche de génomique des populations permettant d'inférer un modèle démographique de spéciation, et d'autre part sur une approche de génomique de l'adaptation permettant de confronter ce modèle démographique à l'histoire évolutive de locus potentiellement responsables d'une différenciation écologique. Les deux espèces végétales sœurs *Arabidopsis lyrata* et *Arabidopsis halleri* (Brassicaceae) présentent des différences fondamentales en termes de tolérance et d'hyperaccumulation de métaux lourds dans les parties aériennes, ces propriétés étant apparues de manière spécifique dans la lignée menant à *A. halleri*. A partir de données de polymorphismes nucléotidiques pour une trentaine de locus chez les deux espèces, nous avons testé plusieurs modèles démographiques au travers d'une approche ABC, et avons estimé l'âge de l'évènement de spéciation et l'étendue de la période de flux génique qui a suivi. Par ailleurs, nous avons déterminé l'histoire évolutive de deux sous-familles de gènes impliquées dans les phénomènes d'adaptation aux sites riches en métaux lourds, et repérées par cartographies QTL suivies d'études fonctionnelles. Ces deux sous-familles montrent un processus d'amplification génique lié à plusieurs évènements de duplication spécifiques à la lignée halleri. Leur datation montre que la phase d'amplification génique pour chacune d'elles est contemporaine à l'évènement de spéciation et suggère donc fortement que le mécanisme de spéciation est de type «écologique», en association avec la colonisation de milieux riches en métaux lourds.

Contact : Xavier Vekemans - CNRS - Université Lille 1 GEPV - Lille - xavier.vekemans@univ-lille1.fr

Session 11 : Ecologie moléculaire : Histoire de la différenciation adaptative et spéciation

Isolement et flux de gènes : l'histoire de la spéciation des souris domestiques européennes inférée par une méthode ABC

Ludovic Duvaux - Matthieu Boulesteix - Khalid Belkhir - Pierre Boursot

Récemment, des efforts importants ont été produits afin de tester l'hypothèse complexe de spéciation en présence de flux de gènes, processus qui s'oppose au modèle classique de spéciation en allopatrie stricte. Les progrès des méthodes inférant l'histoire démographique des populations nous ont permis d'incorporer cette complexité en déterminant non seulement l'occurrence mais également l'âge des événements de migration, ces derniers pouvant être reliés à la géographie de la différenciation des espèces. Les deux sous-espèces européennes de souris domestiques (*Mus musculus domesticus* et *M. m. musculus*) sont supposées avoir divergé en allopatrie puis avoir colonisé l'Europe avant d'y former une étroite zone hybride secondaire. Le flux de gènes limité à travers celle-ci témoigne de la présence d'un isolement reproductif partiel lié à des incompatibilités génétiques et donc à un début de spéciation. L'histoire et la géographie de leur différenciation sont cependant peu connues. Nous avons utilisé une méthode ABC (Approximate Bayesian Computation) pour analyser la variation nucléotidique de 64 locus autosomaux. Nous avons ainsi comparé huit scénarios démographiques intégrant la modélisation explicite de la présence de migration mais aussi de sa date. Les probabilités postérieures des modèles rejettent clairement les scénarios d'isolement strict ou de migration continue. Au contraire, elles soutiennent fortement un modèle comprenant une longue période d'isolement d'au moins 700.000 générations précédant un contact secondaire initié aux alentours de 200.000 générations, donc bien avant la formation de la zone hybride européenne datée à quelques milliers d'années par l'archéologie. Nous ne pouvons trancher entre une migration intense mais limitée dans le temps et un flux au contraire modéré mais ininterrompu. Les deux sous-espèces ont connu une expansion démographique récente, sans que nous puissions toutefois la dater précisément. Interprétés géographiquement, ces résultats suggèrent qu'après une longue période d'isolement, les sous-espèces se sont probablement rencontrées secondairement selon toute vraisemblance en Iran. Après s'y être partiellement mélangées, elles auraient colonisé la Mésopotamie (*domesticus*) et le pourtour de la mer Caspienne (*musculus*), avant de migrer vers l'Europe selon deux voies distinctes. Bien que nos modèles ne nous permettent pas d'exclure une brève période d'isolement récente précédant l'expansion européenne, la plupart des incompatibilités se sont probablement accumulées durant la période initiale d'allopatrie, qui fut suffisamment longue pour permettre la fixation de nombreuses nouvelles mutations exclusives. En conséquence, le Moyen-Orient apparaît comme une région d'intérêt pour tester cette hypothèse et ainsi reconstituer l'histoire de l'apparition des incompatibilités et en découvrir la nature.

Contact : Ludovic Duvaux - CNRS - UMR 5554 ISEM - montpellier - ludovic.duvaux@univ-montp2.fr

Session 11 : Ecologie moléculaire : Histoire de la différenciation adaptative et spéciation

***Fucus vesiculosus* and *spiralis* species complex : a nested model of local adaptation at the shore level**

Emmanuelle Billard - Myriam Valero - Christophe Destombe - Ester Serrao - Gareth Pearson

Intertidal rocky shores provide classical examples of habitat-driven divergent selection. We show that the species complex *Fucus vesiculosus* L./ *F. spiralis* L. is composed of three distinct genetic entities that have evolved along different time scales. Using assignment tests based on microsatellite markers and performed on randomly sampled individuals in two separate geographic regions (Portugal and France) we reveal that *F. spiralis* consists of two genetic entities that have distinct vertical distributional patterns along the intertidal gradient of selective pressures. Individuals assigned to the cluster found higher on the shore are also morphologically different. They are smaller, bushy with dichotomous ramifications and no sterile rime around receptacles. Patterns of genetic divergence suggest different times and pathways to reproductive isolation. Divergence between *F. vesiculosus* and the *F. spiralis* complex seems to have occurred first, coinciding with divergence in reproductive mode, dioecy versus selfing hermaphroditism. Later, in the hermaphroditic lineage, parallel evolution of two co-occurring genetic clusters may have been driven by natural selection and facilitated by high selfing rates in the *F. spiralis* complex.

Contact : Emmanuelle Billard - CNRS UMR 6553 Ecobio, Univ Rennes1 - Rennes - emmanuelle.billard@univ-rennes1.fr

Session 11 : Ecologie moléculaire : Histoire de la différenciation adaptative et spéciation

Détection de la sélection naturelle chez une espèce peu polymorphe : rôle des Odorant Binding Protein dans l'adaptation de *Drosophila sechellia* à sa plante hôte

Delphine Legrand - Jean-Luc Da Lage - Daniel Lachaise - Marie-Louise Cariou

Identifier les mécanismes génétiques sous-jacents aux adaptations des espèces à leur environnement constitue un enjeu majeur en écologie évolutive. La génétique des populations, qui permet de détecter et caractériser les patrons de sélection observés au niveau du génome, est à cet effet un outil puissant et efficace. Chez *Drosophila sechellia*, espèce endémique strictement spécialisée sur les fruits toxiques du *Morinda citrifolia*, Matsuo et coll. (2007) ont démontré grâce à une étude de génétique fonctionnelle l'implication d'une région composée de deux gènes codant des Odorant Binding Protein (*obp57d* et *obp57e*) dans l'attraction de cette espèce pour sa plante-hôte. Le travail présenté ici vise à caractériser les patrons de sélection observés sur l'ensemble de cette région (gènes et régions régulatrices) à partir d'un échantillonnage représentatif de la distribution connue pour l'espèce. Malgré le très faible niveau de polymorphisme de *D. sechellia* à l'échelle du génome (Legrand et coll. 2009), nous avons pu détecter une sélection forte opérant sur *obp57d*, et un relâchement des contraintes sélectives au niveau d'*obp57e*. La comparaison des séquences de cette région avec celles obtenues pour les espèces sœurs du complexe *simulans*, *D. simulans* et *D. mauritiana*, montre un taux de substitutions non-synonymes particulièrement élevé pour *obp57e* ainsi qu'une divergence adaptative très marquée entre les trois espèces. Ces résultats sur le patron de sélection dans la région OBP étudiée confortent son rôle dans la spécialisation écologique de *D. sechellia* et contribuent à la compréhension des bases génétiques de cette adaptation complexe.

Contact : Delphine Legrand - UMR7179 et USR2936 (CNRS/MNHN) - Brunoy/Moulis - dlegrand@mnhn.fr

Session 11 : Ecologie moléculaire : Histoire de la différenciation adaptative et spéciation

Analyse de novo du transcriptome du bivalve marin *Macoma balthica* dans l'objectif d'un scan génomique de la différenciation adaptative

Audrey Rohfritsch - Vanessa Becquet - Nicolas Bierne - Pascale Garcia

L'identification de polymorphismes adaptatifs et la compréhension de l'impact de l'histoire démographique dans l'émergence et le maintien de l'adaptation locale sont des questionnements aujourd'hui fondamentaux. Les progrès récents dans le séquençage haut-débit des génomes sont susceptibles de faciliter l'identification des régions génomiques influencées par la sélection. L'exemple de *Macoma balthica* a été choisi pour étudier la différenciation adaptative dans les populations de très grandes tailles fortement connectées. Ce bivalve marin eurytherme présente en effet une grande aire de répartition, une diversité génétique élevée et des flux géniques importants. Son aire de répartition couvre un très vaste territoire de l'hémisphère nord entre 36° et 69° de latitude. Le présent projet cherche à identifier des traces d'adaptation chez cette espèce par un séquençage massif du transcriptome réalisé à l'aide des nouvelles technologies de séquençage haut-débit (pyroséquencage 454). Cette approche devrait permettre d'identifier des polymorphismes nucléotidiques (SNPs) à partir de l'assemblage des données puis de réaliser un scan génomique. Trois populations (Mer Baltique, Mer du Nord, Golfe de Gascogne; pool de 10 individus par population) soumises à des stress anthropiques d'intensité différente ont été séquencées (1 run 454 FLXTitanium). Après un premier tri, 600 000 séquences ont été assemblées. Environ 1700 contigs ont été sélectionnés en fonction de leur couverture moyenne et de leur taille. Ces contigs ont permis de détecter près de 9 000 SNPs dont 1820 présentent une bonne couverture. Cette liste de SNP sera affinée par l'annotation des contigs qui permettra, d'une part d'éliminer les séquences non spécifiques et d'autre part de localiser la position des introns. Enfin, la dernière étape consistera à génotyper avec les SNP sélectionnés, un plus grand nombre de populations qui devront être représentatives de conditions environnementales contrastées. Elles seront choisies parmi les 40 populations d'ores et déjà échantillonnées de la Gironde (France) à la Mer de Barentz (Russie).

Contact : Audrey Rohfritsch - Université de La Rochelle - LIENSs - La Rochelle - audrey.rohfritsch@univ-lr.fr

Session 12 : Interactions entre compartiments souterrains et aériens : interactions biotiques

Etudier les interactions épigée-hypogée pour unifier l'écologie ?

Sébastien Barot - Diana Noguera - Kam-Rigne Laossi

L'écologie des sols s'est énormément développée ces dernières années du fait de la mise au point d'outils d'investigation de plus en plus fins (outils moléculaires, marquage...etc) et du fait des enjeux importants liés à l'usage durable des sols en agriculture et à la nécessité de stocker du carbone pour réduire les changements climatiques. Cependant, on peut penser que l'écologie des sols n'a pas développé assez de liens avec le reste de l'écologie, l'écologie théorique et l'écologie évolutive (voir par exemple Barot *et al.* 2007, PLoSOne). Un champ de recherche important s'est pourtant fortement développé depuis une dizaine d'années : l'étude des relations épigée-hypogée. Ce domaine, en mettant en évidence l'interdépendance, en grande partie liée aux plantes, entre ce qui se passe dans le sol et au-dessus du sol, est en train de contribuer à rapprocher l'écologie générale de l'écologie des sols et conduit à de nombreuses nouvelles questions et possibilités d'application. Partant de ces constats, la présentation décrira brièvement les principaux mécanismes liant les compartiments hypogés et épigés des écosystèmes : apports de litière par les plantes et recyclage de la MO dans le sol, contrôle du recyclage des nutriments, exsudats racinaires, état physiologique de la plante, modification de l'état physiologique des plantes par les interactions biotiques, molécules signaux...etc. Dans un deuxième temps et pour illustrer ces interactions, seront présentés différents résultats originaux visant à remettre en perspective la relation plante-vers de terre: (1) Les vers n'augmentent pas seulement l'accumulation de biomasse chez les plantes mais aussi l'allocation de leurs ressources. (2) En liaison avec le point précédent, les vers modifient la démographie des plantes et les hiérarchies compétitives entre les plantes d'une communauté. (3) Les vers peuvent ainsi représenter une pression de sélection pour les plantes. (4) Enfin, un modèle suggère que certains traits permettant aux vers d'augmenter la croissance des plantes ont pu être sélectionnés au cours de l'évolution. Ces résultats confirment l'intérêt d'aborder l'étude des relations épigée-hypogée avec une optique intégrant l'écologie fonctionnelle, l'écologie des populations et des communautés et l'écologie évolutive.

Contact : Sébastien Barot - IRD - Paris : sebastien.barot@ird.fr

Session 12 : Interactions entre compartiments souterrains et aériens : interactions biotiques

Influence du changement de qualité de litière sur les communautés édaphiques le long d'une chronoséquence

Gabriel Perez - Thibaud Decaëns - Matthieu Chauvat

Les systèmes épigés et endogés ont longtemps été considérés comme isolés l'un de l'autre. Aujourd'hui, il est reconnu que ces systèmes sont intimement liés et que leurs interactions jouent un rôle primordial dans le contrôle des processus écologiques. Néanmoins, la dynamique de ces systèmes a souvent été éludée au profit d'études statiques alors même que cette notion est indissociable des systèmes vivants. D'une part, le système épigé fournit la matière organique nécessaire au fonctionnement des réseaux trophiques du système endogé. D'autre part, les biotes du sol contrôlent la structure et la composition des assemblages végétaux, par exemple via la régulation de la mise à disposition des éléments minéraux. L'objectif de cette étude est de mettre en évidence la dynamique des systèmes épigés - endogés au cours d'une chronoséquence comprenant cinq stades successifs (pelouse rase, brachypodaie, pelouse piquetée, fourré et forêt). Au sein de chaque stade nous avons caractérisé le système endogé (facteurs abiotiques et biotiques). La dynamique observée du système épigé (biomasse, richesse spécifique végétale et qualité des litières aériennes et souterraines) s'accompagne d'importants changements du système endogé. Le long de la succession, nous observons une forte diminution du taux de carbone organique, de la biomasse microbienne ($0,63 \text{ mg-Cbm g}^{-1}$ au stade à $0,31 \text{ mg-Cbm g}^{-1}$) ainsi que du taux d'ergostérol ($1,46E-02 \text{ mg-Ergo g}^{-1}$ à $5,16E-03 \text{ mg-Ergo g}^{-1}$). La diversité fonctionnelle bactérienne augmente progressivement des premiers stades aux stades de colonisation ligneuse (facteur de 3) puis diminue vers les stades ligneux. L'analyse des communautés de collemboles par indice de dissimilarité (Bray-Curtis) nous permet d'observer une hiérarchisation des communautés en fonction des stades avec une séparation dichotomique des stades ouverts et des stades fermés. Nous retrouvons la même dichotomie pour les groupes fonctionnels bactériens avec en plus une séparation nette du premier stade des autres stades. Ces modifications structurelles au niveau des communautés s'accompagnent de forts changements fonctionnels influençant la dynamique successione. La variation de composition de litière (aérienne et souterraine) au cours de la succession, avec un enrichissement progressif en matière organique récalcitrante, entraîne un changement des éléments qui transitent au sol et ainsi impacte la structure et le fonctionnement des communautés biotiques. Ainsi, les systèmes épigés et endogés semblent s'influencer mutuellement le long de la succession végétale par une modification des flux de matières. Les études visant à comprendre et à modéliser la cinétique successione des écosystèmes doivent intégrer la co-dynamique entre système épigé et endogé.

Contact : Gabriel Perez - Laboratoire d'Ecologie-UPRES EA 1293 ECODIV - Mont Saint Aignan : gabriel.perez@etu.univ-rouen.fr

Session 12 : Interactions entre compartiments souterrains et aériens : interactions biotiques

Influence de la qualité de la litière sur le fonctionnement microbien du sol en forêt tropicale guyanaise

Nicolas Fanin - Sandra Barantal - Stephan Hättenschwiler - Heidi Schimann - Nathalie Fromin

En forêt tropicale, où les sols sont très âgés et pauvres en nutriments, les litières végétales représentent la source majeure de nutriments et de carbone pour les microorganismes du sol. De plus, la très grande diversité végétale (jusqu'à 150 essences par hectare sur notre site d'étude) implique une forte hétérogénéité de la composition, et donc de la qualité de la litière arrivant au sol, engendrant une large gamme de substrats pour les communautés de décomposeurs. La théorie de la stœchiométrie écologique prédit que les ratios entre C, N et P des substrats contraignent les réseaux trophiques et les processus écosystémiques tels que la décomposition de ces substrats. Au cours de ce travail, nous avons cherché à comprendre comment la qualité de la litière influence la respiration hétérotrophe (microbienne) du sol sous-jacent. Nous avons recueilli en forêt tropicale guyanaise 225 couples d'échantillons de litière et de sol sous-jacent, répartis en 5 blocs sur une zone d'environ 2,5 ha. Nous avons regardé si la qualité de la litière (formes de carbone, contenus en C, N, P et leurs ratios) influençait la respiration microbienne (par respiration substrat-induite, SIR) du sol sous-jacent. Les résultats montrent une large variation spatiale dans les taux de SIR en partie expliquée à la fois par le contenu en P, et dans une moindre mesure en N et C des litières, et par les formes de carbone plus ou moins facilement décomposable (48% de la variabilité de la SIR expliquée par le meilleur modèle en régression multiple). Par contre, les ratios C:nutriments de la litière n'étaient pas corrélés à la SIR, leur influence pouvant être masquée par l'accessibilité des différentes formes de carbone. Cette étude montre que la respiration hétérotrophe du sol, au même titre que la décomposition, est contrainte par la qualité de la litière arrivant au sol.

Contact : Nicolas Fanin - CEFE - Montpellier - nicolas.fanin@cefe.cnrs.fr

Session 12 : Interactions entre compartiments souterrains et aériens : interactions biotiques

Espèces subordonnées et champignons mycorhiziens : symbiose préférentielle ?

Pierre Mariotte - Claire Meugnier - Edward Mitchell - Alexandre Buttler

Les communautés végétales sont composées d'espèces dominantes et subordonnées avec une hiérarchie bien définie dans laquelle les organismes du sol, et plus particulièrement les champignons mycorhiziens arbusculaires (AMF) jouent un rôle fondamental. Dans les communautés de pâturage, 80% des espèces végétales sont colonisées par ce type de champignons (10 à 30 espèces). Des études récentes montrent que les espèces subordonnées seraient les plus dépendantes de la symbiose mycorhizienne pour leur croissance. Cette interrelation entre espèces végétales et organismes du sol pourrait donc contribuer fortement au bon fonctionnement de l'écosystème. Le but de notre expérience est d'évaluer le rôle des AMF dans la croissance des espèces subordonnées et dominantes et de mettre en évidence la symbiose préférentielle possible entre espèces subordonnées et ce type de champignons. Deux espèces dominantes et deux espèces subordonnées, définies comme telles sur le terrain (Jura Suisse, 1400 m), seront mises en culture dans un substrat stérilisé avec toutes les combinaisons possibles d'espèces deux à deux, y compris monoculture. Ces combinaisons d'espèces seront reproduites deux fois avec une moitié des pots inoculée avec *Glomus intraradices*, l'autre moitié servant de témoin. Des mesures de biomasse aérienne et racinaires et du taux d'infestation racinaire par le champignon mycorhizien seront effectuées. Les résultats de cette expérience permettront d'observer l'impact des AMF sur la compétition entre les espèces dominantes et subordonnées mais aussi d'évaluer le rôle des AMF sur la croissance végétale et les interactions préférentielles entre le champignon et les quatre espèces de plantes. Notre étude permettra de mieux comprendre le rôle des champignons mycorhiziens dans la structure des communautés végétales et leur implication dans les phénomènes de compétition et facilitation entre espèces dominantes et subordonnées.

Contact : Pierre Mariotte - Ecole polytechnique fédérale de Lausanne & Institut de recherche fédérale WSL - Lausanne - pierre.mariotte@epfl.ch

Session 12 : Interactions entre compartiments souterrains et aériens : interactions biotiques

Les vers de terre agissent sur les plantes par l'intermédiaire de molécules signal

Manuel Blouin - Ruben Puga-Freitas

Les vers de terre représentent la biomasse animale la plus importante dans le compartiment endogé de la plupart des écosystèmes terrestres. D'après deux revues de plus de 250 expériences, les vers de terre favorisent la croissance des plantes dans 80% des cas. Toutefois, les vers induisent de nombreuses modifications physiques, chimiques et biochimiques dans un sol, et il est difficile de déterminer quel type de modification est responsable de l'effet bénéfique sur les plantes. Est-ce la modification de la structure physique du sol par la création de galeries et le dépôt de déjections (effet organisme ingénieur), l'accroissement de minéralisation de la matière organique qui libère des nutriments pour la plante (effet trophique) ou la production de composés proches des hormones végétales dans les déjections des vers de terre (signalisation) ? Cette question de la diversité des mécanismes par lesquels les organismes peuvent interagir est peu abordée en écologie, qui focalise généralement sur la diversité des espèces ou des groupes fonctionnels. Au cours des dernières années, nous avons obtenu des résultats originaux démontrant que l'hypothèse de la signalisation via des molécules proches des hormones végétales semble la plus probable. Dans des dispositifs de culture *in vitro* où les effets « organisme ingénieur » et « trophique » peuvent être écartés, nous avons montré que les déjections de vers de terre ont un effet significatif sur la croissance de plusieurs espèces de plantes, ce qui soutient l'idée de l'implication de molécules signal. Une analyse transcriptomique, permettant d'étudier l'expression de l'ensemble des gènes d'*Arabidopsis thaliana*, révèle que les gènes dont l'expression est modifiée sont principalement impliqués dans la réponse à l'application d'hormones exogènes, à des microorganismes ou à des stress abiotiques, ces deux derniers cas mettant bien souvent en branle des mécanismes hormonaux. Enfin, des mutants d'*Arabidopsis thaliana* pour deux gènes impliqués dans le transport d'auxine ont un phénotype nain qui est reverté en présence de vers de terre, suggérant que ces derniers compensent le déficit d'auxines dans les racines par un apport exogène. Les implications de ces résultats sur la façon d'aborder les relations entre organismes épigés et endogés sont discutées.

Contact : Manuel Blouin - UMR Bioemco - Créteil - blouin@u-pec.fr

Session 13 : Interactions entre compartiments souterrains et aériens : rôle de la diversité fonctionnelle

Carbon rhizodeposition by plants of contrasting strategies for resource acquisition: responses to various nitrogen fertility regimes

Florence Baptist - Iker Aranjuelo - Luis Lopez-Sangil - Sonia Ba forné - Pere Rovira - Salvador Nogues

Rhizodeposition by plants is one of the most important physiological mechanisms related to carbon and nitrogen cycling which is also believed to vary along the acquisition-conservation continuum. However, owing to methodological difficulties (i.e. narrow zone of soil around roots and rapid assimilation by soil microbes), root exudation and variations between species are one of the most poorly understood below ground process. Although previous approaches such as hydroponic culture based system, permit the chemical analysis of exudates, the fact that this protocol is qualitative, conditions its utility (see review in Phillips *et al.* 2008). New techniques based on pulse-labelling approach have been developed to quantify rhizodeposition but are rarely sufficient to uniformly label all plant inputs to soil with the consequent comparative limitation in studies of rhizodeposition fluxes at the interspecific level. In this study we developed a new protocol based on a long-term (3 months) steady state ^{13}C labelling in order (1) to quantify rhizodeposition fluxes for five graminoid species characterized by contrasted nutrient acquisition strategies and (2) to investigate to what extent various level of nitrogen fertility regimes modulate rhizodeposition fluxes. This method enabled the quantification, under natural soil conditions, of both the accumulation of ^{13}C in the soil and the quantity that has been respired by the micro-organisms during a given time. This information provides an integrated picture of rhizodeposition fluxes for each species under each nitrogen fertility level. Preliminary results indicate that in bare soil samples neither soil K_2SO_4 -extracted organic C nor microbial biomass display ^{13}C enrichment in contrast to samples with plants. Hence, they suggest that atmospheric CO_2 binding via microbial PEPcarboxylase reaction was null or extremely low. Microbial respiratory activity was very well related to root metabolic activity for all species studied and the total amount of ^{13}C respired by the micro-organisms was highly correlated to root biomass. However no relationship between the amounts of ^{13}C respired by the micro-organisms and plant nutrient acquisition strategies was observed suggesting that rhizodeposition is more dependant over root turnover and the fraction of young vs. old roots than over variations in specific root rhizodeposition (per root dry weigh). Finally, the amount of ^{13}C respired by the micro-organisms (per root dry weigh) was significantly reduced by fertilization suggesting a lower plant carbon allocation toward below ground compartment under high soil fertility. Final results are currently being processed and will be presented at the conference.

Contact : Florence Baptist - Departament de Biologia Vegetal, Universitat de Barcelona - Barcelone - florence.baptist@ub.edu

Session 13 : Interactions entre compartiments souterrains et aériens : rôle de la diversité fonctionnelle

Réponse morphologique et physiologique de trois espèces prairiales à l'hétérogénéité de la répartition des ressources N et S du sol

Romain Guillemin - Emmanuelle Personeni - Philippe Laîné - Sylvain Diquélou

L'hétérogénéité de la répartition des nutriments dans le sol est la règle dans les écosystèmes. Pour y répondre, les plantes développent une plasticité racinaire, tant morphologique (prolifération locale) que physiologique (capacité d'absorption par unité de longueur). L'importance relative de ces deux plasticités dépend de l'espèce et des nutriments impliqués. Il a été suggéré que les espèces à fort taux de croissance présenteraient une plus forte plasticité morphologique que les espèces à faible taux de croissance, qui présenteraient une plus forte plasticité physiologique. Une autre hypothèse envisage un compromis entre la taille du système racinaire et la capacité à prospecter des zones riches en nutriments: des espèces conservatives au système racinaire restreint prospecteraient plus précisément que des espèces exploitatives au système racinaire développé. La plupart des études ont considéré la répartition de l'azote (N) et/ou du phosphore, montrant une interaction de leurs disponibilités respectives dans la réponse des espèces. Aucune n'a considéré le soufre (S), élément constitutif des protéines et de nombreux métabolites secondaires, dont l'assimilation est coordonnée à celle du N, alors que sa disponibilité dans les sols cultivés et prairiaux est en forte diminution. Le but de cette étude est de quantifier, au cours de leur croissance, les plasticités morphologique et physiologique racinaires de trois espèces prairiales de stratégies contrastées (*Lolium perenne*, *Agrostis capillaris* et *Poa pratensis*) face à une répartition hétérogène en azote et soufre, en considérant trois conditions : forte disponibilité (i) en N, (ii) en S, (iii) en N et S. Des cultures monospécifiques en mésocosmes ont été réalisées sur sol pauvre pendant 8 semaines. Des fertilisations N-S, N ou S ont été apportées toutes les semaines sous forme marquée (^{15}N , ^{34}S) et réparties de façon homogène (contrôle) ou hétérogène. L'absorption de ces éléments a été suivie en dynamique parallèlement au suivi des traits racinaires (RLD, SLR, ...) et aériens. Un effet positif d'une fertilisation combinée N-S est mesuré pour toutes les espèces sur l'ensemble des traits morphologiques considérés. *L. perenne* et *A. capillaris* présentent la plus forte dynamique de prospection racinaire dans la zone enrichie en nutriments, en particulier N+S et N. L'absorption de ^{15}N et de ^{34}S par unité de longueur racinaire est plus importante lorsque les ressources sont réparties de manière hétérogène. Les valeurs d'absorption de ^{15}N et de ^{34}S diminuent au cours du temps alors que la longueur racinaire augmente, suggérant une modification de la stratégie d'acquisition des ressources.

Contact : Romain Guillemin - Université de Caen - Basse-Normandie, UMR INRA UCBN 950 EVA - Caen
romain.guillemin@yahoo.fr

Session 13 : Interactions entre compartiments souterrains et aériens : rôle de la diversité fonctionnelle

Nitrate, or not Nitrate: that is the question

Simon Boudsocq - Audrey Niboyet - Jean-Christophe Lata - Xavier Raynaud - Nicolas Loeuille - Jérôme Mathieu - Manuel Blouin - Luc Abbadie - Sébastien Barot

La nutrition azotée des plantes a été très étudiée et ce, sous de nombreux aspects. Cependant nous connaissons mal l'importance écologique de l'affinité des plantes pour l'ammonium et le nitrate. Dans ce travail sont étudiées les conséquences de cette préférence sur les propriétés des écosystèmes, ainsi que sur la structure des communautés de plantes qui les composent. Grâce à une version modifiée d'un modèle utilisé initialement pour prédire les conséquences de l'inhibition biologique de la nitrification par des plantes sur les propriétés d'un écosystème, il est montré que l'affinité des organismes végétaux pour l'ammonium vis-à-vis du nitrate peut influencer leur biomasse, ainsi que la productivité végétale et la taille des pools de nutriments minéraux. De plus, l'analyse du modèle montre qu'il existe une affinité des plantes pour l'ammonium vis-à-vis du nitrate qui maximise la biomasse et la productivité primaire tout en réduisant au minimum la quantité d'azote minéral perdue par le système. Cette affinité optimale varie en fonction de différents paramètres environnementaux, tels que les dépôts atmosphériques d'ammonium et de nitrate, le taux de nitrification et le taux de perte de nitrate de l'écosystème considéré. Ce modèle montre également que la coexistence est possible entre deux espèces ayant des affinités suffisamment contrastées pour l'ammonium et le nitrate, et que la capacité d'une espèce à inhiber ou stimuler la nitrification influence l'issue d'une compétition avec une autre plante pour l'azote minéral. Il est ici démontré que la préférence des plantes pour l'ammonium vis-à-vis du nitrate est un trait biologique qui peut avoir d'importantes conséquences, à la fois sur les propriétés des écosystèmes et sur la structure des communautés. Une meilleure compréhension des mécanismes qui contrôlent cette préférence pourrait par exemple permettre de prédire l'impact des changements globaux sur les écosystèmes, et pourrait constituer un outil précieux pour la gestion des systèmes agricoles.

Contact : Simon Boudsocq - UMR 7618 - CNRS - Paris - boudsocq@biologie.ens.fr

Session 13 : Interactions entre compartiments souterrains et aériens : rôle de la diversité fonctionnelle

Rôle des traits fonctionnels sur la vitesse de décomposition des racines fines de 18 espèces herbacées. Couplage entre fonctionnement racinaire et foliaire

Marine Birouste - Elena Kazakou - Alain Blanchard - Catherine Roumet

Le processus de décomposition racinaire est un processus majeur du fonctionnement des écosystèmes puisque les racines peuvent représenter plus de 80 % de la biomasse de la plante et sont directement au contact des organismes décomposeurs. Pourtant les études concernant la décomposition des racines sont rares comparées à celles de décomposition des feuilles. L'objectif de notre étude est d'analyser la variabilité interspécifique de la décomposition des racines fines et de tester l'existence d'un couplage entre décomposition racinaire et aérienne. Plus spécifiquement, nous avons étudié (1) la vitesse de décomposition potentielle, ou décomposabilité, des racines fines de 18 espèces herbacées méditerranéennes différant de par leur statut successional, leur type biologique (annuelle ou pérenne) et leur groupe taxonomique ; (2) l'impact de la composition chimique et des traits morphologiques des racines sur leur décomposabilité ; (3) l'existence d'un patron commun entre traits racinaires et foliaires, décomposabilité des racines fines et des feuilles en comparant nos résultats avec ceux obtenus sur les feuilles des mêmes espèces par Kazakou *et al.* (2009). La décomposabilité racinaire varie d'un facteur 5 entre les espèces, mais ne change pas en fonction du statut successional des espèces ou de leur type biologique. En revanche, les racines des Poaceae et des Lamiaceae décomposent moins vite que celles des Asteraceae et des Fabaceae. La variabilité interspécifique de décomposabilité s'explique par des différences de traits chimiques entre espèces et non par des différences de traits morphologiques. La vitesse de décomposabilité est corrélée positivement avec la concentration en composés solubles et en phosphore et négativement avec la concentration en cellulose des racines. Nos résultats mettent en évidence un contraste entre les traits morphologiques et chimiques. Les traits morphologiques varient en fonction du stade de succession ou type biologique de l'espèce et donc de sa stratégie écologique (acquisition ou conservation des ressources) tandis que les traits chimiques influencent le processus de décomposabilité racinaire. L'analyse des relations entre traits analogues des racines et des feuilles montre un fort couplage entre fonctionnement aérien et racinaire : les décomposabilités racinaire et foliaire sont positivement corrélées, ainsi que plusieurs autres traits liés à la composition chimique (concentrations en composés solubles, hémicellulose et cellulose), à la morphologie (surface spécifique racinaire/foliaire) et à la durée de vie des tissus.

Contact : Marine Birouste - CNRS-CEFE - Montpellier - marine.birouste@club-internet.fr

Session 13 : Interactions entre compartiments souterrains et aériens : rôle de la diversité fonctionnelle

Une approche fonctionnelle pour l'estimation des vitesses de décomposition des racines

Maurice Aulen - Bill Shipley

Dans un contexte de changement climatique, ce projet vise à améliorer les connaissances et les capacités de prédiction des taux de décomposition des racines, compartiment intermédiaire entre la plante et le sol. Le taux de décomposition des racines influe directement l'apport de carbone depuis la plante vers la matière organique du sol. Une approche comparative et fonctionnelle d'estimation des taux de décomposition des racines, basée sur les caractéristiques morphologiques et biochimiques de chaque espèce, est testée ici, afin de dépasser les barrières taxonomiques. Cette étude de décomposition racinaire de 10 espèces ligneuses sylvoles est basée sur une méthode, où les racines sont collectées sous forme de carotte de sol. Elles sont mises à décomposer intactes dans un tube plastique scellé aux extrémités par du microfilet, et leurs biomasses initiales sont estimées par une carotte voisine. Cette méthode a été choisie pour se rapprocher au maximum des conditions *in situ*. La cinétique de la relation allométrique entre la biomasse et la longueur totale des racines laisse ressortir 2 tendances majeures : (i) les espèces à faibles longueurs spécifiques racinaires (SRL en $m \cdot g^{-1}$) montrent d'abord une perte de biomasse, puis une perte de longueur ; (ii) les espèces à fortes SRL montrent plutôt une perte conjointe de longueur et de biomasse dès les premiers stades de décomposition. Les résultats d'analyses en composantes principales pour 6 traits biochimiques racinaires sur ces arbres montrent une ségrégation assez nette entre les espèces des 2 tendances expliquées ci-dessus. L'évolution des traits biochimiques au cours de la décomposition semble montrer une influence particulière des microorganismes, pouvant même contredire certains résultats prédits par les traits fonctionnels. Ainsi, les caractéristiques morphologiques et les traits biochimiques des racines semblent jouer un rôle important au cours des étapes de la décomposition, dans la dynamique de perte de biomasse et de fragmentation racinaire. Cependant, les microorganismes de la rhizosphère semblent pouvoir inverser les prédictions de vitesse et de qualité des litières racinaires fournies au sol.

Contact : Maurice Aulen - Université de Sherbrooke - sherbrooke - Maurice.Aulen@USherbrooke.ca

Session 13 : Interactions entre compartiments souterrains et aériens : rôle de la diversité fonctionnelle

Les interactions plantes / litières en forêt tropicale : une expérience en serre en Guyane Française

Sylvain Coq - Jean Weigel - Olaf Butenschoen - Damien Bonal - Stephan Hättenschwiler

Les sols tropicaux sont généralement très anciens et intensément lixiviés. Les faibles réserves en nutriments de ces sols constituent donc une forte contrainte pour les plantes, qui dépendent étroitement de la libération de nutriments qui accompagne la décomposition des litières. Ainsi, les facteurs contrôlant la décomposition des litières sont supposés exercer également un contrôle sur la nutrition et la croissance des plantes. Cependant, l'impact sur les plantes de la décomposition de litières de qualité variée, et plus encore de mélanges plurispécifiques, est très peu étudié. Dans une expérience en serre réalisée en Guyane Française pendant 435 jours, nous avons étudié les interactions entre les plantules de quatre espèces d'arbres tropicaux et différents mélanges des litières de ces arbres. Les différentes espèces de litières ont montré des dynamiques de décomposition contrastées. Le fait de mélanger les litières a engendré un ralentissement de la perte en masse de ces mélanges d'espèces, suggérant l'apparition de d'interactions antagonistes entre espèces. A l'inverse de la perte en masse, la libération d'azote par les litières a été, suivant les cas, positivement ou négativement affectée par la diversité des litières. Par contre, la décomposition des litières n'a généralement été que faiblement influencée par la présence de plantes, bien que les racines de l'une des espèces de plantules, semblent inhiber ce processus. La présence des litières n'a pas favorisé les plantes, et a même parfois eu une influence négative sur celles-ci. En particulier, Goupia semble avoir été inhibé par la présence de ses propres litières. Collectivement, nos résultats montrent des interactions complexes et souvent négatives entre litières et plantules, suggérant la possible implication de composés secondaires au cœur de ces antagonismes.

Contact : Sylvain Coq - CEFE/CNRS - Montpellier - sylvain.coq@gmail.com

Session 14 : Décrire et comprendre les interactions au sein de l'écosystème marin

Quand l'écologie trophique domine : des modèles pour évaluer les impacts écosystémiques de la pêche

Didier Gascuel

Dans la plupart des écosystèmes marins exploités, la pêche induit aujourd'hui une division par 5 ou 10 de l'abondance des prédateurs supérieurs. Via les réseaux trophiques, ces changements d'abondance ont des répercussions sur l'ensemble des compartiments biologiques des écosystèmes et finalement sur leur productivité, leur biodiversité ou leur résilience. Pour évaluer ces impacts, les modèles développés depuis une dizaine d'années par les chercheurs en écologie halieutique sont d'abord et avant tout des modèles de fonctionnement trophique. En s'appuyant sur différents exemples d'application, on illustre ici le principe, l'intérêt et les limites de 3 de ces modèles : le standard EwE (Ecopath with Ecosim) basé sur une modélisation déterministe des flux trophiques entre les différents compartiments de l'écosystème ; le modèle individus-centré Osmose fondé sur une hypothèse de comportement trophique opportuniste entre bancs de poissons ; et le modèle ET (EcoTroph) dans lequel la notion même d'espèce disparaît au profit d'une modélisation globale du flux de matière, des bas vers les hauts niveaux trophiques. L'exemple de la Guinée permet de montrer comment les modèles peuvent être utilisés pour établir un diagnostic de l'impact de la pêche à l'échelle de l'écosystème. Dans un contexte de très rapide accroissement de la pression de pêche, les modèles EwE et ET mettent en évidence les changements intervenus depuis 25 ans, avec notamment : la surexploitation croissante des hauts niveaux trophiques, des modifications de distribution des biomasses entre compartiments trophiques et une forte baisse de la biodiversité fonctionnelle. Dans le cas de l'écosystème du Benguela (Afrique du Sud), les modèles EwE et Osmose ont été utilisés pour analyser plus en détail les effets conjoints de la pêche et du climat sur les réseaux trophiques. Il a par exemple été montré que la pêche pouvait induire des changements de chaînes trophiques, certaines chaînes étant favorisées au détriment d'autres. Les trois modèles ont également été utilisés pour simuler différents scénarios de pêche et analyser leur impact sur l'écosystème. Enfin, à partir de 2 exemples (Port Cros en France et le Bolon de Bamboung au Sénégal), on montre comment les modèles trophiques permettent de quantifier l'effet des Aires Marines Protégées sur l'abondance et la diversité fonctionnelle des ressources marines. Globalement, les modèles trophiques permettent aujourd'hui d'analyser et mieux comprendre les principaux effets écosystémiques de la pêche. Sous réserve d'un développement des systèmes d'observation *in situ*, ils devraient à l'avenir constituer des outils stratégiques pour une gestion intégrée des écosystèmes marins.

Contact : Didier Gascuel - Pôle halieutique Agrocampus Ouest - Rennes - Didier.Gascuel@agrocampus-ouest.fr

Session 14 : Décrire et comprendre les interactions au sein de l'écosystème marin

Modélisation de réseaux d'AMP appliquée au processus d'implémentation d'AMP en Californie, USA

David Kaplan

En 1999, la Californie a avancé la cause d'aires marines protégées (AMP) aux États-Unis avec une loi demandant la création d'un réseau d'AMP tout le long de la côte de l'état. Aujourd'hui, le réseau d'AMP en Californie est déjà un des réseaux le plus grand du monde, et il ne cesse pas de s'agrandir. Cependant, jusqu'à 2006 le réseau n'existait pas du tout. Entre 1999 et 2006 : 8 ans et une bonne histoire d'échec, intrigue politique, réussite et... un peu de science. Pour contribuer à ce processus d'implémentation d'AMP, nous avons développé des modèles simples et parcimonieux pour évaluer l'effet du réseau sur la persistance. Ces modèles intègrent les processus principaux nécessaires pour estimer les effets d'AMP, notamment la pêche, la distribution d'habitats, croissance et reproduction, et la dispersion larvaire, mais ils restent appropriés dans des situations de données très limitées. Dans un contexte politique très complexe et parfois conflictuel, nous avons utilisé les sorties de ces modèles sur la persistance de populations pour donner des conseils sur la structure de l'éventuel réseau, conseils qui, en combinaison avec une gamme très variée d'informations complémentaires, ont contribué directement à l'implémentation du réseau actuel.

Contact : David Kaplan - UMR 212 EME, IRD - Montpellier - David.Kaplan@ird.fr

Session 14 : Décrire et comprendre les interactions au sein de l'écosystème marin

Modélisation des interactions ressources-habitats en milieu corallien : quels outils pour quelles réponses ?

Jocelyne Ferraris - Serge Andréfouët - Pascal Dumas - Antoine Gilbert - Nicolas Guillemot - Isabelle Jollit - Marc Léopold - Jean-Baptiste Marre

L'unité de recherche sur les écosystèmes coralliens de l'Institut de recherche pour le développement vise à comprendre les interactions entre les organismes vivants de ces écosystèmes les plus diversifiés du milieu marin afin de répondre à des questions sociétales telle que la gestion des petites pêches côtières. La diversité des ressources des écosystèmes coralliens est le reflet de la diversité des habitats - mangroves, lagons, structures récifales bioconstruites depuis le récif frangeant jusqu'au récif barrière – et dont les interactions expliquent la diversité des comportements de pêche. Nous illustrons à partir différentes études menées dans le Pacifique, trois approches visant à modéliser ces interactions ressource-habitat à l'aide d'outils issus des domaines de la télédétection, des systèmes d'information géographique et des réseaux bayesiens. Dans tous les exemples illustrés, les questions écologiques sont repositionnées dans un cadre défini en rapport avec la problématique de gestion des usages liés à ces ressources et ces habitats : 1) l'exemple de trois stocks monospécifiques d'invertébrés (crabes de palétuvier et holothuries en Nouvelle-Calédonie, bénitiers d'atolls en Polynésie française) étudiés dans le cadre d'une problématique de co-gestion des pêches impliquant les populations locales, 2) l'exemple des communautés de poissons exploités par les pêcheries informelles récréatives et de subsistance en Nouvelle-Calédonie, et 3) l'exemple plus théorique et conceptuel de l'effet des aires marines protégées sur la conservation de la biodiversité et la durabilité des usages dont la pêche. Un exercice de synthèse est mené dans le cadre de cette communication afin de mettre en exergue les questions écologiques abordées dans le cadre de ces exemples, mais qui ne peuvent être déconnectées des actions de l'homme, et qui s'avèrent récurrentes aux questions généralement posées en milieu corallien avec l'objectif de fournir des outils d'aide à la décision. Ces outils, qui sont souvent des indicateurs permettant de simuler des scénarios de gestion, répondent autant à des besoins opérationnels qu'à des besoins de connaissances sur les interactions entre les ressources et leurs habitats par leur contribution à une meilleure compréhension et formalisation des processus écologiques sous-jacents. Quoiqu'il en soit, faire de l'écologie dans un écosystème anthropisé nécessite de prendre en compte pas seulement l'impact de l'homme sur l'écosystème, mais bien l'homme à part entière en tant qu'élément de l'écosystème : c'est bien un des objectifs de notre unité de recherche sur la biocomplexité des écosystèmes coralliens et sur les approches développées en écologie-halieuistique.

Contact : Jocelyne Ferraris - IRD - Banyuls sur mer - jocelyne.ferraris@ird.fr

Session 14 : Décrire et comprendre les interactions au sein de l'écosystème marin

Modélisation numérique de la dynamique spatiale de la population de thons listao dans l'océan Indien : estimation de paramètres à l'aide de données de pêche

Sibylle Dueri - Blaise Faugeras - Olivier Maury

Le modèle numérique APECOSM-E représente la physiologie, la dynamique de population, la distribution spatiale et les mouvements du thon listao dans l'Océan Indien. Il a un pas de temps journalier, est structuré en taille et représente la distribution spatiale en 3D de la population, selon une grille de 1 degré par 1 degré sur 20 couches de profondeur, de 0 à 500m. Dans APECOSM-E, la description de la croissance, de la reproduction et de la mortalité par sénescence dépend des paramètres bioénergétiques de la théorie DEB qui les met en relation avec la température ambiante et la quantité de proies disponibles. La prédation dépend de la taille des prédateurs et de leurs proies, les mouvements horizontaux et verticaux sont liés à l'environnement. Le modèle simule à la fois l'effet du climat et de l'exploitation par la pêche sur la distribution de biomasse de thon à l'échelle de l'océan. Le forçage du modèle est donné par des champs de température, oxygène, courants et distribution des proies résultants des simulations des modèles physiques et biogéochimiques NEMO et PISCES sur la période 1958-2001. Sur la base des conditions environnementales (oxygène dissous, nourriture et température), le modèle calcule en chaque point de la grille 3D un indice d'habitat qui varie entre 0 (défavorable) et 1 (très favorable). Il calcule ensuite des gradients d'habitat qui influencent les mouvements et migrations des thons. La répartition spatio-temporelle de la pêche et le niveau de l'effort de pêche proviennent des données historiques disponibles. Ainsi, dans le modèle l'effort de pêche réel est appliqué à la biomasse simulée. L'information relative aux captures et fréquences de tailles observées a été utilisée pour estimer des paramètres du modèle en minimisant une fonction coût Bayésienne, combinant la vraisemblance des données de fréquence de taille à celle des captures observées. L'optimisation est fondée sur la dérivation du modèle tangent linéaire du code numérique réalisée par un outil de différentiation automatique. Cela permet de calculer le gradient exact de la fonction coût en fonction des paramètres du modèle qui est ensuite utilisé par l'algorithme de minimisation. Les résultats des simulations montrent que le modèle est capable de reproduire la distribution spatiale de la biomasse et ses variations en fonction de la variabilité environnementale saisonnière et interannuelle, ainsi que les captures et les fréquences de taille observées.

Contact : Sibylle Dueri - IRD - UMR-212-EME - Sète - sibylle.dueri@ird.fr

Session 14 : Décrire et comprendre les interactions au sein de l'écosystème marin

Variations spatio-temporelles de la diversité des espèces proies des grands poissons prédateurs dans l'ouest de l'océan Indien depuis les 4 dernières décennies

David Ravard - Monique Simier - Evgeny Romanov - Michel Potier - Bastien Mériqot - Julien Barde - Frédéric Ménard

Dans les écosystèmes marins hauturiers, le micronecton (petits poissons, crustacés et céphalopodes de quelques cm à la dizaine de cm) forme les proies des prédateurs supérieurs (thons, poissons porte-épées, oiseaux, mammifères marins). Bien qu'il forme un compartiment clé, les connaissances sur le micronecton, sa diversité et sur son rôle dans le fonctionnement trophique de ces écosystèmes sont encore peu documentées. Dans ce travail, nous analysons les variations spatio-temporelles de la diversité des espèces du micronecton à partir des contenus stomacaux des grands poissons prédateurs de l'océan Indien. L'originalité réside dans l'utilisation de différents prédateurs supérieurs comme échantillonneurs de la faune des niveaux trophiques intermédiaires pour documenter la diversité taxinomique (occurrence, nombre et poids) de ces espèces. En effet, les études menées sur les réseaux trophiques pélagiques hauturiers mettent en évidence l'opportunisme alimentaire des grands poissons prédateurs qui, suivant leurs capacités physiologiques, adoptent des comportements alimentaires différents permettant un partage des ressources. Deux jeux de données sont analysés : les campagnes de pêches soviétiques réalisées entre 1962 et 1992, et les campagnes réalisées par l'IRD entre 2000 et 2008. Dans les deux cas, on dispose de captures issues des deux principaux engins de pêche, la palangre et la senne, totalisant 22703 estomacs et 46101 occurrences de proies. Les données comportent des biais intrinsèques liés (i) à la sélectivité des engins de pêche qui capturent les prédateurs et (ii) aux comportements alimentaires des prédateurs. En outre, la qualité des informations recueillies sur les proies varie en fonction de la précision des identifications lors des dépouillements des contenus stomacaux. Pour appréhender la complexité de ces données multivariées, nous avons adopté une approche multicritères et multi-indices (richesse, diversité fréquentielle, mais également l'entropie quadratique qui permet de tenir compte des distances taxinomiques dans la communauté). Les analyses ont porté sur les 7 principaux prédateurs représentant 74% de l'effectif total d'estomacs et dont les contenus stomacaux couvrent 83% du total des occurrences de proies : on dénombre 53 ordres, 180 familles et 413 taxa pour les données issues de la pêche palangrière, et 19 ordres, 51 familles et 87 taxa pour les données issues de la pêche à la senne. Nos résultats portent principalement sur l'analyse des occurrences et des abondances en nombre et en poids des familles de proies. Ils permettent de décrire de façon originale les variations spatio-temporelles de la diversité des organismes du micronecton dans l'océan Indien au cours des 40 dernières années.

Contact : David Ravard - IRD UMR 212 EME - Sète - david.ravard@gmail.com

Session 15 : Adaptation au changement climatique de l'individu à l'écosystème: modèles physio-démo-génétiques

Modélisation des processus d'adaptation génétique au changement climatique par couplage physio-démo-génétique

H. Davi - H.S. Oddou-Muratorio - G. Simioni - M. Alleaume-Benharira - M. Cailleret - A. Amm - F. Lefèvre - E. Dufrêne

Les capacités d'adaptation des populations en réponse au changement global sont rarement prises en compte dans les modèles simulant les flux de matière ou ceux prédisant les aires de répartition des espèces. Réciproquement les modèles théoriques d'évolution génétique des populations considèrent que l'adaptation locale est pilotée par la fitness individuelle mais ne relie pas explicitement cette fitness aux conditions environnementales (Davi *et al.*, submitted).

Les modèles de fonctionnement permettent de simuler la croissance des individus à partir des caractéristiques physiques de l'environnement et des paramètres physiologiques des plantes. Nous nous proposons ici (1) De prendre en compte une variabilité inter-individuelle des paramètres physiologiques de ces modèles de fonctionnement, (2) de modéliser explicitement les composantes environnementales et génétiques de cette variabilité (3) puis de les coupler à des modèles de dynamique de la végétation incluant migration, régénération, survie et mortalité.

Cette approche permet d'estimer l'évolution de la fitness des individus en fonction de leurs caractéristiques génétiques et des conditions environnementales. L'effet du climat sur le processus de sélection est ainsi simulé de façon mécaniste. En déséquilibre démographique et sous environnement changeant, cela permet d'évaluer les poids respectifs des processus physio-démo-génétiques dans la dynamique adaptative des populations.

Nous ferons un état des lieux de cette démarche de modélisation et des points de blocages afférents. Puis nous présenterons un cas d'étude sur le Hêtre en région méditerranéenne. Cette essence est limitée en basse altitude par la sécheresse et à haute altitude par le froid. Nous analyserons comment deux caractères adaptatifs, la phénologie du débourrement et le niveau d'ouverture stomatique, peuvent être sélectionnés sur un gradient altitudinal, correspondant à un double gradient : température et sécheresse.

Contact : Hendrik Davi, INRA-URFM- Ecologie des Forêts Méditerranéennes Avignon : hendrik.davi@avignon.inra.fr

Session 15 : Adaptation au changement climatique de l'individu à l'écosystème: modèles physio-démo-génétiques

Modélisation de l'allocation optimale des ressources à la sérotonine et analyses de viabilité des populations sous différents régimes de feu

Jeanne Tonnabel - Tom Van dooren - Agnès Mignot - Sandrine Maurice - Ophélie Ronce - Anthony Rebello - Jeremy Midgley - Patsy Haccou - Isabelle Olivieri

Dans les écosystèmes soumis à des perturbations régulières par le feu, les espèces évoluent des stratégies adaptatives particulières, comme le maintien actif de graines sur la plante-mère dans la canopée (sérotonine), ou le rejet de souche après passage du feu. Nous considérons un écosystème particulier, le fynbos sud-africain, point-chaud de biodiversité particulièrement menacé. Une caractéristique originale des populations constituées d'espèces ne reproduisant que par le biais de graines maintenues sur la plante est que celles-ci sont constituées d'individus ayant tous le même âge. En utilisant un algorithme de programmation dynamique, nous modélisons l'allocation optimale des ressources aux différentes fonctions de croissance et de reproduction chez une espèce végétale soumise à un certain régime de perturbation par les feux. Nous prédisons en particulier les conséquences de la distribution des intervalles entre deux feux pour la norme de réaction optimale de survie et de reproduction en fonction de l'âge des individus. Cette norme de réaction optimale est ensuite incorporée dans un modèle de viabilité des populations, ce qui nous permet de prédire l'effet d'une modification de la distribution des intervalles de feux (due à l'action anthropique ou au changement climatique) sur le risque d'extinction de ces populations. Nous espérons à terme être capables de proposer des guides pour la conservation de la flore du Cap, mais aussi et surtout celle des processus qui ont présidé à sa diversification. En particulier, nous devrions être en mesure de prédire les conséquences de la diminution de fréquence des feux pour la survie des espèces en fonction de leur phénologie, leur mode de dispersion, leur mode de pollinisation et plus généralement l'ensemble de leurs traits d'histoire de vie.

Contact : Jeanne Tonnabel - Montpellier - jeanne.tonnabel@hotmail.fr

Session 15 : Adaptation au changement climatique de l'individu à l'écosystème: modèles physio-démo-génétiques

Influence des interactions entre traits soumis à sélection sur l'aire de répartition d'une espèce

Anne Duputié - François Massol - Isabelle Chuine - Mark Kirkpatrick - Ophélie Ronce

Dans le cas où il n'existe pas de barrière physique infranchissable, l'aire de répartition des espèces peut être limitée par l'insuffisante variabilité génétique des populations ou par l'existence d'un flux génique du centre vers la périphérie de l'aire, qui empêchent l'adaptation au-delà d'un certain point, ou encore par l'insuffisance de ressources ou le défaut d'interactions biotiques. Nous avons développé un modèle de génétique quantitative dans lequel la valeur sélective dépend de l'adéquation de plusieurs traits avec leur optimum, qui dépend de gradients environnementaux mobiles dans le temps (mimant par exemple l'évolution temporelle d'un gradient latitudinal de température), et où les individus migrent par diffusion. Nous avons étudié l'évolution de la taille de l'aire de répartition en fonction des corrélations génétiques entre traits et des pressions de sélection agissant sur chaque trait. L'aire de répartition rétrécit lorsque le nombre de traits considérés augmente, et lorsque la variance génétique moyenne diminue. Elle rétrécit également lorsque les gradients environnementaux sont en moyenne plus contrastés, ou lorsque les pressions de sélection augmentent. Lorsque les traits déterminant l'adaptation sont négativement corrélés (existence d'un compromis génétique), la taille de l'aire de répartition diminue également, mais une corrélation positive n'assure pas nécessairement une expansion de l'aire. Lorsque la variance génétique disponible est suffisante, la taille de l'aire est maximisée lorsque tous les traits s'adaptent, et que les traits les plus fortement sélectionnés sont ceux pour lesquels la variance génétique disponible est la plus importante. En revanche, lorsque les gradients environnementaux deviennent plus contrastés, que les pressions de sélection deviennent plus fortes, ou que la variance génétique moyenne diminue, tous les traits ne peuvent pas s'adapter. L'aire de répartition devient plus restreinte, et sa taille est maximisée lorsque les traits les plus variables sont sous une sélection moins forte. Le même patron émerge, mais pour une raison différente, lorsque la variance génétique moyenne est très forte : la variation phénotypique autour de l'optimum devient alors très importante et diminue la valeur sélective, et la taille de l'aire est maximisée lorsque la variance s'exprime sur un trait peu sélectionné, occasionnant une perte moins importante de valeur sélective. Ces résultats, qui vont parfois à l'encontre de l'intuition, démontrent l'importance de ne pas restreindre les prédictions quant aux évolutions d'aire de répartition à des approches prenant en compte un seul trait, même majeur, mais de prendre en compte des interactions entre traits.

Contact : Anne Duputié - CEFÉ UMR5175 - Montpellier - anne.duputie@cefe.cnrs.fr

Session 15 : Adaptation au changement climatique de l'individu à l'écosystème: modèles physio-démo-génétiques

The effect of temperature on life history and population dynamics : model development, predictions and validation

David Claessen - Vincent Le Bourlot - Christie Lecoeur - Jean-Francois Le Galliard - Francois Mallard - Thomas Tully

A current challenge in population biology is to develop quantitative and qualitative predictions of population dynamics in response to environmental change. In the context of climate change, understanding the consequences of temperature change for population dynamics, mediated by temperature effects on individual physiology, is essential for assessing the extinction (or invasion) risk of populations. Temperature affects individual vital rates (reproduction, growth rate, maturation, survival) which can be measured directly in the lab. Yet vital rates are often density dependent and therefore their sensitivity to temperature may depend on population dynamics, complicating the lab assessment. An open question is therefore: how does temperature modify the feedback between vital rates and population dynamics? We focus on the collembolan *Folsomia candida*. A wealth of demographic data is already available for four genetically distinct asexual clones in different controlled environments. In an ongoing experiment, populations are being followed under different temperature treatments. For different temperatures, different patterns of population dynamics are being observed. Our research questions are: what demographic processes explain the observed changes in population dynamics? Can we model the relationship between vital rates, environment conditions, and the population in a satisfactory way? To tackle these questions, we develop a physiologically-structured population (PSP) model for this system. The PSP modelling approach is particularly well-suited to incorporate the effect of temperature on vital rates and population dynamics. At the core of the model will be a simple representation of (density and temperature dependent) collembola life history, parameterised (partly) using independent lab data. The resulting model will be used to (i) interpret the demographic mechanisms responsible for the observed patterns of population dynamics; (ii) shed light on the interplay between temperature and demographic feedbacks; and (iii) to make model predictions of population dynamics for different abiotic conditions by extrapolation. These model predictions may be tested by already existing, independent time series or give rise to new experiments.

Contact : David Claessen - Labo Ecologie & Evolution CNRS-UMPC-ENS UMR 7625 - Paris - david.claessen@ens.fr

Session 15 : Adaptation au changement climatique de l'individu à l'écosystème: modèles physio-démo-génétiques

Effets du changement climatique sur le saumon Atlantique : d'une perspective individuelle aux dynamiques populationnelles

Cyril Piou - Etienne Prévost

Espèce poïkilotherme anadrome, le saumon Atlantique (*Salmo salar*, L.) risque de subir le changement climatique en mer comme en rivière. La modification de la température de l'eau et des débits des rivières pourraient influencer la croissance individuelle et les décisions d'histoire de vie. La croissance et la survie marine ont aussi été vues empiriquement comme affectées par les changements climatiques récents. Ainsi, les fréquences des différentes histoires de vies pourraient être modifiées. Nous avons intégré des connaissances biologiques sur *S. salar* en représentant dans un modèle individu-centré démogénétique les processus de croissance, survie, décisions d'histoire de vie et reproduction afin de simuler des petites populations naturelles françaises. Les processus de migration et maturation ont été représentés grâce à des normes de réactions génétiquement héritable afin d'évaluer l'évolution des histoires de vies. Le modèle montre qu'en rivière l'augmentation de la variabilité des débits deviendrait plus problématique pour le maintien des populations que l'augmentation de température. Une réduction des conditions de croissance marine serait potentiellement le facteur le plus contraignant d'un point de vue démographique autant qu'évolutif. Néanmoins, les conditions marines et de croissance en rivière pourraient avoir des effets antagonistes et compensateurs. Le modèle donne finalement un exemple de plasticité phénotypique non-adaptative à travers des modifications des taux de maturation en rivière à l'opposée de l'évolution de la norme de réaction correspondante.

Contact : Cyril Piou - UMR ECOBIOP - Saint Pée sur Nivelle - cyril.piou@st-pee.inra.fr

Session 16 : Paléoécologie : effets des perturbations naturelles et anthropiques sur les communautés végétales et lacustres

Reconstruire les modifications passées des réseaux trophiques lacustres par l'analyse de la composition en isotopes stables des macro-restes fossiles

Marie-Elodie Perga

L'analyse de la composition isotopique du carbone et de l'azote est à présent un outil classique d'étude des réseaux trophiques en écologie contemporaine. Cet outil pourrait être transposé à la paléolimnologie, dans l'objectif de reconstruire les modifications passées dans la structure des réseaux trophiques lacustres, à des échelles géologiques. L'utilisation de l'analyse isotopique des macro-restes fossiles (Cladocères, chironomes...) nécessite toutefois de s'assurer au préalable que 1. la composition isotopique des fragments préservés dans les sédiments soit en relation avec celle des populations parents, 2. les processus taphonomiques n'altèrent pas ou peu la composition isotopique de ces macro-restes. L'objectif de cet exposé est de montrer que, d'après nos travaux, les pré-requis méthodologiques nécessaires à l'utilisation des outils isotopiques en paléo-écologie sont validés. Nous illustrerons comment cette nouvelle approche nous a permis de mettre en évidence l'impact des perturbations anthropiques sur la structure et le fonctionnement du réseau trophique zooplanctonique du lac d'Annecy au cours des deux derniers siècles.

Contact : Marie-Elodie Perga - INRA UMR CARTELE - Thonon les Bains - perga@thonon.inra.fr

Session 16 : Paléoécologie : effets des perturbations naturelles et anthropiques sur les communautés végétales et lacustres

Evolution du réseau trophique pélagique sous de multiples forçages anthropiques : Etude paléolimnologique comparée de deux lacs péri-alpins français, le lac d'Annecy et le lac du Bourget

Benjamin Alric - Marie-Elodie Perga - Jean-Marcel Dorioz

Beaucoup de lacs à travers le monde ont subi une eutrophisation commençant dans la première partie du XX^{ème} siècle, modifiant ainsi leur structure trophique. Cette modification peut à son tour entraîner une cascade de changements écologiques au niveau des lacs. Des efforts considérables ont donc été mis en place pour réduire les apports externes de nutriments et ces lacs sont maintenant entrés dans une phase de ré-oligotrophisation. Cependant, cette restauration peut être marquée par des réponses variables du réseau trophique entraînant le système lacustre dans une trajectoire différente de l'état écologique visé. La ré-oligotrophisation n'est pas un phénomène isolé et son interaction avec de multiples forçages peut être une explication à ces changements de trajectoire des lacs. Ainsi, comprendre la trajectoire du réseau trophique face à une perturbation et la potentielle déviation de celle-ci par rapport à l'état initial, avant perturbation, nécessite de se référer à une longue échelle de temps inaccessible par des approches d'écologie classique. Une approche rétrospective indirecte telle que la paléolimnologie semble adéquate pour répondre à de telles questions. Notre étude se focalise sur deux grands lacs péri-alpins français, le lac du Bourget et le lac d'Annecy, qui diffèrent de par leur histoire, avec i) une période d'eutrophisation suivie d'une période de ré-oligotrophisation plus avancée pour le lac d'Annecy, ii) la présence d'un poisson zooplanctonophage, *Coregonus laveratus*, indigène dans le lac du Bourget et introduit dans le lac d'Annecy, et iii) un réchauffement climatique. Le but de cette étude est une reconstruction des changements dans les réseaux trophiques pélagiques des deux lacs, sur les 150 dernières années, en réponse aux trois perturbations considérées et une comparaison interlac afin de discriminer les réponses à des perturbations locales et globales afin de replacer les changements actuels dans un contexte de long terme. Les résultats montrent qu'en dépit du retour des concentrations en phosphore proche du niveau initial, les communautés et le réseau trophique zooplanctonique montrent de profondes modifications de structure qui résultent de l'interaction entre les impacts 'bottom-up' et 'top-down'.

Contact : Benjamin Alric - INRA, UMR 42 CARTELE - Thonon-les-Bains - balric@thonon.inra.fr

Session 16 : Paléoécologie : effets des perturbations naturelles et anthropiques sur les communautés végétales et lacustres

Des régimes d'incendie intermédiaires maximisent l'écodiversité subalpine durant la période 8000-5000 ans BP

Olivier Blarquez - Christopher Carcaillet

Avant tout impact anthropique notable sur les écosystèmes, dans les Alpes, entre 8000 et 5000 ans BP i.e. durant l'optimum climatique Holocène, la dynamique des écosystèmes subalpins est supposée être gouvernée par les processus naturels tels que les perturbations et le climat ainsi que par les facteurs environnementaux tels que la pente, l'exposition ou l'altitude. Afin de décrire la diversité des processus régissant la dynamique de ces écosystèmes nous proposons la notion d'écodiversité comme l'interaction entre biodiversité, géodiversité et diversité climatique. Ce qui nous amène à nous poser la question suivante: Quelle fut la trajectoire temporelle de l'écodiversité depuis le début de l'optimum climatique holocène et par quels processus est elle régie ? Peut-on penser qu'à l'origine les communautés étaient homogènes et que la diversification des pratiques humaines dans le temps explique la diversité des communautés subalpines actuelles ? Afin de répondre à cette question nous étudions les enregistrements sédimentaires de macrorestes végétaux provenant de cinq lacs subalpins des Alpes françaises et italiennes. Cette approche paléobotanique à très haute résolution temporelle et spatiale permet de reconstruire la dynamique des communautés au regard des variables environnementales, dont les régimes d'incendie reconstruits à partir du traitement statistique des séries de charbons lacustres. A partir d'analyses multivariées de coinertie et de mesures de la variabilité des enregistrements de macrorestes, nous montrons que l'écodiversité subalpine est maximale durant la période 8000-5000 ans BP avant tout impact anthropique ayant pu se dérouler lors de l'Age du Bronze et que celle-ci est maximisée par des intervalles de retour de feu intermédiaires de l'ordre de 250 à 330 ans. On se rend compte que chaque localité présente sa propre trajectoire depuis 8000 ans, ce qui suggère que chaque dynamique écologique est site centrée, et que l'homogénéisation structurelle (composition, proportions d'espèces) des communautés s'opère à une échelle millénaire jusqu'au Moyen-Age. Enfin, les variables d'altitude, de type de sous-sol et d'exposition de versant sont des variables importantes pour expliquer sur le long-terme l'écodiversité subalpine (mosaïque des communautés).

Contact : Olivier Blarquez - CBAE UMR5059 - Montpellier - oblarque@univ-montp2.fr

Session 16 : Paléoécologie : effets des perturbations naturelles et anthropiques sur les communautés végétales et lacustres**Effets de la migration postglaciaire sur l'aire de répartition actuelle du Hêtre commun (*Fagus sylvatica*) en Europe***Frédéric Saltré - Isabelle Chuine - Cédric Gaucherel*

Bien que le climat soit le principal facteur forçant la distribution des espèces à l'échelle globale, il est communément admis que la dispersion et les facteurs biotiques tels que la compétition, la facilitation ou la prédation doivent être pris en compte à des échelles plus fines. Dans un contexte de changement climatique, tel que le réchauffement actuel, la dispersion et ces types de facteurs biotiques peuvent se révéler d'une importance primordiale afin de prédire avec précision l'aire de répartition d'une espèce. En effet, en cas d'évolution des conditions climatiques, la capacité de migration des espèces va déterminer si elles seront en mesure de suivre leur climat optimal. Il est donc absolument nécessaire de disposer de modèles de migration d'espèces fiables à l'échelle globale. Nous proposons ici de différencier l'effet du climat de celui du potentiel de dispersion lors de la recolonisation postglaciaire du Hêtre commun (*Fagus sylvatica*) en Europe. En effet, l'évolution de son aire de répartition au cours de cette période est bien documentée et discutée. Les données palynologiques à l'Holocène semblent attribuer à la migration postglaciaire et aux changements d'abondance de *Fagus* sp. une influence climatique alors que des études en modélisation ont largement souligné l'impact de la dispersion notamment la dispersion longue distance dans les processus de recolonisation. Afin de dissocier les effets du climat, des effets de la dispersion sur l'évolution de l'aire de répartition de *Fagus sylvatica* au cours des 12000 dernières années, nous avons couplé un modèle de répartition basé sur les processus à un modèle de dispersion, récemment développé et basé sur la méthode de Gibbs. Nous présenterons et discuterons l'évolution simulée de l'aire de répartition du hêtre commun ces 12000 dernières années en Europe obtenue avec ces modèles en essayant de faire la part du climat et celle de la dispersion dans cette évolution.

Contact : Frédéric Saltré - CNRS-CEFE - Montpellier - frederik.saltre@cefe.cnrs.fr

Session 16 : Paléoécologie : effets des perturbations naturelles et anthropiques sur les communautés végétales et lacustres

Persistance sur le long terme et dynamique quaternaire du genre *Myrtus* en Méditerranée et au Sahara

Jérémy Migliore - Alex Baumel - Marianick Juin - Frédéric Médail

Au sein de la famille des Myrtaceae, regroupant plus de 4 000 espèces, seules les deux espèces du genre *Myrtus* sont présentes dans l'hémisphère Nord. *Myrtus communis* L. est largement répandu sur l'ensemble du pourtour méditerranéen, ainsi qu'en Macaronésie et en Asie occidentale, tandis que *Myrtus nivellei* Batt. & Trab. est endémique des montagnes du Sahara central. Les données paléobotaniques attestent de l'existence de ce genre dès le Tertiaire (Paléogène), et il constitue de ce fait un témoin privilégié pour analyser les réponses évolutives de la flore face aux changements climatiques et à l'histoire biogéographique complexe de la région méditerranéenne. La structuration géographique de la diversité génétique a été examinée pour 272 populations de *M. communis* et 23 populations de *M. nivellei*, à partir du séquençage des espaces intergéniques d'ADN ribosomal (ETS et ITS) et chloroplastique (trnL-F et Eurorpl2-EcpsbA). Les réseaux chloroplastiques et l'analyse en composante principale spatialisée à partir de l'ADNr révèlent une forte différenciation entre l'est et l'ouest du bassin méditerranéen, avec bipolarisation de la diversité génétique et persistance sur le long terme de part et d'autre de la Méditerranée. L'absence de différenciation entre les rives septentrionales et méridionales, ainsi que la vaste distribution de deux haplotypes suggèrent une dynamique plus récente probablement liée à la stratégie de dispersion sur de longues distances des baies de Myrte commun. De manière étonnante, l'endémique saharien *M. nivellei* est issu de différentes lignées méditerranéennes de *M. communis*, avec au moins trois événements de migration. À partir des paramètres de diversité génétique et des enregistrements paléoenvironnementaux, nous pouvons supposer un isolement relativement récent du Myrte saharien, probablement lié à la succession de phases humides et arides au cours du Quaternaire.

Contact : Jérémy Migliore - IMEP / Université Paul Cézanne - Aix-en-Provence - jeremy.migliore@etu.univ-cezanne.fr

Session 17 : Ecoinformatique et ontologie en écologie

Etude infométrique de l'écologie scientifique

Marie-Laure Masquillier - Pascal Cuxac

Stanalyst est une station d'analyse de l'information développée par le service Recherche et développement en ingénierie de l'Inist-CNRS. Elle offre un nouveau mode de représentation de la littérature scientifique sous la forme de carte thématique. Cette carte permet notamment de visualiser le paysage de l'écologie scientifique tel qu'il apparaît en 2010 dans les publications et de mettre en évidence les relations entre les thèmes de recherche. Pour mener à bien cette étude, nous nous sommes appuyés sur un corpus de références bibliographiques issues de la base de données Pascal produite à l'Inist. Le traitement du corpus a été réalisé à l'aide du module infométrie Neurodoc de Stanalyst. Son principe de fonctionnement repose sur la classification automatique non supervisée des données (clustering), selon la méthode des K-means axiales, qui permet de structurer l'information en classes à partir des mots-clés d'indexation. Le corpus bibliographique est considéré comme un nuage de points dans un espace où chaque dimension correspond à un mot-clé d'indexation. Les zones de forte densité dans ce nuage de points vont donner les classes de documents, projetées sur une carte à deux dimensions via une analyse en composantes principales. Les classes obtenues sont des représentations de thèmes ou de centres d'intérêt autour desquels s'agrège l'information. À l'aide d'un expert du domaine, une méta-analyse permet d'interpréter la carte obtenue, de regrouper les thématiques et d'étudier leurs liens. Dans une perspective de veille scientifique, nous tenterons également par une analyse diachronique d'identifier les problématiques émergentes en écologie, à partir des thématiques nouvelles ou en évolution depuis ces dix et vingt dernières années.

Contact : Marie-Laure Masquillier - Inist-CNRS UPS 76 - Vandoeuvre-les-Nancy
marie-laure.masquillier@inist.fr

Session 17 : Ecoinformatique et ontologie en écologie

EcoOnto : une ontologie pour la biodiversité

Julie Chabalier

Actuellement, les standards de données et de métadonnées en biodiversité (e.g Darwin Core, ABCD Schema ou EML) permettent de réconcilier les données de biodiversité en amont de leur intégration. En mettant en relation les champs structurants d'un jeu de données avec les éléments de données présents dans un standard, il est possible d'intégrer et d'interroger de manière unifiée les données. Ces standards permettent ainsi de résoudre l'hétérogénéité syntaxique des données. Le manque de formalisation de certains concepts du domaine peut cependant limiter l'utilisateur à des requêtes simples voire entraîner une mauvaise interprétation des données. L'étape suivante dans la structuration des données consiste à résoudre l'hétérogénéité sémantique des concepts du domaine. Le projet ecoOnto est un projet collaboratif, ayant pour objectif de définir formellement, au sein d'une éco-ontologie, les concepts et les relations associés aux grandes questions environnementales. Cette ontologie permettra 1) une meilleure communication entre les acteurs du domaine, 2) l'interopérabilité des ressources environnementales, 3) de garantir la cohérence des données

Contact : Julie chabalier : julie_chabalier@natural-solutions.eu

Session 17 : Ecoinformatique et ontologie en écologie

Transformation de modèles pour la construction d'une ontologie basée traits fonctionnels

Isabelle Mougnot

Le travail présenté s'articule autour de modèles conceptuels définis au travers de la notation objet UML qui va servir de support à la construction d'une ontologie basée traits fonctionnels. La justification d'un tel travail de conceptualisation trouve ses fondements dans la nécessité de partager à la fois modèles et ontologie, de documenter l'ontologie en cours de construction et enfin d'exploiter UML comme un langage favorisant les passerelles vers les formalismes du Web Sémantique, principalement choisis aujourd'hui pour la construction d'ontologies. L'exposé traitera à la fois des modèles UML et de la transformation de ces modèles pour aboutir au composant ontologique.

Contact : Isabelle Mougnot - LIRMM - Montpellier - mougnot@lirmm.fr

Session 17 : Ecoinformatique et ontologie en écologie

Les standards de partage des données au sein du GBIF (Système mondial d'information sur la biodiversité)

Delphine Gasc

Le GBIF est un programme scientifique international fondé à l'initiative de l'OCDE en 2001. Il a comme objectif principal la diffusion libre et universelle, via internet, d'informations relatives à la biodiversité. Pour ce faire, des bases de données de collections ou d'observations hétérogènes sont connectées dans un format standardisé au serveur du GBIF. A ce jour, plus de 201 millions d'enregistrements provenant de collections ou d'observations dans la nature sont disponibles via le portail de données du GBIF (<http://data.gbif.org>). Cet exposé présentera le programme GBIF, les standards de partage des données et le portail de données du GBIF. Le point nodal français du GBIF est une équipe destinée à soutenir et assister les connections de données françaises au GBIF international. Elle peut être contactée à l'adresse suivante: gbif@gbif.fr, ou au numéro suivant: 01 40 79 80 65.

Contact : Delphine Gasc - GBIF - Paris : gasc@gbif.fr

Session 17 : Ecoinformatique et ontologie en écologie

Thesauform : un portail web sémantique permettant la définition et la gestion de thésaurus en écologie fonctionnelle

Marie-Angélique Laporte - Eric Garnier - Isabelle Mougenot

Les changements globaux induits par l'activité humaine altèrent la biodiversité. Nous faisons l'hypothèse que les impacts des activités humaines sur la biodiversité, la structure des communautés et le fonctionnement des écosystèmes peuvent être appréhendés par l'intermédiaire des traits des espèces (Chapin *et al.* 2000, Lavorel & Garnier 2002), définis comme «tout caractère morphologique, physiologique ou phénologique mesurable sur un individu, de la cellule à l'organisme entier» (Violle *et al.* 2007). Le problème principal rencontré par de nombreux experts en écologie porte sur la difficulté de partager comme d'intégrer l'information du fait de l'hétérogénéité des données rendues disponibles via le Web. Afin de privilégier une compréhension intégrée et commune des données distribuées dans différentes sources de données portant sur les traits fonctionnels des plantes, la construction d'une ontologie de domaine centrée sur les traits fonctionnels des espèces végétales va être développée. Une ontologie est une description formelle des concepts relatifs à un domaine et des relations entre ces concepts (Gruber 1993). Afin de faciliter la construction collaborative et la réutilisation de l'ontologie de domaine portant sur les traits fonctionnels, nous avons développé un portail sémantique Web communautaire (site Web permettant le partage des connaissances de ses utilisateurs). Ce portail guidera les experts afin qu'ils partagent leur connaissance sur les traits fonctionnels. Le support informatique du portail est fourni à la fois par la technologie Tomcat JSP, qui permet de développer une application web dynamique, et la librairie Java, Jena qui permet de gérer les aspects sémantiques. La première couche de ce portail est disponible et se nomme Thesauform. Thesauform est dédié aux aspects terminologiques et se concentre donc sur l'identification des termes clés du domaine des traits fonctionnels des plantes. Les experts du domaine interagiront via Thesauform pour décrire rigoureusement les traits au travers de leur définition et de leur synonyme, avec la possibilité, s'ils le jugent nécessaire, d'ajouter de nouveaux traits. Les experts créeront ainsi un thésaurus portant sur les traits fonctionnels des plantes qui servira de base à la construction et au développement de l'ontologie proprement dite. Thesauform permet également une gestion facile des conflits sur les concepts résultant du travail simultané des différents experts. En effet, un « superviseur du domaine » peut valider un concept en considérant la connaissance des experts. Dans un futur proche, les relations sémantiques entre les concepts, les différentes instances et les axiomes seront spécifiées de manière précise.

Contact : Marie-Angélique Laporte - CNRS - CEFE UMR 5175 - Montpellier - marieangelique.laporte@gmail.com

Session 18 : Plénière

Analyse des variations récentes du cycle du CO₂

Sandra lavorel

Le fonctionnement des écosystèmes peut être affecté à la fois directement par les changements du milieu notamment au travers de l'utilisation des terres, et indirectement au travers des effets de ces changements sur la composition des communautés. La quantification et la compréhension des poids relatifs de ces effets doit soutenir le développement de modèles prédictifs en s'appuyant sur des analyses des effets de la diversité fonctionnelle, c.a.d. la distribution des valeurs de traits dans les communautés, sur les propriétés des écosystèmes. Nous avons recueilli et analysé un jeu de données décrivant la composition floristique, les traits fonctionnels de la phase végétative, la phénologie de floraison, les processus des cycles du carbone et de l'azote ainsi que les paramètres du sol et l'utilisation des terres pour 55 prairies réparties sur le versant d'adret de Villar d'Arène (Hautes-Alpes). Les modèles prenant en compte la diversité fonctionnelle, elle-même déterminée par l'utilisation des terres et les variables d'altitude et de sol, se sont avérés plus explicatifs que les modèles simplement basés sur l'utilisation des terres. Ils mettent en évidence que les traits moyens des communautés, en particulier la hauteur végétative et la teneur en matière sèche des feuilles, sont des prédicteurs communs à différents processus. En revanche nous n'avons pu identifier d'effets de la divergence fonctionnelle que pour l'accumulation de la litière. L'indépendance entre les traits morphologiques et foliaires, et entre ces traits et la phénologie est la base de stratégies alternatives pour atteindre une forte valeur agronomique des prairies et pour la compatibilité entre valeur agronomique et maintien de la biodiversité sous régime de gestion traditionnelle.

Contact : Sandra Lavorel - Laboratoire d'Ecologie Alpine, CNRS Grenoble- sandra.lavorel@ujf-grenoble.fr

Session 19 : Adaptation aux changements globaux

L'avenir de la biodiversité : le rôle des scénarios comme outil d'interface entre la science et la politique

Paul Leadley

Les scénarios de biodiversité sont appelés à jouer, comme dans le cas des scénarios climatiques, un rôle majeur dans l'interface entre la science et la politique : que ce soit pour avertir les décideurs de dangers imminents pour la biodiversité que pour évaluer les mécanismes d'adaptation possibles. Dans cet exposé, je présenterai les résultats clés d'une analyse des scénarios pilotée par DIVERSITAS et l'UNEP-WCMC pour le compte du «Global Biodiversity Outlook 3» (GBO-3) de la Convention sur la Diversité Biologique (CDB). Cette synthèse effectuée par un large spectre de scientifiques diffère des évaluations précédentes (ex : Millennium Assessment, IPCC Working Group II) car elle repose essentiellement sur des recherches publiées dans des journaux scientifiques évalués par les pairs et étudie l'ensemble des facteurs pilotant les modifications de la biodiversité tels que les changements d'utilisation des terres, le changement climatique, les espèces envahissantes, etc. En outre, cette synthèse s'est attachée à confronter les projections à des observations et à des données expérimentales afin d'évaluer le degré de fiabilité des projections des modèles. L'exposé se conclura par une analyse des étapes nécessaires pour la préparation d'une évaluation majeure des scénarios dans le cadre de l' «Intergovernmental Science-Policy Platform for Biodiversity and Ecosystem Services» (IPBES), qui devrait être lancé à la fin de cette année 2010.

Contact : Paul Leadley - ESE -Université Paris-Sud 11 - Orsay - paul.leadley@u-psud.fr

Session 19 : Adaptation aux changements globaux

Évaluer et prédire les capacités adaptatives des populations (forêts) : de nouveaux défis pour l'écologie et les sciences de l'évolution

François Lefèvre

De façon générale, l'évaluation des capacités adaptatives des populations porte sur plusieurs composantes: la capacité de migration, la plasticité phénotypique, l'évolutivité. Face à l'accélération des changements environnementaux, la question des temps de réponse peut aussi devenir primordiale et doit être intégrée dans la réflexion: ainsi la question de la capacité de réponse des forêts aux changements climatiques fait aujourd'hui débat avec, du côté optimiste, un fort potentiel évolutif et, du côté pessimiste, un long cycle de vie. Au-delà d'une meilleure prise en compte de la dimension temporelle des changements environnementaux et de la variabilité des temps de réponse des organismes à ces changements, nous devons aussi «gérer» de multiples incertitudes, tant sur les scénarios environnementaux que sur la réponse des écosystèmes complexes. Par exemple, pour les forêts gérées, les forestiers doivent prendre aujourd'hui des décisions sans regrets pour un futur incertain: on peut alors chercher à prédire la trajectoire des paramètres de capacité adaptative plus que les paramètres eux-mêmes.

Contact : François Lefèvre : INRA URFM UR629 Avignon - francois.lefevre@avignon.inra.fr

Changement de phénologie et tolérance au climat chez un amphibien méditerranéen : origines et conséquences

Hélène Jourdan - Patrice David - Pierre-André Crochet

Les changements climatiques actuels affectent les espèces notamment par des modifications des aires de distribution, des assemblages d'espèces et surtout de la phénologie. Les changements de phénologie peuvent provenir d'une réponse purement plastique ou d'événements micro-évolutifs. Les amphibiens sont particulièrement menacés par ces changements climatiques. En effet, ce sont des poikilothermes dont le développement dépend largement de la température. L'étude de la phénologie de reproduction des amphibiens peut ainsi renseigner sur deux aspects majeurs de la réponse aux changements globaux : s'agit-il de plasticité phénotypique ou de microévolution ? et quel est l'impact de changements phénologiques sur la résilience des populations ? Le Pélodyte ponctué, *Pelodytes punctatus*, constitue un très bon modèle pour répondre à ces deux questions. En effet, en Méditerranée, le Pélodyte se reproduit en automne en plus de la reproduction printanière classique, seule observée plus au Nord. Il s'agit ici d'une véritable révolution phénologique, au contraire des changements phénologiques continus observés chez de nombreuses espèces. Les têtards, issus des deux périodes de pontes, se développent dans des conditions très différentes. Nous avons voulu savoir si ce patron de reproduction engendre des différences de fitness et si les différences de développement larvaire observées étaient plastiques ou génétiques. A travers un suivi de terrain, nous avons découvert que les deux cohortes de têtards ont une survie jusqu'à la métamorphose comparable. Cependant, les têtards d'automne passent l'hiver dans la mare et ne se métamorphosent qu'au printemps suivant, un mois avant les têtards de printemps. En laboratoire, une baisse de température induit un développement plus long et une taille à la métamorphose plus petite. Au contraire, in natura, les têtards d'automne se métamorphosent à des tailles plus grandes. Ceci est dû à un passage par des températures très basses qui modifie la trajectoire du développement. Ainsi un œuf pondu en automne produit un juvénile plus précoce et plus gros ce qui constitue un avantage sélectif pour la vie adulte. Ces résultats sont de plus confirmés par des données de génétique des populations : il n'existe pas de structuration temporelle entre les cohortes. Nous concluons que le Pélodyte a réussi à s'adapter au climat méditerranéen et à exploiter une nouvelle niche temporelle, l'automne. Il est alors probable qu'il puisse aussi bien résister aux changements climatiques, probablement au prix d'abandonner la reproduction de printemps qui est moins favorable.

Contact : Hélène Jourdan - CEFE-CNRS- Montpellier - helene.jourdan@cefe.cnrs.fr

Vendredi

Session 19 : Adaptation aux changements globaux

L'évolution des parasites dans les élevages intensifs

Adèle Mennerat - Dieter Ebert - Frank Nilsen - Arne Skorping

Les pratiques d'élevage intensif se sont répandues de façon dramatique à l'échelle mondiale dans les dernières décennies, ce qui constitue pour les parasites et pathogènes un véritable bouleversement écologique. Les populations d'hôtes dans les élevages intensifs sont à la fois denses, abondantes et prédictibles, soumises à un renouvellement rapide (abattage fréquent) et leur diversité génétique est souvent réduite (lignées sélectionnées). Alors que les conséquences épidémiologiques de l'élevage intensif sont largement reconnues – notamment les fortes prévalences et abondances parasitaires, l'impact évolutif d'un tel changement à l'échelle globale est encore peu considéré, exception faite de l'évolution de la résistance, preuve s'il en est de la rapidité d'adaptation des parasites. A la lumière des études théoriques et expérimentales foisonnant dans le domaine de l'évolution des parasites, on peut prédire que les conditions prédominantes dans les élevages intensifs sélectionnent des parasites aux histoires de vies plus rapides, se reproduisant plus tôt et, par conséquent, probablement plus virulents. Parmi les divers types d'élevage intensif, la pisciculture est celui qui a eu la croissance la plus spectaculaire dans les dernières décennies, avec une production mondiale de poisson d'élevage multipliée par 100 depuis 1950. Nous présenterons une étude en cours visant à tester les conséquences de l'élevage du saumon atlantique *Salmo salar* – l'un des poissons d'élevage les plus abondants – sur l'évolution de l'histoire de vie et de la virulence de l'un de ses parasites majeurs, le « pou du saumon » *Lepeioophtheirus salmonis*. La première partie de cette étude consiste à comparer des populations de *L. salmonis* provenant de zones sans élevage avec des populations provenant de zones fortement exploitées. Les premiers résultats montrent que, d'un point de vue morphologique, le développement du segment génital est plus rapide dans les populations des zones d'élevage, ce qui suggère une maturité sexuelle plus précoce. La collecte des données d'histoire de vie, encore en cours et qui se terminera cet été, permettra de comparer plus précisément l'âge à la première reproduction, la fécondité, la taille des œufs et la survie larvaire, ainsi que divers paramètres de virulence de ces parasites. Nous présenterons enfin, en guise de perspective, une expérience de sélection artificielle qui permettra de tester dans quelle mesure, et à quelle vitesse, les conditions d'élevage peuvent faire évoluer l'histoire de vie et la virulence dans ce système.

Contact : Adèle Mennerat - Institutt for Biologi, Universitetet i Bergen - Bergen (Norvège) - adele.mennerat@bio.uib.no

Session 20 : Physiologie des écosystèmes et changements globaux

Réponse d'une forêt feuillue tempérée aux facteurs du climat

André Granier - Bernard Longdoz - Patrick Gross - Nathalie Bréda

Le site-atelier de la forêt de Hesse, une jeune hêtraie de plaine sur station fertile de l'est de la France, génère des mesures de flux d'eau et de CO₂ ainsi que de croissance et de mortalité des différents compartiments de l'écosystème. Nous disposons ainsi de 12 années complètes de données permettant d'analyser le déterminisme des flux et de mieux comprendre les relations eau/carbone/croissance du peuplement. Les flux (transpiration, assimilation photosynthétique, respiration...) aux petites échelles de temps sont sous la dépendance étroite des forçages climatiques classiques : rayonnement, température et déficit de saturation de l'air. A l'échelle interannuelle, les bilans de carbone et la croissance du peuplement sont fortement influencés par la contrainte hydrique, mais peu par le rayonnement ou la température. La séquestration annuelle du carbone varie dans des proportions de 1 à 5, alors que les variations de l'accroissement en biomasse sont beaucoup plus limitées. D'autre part, les éclaircies, bien que fortes dans ce peuplement, modifient relativement peu les flux et la croissance des arbres. Par ailleurs, au plan méthodologique, nous montrons une bonne cohérence des mesures de flux et de leurs bilans entre la méthode des corrélations turbulentes et des mesures indépendantes (flux de sève, accroissement en biomasse des arbres, production de litière). L'enseignement à tirer de cette étude est la nécessité, en particulier pour les forêts, de réaliser des suivis sur le long terme pour prendre en compte la variabilité interannuelle du climat et mieux comprendre les phénomènes d'arrière-effets des événements extrêmes. Le challenge est alors de maintenir dans la durée la qualité des mesures, ce qui suppose des financements et des personnels qualifiés, spécifiquement affectés au fonctionnement de ces sites.

Contact : André Granier - INRA UMR EEF - Champenoux - agranier@nancy.inr.fr

Session 20 : Physiologie des écosystèmes et changements globaux

Etude du déterminisme des échanges de CO₂ entre une chênaie tempérée et l'atmosphère : approche expérimentale et modélisation fonctionnelle

*Nicolas Delpierre - J.Y Pontauiller - K. Soudani - S. Bazot - D. Berveiller - C. Damesin - C. François - C. Fresneau
E. Dufrêne*

Les flux de dioxyde de carbone et de vapeur d'eau mesurés par la méthode des corrélations turbulentes, le climat, le contenu en eau du sol, les dynamiques d'indice foliaire, la biomasse et l'accroissement en biomasse ont été suivis pendant cinq années (2005-2009) au sein d'une chênaie tempérée mature de la région parisienne. Le peuplement constituait un puits net de carbone présentant de fortes variations interannuelles (PNE_{moy}= 550 gC m⁻² an⁻¹, CV=0.27). Ces variations sont analysées au moyen (1) d'une approche corrélative liant les variations du bilan carboné au climat et aux variations interannuelles de dynamiques foliaire et (2) d'une approche par modélisation fonctionnelle mettant en œuvre le modèle mécaniste CASTANEA. Après validation des simulations, le modèle est utilisé comme outil de déconvolution du signal pour inférer le rôle des facteurs climatiques (rayonnement, température, humidité relative, variations du stock d'eau du sol) et biologiques (dynamique foliaire, variations du stock de biomasse ligneuse) sur la modulation des échanges carbonés entre le peuplement et l'atmosphère.

Contact : Nicolas Delpierre - Université Paris Sud - Paris - nicolas.delpierre@u-psud.fr

Session 20 : Physiologie des écosystèmes et changements globaux

Tendance ou événements extrêmes? Leçons tirées des exclusions de pluie

Serge Rambal - Laurent Misson

Les changements climatiques projetés pour la région méditerranéenne conduiront à une diminution des précipitations estivales supérieures à 20%. Quels changements de fonctionnement des écosystèmes terrestres seront provoqués par cette aridification du climat ? Le suivi à long-terme du fonctionnement que cela soit aux niveaux des flux d'énergie, d'eau et de carbone, ou aux niveaux des composantes de la croissance et des échanges gazeux foliaires vont nous renseigner sur les anomalies du fonctionnement pendant et à la suite d'une année particulièrement sèche par comparaison avec celui observé lors d'une année moyenne. Toutefois cet événement qui peut être qualifié d'extrême reste dans la variabilité naturelle élevée des précipitations et sera assez peu informatif sur le fonctionnement dans le climat attendu. Les exclusions de pluie sont proposées comme outil pour anticiper des conséquences de cette diminution des précipitations. Elles sont largement utilisées pour de nombreux écosystèmes naturels: prairies ou forestiers tropicaux à tempérés. Au sein d'un écosystème forestier à chêne vert *Quercus ilex*, espèce sempervirente, nous avons mis en place deux dispositifs d'exclusions dans lesquels seule la variable « entrée d'eau » est modifiée. Dans le premier nous excluons depuis le printemps 2003 environ 30% de l'égouttement de pluie, dans le second nous excluons la totalité des pluies pour une période donnée : printemps sec de février à juillet, été sec de juillet à décembre. A la lumière des résultats obtenus nous discuterons des avantages respectifs de ces dispositifs et en quoi ce type d'exclusions nous renseigne sur le fonctionnement futur de cet écosystème.

Contact : Serge Rambal - CEFE/CNRS UMR 5175 - Montpellier - serge.rambal@cefe.cnrs.fr

Session 20 : Physiologie des écosystèmes et changements globaux

Comparaison de la croissance saisonnière de trois essences forestières tempérées (Hêtre, Chêne sessile et Pin sylvestre) : apports combinés des micro-carottes et du $\delta^{13}\text{C}$ intra-cerne

Alice Michelot - Sonia Simard - Cyrille Rathgeber - Eric Dufrene - Claire Damesin

Actuellement, on observe une fragilisation de la santé des forêts en France et en Europe. Cette fragilisation peut être en partie imputée aux changements climatiques et notamment aux sécheresses qui peuvent perturber la croissance. La compréhension fonctionnelle des variations saisonnières de croissance est essentielle pour améliorer les prédictions futures du stockage de carbone des forêts. L'objectif de cette étude est de déterminer le fonctionnement saisonnier de trois essences forestières largement réparties en Europe (Hêtre, Chêne sessile et Pin sylvestre) soumis au même climat i) en analysant leur croissance saisonnière ii) en étudiant leur dynamique saisonnière de $\delta^{13}\text{C}$ intra-cerne. La croissance a été suivie une fois par semaine en 2009 sur 5 pins, 5 chênes et 10 hêtres (5 sains et 5 dépérissants), sur une parcelle par espèce, à l'aide de dendromètres et de micro-carottes. Parallèlement, au cours la saison de croissance, 6 prélèvements d'exsudats de phloème ont permis de doser les sucres et leur $\delta^{13}\text{C}$. En décembre, des carottes ont été prélevées, le cerne 2009 a été découpé et la cellulose a été extraite sur chaque lamelle pour obtenir le profil de $\delta^{13}\text{C}$ intra-cerne de chaque arbre. Ces profils ont été situés temporellement grâce aux courbes de croissance obtenues après analyse des micro-carottes au microscope. L'observation des micro-carottes complète les données mesurées par les dendromètres en permettant de préciser les dates de début et d'arrêt de croissance pour chaque arbre. Les chênes et les pins semblent commencer leur croissance au même moment, 21 jours avant les hêtres. Les pins ont une saison de croissance plus longue d'un mois comparée aux deux essences décidues. Les hêtres dépérissants ont une diminution de leur vitesse de croissance et une durée de croissance plus courte de 68 ± 13 jours comparés aux hêtres sains. Les tendances saisonnières de $\delta^{13}\text{C}$ intra-cerne ont des dynamiques bien différentes entre les 3 espèces. La valeur moyenne du $\delta^{13}\text{C}$ de la cellulose du cerne 2009 est significativement plus faible chez les hêtres dépérissants que chez les hêtres sains indiquant que le dépérissement peut diminuer l'efficacité d'utilisation de l'eau. On observe également une variabilité inter-arbre au sein de chaque espèce dans les valeurs de $\delta^{13}\text{C}$ intra-cerne mais pas dans la dynamique. Chez les trois espèces, les dynamiques saisonnières de $\delta^{13}\text{C}$ intra-cerne et du $\delta^{13}\text{C}$ des sucres du phloème sont similaires. La caractérisation du fonctionnement saisonnier de chaque espèce permettra d'améliorer l'interprétation de leur réponse différentielle aux variations climatiques.

Contact : Alice Michelot - Université de Paris-XI – Orsay : alice.michelot@u-psud.fr

Session 20 : Physiologie des écosystèmes et changements globaux

Will the pace of phenological response to warming change during 21st century climate change?

Franz-W. Badeck - Jörg Schaber

Plant phenology is intimately coupled with the intra annual time trajectories of several environmental cues. The application of the resulting spatial and temporal variations in the onset of phenological phases for the description of spatio-temporal variation in vegetation functioning is well established in biogeography. Practical applications of phenological studies are well established in agriculture, in allergology, and for studies of climate change impacts. In the context of the latter studies, phenology is one of the most responsive and best documented responses of organisms to climate change (the number of papers published on this subject grows more rapidly than the number of papers on climate change in general). The best studied aspect is spring phenology in mid-latitudes: bud burst of leaves and flowers. Global warming on average has led to earlier phase onset, characterised in the literature as temporal trend, response ratio to changing temperature and with modelling approaches. The prediction of the further pace of change is relevant for estimating changes in the length of the vegetation period, for the assessment of options for agricultural management, or the study of potential impacts on biotic interactions (synchrony of interacting species). Thus, the question arises, of how the trend in phenology can be extrapolated beyond the current range of variability of climatic drivers? Potential answers are a matter of current debate (see e.g. Koerner & Basler, 2010, *Science* 327: 1461). We will address this topic by studying the response of several models that describe the interaction of temperature, photoperiod and chilling requirements in different ways. We will test the models with an extensive observational data set available for Germany (several thousands of observations per species and phase, 1951-2009) and characterise the sensitivity of predicted future trends to model properties.

Contact : Franz-W. Badeck - PIK - Mainz-Kastel - badeck@pik-potsdam.de

Session 21 : Modélisation du fonctionnement des écosystèmes en lien avec le climat

Predicting potential shifts in trees range in response to climate change: Comparing and integrating multiple models based on different structural concepts to reduce predictions uncertainty

Alissar Cheaib - Christophe Francois - Vincent Badeau - Isabelle Chuine - Christine Delire - Eric Dufrêne - Emmanuel S. Gritti - Wilfried Thuiller - Nicolas Viovy - Paul Leadley

Climate change effects on tree function, structure and growth have been observed in various forests throughout Europe and France in the last decades. Forest productivity and survival are limited by a variety of environmental abiotic factors such as soil nutrients, temperature, atmospheric CO₂ concentration, and water balance. Differential impacts of global climatic changes on forests, as well as complex interactions with the carbon and water balance, and vegetation feedbacks on climate makes it hard to estimate future vegetation patterns. Obtaining reliable predictions of species range shifts under climate change is a crucial challenge for ecologists and stakeholders. However, it is evident that no single modelling procedure can provide appropriate predictions in the future. Model comparison is a powerful tool to evaluate models in a more conceptual way by comparing and interpreting predictions on the basis of the underlying model approaches and assumptions. This work aims at understanding future spatial distribution, physiological response and potential adaptation of 7 species in France under future climate, by using and comparing simulations stemming from different model concepts. Here, we present only the results for temperate broadleaf species (*Fagus sylvatica* and *Quercus robur*) and compare predictions of range shifts under climate change scenarios for 2050 derived from three niche-based models (BIOMOD, NBM and STASH) with those derived from a mechanistic tree growth process-based model (CASTANEA), a phenology-based model (PHENOFIT) and three dynamic global vegetation model DGVM (LPJ, ORCHIDEE and IBIS). A contrasted pattern emerged from our comparisons: although all models project significant losses of temperate broadleaf species range in France in 2050, significant divergences between models appear: niche-based models tend to predict a stronger level of range loss in the plains across France than the other models, and they project less range loss in mountains than in lowlands. LPJ projects the smallest loss of range in plains and increased presence of beech in mountains. In general, LPJ, Orchidee, Castanea and PhenoFit are more conservative in the North, East and North-East of France than in the South, West and South West. This result likely arises because niche-based models do not take complex interactions between physiological processes and climate, phenotypic plasticity, and local adaptation into account. Nevertheless, there is much greater uncertainty in projected tree response to climate change than previous studies have suggested. This means that forest management must focus on dealing with an uncertain future, i.e., by increasing the resilience of forest ecosystems.

Contact : Alissar Cheaib - Laboratoire d'Ecologie, Systematique et Evolution (ESE) - Universite Paris-Sud 11 - Orsay - alissar.cheaib@u-psud.fr

Session 21 : Modélisation du fonctionnement des écosystèmes en lien avec le climat

Modélisation du dépérissement et de la mortalité du sapin pectiné (*Abies alba* Mill.) en Provence

Maxime Cailleret - Hendrik Davi

Si de nombreuses recherches ont permis d'estimer l'effet du climat sur la productivité des écosystèmes, la mortalité des individus a été peu étudiée alors que ce processus est déterminant à la fois pour la dynamique des peuplements et pour les flux de carbone et d'eau. Or, l'augmentation probable des extrêmes climatiques et de la fréquence des sécheresses édaphiques et atmosphériques, risque d'avoir des effets importants sur la mortalité et le dépérissement des forêts. À la suite de la sécheresse de l'été 2003 et des déficits hydriques des années suivantes, de forts dépérissements ont déjà été observés, plus particulièrement pour les populations situées en limite sud de répartition telles que les sapinières de Provence. D'un point de vue théorique, les causes fonctionnelles et de la mortalité des arbres sont encore mal connues. Si les hypothèses d'un manque de carbone et d'un dysfonctionnement hydraulique sont généralement admises, elles ont été peu démontrées expérimentalement. Les modèles de mortalité classiques considèrent que la probabilité de survie est faible lorsque la croissance des arbres l'est aussi. L'objectif de ce travail est (i) d'analyser les patrons de croissance de sapin sains, dépérissants et morts, (ii) d'élaborer des modèles statistiques de mortalité à partir des données de largeur de cernes, et (iii) de modéliser l'impact de l'accumulation des sécheresses estivales (2003-2006) sur la croissance et la mortalité du sapin pectiné, à l'aide d'un modèle écophysique basé sur les processus (CASTANEA, Dufrêne *et al.* 2005). La confrontation de l'analyse fonctionnelle avec les données dendrochronologiques permet de mieux comprendre quels sont les processus à la base de ce phénomène de déclin, et de déconvoluer leur importance relative.

Contact : Maxime Cailleret - INRA - URFM Ecologie des Forêts Méditerranéennes - Avignon - maxime.cailleret@avignon.inra.fr

Session 21 : Modélisation du fonctionnement des écosystèmes en lien avec le climat

Approche régionale de l'impact du stress hydrique sur le fonctionnement des écosystèmes : cas de la région Languedoc-Roussillon

Julien Ruffault - Florent Mouillot - Serge Rambal

Dans les écosystèmes limités en eau, l'intensité et la durée de la sécheresse contrôlent leur production primaire ainsi que le régime des perturbations comme les incendies. Ceci est particulièrement important dans la région méditerranéenne, où le climat présente des périodes de sécheresse marquées, et pour laquelle les prévisions climatiques prévoient une baisse des précipitations estivales accompagnée d'une hausse des températures. Cependant, les modèles de végétation à large échelle présentent des écarts importants dans la simulation des flux d'eaux sur les écosystèmes naturels, impliquant ainsi de larges biais sur leur productivité à l'échelle régionale. Ces différences peuvent être expliquées à la fois par le choix des processus décrits, par le paramétrage de ces processus ainsi que par la qualité des variables d'entrée. Un modèle de bilan en eau à 3 couches fonctionnant à l'échelle journalière et à une résolution spatiale de 1 km² a été développé afin de modéliser l'état hydrique de la végétation sur la région Languedoc Roussillon (LR). Le modèle permet de simuler l'état hydrique des différentes espèces selon leurs paramètres fonctionnels (potentiel maximum d'extraction d'eau, profondeur racinaire, LAI) et permet l'élaboration de différents indices de stress hydrique. Dans cette étude nous avons étudié la sensibilité du modèle aux différentes sources de variables climatiques spatialisées, ainsi qu'à la variable de la qualité du sol. Les données climatiques de précipitations, température et rayonnement issues du modèle SAFRAN (8km de résolution), JRC Mars (50km de résolution) et de stations météorologiques (42 stations) ont été interpolées à 1 km de résolution par une méthode de krigeage couplée à une extrapolation par fonctions « splines » des relations entre variables climatiques et altitude. Les données sol provenant de la base Donesol LR ont été extraites afin de paramétrer les fonctions de pédotransfert et la profondeur du sol. Le modèle a été validé localement sur le site de Puéchabon en comparant les simulations avec des mesures de sondes à neutrons. Les résultats des simulations pour la période 1971-2006 ont été comparés aux indices climatiques usuels. Nous verrons dans quelle mesure la prise en compte du fonctionnement de la végétation et de l'environnement global (pédologique, topographique et climatique) permet d'affiner la prévision de l'état hydrique de la végétation. Les implications pour les modèles d'aire de répartition des espèces et de risque d'incendies seront discutées.

Contact : Julien Ruffault - CEFE/CNRS - Montpellier - julien.ruffault@cefe.cnrs.fr

Session 21 : Modélisation du fonctionnement des écosystèmes en lien avec le climat

Biomass dynamic and carbon sequestration in a tropical forest

Ervan Rutishauser

Recent studies report pantropical above-ground biomass (AGB) increase, representing a carbon sequestration of $-0.8 \text{ Mg.C.ha}^{-1}\text{.yr}^{-1}$. Using a long term forest plot network in French Guiana (Paracou), we showed that positive carbon offset can be largely over-balanced by large and infrequent mortality events, resulting in no net carbon sequestration over a 16-yr period. Accounting for infrequent mortality events occurring a various spatial scale seemed to be a limit of small-scale plot (1 ha) network, that might only poorly reflect current forest response to global change.

Contact : Ervan Rutishauser - UMR Amap - Montpellier - ervan.rutishauser@cirad.fr

Session 22 : Plénière

Génomique des microbes de l'environnement

Philippe Normand

Parmi les grandes questions de l'écologie microbienne, celles concernant l'évolution microbienne, l'étude de la diversité microbienne, l'adaptation des microorganismes aux biotopes et les cycles des éléments ont subi un coup d'accélérateur. Ces grandes questions ont en effet été bouleversées par l'irruption d'innovations techniques résumées sous le terme d'« omics ».

Notre vision de l'évolution bactérienne a été bouleversée dans les années 80 par l'utilisation d'un marqueur moléculaire, le séquençage du gène 16S. Cette approche a été très féconde, fait éclater les catégories connues jusqu'alors et permis de proposer une nouvelle histoire des microorganismes. Cependant, un désaccord subsiste sur les clades existants, avec des changements de topologie selon la longueur des séquences étudiées. Avec l'émergence de données de génomes, ces clades fluctuent et il semble évident que plus le nombre de loci considérés est élevé, plus la topologie obtenue sera solide. On assiste actuellement à un réexamen de la phylogénie des microorganismes impliquant un grand nombre de loci qui intègre les pertes, transferts latéraux et duplications de gènes et permet une vision plus complexe de l'origine des espèces bactériennes, intégrant l'écologie de ces microbes.

L'étude de l'adaptation aux fluctuations intègre les développements de la microbiologie et de la biologie moléculaire qui a identifié de nombreux régulateurs transcriptionnels et post-traductionnels et permet de suivre les transcripts, protéines et métabolites et devrait permettre de les relier aux changements physico-chimiques.

La diversité microbienne est un concept encore flou qui considère les microorganismes comme un tout qui peut être quantifié avec différents index et corrélé à des variations des flux. Ces mesures peuvent aussi être liées à une connaissance plus précise des acteurs par ces approches en « omics », en particulier toutes les approches en méta-omics qui visent à caractériser les communautés dans leur ensemble.

Les grands cycles des éléments comportent surtout bien sûr des mesures de flux en fonction des conditions environnementales mais aussi des tentatives de connaître les taxons impliqués dans ces flux et pour comprendre la régulation de ces activités. Le nombre de génomes et de métagénomes est actuellement en croissance exponentielle. De ces approches émergent de nouveaux candidats pour certaines étapes de ces cycles.

De nombreuses innovations continuent à se produire dans les techniques « omics », qui devraient être intégrées dans les études d'écologie microbienne permettant une meilleure compréhension des écosystèmes.

Contact : Philippe Normand - UMR 5557 Ecologie Microbienne, Université Lyon1, CNRS, Villeurbanne - philippe.normand@univ-lyon1.fr

Vendredi

Session 23 : Les concepts d'écologie sont ils appropriés au monde microbien?

La notion d'espèce en écologie bactérienne

Xavier Nesme

Ne serait-ce que pour des raisons pratiques, pouvoir définir et nommer des unités taxonomiques est indispensable en biologie et donc en écologie. A ce titre, la définition actuelle de l'espèce bactérienne basée sur la similitude des génomes a montré son efficacité permettant d'éclaircir la taxonomie tout en limitant les querelles de spécialistes. Cette définition est donc opérationnelle. Cependant, elle ne repose pas sur un concept biologique fort tel que le concept d'espèce biologique (BSC) utilisé avec les eucaryotes. En outre, avec l'augmentation de la prospection de nouveaux écosystèmes avec leurs foisonnements taxonomiques, il convient de s'interroger sur ce que recouvre effectivement la notion d'espèce chez les bactéries et si cette notion peut nous aider dans nos travaux au-delà du seul intérêt taxonomique. Il s'agit d'une part de voir si l'étalon-or de la systématique bactérienne, l'hybridation ADN/ADN a encore un sens, s'il peut encore être utilisé et par quelles alternatives. Il s'agit d'autre part de déterminer les causes (i.e. les forces) intervenant dans la spéciation des bactéries à partir desquelles on pourrait utilement associer un concept biologique à la notion d'espèce bactérienne. La validité de la notion d'espèce génomique lorsqu'on s'éloigne des types bien caractéristiques disponibles en collection, sa possible relation avec l'isolement sexuel des espèces, la relation entre espèce génomique et espèce écologique ou encore le rôle possible de dérive génétique dans la spéciation bactérienne seront abordés à l'aide d'exemples tirés de nos travaux sur le complexe d'espèces *Agrobacterium tumefaciens*.

Contact : Xavier Nesme - Ecologie Microbienne, Université de Lyon, Université Lyon 1, CNRS UMR 5557, INRA USC 1193. - Villeurbanne - nesme@univ-lyon1.fr

Session 23 : Les concepts d'écologie sont ils appropriés au monde microbien?

Parce que le continu est différent du discret : l'écologie du micro n'est pas celle du macro !

Jean-Jacques Godon

Deux très anciens paradigmes définissent les organismes et leur écologie. Chaque organisme est déterminé par son unicité et par sa spécificité. Par exemple, un chêne ou une souris. Même si parfois, la définition de l'espèce fait débat, les choses sont évidentes. Pour le monde bactérien, les mêmes paradigmes ont été et sont utilisés. A l'aube de la microbiologie cette démarche était logique et correspondait aux observations: un isolat égale une espèce et une colonie une population. Ainsi, s'est construite la microbiologie sans trop de problème car les microbes issus de clones, isolés, autistes, sans aucune interaction trophique correspondaient assez bien aux critères d'unicité et de spécificité. L'arrivée des outils moléculaires, des outils d'imagerie, de l'écologie microbienne et des meta-omics n'ont rien osé bouleverser et pourtant il y a de larges fissures...

Le séquençage, notamment de l'ADNr 16S, montre qu'il n'y a aucune évidence moléculaire aux espèces microbiennes, alors on fixe des pourcentages de similarité arbitraires qui deviennent des règles. Le méta-séquençage montre que les génomes sont des puzzles. Pour sauver le concept d'espèce, on définit un core-génome à partir d'un ensemble d'isolats phénotypiques de l'espèce (du core phénotype)... c'est encore une construction dont les limites sont fixées a priori. D'autre part, coté unicité, peut-on avoir une vision simple entre la cellule (individu) et la colonie (population) où les différentes cellules telles des organismes sont différenciées ? Peut-on à l'échelle d'une cellule bactérienne définir ses bornes (l'intérieur l'extérieur), entre la matrice extra-cellulaire et les enzymes extra-cellulaires, partagés ou pas au sein de la population, de la communauté? En bref, pour les macro-organismes l'entité est évidente, pour les micro-organismes l'entité, sans réalité, n'est définie que par les outils d'analyse utilisés. Sur ce constat, l'objectif de ce résumé est de faire part aux écologues de l'impossible transposition des concepts et aussi de bousculer les dogmes et de provoquer la réflexion. Il est probablement vain de chercher à conserver ces anciens paradigmes.

Doit-on les conserver car l'on n'ose pas les changer. Mais par quoi les remplacer ? Il est urgent de penser à de nouveaux concepts. Les méta-omics vont produire des quantités d'informations qu'il faudra analyser avec le grain le plus pertinent. Quelle réalité derrière les mots d'écosystème microbien, de communautés microbiennes et de biofilms. Les interactions sont mesurables mais qui avec qui ? Quel est le niveau d'intégration le plus pertinent ? Changement d'échelle, de où à où ?

Contact : Jean-Jacques Godon - Inra - MERE Narbonne - godon@supagro.inra.fr

Session 23 : Les concepts d'écologie sont ils appropriés au monde microbien?

Les bactéries du sol vivent-elles à Manhattan ou à Fargo ? Structure spatiale, diversité et fonctionnement des communautés bactériennes des sols

Naoise Nunan - Elsa Coucheney - Xavier Raynaud - Valérie Pouteau - Claire Chenu

Le sol représente l'un des plus importants réservoirs de biodiversité de la planète. En effet, un gramme de sol peut contenir 10^{10} bactéries avec une diversité allant jusqu'à 10^6 espèces par gramme: un genre de «melting-pot» microbien à la Manhattan. Quel est le rôle de cette diversité dans le fonctionnement microbien des sols? Contrairement aux études sur les eucaryotes, aucun lien entre diversité et fonctionnement microbien n'a pu être établi à ce jour. Il semblerait donc que les interactions écologiques vues chez les eucaryotes ne s'appliquent pas au fonctionnement microbien, bien que l'on ait décrit des exemples de telles interactions dans des communautés microbiennes. Cette contradiction est souvent attribuée à la redondance fonctionnelle. Mais cela pourrait aussi provenir de la manière dont les analyses sont faites, qui ne se préoccupe pas de savoir si les organismes analysés sont réellement en interaction et si on analyse vraiment des communautés au sens écologique du terme.

En écologie, une communauté est un ensemble d'organismes, appartenant à des populations d'espèces différentes, constituant un réseau d'interactions dans un espace défini. Cette dimension spatiale n'est généralement pas considérée en écologie microbienne des sols. Une «distance d'interaction» entre cellules bactériennes, définie comme la distance à laquelle des cellules peuvent interagir, peut être estimée à $\sim 20\mu\text{m}$, à partir de la littérature.

Nous avons combiné cette information avec des données sur la distribution spatiale de cellules bactériennes dans les sols et des modèles de la diversité en fonction de l'abondance bactérienne pour estimer qu'une cellule bactérienne «perçoit» < 20 espèces différentes. Cette diversité est loin des nombres gigantesques souvent associés à la diversité bactérienne des sols et son étude ne demande pas l'intégration d'une grande quantité d'information.

Nous avons ensuite étudié la relation entre diversité bactérienne et la minéralisation d'un substrat carboné avec des microcosmes simples dans lesquels la diversité bactérienne «perçue» a été reproduite. Des microcosmes avec 1, 3 ou 6 espèces bactériennes ont été incubés et la minéralisation du fructose suivie par analyse du CO_2 produit. A la fin de l'incubation le carbone organique dissous a été déterminé. Les résultats montrent que la minéralisation est plus importante dans les communautés avec 2 ou 3 espèces que quand les souches sont seules, suggérant un effet de complémentarité, et qu'une relation entre respiration et carbone organique dissous émerge avec une augmentation de la diversité.

Contact : Naoise Nunan - CNRS, BioEMCo, UMR 7618 - Thiverval Grignon - nunan@grignon.inra.fr

Session 23 : Les concepts d'écologie sont ils appropriés au monde microbien?

Les nouvelles approches génomique en écologie microbienne: concepts, limites et perspectives

Philippe Bertin

L'étude des communautés microbiennes *in situ* constitue un enjeu majeur en microbiologie environnementale. Par leur implication dans les cycles biogéochimiques, les micro-organismes jouent en effet un rôle clé au sein de la biosphère. L'étude de ces processus nécessite cependant une connaissance approfondie de la structure et du fonctionnement des communautés microbiennes, qui a été en partie limitée par l'absence de données sur les organismes non cultivés. En effet, la très grande majorité des micro-organismes présents dans l'environnement ne sont pas accessibles par les techniques classiques d'isolement. Le développement récent des méthodes de génomique permet maintenant d'étendre les investigations au-delà des seuls inventaires taxonomiques, fournissant ainsi une image intégrée des écosystèmes microbiens. Les approches combinant en particulier métagénomique et métaprotéomique représentent par conséquent une stratégie novatrice pour étudier les potentialités et réalités fonctionnelles des communautés microbiennes dans leur environnement en s'affranchissant des biais de mise en culture. Par conséquent, dans le domaine de la microbiologie, l'heure est à l'exploration puisque les développements technologiques permettent d'accéder à ce qui était jusqu'ici considéré comme inexplorable. De tels résultats ont motivé, y compris au niveau national, la mise en place de grands projets de recherche. Les nouvelles approches mises en oeuvre permettront non seulement de caractériser des organismes récalcitrants dont l'identification reposait jusqu'ici sur la seule taxonomie moléculaire mais aussi d'évaluer leurs interactions au sein de communautés complexes. Combinées à des méthodes classiques de physiologie ou de biochimie, l'inventaire de nouvelles fonctions métaboliques devrait permettre de mieux comprendre le fonctionnement des organismes identifiés mais aussi, à terme, le fonctionnement des écosystèmes eux-mêmes.

Contact : Philippe Bertin - Université de Strasbourg - Strasbourg - philippe.bertin@unistra.fr

Session 24: Ecologie microbienne des sols

Réponses adaptatives des oiseaux envers les infestations bactériennes

Philipp Heeb

Les populations d'oiseaux sauvages font face à d'innombrables micro-organismes qui agissent négativement sur leur survie et/ou leur reproduction. On peut s'attendre à ce que la sélection naturelle ait favorisé l'évolution de réponses adaptatives des oiseaux envers ces micro-organismes. De récentes études ont commencé à examiner les adaptations utilisées par les oiseaux afin de maîtriser les populations et façonner les communautés bactériennes les contaminant. Les réponses anti-bactériennes découvertes à ce jour chez les oiseaux sont variées et incluent des modifications comportementales comme l'incubation des oeufs qui modifie les communautés présentes à leur surface. Des études menées en Corse ont pu démontrer l'existence d'une «aromathérapie» chez les mésanges bleues, *Cyanistes caeruleus*. Les mésanges corses placent des plantes aromatiques dans leurs nids ce qui modifie ensuite les charges bactériennes sur les oisillons et s'accompagnent d'une meilleure croissance des jeunes. D'autres études ont montré que le plumage des oiseaux porte un grand nombre de micro-organismes. Lors de leur entretien du plumage, les oiseaux induisent leurs plumes de sécrétions de la glande uropygiale, une glande exocrine qui se trouve à la base de la queue chez la plupart des espèces. Les sécrétions de la glande uropygiale ont des propriétés anti-bactériennes et jouent un rôle déterminant dans l'entretien du plumage. Chez les hirondelles de cheminées, *Hirundo rustica*, les sécrétions de la glande uropygiale permettent à ces hirondelles de contrôler la taille des populations bactériennes. Il a été proposé que la présence de bactéries kératinolytiques (secrétant des enzymes dégradant les plumes) sur le plumage, ont favorisé l'évolution de relations symbiotiques entre les oiseaux et certaines souches bactériennes. Chez la Huppe, *Upupa epops*, la glande uropygiale est colonisée par des souches d'*Enterococcus faecalis*. Des résultats de plusieurs expériences ont montré qu'en enduisant leur plumes avec des sécrétions de leur glande uropygiale les huppes bénéficient des substances bactéricides produites par l'entérocoque. Ces études sur la huppe décrivent un exemple de symbiose où l'oiseau utilise les défenses chimiques produites par un micro-organisme envers un autre micro-organisme néfaste. Lors de cette présentation je résumerai les stratégies adaptatives anti-bactériennes utilisées par les oiseaux qui augmentent leur valeur sélective. Cependant, il ne s'agit que d'études préliminaires et je concluerai ma présentation en discutant des thèmes de recherche potentielles qui sont encore à explorer. Les relations écologiques et évolutives entre les oiseaux et leurs bactéries peuvent contribuer à l'avancement de nos connaissances en écologie microbienne.

Contact : Philipp Heeb - EDB, UMR 5174, UPS/CNRS - Toulouse - heeb@cict.fr

Session 24: Ecologie microbienne des sols

Comment la diversité permet une coexistence pratique d'espèces en compétition sur un substrat en accord avec le principe d'exclusion-compétitive ?

Jérôme Harmand - Alain Rapaport - Jean-Jacques Godon

Le principe d'exclusion compétitive établit que lorsque N espèces sont en compétition sur un unique substrat, une seule d'entre elles peut survivre, les autres finissant par être exclues. Ce concept a été validé expérimentalement par Hansen et Hubbell en 1980 mais a également été l'objet de vives critiques notamment car en contradiction avec presque toutes les études sur la diversité microbienne des écosystèmes naturels. La question fondamentale qui se pose est celle des mécanismes permettant d'expliquer la coexistence d'un grand nombre d'espèces différentes sur un petit nombre de substrats essentiels. Revisitant les études liées à la compétition d'espèces pour un substrat essentiel, nous avons étudié le modèle du chemostat classique avec l'originalité de considérer les taux de croissance des N espèces présentes « proches les uns des autres ». Si l'on suppose que l'on tire au hasard les paramètres des taux de croissance, on admet intuitivement que plus le nombre d'espèces présentes est important, plus la probabilité d'avoir des espèces « proches » va être importante. Si N est grand, on va générer un écosystème virtuel dont beaucoup d'espèces vont être fonctionnellement "proches". Pour ces écosystèmes, nous avons établi (Cf. Rapaport et coll., 2009): 1. que les abondances relatives des espèces ne peuvent présenter que trois comportements distincts : croissance (c'est le cas de l'espèce gagnante), croissance puis décroissance, uniquement décroissance; 2. que le temps après lequel l'espèce gagnante commence « à prendre le dessus » peut être caractérisé; 3. qu'il fallait d'autant plus de temps à l'espèce gagnante pour prendre le dessus (i) que les paramètres de croissance des compétiteurs sont proches de celles de l'espèce gagnante et (ii) que les abondances relatives initiales de ces espèces sont importantes par rapport à celle de l'espèce gagnante. Cette analyse rappelle que le principe d'exclusion compétitive est un résultat à l'équilibre qui ne renseigne pas sur les transitoires. Le temps nécessaire à son expression (« une espèce gagne ») peut être très long et nécessite des conditions environnementales parfaitement constantes. Les environnements naturels et artificiels ne présentent pas une telle stabilité. La non simplification de ces écosystèmes pourrait ainsi simplement venir du fait que l'on n'observe les écosystèmes microbiens que dans des conditions transitoires.

Contact : Jérôme Harmand - INRA, LBE - Narbonne - harmand@supagro.inra.fr

Session 24: Ecologie microbienne des sols

Biogéographie microbienne : mythe ou réalité ?

Nicolas Chemidlin Prévost-Bouré - Samuel Dequiedt - Nicolas Saby - Mélanie Lelièvre - Claudy Jolivet - Dominique Arrouays - Jean Thioulouse - Pierre-Alain Maron - Philippe Lemanceau - Lionel Ranjard

Bien que les microorganismes soient les organismes les plus diversifiés et les plus abondants de notre planète, le déterminisme de leur diversification et de leur distribution spatiale à petite, comme à grande échelle, est très peu documenté. Ce manque d'intégration de l'échelle spatiale en écologie microbienne limite l'application des concepts développés en biogéographie pour les macro-organismes tels que la bêta-diversité (comment la composition des communautés change à l'échelle du paysage), qui est centrale pour la compréhension de la régulation et de l'évolution de la biodiversité en fonction des paramètres du milieu. Par conséquent, il est impossible à ce jour de définir des patrons de dispersions des populations microbiennes du sol à grande échelle et de hiérarchiser de façon générique l'impact relatif des facteurs environnementaux (climat, type de sol, couvert végétal, pratiques agricoles...) sur cette dispersion. Dans ce contexte, nous avons entrepris une des études les plus importantes en biogéographie microbienne par la caractérisation des communautés bactériennes et de champignons du sol sur le Réseau de Mesures de la Qualité des Sols Français. Ce réseau comprend 2200 sols répartis selon une grille systématique et couvrant l'ensemble du territoire français. Pour chacun des sols, les caractéristiques physico-chimiques, les paramètres climatiques environnants, les compositions floristiques, l'utilisation des terres et les pratiques agricoles sont répertoriés. La densité et la diversité/structure génétique des communautés microbiennes ont été caractérisées grâce à l'utilisation d'outils d'écologie moléculaire de type PCR quantitative et génotypage. Des outils statistiques et numériques ont été développés spécifiquement et ont permis i) de caractériser les profils biogéographiques de la diversité microbienne à l'échelle de la France, ii) d'évaluer la contribution relative des filtres environnementaux sur la diversité des communautés indigènes, et iii) d'identifier des processus impliqués dans la diversification des communautés et la dispersion des espèces à grande échelle. Une des principales conclusions de notre étude est que la biogéographie des communautés bactériennes ne répond pas aux mêmes filtres environnementaux que celle des communautés de champignons et que la biogéographie microbienne diffère de celle des macro-organismes. Il est donc nécessaire à ce jour d'affiner les concepts à appliquer aux microorganismes, sur la base d'études de ce genre, adaptés à la distribution de la diversité microbienne à grande échelle.

Contact : Nicolas Chemidlin Prévost-Bouré - INRA, UMR MSE - Dijon - nicolas.chemidlin@dijon.inra.fr

Session 24: Ecologie microbienne des sols

Integrating energetic and stoichiometric demands of the decomposer microbial community during litter decay: A theoretical modeling approach

Daryl Moorhead - Robert Sinsabaugh - Michael Weintraub

This model integrates three different types of controls on litter decomposition, the biochemical limits to how much litter can decay, the energetic demands of the decomposer microorganisms, and the stoichiometric balance of this community. In addition, the maximum rate of litter decay is estimated as a function both of microbial activity and substrate availability, providing two possible limiting conditions under which energetic and stoichiometric regulations operate. We simulate decay of three common substrate types: carbohydrates containing no nitrogen or phosphorus, nucleic acids containing both N and P, and proteins containing N but no P. We assume that C-assimilation efficiencies of these three substrates are constant, as are the N and P concentrations in these substrates and in microbial biomass. These constants in turn generate fixed ratios of relative decay rates for the three substrates, necessary to balance the energy and nutrient needs of the microbial community. However, the actual decay rates vary between substrate-limited and microbially-limited conditions. Results are consistent with general patterns of litter decay and nutrient mineralization, as well as recently reported patterns of stoichiometric balance in extracellular enzyme activities associated with decomposition.

Contact : Daryl Moorhead - Toledo, Ohio, USA - University of Toledo - daryl.moorhead@utoledo.edu

Session 24: Ecologie microbienne des sols

Relation entre traits fonctionnels végétaux et traits fonctionnels microbiens dans la transformation des formes azotées

Maxime Dumont - Philippe Lainé - Emmanuelle Personeni - Thomas Pommier - Franck Poly

Les espèces végétales peuvent être discriminées le long d'un gradient d'acquisition des éléments nutritifs allant d'une stratégie conservatrice, caractérisée par un taux de croissance et une densité foliaire faibles, à une stratégie exploitatrice, caractérisée par un taux de croissance et une densité foliaire forts (Wright et al., 2004 ; Quétier et al., 2007). La coexistence de ces espèces présentant différentes stratégies trophiques serait à l'origine de la grande diversité des prairies européennes (Gross et al., 2007 ; Kirwan et al., 2009). Dans ce type d'écosystème, l'azote apparaît comme l'élément limitant la croissance des plantes (Kaye and Hart, 1997 ; Harrison et al., 2007). La disponibilité des différentes formes azotées (NH_4^+ , NO_3^-), que les plantes utilisent selon un degré d'affinité, dépend directement du fonctionnement des communautés microbiennes du sol ainsi que des pratiques agricoles mises en place (fertilisation, sélection végétale...). Afin de maîtriser et orienter les multiples services écosystémiques rendus par les prairies il apparaît donc essentiel de comprendre les relations entre traits végétaux et traits microbiens associés au cycle de l'azote. Pour répondre à cet objectif, une étude a été réalisée en rhizotron avec deux types de management : avec et sans fertilisation azotée (4NH_4^+ , 1NO_3^-), sur sept espèces végétales couvrant un large spectre de stratégie trophique. Après 4 semaines de culture, les communautés microbiennes ont été caractérisées en termes d'activité nitrifiante et dénitrifiante ainsi que d'abondance des gènes fonctionnels liés au cycle de l'azote dans les deux compartiments de sol de chaque rhizotron (i.e. sol rhizosphérique et non rhizosphérique). Les résultats obtenus ont mis en évidence que les plantes (i) engendrent une augmentation de la taille des communautés microbiennes dans la rhizosphère et (ii) agissent sur le fonctionnement des communautés microbiennes de manière à favoriser la disponibilité/production de la forme azotée pour laquelle leur affinité est la plus grande. Ces interactions plantes/microorganismes sont modifiées par la fertilisation qui (i) engendre une diminution de la taille des communautés microbiennes du sol (ii) modifie l'abondance des gènes fonctionnels microbiens impliqués dans le cycle de l'azote et (iii) augmente l'activité microbienne nitrifiante sans avoir d'impact sur l'activité dénitrifiante.

Maxime Dumont - l'UMR 5557-CNRS, Écologie Microbienne de l'Université Lyon 1 - Lyon - maxime.f.dumont@gmail.com

Session 25 : Ecologie microbienne aquatique : les biofilms

Les biofilms épilithiques de rivière : un modèle d'étude pour appréhender les relations entre structure et fonctions de communautés microbiennes benthiques

Armelle Paule - Béatrice Lauga - Robert Duran - Etienne Paul

La recherche de relations entre la biodiversité et le fonctionnement de communautés au sein d'écosystèmes est l'un des enjeux majeurs de l'écologie contemporaine de ces dix dernières années. Dans ce contexte, les biofilms épilithiques de rivière constituent un modèle d'étude pertinent de par la complexité des structures de communautés microbiennes et leur dynamique spatiale et temporelle, et la variété de fonctions hébergées. Ces agrégats microbiens sont constitués de micro- et meio-organismes hétérotrophes (bactéries, protozoaires) et de micro-organismes phototrophes (diatomées, cyanobactéries). Ils constituent un compartiment fonctionnel essentiel du cours d'eau par leur contribution à la réalisation des cycles biogéochimiques. La structure des communautés au sein de ces agrégats est conditionnée par des paramètres abiotiques (physico-chimie de l'eau, polluants,...) et biotiques (compétition, prédation,...). En retour, les principales fonctions exprimées par ces communautés découlent de leur structure (composition taxonomique) et de leur dynamique (succession écologique). Dans une première approche, la manipulation de la structure de communautés microbiennes de biofilms épilithiques a été explorée en conditions « naturelles » dans des rivières aux caractéristiques morphologiques et de qualité des eaux contrastées, et en conditions « contrôlées » avec un prototype de bioréacteur photosynthétique à écoulement hydrodynamique du type Taylor - Couette. En conditions « naturelles », le développement de biofilms sur des substrats vierges immergés fournit des communautés microbiennes différentes aux structures inféodées aux conditions environnementales. Le croisement de ces substrats colonisés par un biofilm âgé de quelques semaines entre les sites provoque des changements de trajectoire de succession écologique au sein des communautés. Ceci traduit l'importance des facteurs abiotiques sur la structure des communautés et sa dynamique temporelle. En conditions « contrôlées » (qualité de l'eau, hydrodynamique), les communautés microbiennes produites à partir de procédures d'inoculation différentes, présentent des trajectoires d'évolution temporelle plus homogènes, traduisant globalement un appauvrissement de leur diversité par rapport à celle des inocula. Dans une seconde approche, nous avons tenté d'analyser la relation entre la structure de la communauté et l'expression d'une fonction très spécialisée associée à la chimiodynamique d'un herbicide, l'alachlore. Alors que les biomasses de biofilms « naturels » permettent de dégrader de façon significative l'alachlore sur des périodes d'incubation de quelques jours, cette fonction semble disparaître lorsque ces biomasses sont pré-cultivées quelques semaines en bioréacteur « contrôlé » avant exposition à l'alachlore. L'application forcée d'une trajectoire de succession écologique ouvrant sur un appauvrissement de la communauté microbienne pourrait engendrer une disparition irréversible de cette fonction spécialisée.

Contact : Armelle Paule - ECOLAG Toulouse - armelle.paule@cict.fr

Session 25 : Ecologie microbienne aquatique : les biofilms

Estimation de la biodiversité microbienne d'un biofilm de rivière par pyroséquençage

Geneviève Bricheux - Gérard Coffe - Loïc Morin - Jacques Bohatier

Les organismes de la biosphère sont majoritairement des microorganismes dont l'identité et la répartition, dans les divers écosystèmes de l'environnement, restent encore très mal connues. L'analyse des séquences rDNA 16S (et 18S) a été utilisée depuis plus de 20 ans pour examiner la biodiversité microbienne et récemment le pyroséquençage de l'ADN a permis de décupler le nombre de séquences obtenues, par rapport à la technique conventionnelle de Sanger et ce à un coût plus faible. Nous étudions des biofilms d'une rivière périodiquement soumise à la présence de pesticides répandus sur le bassin versant du Jauron (63). Dans le cadre de cette étude, nous avons réalisé le pyroséquençage d'un biofilm de printemps dans le but d'estimer le nombre de séquences nécessaires pour couvrir la biodiversité. L'utilisation du « barcoding » nous a permis de tester plusieurs couples de primers représentants des régions différentes du rDNA. Nous avons utilisé un séquenceur de type GS FLX Titanium qui produit des séquences allant jusqu'à 350 - 450 paires de base. Les amplifications ont été réalisées avec des primers contenant une part FLX, un « barcode » plus la séquence spécifique. Après mélange équimolaire, les amplicons ont été soumis au séquençage sur 1/16 de run. Nous avons obtenu 26400 séquences correspondant à plus de 4000 OTUs (operational taxonomic unit). Sur les 9 couples de primers utilisés, le nombre d'OTUs déterminé va de 40 à 1400 avec un seuil de divergence de 3%. Le séquençage de différentes régions du gène 16S montre qu'elles diffèrent dans leurs capacités à révéler la diversité microbienne et à fournir une classification taxonomique.

Contact : Geneviève Bricheux - Université Blaise Pascal, UMR6023 CNRS - Clermont-Ferrand - genevieve.bricheux@univ-bpclermont.fr

Session 25 : Ecologie microbienne aquatique : les biofilms

Apport de techniques électrochimiques à la caractérisation de différentes propriétés des biofilms phototrophes en rivière: épaisseur, élasticité, électroactivité

Stéphanie Boulêtreau - Emilie Lyautey - Bernard Tribollet - Alain Bergel - Frédéric Garabetian

L'électrochimie couple des transformations chimiques à des phénomènes de transfert d'énergie sous forme d'électricité. Elle s'appuie sur des systèmes biphasiques associant des solutions électrolytiques et des matériaux conducteurs, les électrodes. Parce qu'ils se développent à des interphases comme l'interface liquide – solide et parce qu'ils catalysent biologiquement certaines réactions redox, les biofilms sont candidats à « interférer » avec des systèmes électrochimiques. En retour, l'interférence engendrée dans un dispositif électrochimique donné peut permettre de détecter voire quantifier certaines propriétés des biofilms avec les outils de l'électricité. Cette démarche développée avec succès dans les domaines industriels (biocorrosion) et environnementaux (biopiles, détection des biofilms) a été appliquée à des assemblages phototrophes en rivière. Une première partie de notre travail a été de rechercher, par l'utilisation d'approches électrochimiques adaptées, les indices d'une électroactivité de biofilms phototrophes de rivière. A l'échelle de la communauté, l'électroactivité a été recherchée par l'utilisation d'un dispositif expérimental de type capteur Biox®. Parallèlement, l'électroactivité de populations bactériennes constitutives de ces biofilms, isolées par culture d'assemblages naturels (galets de la rivière) a été recherchée par voltammétrie cyclique. Nos résultats suggèrent que des communautés formant des biofilms phototrophes en rivière ou des populations bactériennes cultivables qui les constituent sont électroactives c'est-à-dire qu'elles ont la capacité de catalyser de réactions de transfert d'électrons des cellules directement avec leur support. Cette propriété semble être assez communément répandue et pourrait être due à l'assemblage des cellules microbiennes en biofilms comme une propriété émergente de ces agrégats. La seconde partie avait pour but de transposer une méthode électrochimique reposant sur l'utilisation d'une électrode à disque-plan tournant pour estimer l'épaisseur et l'élasticité d'un biofilm aux agrégats de rivière. Pour valider la pertinence de cette méthode, une expérimentation a été réalisée en rivière pour comparer l'épaisseur et l'élasticité de biofilms obtenus après 21 jours de colonisation dans deux vitesses d'écoulement (0,1 et 0,45 m/s). Les comparaisons entre mesure électrochimique et estimation stéréomicroscopique démontrent que la méthode électrochimique permet de détecter précocement la formation du biofilm et de mesurer des épaisseurs de biofilms de plusieurs centaines de μm . C'est la mesure de l'élasticité du biofilm, qui nous semble être le paramètre le plus novateur en écologie des biofilms de rivière. En effet le potentiel du biofilm à se rétracter sous l'effet d'une contrainte hydrodynamique, décrit la physionomie de l'agrégat comme le reflet de l'adaptation, au niveau de la communauté, aux conditions physicochimiques ambiantes.

Contact : Stéphanie Boulêtreau - CNRS - EcoLab - Toulouse : stephanie.bouletreau@cict.fr

Session 25 : Ecologie microbienne aquatique : les biofilms

Biofilms et évaluation d'impact chimique en milieux aquatiques

Bernard Montuelle - Vincent Berthon - Agnès Bouchez - François Delmas - Soizic Morin - Stéphane Pesce - Frédéric Rimet - Vincent Roubeix - Ahmed Tlili

Les communautés microbiennes benthiques sont un maillon essentiel du fonctionnement des systèmes aquatiques. Ils contribuent aux cycles élémentaires et sont une ressource nutritive importante pour l'établissement de réseaux trophiques. Leur adaptation aux toxiques est rapide et à cet égard, les biofilms peuvent être considérés comme des indicateurs précoces de la présence de contaminants. En complément à des approches taxonomiques basées par exemple sur les diatomées (et ayant débouché sur la définition d'indicateur normalisé), des approches de diversité, de structure de communauté et de fonctions peuvent être des indicateurs pertinents de la qualité chimique du milieu. En particulier, l'évaluation de la tolérance de ces communautés aux stress toxiques, exprimée par des valeurs de CE₅₀ relatives à un contaminant donnée est particulièrement informative. Le choix de la métrique est également un critère important, qu'il convient d'adapter au contaminant étudié et en fonction de l'objectif souhaité (composantes hétérotrophes ou autotrophes du biofilm). La diversité des indicateurs et la relative simplicité d'étude des biofilms en font un bon modèle d'étude du fonctionnement des systèmes aquatiques et un outil d'évaluation de la qualité des milieux encore améliorable, mais d'ores et déjà opérationnel.

Contact : Bernard Montuelle - Cemagref, UR MALY - Lyon - bernard.montuelle@cemagref.fr

Session 25 : Ecologie microbienne aquatique : les biofilms

Une nouvelle approche pour la modélisation des biofilms, ou un aller-retour entre échelles microscopique et macroscopique

Chloé Deygout - Annick Lesne - Fabien Campillo - Alain Rapaport

Les biofilms sont des communautés de micro-organismes adhérant entre eux et à une surface. De nombreux modèles existent déjà pour essayer de comprendre la dynamique de ces systèmes complexes. Notre objectif est d'utiliser différentes échelles de modélisation afin d'obtenir un modèle macroscopique de biofilm basé sur des équations différentielles ordinaires (EDO) mais qui repose sur des hypothèses mécanistes microscopiques de fonctionnement. En particulier, nous nous intéressons à la structuration spatiale des biofilms. Or, ce sont les individus qui composent le biofilm qui, par leur dynamique individuelle, créent cette structuration. En retour, la structuration va influencer la dynamique individuelle de chacun d'eux et ce, à un point tel qu'il peut apparaître dans un biofilm des différences fonctionnelles entre individus issus d'un même clone bactérien. Afin d'étudier ce phénomène qui repose sur des interactions entre individus, nous proposons tout d'abord la mise en place d'un modèle individu-centré (IBM) simple qui décrit les mécanismes, tels que la croissance ou l'attachement et le détachement des individus, qui ont lieu dans un réacteur biologique de type long tube fin (approché en 1D) parcouru par un flux de substrat. Ce modèle individu-centré permet de prendre en compte (i) la différence entre les fonctions de croissance de bactéries appartenant au biofilm et celles qui sont en suspension dans le réacteur et (ii) l'expression des fonctions déterminant l'attachement et le détachement de bactéries dans le biofilm en fonction de l'abondance des autres individus. A une échelle moyennée, nous pouvons ainsi retrouver un modèle d'équations différentielles ordinaires basé sur une adaptation du modèle du chémostat à notre réacteur et représentant la dynamique de trois compartiments : le substrat, les bactéries attachées au biofilm et les bactéries en suspension dans le milieu. Les termes décrivant au niveau individuel les événements de croissance, ainsi que l'attachement et le détachement des bactéries sont une justification au niveau macroscopique des modèles proposés dans la littérature et peuvent mettre en évidence de nouvelles dynamiques de l'écosystème.

Contact : Chloé Deygout - INRIA - Equipe-projet MERE, UMR MISTEA - Montpellier - chloe.deygout@supagro.inra.fr

Session 26 : Evolution des traits phénotypiques dans l'écosystème naturel

Détecter les changements évolutifs dus à la sélection naturelle dans les populations contemporaines

Denis Réale - Emmanuel Milot

L'étude longitudinale des changements évolutifs contemporains dans des populations naturelles a connu un rapide essor depuis les années 1990. Grâce aux développements théoriques et méthodologiques récents en génétique quantitative, il est maintenant possible d'évaluer deux paramètres essentiels à l'évolution d'une population : la force de la sélection qui s'exerce sur un ensemble de traits et les différentes composantes de (co)variance de ces traits. Il est également possible d'estimer les changements phénotypiques et génétiques globaux qui résultent de l'action de la sélection naturelle. Ces méthodes ont pu être appliquées à des données longitudinales sur des populations d'individus répertoriés dont la généalogie est connue. Dans cette présentation, nous faisons un bref historique des résultats obtenus sur le sujet, au cours des 10 dernières années. Nous montrons ensuite l'exemple d'une évolution génétique contemporaine causée par la sélection naturelle sur des caractéristiques biodémographiques dans la population humaine de l'île aux Coudres, sur le Fleuve Saint-Laurent, Québec. Dans cette société préindustrielle, l'âge à la première reproduction a avancé de 2.3 ans entre 1800 et 1939. Cette tendance temporelle correspond à un abaissement des valeurs génétiques (valeurs de croisement) associé à une forte sélection favorisant les reproductions précoces. Cette réponse génétique s'est produite en dépit d'un compromis génétique entre l'âge à la première reproduction et l'âge à la ménopause et ne peut être expliquée par la dérive génique, les effets familiaux ou une évolution culturelle. Ces résultats montrent qu'une évolution des caractéristiques biodémographiques peut se produire en quelques générations seulement dans une espèce longévive et soulignent l'efficacité des techniques actuelles pour étudier les changements évolutifs à court terme dans des populations naturelles.

Contact : Denis Réale - Département des Sciences Biologiques - Université du Québec- Montréal - reale.denis@uqam.ca

Session 26 : Evolution des traits phénotypiques dans l'écosystème naturel

Titre : Conséquences de l'érosion génétique sur la fitness et la plasticité phénotypique dans les populations de rainette arboricole (*Hyla arborea*)

Emilien Luquet - Jean Paul Léna - Patrice David - Pierre Joly - Thierry Lengagne - Nicolas Perrin - Sandrine Plénet

Alors que les effets négatifs de l'érosion génétique (perte de diversité génétique et consanguinité) sur les populations isolées sont maintenant largement reconnus, très peu d'études se sont intéressées à leurs variations avec les facteurs environnementaux. Du fait d'un potentiel évolutif limité par la réduction de la variance génétique additive, la capacité de certains génotypes à développer de la plasticité phénotypique en réponse aux changements environnementaux apparaît essentielle pour la persistance des populations isolées. L'impact de l'érosion génétique pourrait donc être exacerbé si la réponse plastique est affectée ou encore si ces réponses sont maintenues mais à un coût supérieur. Pour comprendre les interactions entre érosion génétique, fitness et plasticité phénotypique, nous avons comparé expérimentalement, dans deux environnements contrastés (favorable versus défavorable), les performances et les réponses plastiques en situation de prédation (défenses induites) de têtards de rainette arboricole (*Hyla arborea*) issus de populations isolées et connectées. Nos résultats démontrent effectivement que les têtards issus des populations isolées présentent des performances réduites. Cette réduction de fitness apparaît néanmoins dépendante des conditions environnementales. L'effet d'hétérosis observé chez des têtards issus de croisements entre populations isolées différentes confirme que cette réduction de fitness peut être attribuée à de la consanguinité. Les défenses induites en réponse à la prédation s'exprime de manière identique pour toutes les populations. Ni la capacité de détection ni la sensibilité de la réponse n'ont été modifiées par l'érosion génétique et les conditions environnementales. Cependant, une telle expression des défenses induites dans des conditions contraignantes s'est révélée plus coûteuse en termes de survie, de développement et de croissance pour les têtards de populations isolées. Ainsi, notre étude indique que même si la plasticité phénotypique peut être maintenue en condition d'érosion génétique, ces réponses apparaissent plus coûteuses, entraînant une perte additionnelle de fitness dans les populations isolées.

Contact : Emilien Luquet - LEHF - UMR 5023 - Villeurbanne - emilien.luquet@univ-lyon1.fr

Session 26 : Evolution des traits phénotypiques dans l'écosystème naturel

Caractérisation du potentiel évolutif en milieu naturel d'une population de hêtre commun

Aurore Bontemps - François Lefèvre - Hendrik Davi - Sylvie Oddou-Muratorio

Un trait phénotypique ou un ensemble de traits peuvent répondre à la sélection naturelle à condition que le/les traits considérés (1) présentent un potentiel évolutif non nul, c'est-à-dire qu'ils soient génétiquement variables et (2) aient un effet sur la fitness. Du fait de la plasticité des traits phénotypiques, une partie de la variation phénotypique observée entre individus est imputable à des variations de l'environnement, alors que l'autre partie a une origine génétique. L'héritabilité au sens strict est définie comme la fraction de la variance phénotypique totale (VP) qui est due à l'effet additif des gènes (VA) : $h^2 = VA / VP$. La vitesse de la réponse à la sélection d'un ensemble de traits dépend de l'héritabilité de chacun des traits, de leur variabilité génétique et des corrélations génétiques entre ces traits. Pour les arbres en population naturelle la variabilité environnementale est grande, de plus les pedigrees étaient jusqu'à présent inaccessibles. Dans ces conditions, il était difficile d'estimer *in situ* les capacités de réponse à la sélection. Les estimations en jardin commun du potentiel évolutif sont également difficiles à mettre en œuvre du fait du long cycle de vie des arbres. L'inférence des pedigrees en populations naturelle à partir des marqueurs moléculaires et le développement de méthodes statistiques plus puissantes pour séparer effets environnementaux et effets génétiques permettent à présent de contourner ces difficultés. L'objectif de cette étude est d'estimer dans une population naturelle de hêtre commun (*Fagus sylvatica*) localisée sur un gradient altitudinal le potentiel évolutif *in situ*, d'un ensemble de traits considérés comme potentiellement adaptatifs dans la réponse au climat : productions de faînes, phénologie du débourrement végétatif, accroissement radial, densité du bois, masse surfacique (LMA) et teneur en azote foliaire. Dans un premier temps, nous évaluerons les corrélations phénotypiques entre ces traits. Puis, pour estimer leur héritabilité, nous utiliserons la méthode développée par Ritland (1996). Cette méthode consiste à relier les valeurs de similarité phénotypique pour une paire d'individus à leur apparentement estimés à partir de marqueurs moléculaire. Les relations d'apparentement seront estimées grâce à un jeu de 19 microsatellites. Cette méthode nous permettra également d'estimer les corrélations génétiques entre les traits mesurés. Dans cet exposé, nous présenterons les résultats obtenus sur 170 individus situés en bas du gradient altitudinal sur une placette de 0.83 ha.

Contact : Aurore Bontemps - Unité de Recherches Forestières Méditerranéennes (UR629) - Avignon - aurore.bontemps@avignon.inra.fr

Session 26 : Evolution des traits phénotypiques dans l'écosystème naturel

Effets génétiques indirects: Impact de l'environnement social sur le déterminisme et l'évolution de la date de ponte chez la mouette scopuline

Celine Teplitsky - Jim Mills - John Yarrall - Juha Merilä

Une estimation précise de l'héritabilité est cruciale pour prédire les réponses des traits à la sélection. Lorsque l'expression phénotypique d'un trait est influencée par les interactions sociales entre congénères, cette estimation devient plus complexe comme le phénotype n'est plus seulement déterminé par l'interaction entre les gènes d'un individu et son environnement, mais aussi par les gènes des autres individus (environnement social), un phénomène défini comme des effets génétiques indirects (EGIs). Les EGIs peuvent avoir des effets importants sur les trajectoires évolutives comme ils peuvent (1) modifier la relation attendue génotype-phénotype, et donc, les estimations de l'héritabilité et (2) représenter un élément de l'environnement qui lui-même peut évoluer. Les EGIs peuvent être très fréquents car ils peuvent - par définition - résulter de tous comportements sociaux tels que l'agression, la territorialité, l'altruisme, les effets maternels ou les parades nuptiales. Nous avons évalué l'importance des EGIs dans le cas de la date de reproduction des mouettes scopulines (*Larus novaehollandiae scopulinus*): les performances de reproduction des femelles peuvent être fortement affectées par les soins des mâles, si bien que la date de ponte - un trait ne s'exprimant que chez les femelles - peut être considérée comme un trait déterminé simultanément par les génotypes des mâles et femelles. Une analyse par un « animal model » dans cette population a révélé que la date de ponte n'était pas héritable chez les femelles, mais pourtant héritable de façon significative chez les mâles. La sélection directionnelle forte et pour des dates de reproduction n'a pas entraîné de réponse à la sélection chez les mâles, en accord avec les prédictions des modèles pour l'évolution de l'environnement social. Nos résultats démontrent qu'un trait femelle est largement déterminé par les caractéristiques génétiques de son partenaire, et, par conséquent, tout changement évolutif dans le temps de la date de ponte chez la mouette scopuline dépend essentiellement de (co) variance génétique chez les mâles.

Contact : Celine Teplitsky - CERSP - MNHN - Paris - teplitsky@mnhn.fr

Session 26 : Evolution des traits phénotypiques dans l'écosystème naturel

Beyond DNA: integrating inclusive inheritance into the theory of evolution

Etienne Danchin - Simon Blanchet - Frances Champagne - Alexandre Mesoudi - Anne Chamamantier - Benoit Pujol

Recent developments in various branches of biology, from epigenetics to behavioural ecology, are causing such a major rethinking of the underlying principles of phenotypic evolution that biology may be viewed as undergoing a revolution. Biological information is typically considered as being transmitted across generations by the DNA sequence (i.e. genes) alone. However, there is accruing evidence that interactions between genetic and non-genetic inheritance can deeply affect evolutionary outcomes. We will formalise the quantitative dynamics of non-genetic inheritance and provide some evidence for epigenetic, parental, ecological and cultural inheritance. We will briefly discuss their network of interactions in shaping the phenotype. Their contrasted properties affect phenotypic evolution differentially. Our goal is to respond to calls for an expanded modern synthesis incorporating an inclusive view of inheritance and development into a single framework, allowing us to explore the multidimensions of evolutionary processes.

Contact : Etienne Danchin - CNRS - Toulouse : edanchin@cict.fr

Session 27 : Polymorphismes sexuels et systèmes de reproduction : données vs. modèles

Un système d'auto- incompatibilité explique la fréquence élevée des mâles chez une espèce androdioïque

Jacques Lepart - Pierre Saumitou-Laprade - Philippe Vernet

L'androdioécie est un système de reproduction assez rare pour avoir été considéré comme anecdotique. Il pourrait pourtant permettre de mieux comprendre l'évolution des systèmes de reproduction en explorant des voies d'évolution entre dioécie et hermaphrodisme. Dans la plupart des cas où l'androdioécie a été confirmée, elle est interprétée comme un stade d'évolution à partir de la dioécie (acquisition d'une fonction mâle chez les femelles permettant d'assurer la reproduction en situation d'isolement). L'invasion d'une population d'hermaphrodites par des mâles est beaucoup plus rare et plus énigmatique à cause du fort avantage nécessaire pour que les mâles puissent envahir les populations hermaphrodites. L'androdioécie des Oleaceae, des *Phillyrea* en particulier, qui correspond à une perte de la fonction femelle chez certains hermaphrodites par arrêt précoce du développement des stigmates, a été vigoureusement contestée. La fréquence des mâles dans les populations paraissait beaucoup plus élevée que ce que peuvent accepter les modèles théoriques classiques d'évolution de l'hermaphrodisme. Ceci a amené à proposer, contre beaucoup d'évidences, qu'il pouvait s'agir d'une dioécie cryptique. Les travaux réalisés depuis quelques années confirment l'androdioécie de *Phillyrea angustifolia* et démontrent l'existence d'un mécanisme qui permet d'expliquer la coexistence des mâles et des hermaphrodites. Ils mettent en évidence une incompatibilité à deux groupes au sein des hermaphrodites et une compatibilité systématique entre mâles et hermaphrodites. Dans un tel système, un hermaphrodite ne peut féconder qu'un receveur sur deux tandis qu'un mâle peut féconder l'ensemble des receveurs et compenser ainsi la perte de sa fonction femelle. Le système nécessite pour se maintenir l'existence d'un lien complet entre sexe et incompatibilité. Ce système d'incompatibilité à deux groupes, qui est fréquemment observé chez les espèces distyles est ainsi mis en évidence pour la première fois chez une espèce hermaphrodite homomorphe. L'apparition de ce mécanisme est sans doute à replacer dans l'évolution des systèmes de reproduction des Oleaceae chez lesquelles les espèces diploïdes à la base de la famille sont distyles. Le maintien ou la résurgence de ce mécanisme dans un autre contexte que la distylie reste à expliquer. Les mécanismes mis en évidence permettent de réconcilier les principes théoriques et les faits pour ce qui est de l'évolution de l'androdioécie à partir de l'hermaphrodisme. Cependant, si l'androdioécie à forte fréquence de mâles est maintenant expliquée, en revanche le maintien d'une incompatibilité homomorphe à seulement deux groupes est tout à fait inattendue et reste inexpliquée.

Vendredi

Contact : Jacques Lepart - CEFÉ UMR 5175 - Montpellier - jacques.lepart@cefe.cnrs.fr

Session 27 : Polymorphismes sexuels et systèmes de reproduction : données vs. modèles

Le changement de sexe est-il sous l'influence du recrutement chez le gastéropode protandre invasif *Crepidula fornicata* ?

Sabrina Le Cam - Adélaïde Sibeaux - Frédérique Viard

L'hermaphrodisme séquentiel a été le sujet de nombreuses études théoriques et empiriques visant à préciser les paramètres conditionnant le moment du changement de sexe des individus. Le succès reproducteur et l'environnement social local (i.e. le groupe d'individus reproducteurs) apparaissent comme des facteurs prépondérants. Néanmoins, leurs rôles ont été majoritairement étudiés expérimentalement ou par des méta-analyses au sein de large groupes d'espèces. Ce travail a eu pour objectif d'étudier les caractéristiques de la protandrie (i.e. changement de sexe mâle vers femelle) chez un mollusque invasif, *Crepidula fornicata*, qui a la particularité de vivre en petits groupes d'individus associés de façon pérenne (i.e. chaînes). Chez cette espèce il a été montré en laboratoire le moment du changement de sexe dépend de la sexe-ratio dans la chaîne. Notre étude a été réalisée au sein d'une population naturelle dans lequel l'environnement social et le succès reproducteur sont susceptibles de varier de façon importante au cours du temps en comparaison de conditions de laboratoires. La taille (corrélée à l'âge) et le statut sexuel ont été observés sur environ 300 individus échantillonnés chaque mois, et ce sur une durée de 58 mois (2004-2009), en Baie de Morlaix (Finistère). Comme le prédit la théorie, nous avons observé une sexe-ratio biaisée en faveur des mâles. En revanche, une très grande variabilité temporelle de la structure sexuelle de la population a été observée : le taux de femelles variant de 46,5% (mai 2006) à 17,7% (Septembre 2007). Cette variabilité a pu être mise en relation avec la rythmicité d'événements démographiques importants tels que le recrutement d'individus juvéniles dans la population. En outre, ces données montrent que lors d'événements de recrutement massifs des changements importants dans la composition des groupes reproducteurs se répercutent de façon durable à l'échelle de la population (maintien d'un faible taux de femelles). L'ensemble de ces résultats suggère que la dynamique de la protandrie résulte d'une combinaison de paramètres globaux (i.e. recrutement) et locaux (sexe-ratio intra-chaîne). Ils montrent l'influence jusque là rarement démontrée de la dynamique de la population, un paramètre insuffisamment pris en compte dans les modèles théoriques, sur la dynamique de changement de sexe d'une espèce protandre.

Contact : Sabrina Le cam - INRA-UMR 985 ESE - Rennes - sabrina.lecam@rennes.inra.fr

Session 27 : Polymorphismes sexuels et systèmes de reproduction : données vs. modèles

Comment se fait l'adaptation dans les populations autofécondantes ?

Sylvain Glémin - Joëlle Ronfort

De nombreuses études théoriques et empiriques ont montré que les systèmes de reproduction ont un impact profond sur le fonctionnement des populations. Le taux d'autofécondation d'une espèce affecte notamment le niveau et l'organisation spatiale et génomique de la diversité génétique au sein des populations. L'autogamie affecte également la manière dont les mutations délétères ségrégent au sein des populations et modifie de ce fait le fardeau de mutation et la dépression de consanguinité attendus. Si ces deux composantes ont été largement étudiées, l'effet des systèmes de reproduction sur le processus d'adaptation reste mal connu. L'adaptation est-elle plus efficace et plus rapide chez les espèces allogames ou autogames? L'architecture génétique des caractères adaptatifs est-elle similaire chez les espèces autogames et les espèces allogames? Ces questions sont pourtant cruciales pour analyser correctement la dynamique de l'adaptation à court terme en régime autofécondant et pour comprendre l'évolution à long terme des espèces autogames. Pour répondre à ces questions, nous analysons d'abord d'un point de vue théorique l'effet de l'autofécondation sur le processus d'adaptation. Différents modèles d'adaptation sont considérés : le cas de l'adaptation à partir de nouvelles mutations [1,2,3] est comparé au cas où l'adaptation se fait à partir de variations préexistantes (standing genetic variation) ; différents niveaux d'adaptation sont considérés : adaptation globale ou locale, avec des flux d'allèles mal-adaptés. Une partie des prédictions théoriques sont testées en utilisant la domestication comme modèle d'adaptation (i.e. adaptation à la mise en culture et à de nouveaux environnements créés par l'Homme), en comparant les résultats d'analyse des QTL de domestication chez des plantes cultivées autogames et allogames.

Contact : Sylvain Glémin - ISEM UMR 5554 Montpellier - glemin@univ-montp2.fr

Session 27 : Polymorphismes sexuels et systèmes de reproduction : données vs. modèles

Moins de sexe en limite d'aire de distribution: l'exemple de l'algue brune à cycle haplo-diploïde *Laminaria digitata*

Christophe Destombe - Valeria Oppliger - Peter Von dassow, - Sarah Bouchemousse - Marine Robuchon - Stéphane Mauger - Claire Daguin - Aschwin Engelen - Myriam Valero

Les forêts sous-marines de laminaires sont aujourd'hui soumises à d'importantes contraintes, physiques (changement climatique) et anthropiques (introduction d'espèces et exploitation de la ressource) pouvant modifier de façon durable leur pérennité, leur distribution ainsi que la biodiversité des communautés associées. Ces algues jouent un rôle clé dans les milieux rocheux côtiers des zones tempérées à froides. Elles sont à la base de la chaîne alimentaire, servent d'habitat et favorisent le recrutement de nombreuses espèces marines. Par ailleurs, l'exploitation des populations naturelles constitue une des principales ressources pour la production d'alginate utilisés dans l'industrie alimentaire et cosmétique. La reproduction de ces algues se fait de façon sexuée et comprend l'alternance obligatoire d'individu diploïde (sporophyte) pouvant atteindre plusieurs mètres de long, produisant des spores méiotiques, et d'individus haploïdes microscopiques (gamétophytes) mâle et femelle produisant des gamètes. En culture *in vitro*, les stades microscopiques sont également capables de se reproduire de façon asexuée (parthénogenèse). L'objectif de ce travail était d'estimer l'importance de la reproduction sexuée versus asexuée en populations naturelles et en particulier dans des populations marginales en limite d'aire de distribution par rapport aux populations centrales. Toutes ces caractéristiques font de ces espèces des modèles de choix car elles permettent de concilier deux logiques à la fois de recherche fondamentale par l'étude de l'évolution des cycles de reproduction, et de réponse aux attentes sociétales autour de la question du maintien de la biodiversité et de la réponse au changement global. Dans cette étude, nous nous sommes intéressés plus particulièrement à l'algue brune *Laminaria digitata* dont la limite de distribution est localisée dans le Morbihan. Les modalités de reproduction ainsi que la diversité génétique ont été comparées dans les populations marginales de sa distribution et centrales en combinant des études cytologiques (cytométrie en flux), des approches d'écologie expérimentale (*in situ* : transplantation, au laboratoire : réponse à différentes températures) et des analyses de génétique des populations. Nos résultats vérifient l'hypothèse que la reproduction asexuée (apoméiose) est prédominante dans les populations marginales comparées aux populations centrales. Par ailleurs, les analyses génotypiques (microsatellites) confirment un fort effet de dérive dans les populations marginales caractérisées par une diversité génétique plus faible que les populations centrales. Enfin, la fitness des individus sporophytes et gamétophytes est plus faible dans les populations marginales. Ces résultats sont discutés dans le contexte de l'évolution du sexe et du maintien de la biodiversité ainsi que de l'exploitation durable des populations.

Contact : Christophe Destombe - Station Biologique - UMR 7144, Equipe EGPM- Laboratoire «Adaptation & Diversité en Milieu Marin» - Roscoff - destombe@sb-roscoff.fr

Session 28 : Modélisation mécaniste : réponses aux perturbations environnementales, de l'individu à la population

Modélisation de la croissance de la sole commune (*Solea solea*) et de la bioaccumulation des PCB (Polychlorobiphényles) par une approche mécaniste de type DEB (Dynamic Energy Budget).

Marie Eichinger - Véronique Loizeau - Cédric Bacher

Des expériences en milieu contrôlé ont été réalisées sur des soles juvéniles dans le but de comprendre comment la biologie de ce poisson peut affecter l'accumulation et la dilution des Polychlorobiphényles (PCB). Les poissons ont été divisés en 2 modalités : contrôle (C) et PCB. Dans l'expérience 1, 4 congénères de PCB ont été incorporés dans la nourriture pendant 3 mois dans le bac PCB ; puis les soles ont été nourries avec de la nourriture saine pendant 3 mois. Dans l'expérience 2, les soles de la condition PCB ont été nourries pendant 18 mois avec le même mélange de PCB. Nous avons mesuré la croissance (longueur et poids) moyenne des poissons de chaque condition de l'expérience 1 alors que la croissance individuelle de chaque poisson a pu être suivie dans l'expérience 2. Les concentrations en PCB ont été mesurées pour les poissons de la condition PCB de chaque expérience. Nous avons utilisé la théorie des bilans d'énergie dynamiques (DEB) pour modéliser la biologie de la sole. Un modèle de bioaccumulation a été couplé au modèle de croissance pour reproduire les dynamiques des concentrations des 4 congénères de PCB. Le modèle DEB reproduit correctement la croissance moyenne des poissons des 2 conditions de l'expérience 1 et la croissance individuelle de chaque poisson des 2 conditions de l'expérience 2 par l'ajustement du paramètre correspondant à la disponibilité de nourriture. La distribution de ce paramètre pour les poissons de la condition PCB est significativement différente de celle des poissons de la condition C. Globalement, la disponibilité de la nourriture est supérieure pour la condition C, ce qui laisse suggérer que les poissons contaminés mangent moins que les non contaminés ou qu'ils présentent des coûts liés à la contamination qui ne sont pas pris en compte par le modèle. Le modèle de bioaccumulation simule correctement les concentrations en PCB pendant la phase d'accumulation (3 mois) de l'expérience 1, mais surestime ces concentrations pendant la phase de non contamination (3 mois). Ceci suggère que, en plus de la dilution des PCB due à la croissance des organismes, les concentrations en PCB diminuent dû à des mécanismes actifs d'élimination. En ce qui concerne l'expérience 2, le modèle simule correctement les cinétiques d'accumulation des PCB dans l'organisme, sauf pour le CB149. Ceci laisse penser que ce congénère pourrait être métabolisé.

Contact : Marie Eichinger - Ifremer (BE/LBCO) - eichingem@hotmail.com

Session 28 : Modélisation mécaniste : réponses aux perturbations environnementales, de l'individu à la population

Etude de l'énergétique de la maturation chez le poisson zèbre, *Danio rerio*

Starrlight Augustine - Béatrice Gagnaire - Christelle Adam-Guillermin - S.A.L.M. Kooijman

La théorie du Budget Energétique Dynamique (DEB) porte sur l'acquisition et l'utilisation de la nourriture par un organisme. Cette théorie lie les transitions entre les différents traits d'histoire de vie (embryon, juvénile, adulte) à des seuils de maturité. L'âge à la naissance dépend de la nutrition des parents (effet maternel) alors que l'âge à la puberté dépend de la nutrition de l'individu. Il existe également un lien moins prononcé entre la taille atteinte à la transition entre les stades de vie et la nutrition. Par contre, les seuils de maturité à la transition sont presque indépendants de la quantité de nourriture ingérée. En appliquant ces règles au poisson zèbre, notre objectif était de tester si les mêmes paramètres peuvent être utilisés pour caractériser l'ensemble de son cycle de vie. Nous avons pu montrer que les patterns de nutrition, développement embryonnaire, croissance et reproduction sont capturés par un seul jeu de paramètres. Ainsi, le taux de croissance, la taille ultime et la reproduction peuvent être prédits sur la base de la disponibilité en nourriture. La deuxième étape de ce travail en cours consistera en l'étude de l'effet d'un polluant ubiquiste dans les milieux aquatiques, l'uranium, sur les paramètres du DEB régissant le cycle de vie du poisson zèbre.

Contact : Starrlight Augustine - Laboratoire de Radioécologie et de Sûreté Nucléaire IRSN - Cadarache
starr-light.augustine@irsn.fr

Session 28 : Modélisation mécaniste : réponses aux perturbations environnementales, de l'individu à la population

Toxique, oui...mais écologique !

Sandrine Charles - Elise Billoir - Marie Laure Delignette-Muller

L'écotoxicologie, dans son acception interdisciplinaire large à l'interface de l'écologie, de la chimie et de la toxicologie, s'oriente aujourd'hui vers la compréhension de l'impact des xénobiotiques et autres contaminants, non seulement sur les organismes animaux et végétaux mais aussi sur les populations et les écosystèmes entiers, ainsi que sur les équilibres dynamiques qui les caractérisent. Par des analyses quantitatives de ces relations via des approches statistiques et/ou le développement de modèles mathématiques, l'écotoxicologie peut désormais relever le défi de proposer des outils prédictifs d'effet aux différents niveaux d'organisation biologique, et donc avancer vers une vision intégrée de l'impact des xénobiotiques sur l'environnement. Dans ce contexte, l'équipe « Modélisation et risques biologiques » du Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive de Lyon (Université C. Bernard) développe depuis plusieurs années déjà des modèles dont l'objectif premier est la compréhension du fonctionnement et non la description extensive des systèmes complexes considérés (le mécanisme avant le réalisme). De tels modèles doivent en effet respecter le principe de parcimonie, c'est-à-dire veiller à rester suffisamment simples pour être appréhendés analytiquement (inférence, simulation) ceci permettant de limiter les effets « boîte noire » et d'assurer la robustesse et le caractère généralisable des connaissances produites. Nos travaux récents ont fait la preuve du bien fondé de l'utilisation de l'inférence bayésienne pour l'estimation des paramètres des modèles d'effets des contaminants sur les traits d'histoire de vie individuels (croissance, reproduction, survie), ainsi que leurs conséquences au niveau de la population en prenant en compte les différentes sources d'incertitude. Nous illustrerons cette approche intégrée par deux études de cas sur des invertébrés aquatiques (*Daphnia magna* et *Branchiura sowerbyi*) soumis à une contamination au Zinc (études réalisées en collaboration avec le CEMAGREF de Lyon et l'INRA de Rennes).

Contact : Sandrine Charles - Université C. Bernard Lyon 1 - UMR 5558 - Lyon - scharles@biomserv.univ-lyon1.fr

Session 28 : Modélisation mécaniste : réponses aux perturbations environnementales, de l'individu à la population

Coupler modèles de dynamique de population et encagements *in situ* pour appréhender les effets populationnels des contaminations : illustration de la démarche chez le crustacé *Gammarus fossarum*

Romain Coulaud - Olivier Geffard - Olivier Adam - Hervé Quéau - Jeanne Garric - Sandrine Charles - Arnaud Chaumot

Les réglementations nationales et européennes conduisent à modifier et multiplier les évaluations du risque écotoxicologique pour les milieux aquatiques, avec pour objectif de protéger les populations naturelles au sein des écosystèmes. Cependant, le niveau populationnel visé ne peut être utilisé facilement pour établir un lien direct entre une contamination et son effet (au laboratoire comme sur le terrain). Pour tracer les effets des contaminants, l'écotoxicologie a principalement développé des connaissances autour des effets au niveau individuel notamment dans le cadre de biotests ou à travers différents biomarqueurs. L'objectif de ce travail est de réaliser le lien entre ces approches au niveau individuel et le niveau populationnel visé. Les modèles de dynamique de population sont reconnus comme étant de bons outils pour réaliser cette extrapolation dans les approches prédictives d'évaluation des effets des contaminants. Cependant, le réalisme écologique de ces modèles peut encore être amélioré en tenant compte notamment de la variabilité naturelle des histoires de vie induisant des vulnérabilités populationnelles différentes face aux stress toxiques (variabilité saisonnière, entre populations, entre espèces différentes) et en utilisant des espèces autochtones (i.e. non restreintes aux expérimentations au laboratoire). Par ailleurs, cette démarche d'extrapolation, restreinte pour l'heure aux espèces de laboratoire, n'est encore que peu mise en œuvre dans le cadre du diagnostic de la qualité des milieux. Ce travail s'appuie sur l'étude du crustacé amphipode *Gammarus fossarum* pour lequel de nombreux biomarqueurs subindividuels et individuels sont disponibles. Notre approche se découpe en deux étapes : (i) le développement d'un modèle de dynamique de population faisant le lien entre les traits d'histoire de vie (croissance, reproduction, survie) et la dynamique de population de référence. Pour cela, nous appliquons une double approche combinant des expérimentations au laboratoire en conditions contrôlées et des expérimentations sur le terrain (encagements *in situ* d'organismes autochtones aux différentes saisons ainsi qu'un suivi démographique mensuel). (ii) la projection dans ce modèle de référence des effets des contaminants, observés au niveau individuel au laboratoire ou *in situ*, afin de proposer une évaluation au niveau populationnel des effets potentiels d'un contaminant ou de la qualité des milieux.

Contact : Romain Coulaud - Cemagref - UR MALY - Laboratoire d'écotoxicologie - Lyon - romain.coulaud@cemagref.fr

Session 28 : Modélisation mécaniste : réponses aux perturbations environnementales, de l'individu à la population

Peut-on expliquer la variabilité de la reproduction de l'huître creuse par la variabilité des conditions thermiques et trophiques ? Eléments de réponse par un modèle de type DEB

Ismaël Bernard - Goulwen De Kermoysan - Stéphane Pouvreau

L'huître creuse, *Crassostrea gigas*, est un exemple d'espèce à stratégie de reproduction de type R. Son effort de reproduction est particulièrement important : en été, cette espèce peut perdre jusqu'à 60 % de son poids lors de la ponte. Cet effort de reproduction est aussi très variable entre les sites d'élevage et les années d'étude. Afin de mieux comprendre les causes de cette variabilité, un suivi a été réalisé en 2008 et 2009 sur 4 sites du littoral français, à partir d'une même population d'huîtres transplantée sur ces 4 sites (programme VeLyGer). Ces mesures ont été accompagnées d'un suivi des caractéristiques hydrologiques de chaque site, notamment de la température et de l'abondance phytoplanctonique. Un modèle DEB (Bilan Dynamique d'Energie), déjà calibré pour l'huître, a ensuite été utilisé pour comprendre précisément l'influence de ces deux facteurs, température et nourriture, à la fois sur l'ampleur de ponte et sur sa précocité. Pour parvenir à cette fin, la description de la gamétogenèse dans le modèle existant a été améliorée. Les résultats montrent que cette nouvelle version du modèle permet de mieux décrire la croissance et les modalités de ponte de l'huître. La précocité de ponte est pour sa part déterminée en partie par la température mais de manière complexe, celle-ci intervenant à la fois dans la maturation et le déclenchement de la ponte. Cependant, il apparaît que les pontes observées ne semblent pas être toujours totales et que leur ampleur ne peut pas être expliquée uniquement par l'abondance phytoplanctonique. En terme de perspective, l'ajout d'un critère « qualité phytoplanctonique » mériterait d'être évalué.

Contact : Ismaël Bernard - IFREMER PFOM/PI - Argenton-en-Landunvez - ismael.bernard@ifremer.fr

Session 28 : Modélisation mécaniste : réponses aux perturbations environnementales, de l'individu à la population

Utilisation d'un modèle individu-centré pour prédire les impacts écologiques d'un parasite non-natif

Lise Comte - Richard Stillman - Rodolphe Gozlan - Simon Blanchet - Géraldine Loot - Julien Cucherousset

L'émergence de maladies parasitaires cause d'importants impacts écologiques, économiques et de santé publique à l'échelle mondiale. Les activités anthropiques, en agissant à la fois à des échelles locales et globales, ont exercé une influence marquée sur la distribution et la prolifération des parasites, exposant potentiellement des populations naïves d'hôtes à de nouvelles infestations. Étant donné la complexité des interactions entre les caractéristiques individuelles des hôtes et les impacts des parasites, l'importance relative des différents mécanismes pathogènes par lesquels les parasites affectent les populations d'hôtes reste encore mal comprise. En fournissant un cadre conceptuel dans lequel les propriétés populationnelles émergent des caractéristiques individuelles et de leurs interactions avec l'environnement, la modélisation individu-centré apparaît comme un outil puissant pouvant être utilisé afin de mieux comprendre les impacts écologiques des parasites non-natifs sur des populations d'hôtes naïves. Dans cette étude, nous avons paramétrisé un modèle individu-centré spatialement explicite afin de déterminer les interactions écologiques entre un ectoparasite copépode non-natif (*Tracheliastes polycolpus*) et son hôte poisson, la vandoise (*Leuciscus leuciscus*). Les principaux objectifs ont été (i) d'identifier les mécanismes pathogènes conduisant à la réduction de croissance observée chez les hôtes parasités en testant différentes hypothèses liées à la physiologie, à la biologie et à l'écologie de l'hôte et (ii) de prédire les impacts écologiques potentiels liés à l'introduction du parasite dans une population naïve située à la limite de l'aire de distribution actuelle du parasite. Premièrement, le modèle a été calibré et validé suivant une approche dite « pattern-orientated » consistant à comparer des patrons de distribution et de croissance simulés avec des patrons observés sur le terrain dans des conditions environnementales naturelles et modifiées. Le modèle validé a ensuite été utilisé afin de tester six hypothèses correspondant à différentes versions du modèle pouvant expliquer la réduction de croissance observée des hôtes parasités. Le modèle sélectionné a finalement été utilisé pour prédire les impacts potentiels liés à l'introduction du parasite sous différents scénarios de prévalence et d'intensité parasitaire. L'approche utilisée démontre ainsi le potentiel de la modélisation individu-centré pour prédire les réponses de populations soumises à des perturbations environnementales telles que l'introduction de parasites non-natifs, pour en comprendre les mécanismes bio-écologiques sous-jacents et pour fournir des hypothèses testables empiriquement.

Contact: Lise Comte - Centre for Conservation Ecology and Environmental Change - School of Conservation Sciences - Bournemouth University - Poole - Dorset - United Kingdom - lcomte@bournemouth.ac.uk

**Session 28 : Modélisation mécaniste : réponses aux perturbations environnementales,
de l'individu à la population**

**Effet des perturbations sur la dynamique des forêts résineuse de montagne:
de l'arbre au peuplement**

*Benoit Courbaud - François De Coligny - Ghislain Vieilledent - Thomas Cordonnier - Maëlle Seignobosc -
Valentine Lafond - Eric Mermin*

Les perturbations naturelles jouent un rôle fondamental dans la dynamique forestière en provoquant des ouvertures qui permettent l'arrivée de lumière au sol, le développement de la régénération et la structuration du peuplement. Par son action de prélèvement, le forestier influence le peuplement d'une manière qui peut être comparée à une perturbation. L'objectif du travail présenté est de quantifier l'effet des perturbations naturelles en forêt de montagne à Epicéa et Sapin, d'analyser comment les processus démographiques à l'échelle de l'individu génèrent la dynamique du peuplement et d'évaluer les possibilités d'action du forestier sur cette dynamique. Nous utilisons le modèle individu-centré spatialement explicite Samsara qui simule la compétition pour la lumière entre arbres, la croissance de chaque individu, le recrutement, la mortalité de base et le régime de perturbations naturelles. Le modèle a été calibré à partir de données de placettes permanentes et de séries temporelles longues de peuplements Savoyards. Les simulations montrent que les perturbations naturelles jouent un rôle central dans ces forêts en réduisant la densité et la surface terrière dans des proportions qui peuvent atteindre jusque 50%, en augmentant l'éclairement au sol jusqu'à 20%, en réduisant la proportion de bois moyens et gros bois au profit des recrues. Les perturbations réduisent également le risque d'extinction de l'épicéa, plus fécond mais moins tolérant à l'ombre que le sapin. Le forestier peut également jouer sur la structure du peuplement, la production et sur des fonctions telles que la protection contre les risques naturels ou la biodiversité. Les simulations montrent qu'un prélèvement en trouées favorise le maintien durable d'une structure irrégulière, la permanence de la fonction de protection et la coexistence du sapin et de l'épicéa.

Contact : Benoit Courbaud - Cemagref - UR Ecosystèmes Montagnards - Grenoble - benoit.courbaud@cemagref.fr

Session 28 : Modélisation mécaniste : réponses aux perturbations environnementales, de l'individu à la population

Modélisation dynamique de l'impact des dépôts atmosphériques azotés sur la biodiversité forestière : évaluation des charges critiques

E. Bortoluzzi - S. Belyazid - D. Alard - E. Corcket - T. Gauquelin - J.C. Gégout - B. Nihlgard - J.P. Party - H. Sverdrup - A. Probst

Les dépôts azotés constituent aujourd'hui une menace majeure en termes d'acidification et d'eutrophisation des milieux. Avec des impacts importants sur le fonctionnement des écosystèmes, ils sont considérés comme l'un des facteurs d'érosion de la biodiversité, plus particulièrement de la biodiversité végétale. Dans le cadre de la Convention de Genève sur la pollution atmosphérique transfrontière et à longue distance, les effets de cette pollution sur les écosystèmes sont évalués à travers le concept de charges critiques*. Des modèles de charges critiques (modèles géochimiques à l'état stationnaire ou dynamique, modèle empirique) ont été appliqués avec différents scénarii de dépôts atmosphériques, mais ils ont révélé des limites dans leur application vis-à-vis des objectifs de protection en terme de biodiversité végétale. Afin de pouvoir mieux intégrer l'impact direct des dépôts atmosphériques sur la biodiversité, une approche de modélisation des charges critiques couplant modèles biogéochimiques et modèles écologiques, a été proposée. Les dépôts atmosphériques azotés génèrent une modification des caractéristiques biogéochimiques des sols (pH, cycle de l'azote...) et cette évolution des conditions trophiques entraîne à son tour un changement de la composition de la communauté végétale. Le modèle ForSAFE modélisant les cycles biogéochimiques (eau, acidité, cations basiques, azote et carbone) dans les écosystèmes terrestres a été couplé à un module de végétation (VEG) introduisant ainsi les effets sur la végétation des différents paramètres (température, humidité du sol, acidification, nutriments, ombrage, compétition, palatabilité). Après avoir renseigné VEG pour les espèces clés des écosystèmes forestiers français, ce modèle couplé FORSAFE-Veg (Sverdrup *et al*, 2007) a été appliqué dans un premier temps à plusieurs sites forestiers très suivis du réseau RENECOFOR (PIC Forêts de niveau II). Les premières sorties de ce couplage montrent qu'avec des dépôts azotés atmosphériques réduits suivant les recommandations législatives actuelles, la charge critique en azote dépasse le seuil de tolérance fixée (5 points au plus de variation de la composition floristique du sous-bois) alors que si les dépôts sont réduits au maximum des possibilités techniques connues, les changements de composition végétale restent en deçà du seuil de tolérance.

Contact : Estelle Bortoluzzi - Ecolab, UMR 5245 CNRS/UPS/INPT - Toulouse - estelle.bortoluzzi@ensat.fr

Session 29 : Variabilité inter- et intra-spécifique des traits fonctionnels

Intra-vs. interspecific trait variability : when accounting for intraspecific trait variability in plant ecology ?

Cécile Albert - Wilfried Thuiller - Sandra Lavorel

The trait-based approach is nowadays a promising and extensively used approach in plant ecology, providing novel and general insights into physiological and ecological processes throughout ecological scales (e.g. individual, community, ecosystem). This approach has enjoyed increasing success (e.g. describing plant adaptation, scaling-up from species traits to ecosystem properties), aided by the development of worldwide trait databases. One key - generally implicit - assumption (H_0) of trait-based approaches is that intraspecific variability of plant traits can be neglected compared to their interspecific variability. For both conceptual (first approximation and production of standardized protocols) and practical reasons (money and time saving), this assumption has led to the use of mean trait values to describe plant species, regardless of geographical or environmental context and has rarely been empirically tested. Plant traits are however variable within species, plant trait values depending on historical, genetic and developmental constraints as well as on local and regional environments. From evolutionary perspectives, natural selection cannot result in evolution without some phenotypic variability within populations. From ecological perspectives, there is growing evidence that intraspecific trait variability can have significant effects on functional diversity, community assembly, stability and diversity and on ecosystem functioning. Within this study, using an appropriate stratified sampling strategy within a French alpine valley, we collected traits data from 16 common species with contrasted life histories to quantify the intraspecific functional variability and disentangle the relative importance and structure of intra vs. interspecific functional variability. The measured intraspecific variability turned out to be large and exploring multivariate traits patterns showed that intraspecific variability does not modify species strategy definition but that it was not negligible. From our results we conclude that intraspecific trait variability should not be systematically neglected because the hypothesis H_0 is not always fulfilled and is not a sufficient condition for intraspecific trait variability to have trivial effect on ecological systems and processes. We thus propose a practical decision rule to assess when it is important or not to account for ITV and a guideline to quantify it and test for its importance thanks to virtual ecology, i.e. by using our knowledge on ITV to simulate it in existing datasets and models.

Contact : Cécile Albert - Laboratoire d'écologie alpine, UMR CNRS 5553, Université Joseph Fourier, BP 53, 38041 Cedex 9 Grenoble, France - cecile.albert@m4x.org

Session 29 : Variabilité inter- et intra-spécifique des traits fonctionnels

Rôle de la plasticité phénotypique pour les traits fonctionnels dans le maintien de la diversité des prairies subalpines

Fabrice Grassein

Différentes hypothèses ont été avancées pour expliquer la coexistence des espèces au sein des communautés végétales. Certaines hypothèses impliquent des variations de capacité compétitrice menant à des hiérarchies complexes entre les espèces (réseaux intransitifs). Si la variabilité environnementale a souvent été étudiée, la variabilité biotique n'a que rarement été étudiée comme source de variation de la capacité compétitrice. Dans une expérience en conditions contrôlées, nous avons étudié la réponse de différents génotypes de deux espèces (*Dactylis glomerata* et *Sesleria caerulea*) cultivées avec différents voisins : sans voisins, avec des voisins de la même espèce (compétition intraspécifique) ou avec des voisins d'*Agropyron repens* (compétition interspécifique). Les variations de traits fonctionnels sont principalement le résultat de plasticité phénotypique en réponse à la compétition pour les deux espèces, avec peu de différences significatives entre génotypes au sein d'une espèce. Cette variabilité intraspécifique peut permettre le maintien de réseaux intransitifs au niveau des individus au sein d'une espèce. En comparant les différents types de compétition, nous avons mis en évidence que la compétition intraspécifique était plus sévère que la compétition interspécifique pour *D. glomerata* tandis que nous n'avons pas observé de différences significatives pour *S. caerulea*. Cette compétition plus sévère s'accompagne d'une plus grande variabilité pour les traits fonctionnels. En parallèle à d'autres études récentes, nos résultats montrent l'importance de considérer l'environnement biotique comme source de variation de la capacité de compétition des espèces. Au niveau intraspécifique (individu) comme au niveau interspécifique, la variabilité des traits en réponse à un changement de l'environnement biotique peut permettre la coexistence des espèces au sein des communautés. Ces études montrent l'importance de mieux prendre en compte la variabilité intra spécifique pour l'étude des interactions biotiques et l'assemblage des communautés.

Contact : Fabrice Grassein - UMR 950 Ecophysiologie Végétale Agronomie et Nutritions NCS, INRA/ Université de Caen - Caen - fabrice.grassein@unicaen.fr

Session 29 : Variabilité inter- et intra-spécifique des traits fonctionnels

Variation inter- et intra-spécifique et préférences d'habitat chez des plantes adventices : les capselles

Coraline Caullet - Xavier Reboud - Valérie Le Corre

Les paysages agricoles sont composés de différents habitats cultivés et non cultivés caractérisés par différents degrés de perturbation et modalités de gestion par l'homme. Ces pratiques agissent comme des filtres environnementaux qui peuvent influencer la composition des communautés de plantes adventices. Certaines adventices montrent une forte spécificité d'habitat. A l'inverse d'autres espèces, plus ubiquistes, peuvent occuper les différents habitats du paysage agricole. Chez les espèces ubiquistes, on peut s'attendre à ce que i) la diversité d'habitats soit associée à une plus forte variation intra-spécifique des traits de vie et que ii) si les conditions s'y prêtent, cette variation intra-spécifique traduise une adaptation locale. Nous abordons ces deux hypothèses chez deux espèces de crucifères annuelles adventices phylogénétiquement proche, *Capsella bursa-pastoris* et *Capsella rubella*, au sein d'un même paysage agricole en Côte d'Or. L'étude de la répartition de ces deux espèces montre que *C. bursa-pastoris* est très commune et occupe à la fois les habitats cultivés et non cultivés. A l'inverse, *C. rubella* est moins fréquente et n'est trouvée que dans les habitats non cultivés. Une première expérimentation de type « common garden » a permis de mesurer la variation de différents traits. La gamme de variation des traits mesurés pour les deux espèces est étendue et recouvre les valeurs moyennes d'autres espèces adventices annuelles. On observe une variation intra spécifique au moins aussi importante que la variation inter spécifique au sein des adventices des cultures. Dans notre cas, l'espèce ayant la niche écologique la plus large, *C. bursa-pastoris*, présente également la gamme de variation phénotypique la plus large. La part de variation d'origine génétique a été estimée par des mesures d'héritabilité. D'autre part, les deux espèces sont phénotypiquement différenciées, notamment par leur phénologie. Une seconde expérimentation de transplantation réciproque a été réalisée dans le but de tester l'adaptation locale aux habitats du paysage agricole. Pour ce faire 31 familles provenant de différents habitats ont été transplantées dans 4 habitats. Les premiers résultats montrent notamment une forte hétérogénéité du taux de survie en fonction de l'habitat. L'ensemble des mesures de traits liés à la croissance, à la phénologie et à la reproduction permettront de mesurer l'importance relative de la plasticité et de l'adaptation locale pour expliquer les performances des deux espèces dans différents habitats. Cette approche est également un moyen d'estimer la niche potentielle, qui pourra être comparée à la distribution observée des espèces.

Contact : Coraline Caullet - INRA UMR 1210 BGA - Dijon - coraline.caullet@dijon.inra.fr

Session 29 : Variabilité inter- et intra-spécifique des traits fonctionnels

La mise en perspective phylogénétique montre l'importance de la variabilité des traits de dispersion à l'échelle infra-spécifique

Virginie Stevens - Sandrine Pavoine - Michel Baguette

Un faisceau d'évidences directes et indirectes tend à montrer que des pressions de sélection contrastées peuvent générer une grande variabilité des capacités de dispersion entre individus et population d'une même espèce. Bien que considérée comme le moteur de l'évolution des traits de dispersion dans les modèles théoriques, cette variabilité entre individus et populations est souvent ignorée dans les travaux empiriques, où la dispersion est généralement réduite à une fonction unique (définie à l'échelle de l'espèce), suggérant que la variabilité de ce trait aux niveaux d'organisation infra-spécifiques (populations, individus) est suffisamment faible, en regard de celle qui existe entre espèces, pour que l'on puisse la considérer comme un simple « bruit » et l'ignorer. Cette variabilité des traits de dispersion, qu'elle soit condition-dépendante ou phénotype-dépendante devrait cependant avoir un effet important sur la dynamique et l'évolution des espèces. Nous proposons ici une méthode originale permettant de comparer la diversité inter- et intra-spécifique d'un trait fonctionnel dans un contexte phylogénétiquement explicite. Cette méthode, qui repose sur la décomposition phylogénétique de la diversité du trait est appliquée à différents traits exprimant la capacité de dispersion chez les papillons de jour. La décomposition est réalisée séparément pour différents traits reflétant la volonté, la capacité et l'efficacité de la dispersion. A l'échelle inter-spécifique, nous montrons que seule la capacité dispersive est phylogénétiquement contrainte. A l'échelle intra-spécifique, la variabilité entre populations pour chacun de ces trois aspects de la dispersion s'avère forte à très forte, puisqu'elle représente entre 11% et 133% de la variabilité observée entre espèces, selon la mesure considérée. Ce résultat démontre de manière quantitative que la variabilité infra-spécifique de la dispersion est loin d'être négligeable, et qu'elle doit donc être prise en compte de manière appropriée dans les modèles démographiques et évolutifs.

Contact : Virginie Stevens - F.R.S.-FNRS / CNRS UMR 7179 - Liège et Brunoy - stevens@mnhn.fr

Session 30 : Diversité fonctionnelle et assemblage des communautés

Utilisation des phylogénies comme proxy de la diversité fonctionnelle des communautés : un test *in natura*

Maud Bernard-Verdier - Eric Garnier - Marie-Laure Navas

Un nombre croissant d'études en écologie des communautés s'appuie sur l'hypothèse que la diversité phylogénétique peut être utilisée comme proxy de la diversité fonctionnelle d'une communauté (Cavender-Bares *et al.*, 2009 ; Cadotte *et al.*, 2010). Ceci découle du concept de conservatisme de niche en évolution, ayant pour conséquence que deux espèces proches apparentées auront tendance à avoir des niches fonctionnelles plus similaires que des espèces phylogénétiquement éloignées. Cette hypothèse de correspondance entre distances phylogénétiques et distances fonctionnelles mérite cependant d'être testée. Nous proposons de la mettre à l'épreuve dans des communautés végétales *in natura*. Pour cela, nous avons étudié 12 communautés végétales herbacées méditerranéennes sur le Causse du Larzac. Ces communautés pâturées à forte richesse spécifique sont soumises à une sécheresse estivale sévère. Elles sont situées le long d'un gradient de profondeur et de texture de sol, correspondant à un gradient de disponibilité en eau et en ressources minérales. La composition et l'abondance des espèces ont été mesurées dans chaque communauté. La caractérisation fonctionnelle de la majorité des espèces (plus de 85% de la biomasse) a été réalisée grâce à la mesure de 10 traits fonctionnels aériens. Le long de ce gradient édaphique, nous avons pu mettre en évidence un signal clair de variation de la diversité fonctionnelle des communautés. Ce patron fonctionnel témoigne d'un assemblage des espèces soumis à un compromis de type acquisition-conservation des ressources. La construction d'une phylogénie des espèces et l'utilisation d'indices de diversité tels que l'entropie quadratique de Rao nous ont permis de comparer le signal phylogénétique au signal fonctionnel observé le long du gradient. Nous discuterons (i) de la valeur de l'information phylogénétique pour décrire la structure fonctionnelle de ces communautés et (ii) de l'interprétation de ces indices de diversité fonctionnelle et phylogénétique en termes de processus d'assemblage des communautés.

Contact : Maud Bernard-Verdier - CEFE/CNRS Montpellier - bernard-verdier@cefe.cnrs.fr

Session 30 : Diversité fonctionnelle et assemblage des communautés

Plus de lignées végétales – moins de minéralisation : la diversité phylogénétique de la litière ralentit les processus de décomposition

Andreas Prinzing - Phil Murray - Richard Bailey - Matty Berg - Hans Cornelissen - Olaf. Butenschoen

Les communautés végétales sont caractérisées par des diversités phylogénétiques très différentes. Quelles en sont les conséquences pour le fonctionnement des écosystèmes et plus concrètement pour la décomposition de la litière ? Est-ce qu'une diversité plus importante de lignées induit des caractères de la litière plus complémentaires du point de vue des décomposeurs, des communautés de décomposeurs avec des fonctions plus complémentaires, et une décomposition plus efficace ? Ou est-ce qu'une diversité plus importante de lignées induit des caractères de la litière trop hétérogène pour chaque groupe de décomposeurs, avec une baisse de leur efficacité, et une décomposition moins efficace ? Nous avons appliqué une démarche expérimentale pour tester le lien entre la diversité phylogénétique de la litière et la décomposition sur une grande échelle (même espèce, même genre, même famille, différentes familles). Nous n'avons pas trouvé d'effet de la diversité phylogénétique sur le taux de décomposition (perte de masse). Par contre nous avons trouvé une diminution de la masse microbienne et de la minéralisation de l'azote. Il semble donc qu'une faible diversité évolutive des végétaux facilite le traitement de leur litière par les décomposeurs. Par contre l'expérience, comme la plupart des expériences sur les conséquences de la biodiversité sur le fonctionnement des écosystèmes, ne prend pas en compte comment une diversité phylogénétique importante affecte l'évolution des traits *in situ* ou l'assemblage des traits. Une observation montre que ces processus ont le potentiel de fortement changer l'effet de la diversité phylogénétique sur la décomposition.

Contact : Andreas Prinzing - Université Rennes 1/ CNRS - Rennes - andreas.prinzing@univ-rennes1.fr

Session 30 : Diversité fonctionnelle et assemblage des communautés

Utilisation des traits fonctionnels pour prédire la structure d'un réseau plantes-pollinisateurs

Sébastien Ibanez - Marion Lombard

La structure des réseaux d'interactions mutualistes commence à être bien connue, désormais il s'agit de pouvoir la prédire à partir d'informations concernant les espèces présentes, notamment les traits fonctionnels. Par des observations sur le terrain, nous avons déterminé la structure de deux réseaux plantes-pollinisateurs (qui visite qui, avec quelle fréquence) dans des prairies subalpines. En mesurant des traits morphologiques liés à l'interaction de pollinisation (profondeur et largeur du puits de nectar, longueur et largeur de la trompe), nous avons obtenu l'un des rares jeux de données qui combine informations sur les visites et les traits. Des simulations informatiques qui suivent au plus près la méthode d'échantillonnage sur le terrain conduisent à des réseaux d'interactions prédits, en utilisant l'abondance des espèces et leurs traits. Si un insecte a une trompe trop courte (ou trop large) en fonction d'un certain seuil, par rapport au puits de nectar d'une fleur (ou à sa largeur), il ne peut la visiter. Les valeurs des seuils morphologiques d'interaction sont variables, elles sont optimisées dans les simulations de manière à prédire correctement le plus grand nombre d'interactions. De même, plusieurs méthodes de calcul de l'abondance des plantes sont envisagées : abondance des inflorescences, des fleurs, et visibilité des inflorescences en fonction de leur abondance, de leur hauteur et de leur taille. Les valeurs optimales obtenues pour les seuils morphologiques ne sont pas égales à zéro, ce qui montre que le comportement des insectes leur permet d'utiliser des morphologies florales sub-optimales en écartant les pièces stériles et en se faufilant jusqu'au nectar. La mesure d'abondance optimale varie d'une population à l'autre, ce qui suggère qu'en fonction du pool local d'insectes l'abondance des plantes est perçue différemment. En le comparant à des modèles plus simples et à un modèle neutre, nous montrons que le modèle complet, qui intègre les abondances et les deux seuils morphologiques (longueur et largeur), permet de mieux prédire les caractéristiques agrégées du réseau (connectivité, emboîtement, distribution des fréquences d'interaction). De plus, intégrer abondance et traits fonctionnels prédit la structure fonctionnelle des interactions, c'est-à-dire quelle est la fréquence de l'interaction entre deux espèces, étant données les différences des valeurs de leurs traits. Ce travail montre que dans les communautés étudiées les espèces n'interagissent pas au hasard, même en tenant compte des abondances : les traits fonctionnels ont un rôle structurant décisif dans les réseaux d'interactions.

Contact : Sébastien Ibanez - Swiss Federal Research Institute WSL - Bellinzona - sebibanez@gmail.com

Session 30 : Diversité fonctionnelle et assemblage des communautés

Vers une unification des théories de la biodiversité en environnement fluctuant : le cas d'insectes en compétition pour une ressource pulsée

Pierre-François Pélisson - Marie-Claude Bel-Venner - Frédéric Menu - Samuel Venner

L'un des défis majeurs à relever pour comprendre l'organisation de la biodiversité, est de déterminer si les communautés d'espèces compétitrices sont structurées par des différences dans leurs traits phénotypiques (théorie des niches) ou principalement par des processus aléatoires (théorie neutre de la biodiversité). Les communautés d'insectes phytophages en compétition pour les fruits ou graines produits de manière pulsée sont des systèmes potentiellement appropriés pour tester ces deux théories : en effet des études de terrain à relativement court terme suffisent à déterminer le niveau de synchronie des dynamiques des espèces compétitrices en réponse aux pulses et ainsi à inférer la nature de leur coexistence (neutre /vs/ stable). Nous avons exploré les mécanismes de coexistence de quatre espèces d'insectes phytophages du genre *Curculio* en compétition pour l'exploitation des glands de chênes. Notre étude a montré que ces espèces présentent un partitionnement temporel intra- et inter-annuel de l'exploitation de la ressource limitante très marqué et des dynamiques de population fortement asynchrones, ces résultats supportant la théorie des niches. Cependant, deux des quatre espèces ne se démarquent par aucun de ces paramètres, ce qui corrobore plutôt la théorie neutre de la biodiversité. Nos résultats dans leur ensemble fournissent donc de premiers arguments empiriques en faveur d'une théorie unifiée de la biodiversité.

Contact : Pierre-François Pélisson - Université de Lyon, CNRS, UMR5558, Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Villeurbanne- pelisson@biomserv.univ-lyon1.fr

Session 31 : Isotopes stables en écologie : de la cellule à la biosphère

Contribution des biofilms phototrophes de rivière au fractionnement isotopique des oligo-éléments métalliques (Cu et Zn)

Aude Coutaud - Oleg S. Pokrovsky - Jérôme Viers - Joséphine Leflaive - Loïc Ten-Hage - Jean-Luc Rols

L'étude des interactions entre les éléments en trace métallique (ETM), polluants potentiels, et la matière vivante, selon les approches géochimiques classiques, se limite essentiellement à la caractérisation des interactions surfaciques sur de courtes périodes d'incubation. L'originalité de notre travail est de coupler cette approche géochimique avec la mise en œuvre de biofilms monospécifiques ou complexes sur des périodes d'incubation permettant d'intégrer une dimension écologique. L'objectif est d'étudier le fractionnement isotopique d'ETM (isotopes stables Cu et Zn) au contact de biofilms phototrophes. Deux modèles biologiques ont été utilisés : un biofilm de microcosme composé principalement de cyanobactéries du genre *Leptolyngbia* sp et un biofilm monospécifique cyanobactérien non axénique composé de l'espèce *Phormidium autumnale*. L'expérimentation est basée sur le piégeage du Cu ou du Zn par la biomasse du biofilm (durée d'incubation = 96 h, température = $18 \pm 1^\circ\text{C}$, pH = $7,5 \pm 1$, concentrations en ETM total = $3 \cdot 10^{-3}$ à $1,6 \cdot 10^{-1}$ mmol/L, quantité de biofilm = 10 g humide/L). Les rapports isotopiques sont définis à l'aide de l'ICP-MS multi-collecteur de l'Ecole Normale Supérieure de Lyon, pour des échantillons de solution et de biomasse collectés pendant la période d'incubation. Un comportement général de fractionnement isotopique du Zn ou du Cu se dessine pour les modèles de biofilm utilisés, mais le fractionnement isotopique est fortement dépendant de la nature du métal. Effectivement, il y a une accumulation en isotope lourd du zinc à partir de la première heure d'exposition jusqu'à la fin de l'expérience. Alors qu'en présence de cuivre, le biofilm accumule jusqu'à 48 h des isotopes légers, puis la tendance s'inverse en fin d'expérimentation. Ceci est à relier avec (i) la différence de toxicité de ces deux métaux vis-à-vis des modèles biologiques utilisés : le cuivre étant plus toxique que le zinc, un mécanisme de détoxification peut être mis en jeu par le biofilm ; et avec (ii) les différentes caractéristiques physicochimiques : l'internalisation du cuivre dans la cellule est plus rapide que pour le zinc (quantité de sorption totale à 96h plus importante pour le cuivre) et seul le cuivre peut subir une réduction dans les cellules biologiques. Nos résultats apportent une première base quant aux relations entre la structure des métaux, leur toxicité et le degré de fractionnement de leurs isotopes stables. Ils pourront alors être utilisés pour tracer les processus biologiques dans les eaux naturelles.

Contact : Aude Coutaud - ECOLAB - LMTG Toulouse - aude_coutaud@hotmail.fr

Session 31 : Isotopes stables en écologie : de la cellule à la biosphère

***Mirounga leonina* (Kerguelen) : appréhender son écologie à partir des isotopes stables du carbone et de l'azote de la dentine des canines**

Ilham Bentaleb - Céline Martin - Stéphanie Steedlandt - Christophe Guinet - Aurore Ponchon

The ontogeny of foraging behaviour: change in distribution and trophic levels through life can be investigated by measuring of $\delta^{13}\text{C}$ and $\delta^{15}\text{N}$ stable isotopes for each layers deposited in a growing tooth. Here, we present, for the first time, a longitudinal description of the ontogeny of foraging behaviour and the niche partitioning process according to sex and age of a highly sexually dimorphic species: the Southern Elephant Seal (*Mirounga leonina*). The $\delta^{13}\text{C}$ signature revealed that, up to the age of 4, both males and females were mainly foraging in subantarctic waters, although over a broad range of marine habitats. Then, two patterns emerged for males: males were becoming faithful to a foraging habitat, either in Subantarctic (-17‰) or in Antarctic waters (-20‰) as suggested by a reduced intra-individual variation in $\delta^{13}\text{C}$. Up to the age of 4, juvenile males had a slightly higher trophic level than juvenile females but by the age of 3-4, males exhibited a progressive increase in trophic concomitant with an increased fidelity to a foraging habitat. Thus, juvenile males have a broader feeding niche than females, and males exhibit a significant shift in their foraging strategy with age, thereby revealing an asymmetric foraging strategy between the two sexes.

Contact : Ilham Bentaleb - ISEM UMR5554 - Montpellier : ilham.bentaleb@univ-montp2.fr

Session 31 : Isotopes stables en écologie : de la cellule à la biosphère

Evolution du fractionnement isotopique du C et du N au cours de la décomposition de la matière organique du sol par les microorganismes

Thomas Lerch - Naoise Nunan - Marie-France Dignac - Claire Chenu - André Mariotti

L'utilisation de l'abondance isotopique naturelle en ^{13}C et ^{15}N a permis d'obtenir des connaissances essentielles sur la dynamique des matières organiques du sol (MOS). Acteurs primordiaux de la décomposition des MOS, les microorganismes participent à la fois à la minéralisation et à la stabilisation du carbone et de l'azote dans les sols, modifiant ainsi la teneur relative en ^{13}C et ^{15}N de la fraction résiduelle. Des observations menées sur des sols nus sur plusieurs dizaines d'années ont montré par exemple que la diminution de la teneur en MOS était accompagnée d'un enrichissement significatif en ^{13}C et ^{15}N . Les mécanismes sous-jacents restent cependant à éclaircir. Pour améliorer la compréhension et la prédiction de la dynamique des MOS, il paraît indispensable d'évaluer la contribution exacte de la biomasse microbienne à leur composition isotopique naturelle. Pour cela, nous avons incubé pendant 6 mois un sol ayant toujours porté une végétation C_3 et analysé les différences de composition en ^{13}C et ^{15}N entre la biomasse microbienne et les fractions organiques plus ou moins labile (soluble à l'eau et non extractible) et la fraction minéralisée afin de mettre en évidence un éventuel fractionnement isotopique microbien. A chaque point de mesure, nous avons également analysé la structure des communautés microbiennes en réalisant des profils d'acides gras (FAME). Durant toute la durée de l'expérience, la biomasse microbienne était systématiquement enrichie en ^{13}C et ^{15}N par rapport aux autres fractions organiques, la fraction minérale étant par ailleurs la plus appauvrie, ceci démontrant un fractionnement isotopique microbien positif. Durant le 1^{er} mois d'incubation, nous avons pu observer des variations significatives de ce fractionnement, attribuées d'une part à la consommation préférentielle de composés solubles enrichis en ^{13}C et d'autre part à un changement dans le métabolisme de l'azote, déterminant la composition en ^{15}N de la biomasse. L'analyse des FAME a permis de montrer que l'évolution du fractionnement isotopique était liée à la dynamique des communautés microbiennes. Durant l'état d'équilibre atteint lors des 5 derniers mois d'incubation, nous avons pu mesurer un fractionnement isotopique proche de ceux estimés dans les modèles de la littérature. Sur le long terme, l'enrichissement ^{13}C et ^{15}N de la MOS pourrait donc résulter de l'apport d'éléments isotopiquement enrichis, via la stabilisation de molécules issues de la biomasse microbienne morte, et de la perte conjointe d'éléments isotopiquement appauvris par minéralisation (CO_2 et nitrates).

Contact : Thomas Lerch - SLU, Department of Chemistry - Uppsala - thomas.lerch@kemi.slu.se

Session 31 : Isotopes stables en écologie : de la cellule à la biosphère

Comparaison de la croissance saisonnière de trois essences forestières tempérées (Hêtre, Chêne sessile et Pin sylvestre) : apports combinés des micro-carottes et du $\delta^{13}\text{C}$ intra-cerne

Alice Michelot - Sonia Simard - Cyrille Rathgeber - Eric Dufrene - Claire Damesin

Communication déplacée à la session 20, page 106

Session 32 : Diversité fonctionnelle : principes et patrons

Substantial nutrient resorption from leaves, stems and roots in a sub-arctic flora : what is the link with other resource economics traits ?

Grégoire Freschet - Hans Cornelissen - Rien Aerts - Richard Van Logtestijn

Nutrient resorption and leaching resistance, through their roles in reducing nutrient losses, are important determinants of plant nutrient economy. However, the contributions of fine stem and fine root resorption, as well as leaf leaching resistance, have largely been overlooked. We quantified the relative contributions of these processes to nutrient depletion of these organs during their senescence using 40 subarctic vascular species from aquatic, riparian and terrestrial environments. We hypothesised that interspecific variation in organ nutrient resorption and leaf leaching would be linked to the species' nutrient acquisitive-conservative strategies, as quantified for a set of common-organ nutrient/ carbon economics traits. The subarctic flora generally had both high resistance to leaching and high internal nutrient recycling. Average nutrient resorption efficiencies were substantial for leaves (N:66%±3SE, P:63%±4), fine stems (N:48%±4, P:56%±4) and fine roots (N:27%±7, P:57%±6). The link between nutrient resorption and other nutrient/ carbon economics traits was very weak across species, for all three organs. These results emphasize the potential importance of resorption processes for the plant nutrient budget. They also highlight the idiosyncrasies of the relationship between resorption processes and plant economics, which is potentially influenced by several plant physiological and structural adaptations to environmental factors other than nutrient stress.

Contact : Grégoire Freschet - Vrije Universiteit Amsterdam - Department of Systems Ecology - Amsterdam-
gregoire.freschet@falw.vu.nl

Session 32 : Diversité fonctionnelle : principes et patrons

Plant regeneration niche, climate and plant traits : review, ideas and perspectives

Arne Saatkamp

Recent advances in the understanding of the relations between climate change and plant distribution point on a number of inconsistencies in our understanding which processes govern plant establishment and distribution. Plant regeneration niches are shaped by evolutionary processes such as proposed by storage effect and bet-hedging. These processes make predictions how climatic variability and biotic interactions shape the regeneration niche of plants. The precise relation between evolution of germination niche in climatic gradients however is still unknown. Empirical evidence suggests a lowering of germination temperature optima with rising temperatures along altitudinal and latitudinal gradients in seasonal climates. Seasonal climates however show a large spectrum of coexisting plant regeneration niches. Reviewing recent evidence, we propose that differentiation of germination niches in seasonal climates can be related to plant traits such as plant size, seed size and flowering date on the grounds of evolutionary constraints set by the environment.

Contact : Arne Saatkamp - IMEP UMR 6116 - Marseille - arnesaatkamp@gmx.de

Session 32 : Diversité fonctionnelle : principes et patrons

Environmental determinants of species and trait distributions in tropical forests

Adeline Fayolle - Sylvie Gourlet-Fleury - Bettina Engelbrecht

The composition and diversity of tropical tree communities vary with environmental factors, however, the factors shaping distribution patterns at a regional scale remain poorly understood. This study aimed to identify the environmental determinants of the distribution of tree species and their key functional traits in the tropical semi-evergreen forests of Central Africa. We asked two questions. (1) Which environmental factors shape the distribution of the dominant tree species? (2) Do species with similar distribution patterns share the same set of traits – reflecting similar environmental requirements? The distribution of 31 tree species was analyzed in an area of more than 7 millions hectares, crossing the borders of the Central African Republic, Cameroon and the Republic of Congo, the Sangha River Interval. We examined the relation between species distribution patterns and environmental variations through multivariate analyses. Spatial variations of environmental factors pertaining to climate, topography and geology were quantified from maps and satellite records. Species traits shade tolerance, wood density, leaf phenology, maximal diameter and annual growth rate were calculated or extracted from the literature. A correlated gradient of geology and geomorphology was of major importance for the distribution of the studied species while climate had little impact. Species were mainly divided into a group associated with a central sandstone plateau in the area, and species avoiding this plateau. One abundant species, *Lophira alata*, showed a separate pattern suggesting an affinity of this taxon for wet conditions. The pattern of species distribution was significantly related to a set of functional traits, with species associated with the sandstone plateau characterized by slow growth rates, high wood density and evergreen leaves. This is consistent with a strategy of conservative resource use on nutrient poor and dry sandy soils. The relationships between plant traits and species distribution we identified are of major importance for the ecology and conservation of tropical forests, especially in the African forest where little is known. In addition, knowledge of tree species distribution and its determinant factors is indispensable for the sustainable management of tropical forests.

Contact : Adeline Fayolle - CIRAD - Montpellier - adeline.fayolle@cirad.fr

Session 32 : Diversité fonctionnelle : principes et patrons

L'écologie de la diversité peut-elle aussi être une écologie physique ?

Philippe Choler

Mon exposé présente le champ de la recherche en écologie comme une interface entre la biologie évolutive et la physique de l'environnement: deux disciplines dotées d'un solide cadre conceptuel et théorique mais qui restent largement étrangères l'une à l'autre. Revenant sur quelques exemples historiques, je montre les difficultés et les atouts qui découlent de cette situation particulière de l'écologie. Dans un second temps, j'essaie de montrer comment l'étude de la structure et de la dynamique des écosystèmes pourrait tirer partie à la fois (i) de l'application de principes physiques et (ii) de la recherche des stratégies d'histoire de vie optimales. Mon propos est illustré par des travaux récents sur l'écohydrologie des prairies tropicales semi-arides dans lesquels j'emprunte à la biophysique et aux théories de l'optimalité pour aborder des questions de diversification fonctionnelle le long des gradients de l'environnement et de coexistence de stratégies.

Contact : Philippe Choler - Université de Grenoble - Grenoble - philippe.choler@ujf-grenoble.fr

Session 33 : Les modèles hiérarchiques spatiaux-temporels : une modélisation intégrée du processus à l'observation

Modélisation Bayésienne Hiérarchique pour l'écologie statistique. Enjeux et applications

Etienne Rivot - Etienne Prevost - Eric Parent

Au cours des 20 dernières années, les modèles Bayésiens Hiérarchiques (MBH) ont connu un essor considérable dans le domaine de l'écologie statistique. En effet, ce cadre de modélisation permet de lever certains verrous méthodologiques des approches plus classiques de la modélisation quantitative. La modélisation hiérarchique est fondée sur l'organisation des paramètres, variables d'état latentes (non observables et/ou non observées) et observations, en différentes « couches ». Le raisonnement conditionnel permet de relier ces couches entre elles par une structure de conditionnement probabiliste qui capture les relations de cause à effet entre les différentes variables. En plus d'être conceptuellement satisfaisante, cette structure générale apporte de la flexibilité car elle permet de distinguer explicitement les processus écologiques des processus d'observation et de séparer les sources de variabilité et d'incertitude associées à chaque « couche ». Le conditionnement probabiliste permet de représenter de multiples éléments de complexité dans les processus écologiques comme les emboitements d'échelles (i.e. individus, populations, ensembles de populations), les relations induites par les dimensions dynamiques et/ou spatiales ainsi que les différentes sources de variabilité et de stochasticité associées. Par ailleurs, la connexion avec les modèles d'observation facilite l'intégration de sources d'information multiples issues de méthodes d'échantillonnage et de suivi des populations naturelles. Le raisonnement Bayésien permet de réaliser l'inférence dans un cadre cohérent et sans rupture avec le raisonnement conditionnel. La possibilité d'utiliser des distributions a priori informatives pour certains paramètres permet d'introduire de l'information provenant d'autres sources que des données analysées (e.g. expertise). Enfin, l'analyse Bayésienne donne accès à la distribution de probabilité jointe a posteriori de toutes les grandeurs inconnues du modèle (éventuellement en très grande dimension). Les distributions a posteriori prédictives permettent de propager toutes les sources d'incertitudes dans les prédictions issues des modèles à des fins d'aide à la décision pour la gestion des populations. L'intérêt des MBH sera illustré par quelques applications issues de nos travaux portant sur l'étude du fonctionnement des populations naturelles de saumon Atlantique. Une première illustration portera sur une méta-analyse des relations stock-recrutement à l'échelle européenne. Un deuxième exemple illustrera l'intérêt des HBM pour analyser la dynamique des populations à l'aide de modèles de type matriciels intégrant différents modèles d'observation (e.g. capture-marquage-recapture). Ces exemples serviront de base pour discuter des limites méthodologiques faisant l'objet de fronts de recherche actuels.

Session 33 : Les modèles hiérarchiques spatiaux-temporels : une modélisation intégrée du processus à l'observation

Etude de la distribution temporelle de la mortalité dans trois forêts des Alpes françaises

Maëlle Seignobosc - Jérémy Puissant - Benoit Courbaud

Les forêts de montagne sont considérées comme particulièrement sensibles aux changements climatiques futurs. Les évolutions climatiques pouvant être très marquées dans les Alpes, avec des prédictions d'augmentation de 5.5 à 6°C de la température estivale et une diminution des précipitations d'été de 15 à 20 % d'ici 100 ans (cette dernière prédiction étant très variable suivant l'altitude). On considère généralement que ces changements climatiques vont induire une réorganisation importante de la composition des forêts aux étages montagnard et subalpin, avec des migrations d'espèces et des événements de mortalité de masse de peuplements matures. En tant que composante du cycle démographique des arbres, la mortalité constitue un aspect essentiel dans la compréhension de la dynamique forestière et de sa modification sous l'influence des événements climatiques. Or les séries temporelles nécessaires pour détecter une évolution de la structure interannuelle de la mortalité (variabilité, tendance, cycles) sont rares et généralement assez courtes. Notre étude porte sur trois sites des Alpes (Queige et Lanslebourg en Savoie, Engins dans le Vercors) gérés par l'Office National des Forêts (ONF) pour lesquels trois inventaires forestiers ainsi que des relevés annuels du nombre d'arbre morts sont disponibles sur une période d'environ 80 ans (1920 – 2000). Nous proposons dans un premier temps une méthode de reconstitution du volume total de bois pour chaque site à l'aide d'un modèle hiérarchique Bayésien à variables latentes. Cette étape permet de générer des séries temporelles de volume total à la parcelle, puis de taux de mortalité, à partir des données de gestion existantes (sommiers et inventaires ONF). Dans un second temps les taux de mortalité annuels sont présentés sous forme d'une distribution de probabilité. Celle-ci met en évidence à la fois les événements de dépérissement fréquents mais peu intenses, et ceux liés à des perturbations plus ponctuelles pouvant provoquer la destruction de 30 à 50% du stock d'une parcelle. La part de chacun de ces phénomènes dans la mortalité totale sera quantifiée, et la distribution obtenue pourra être intégrée dans le modèle de simulation forestière SAMSARA. Enfin nous nous intéresserons aux années de forte mortalité en essayant de les mettre en relation avec les épisodes climatiques extrêmes qui ont pu être observés dans la région, en particulier les sécheresses et les tempêtes. Les résultats seront discutés en rapport avec les caractéristiques écologiques et de gestion sylvicole de chacun des sites.

Contact : Maëlle Seignobosc- Cemagref - 38400 Saint Martin d'Herès - maelle.seignobosc@cemagref.fr

Session 33 : Les modèles hiérarchiques spatiaux-temporels : une modélisation intégrée du processus à l'observation

Modélisation de la régénération en forêt tropicale humide à l'aide d'un processus ponctuel marqué d'intensité liée à une variable prédite

Pierrette Chagneau

Un des points faibles des modèles de dynamique forestière spatialement explicite est la modélisation de la régénération. Un inventaire détaillé du peuplement et des conditions environnementales a permis de mettre en évidence les effets de ces deux facteurs sur la densité locale de juvéniles. Mais, en pratique, la collecte de telles données est coûteuse et ne peut être réalisée à grande échelle. Seule une partie des juvéniles est échantillonnée et génotypée et l'environnement n'est connu que partiellement. Dans un premier temps, l'objectif est de proposer un modèle de régénération permettant de prendre en compte simultanément l'information génétique pour expliquer les mécanismes de dispersion et l'environnement pour expliquer l'hétérogénéité spatiale des juvéniles. La répartition spatiale des juvéniles est considérée comme la réalisation d'un processus ponctuel marqué, la marque étant constituée par le génotype. L'intensité de ce processus dépend de la survie des graines, qui dépend elle-même des conditions environnementales. La mise en oeuvre du modèle de régénération nécessite de connaître l'environnement sur toute la zone d'étude alors que ce dernier n'est connu qu'aux points échantillonnés. Il est donc nécessaire, au préalable, de prédire l'environnement sur l'ensemble de la zone étudiée. Les variables environnementales étant prédites, elles sont entachées d'erreur. Contrairement aux modèles existants où les variables environnementales sont considérées comme connues, le modèle de régénération proposé doit prendre en compte les erreurs liées à la prédiction de l'environnement. Le second objectif de cette étude consiste à mesurer l'impact de ces erreurs de prédiction sur les éléments caractéristiques du processus ponctuel modélisant la répartition spatiale des juvéniles. Un modèle hiérarchique spatial permettant d'estimer simultanément les paramètres associés à l'environnement et ceux associés à la régénération est proposé. Il est alors possible de déterminer de manière directe l'écart-type des estimations des paramètres du processus ponctuel sous un environnement prédit. La méthodologie est appliquée à la modélisation de la régénération de *Dicorynia Guianensis* à partir de données collectées en Guyane française.

Contact : Pierrette Chagneau - UMR MIA 518 AgroParisTech/INRA - Paris - pierrette.chagneau@agroparistech.fr

Session 33 : Les modèles hiérarchiques spatiaux-temporels : une modélisation intégrée du processus à l'observation

Estimation de la dynamique spatio-temporelle d'une métapopulation sur réseau. Application au colza

Florence Carpentier - Fabien Laroche - Catherine Larédo - Sylvie Huet

L'étude des flux de gènes au sein des populations de plantes cultivées est nécessaire pour prédire l'impact, notamment, des cultures de plantes génétiquement modifiées et des risques de fuites de transgènes dans la nature. Dans ce cas, la description des flux de gènes doit se faire à l'échelle du paysage. Le paysage agricole peut être considéré comme un système île-continent, les champs étant des sources pour les populations férales (i.e. populations échappées des champs se formant le long des routes), ces dernières formant une métapopulation localisée sur le réseau routier. Au sein de ce système, la compréhension de la dynamique de ces populations est nécessaire pour comprendre et prédire les échanges entre compartiments cultivés et sauvages et préciser le rôle des populations férales dans la dispersion des gènes de plantes cultivées. Dans notre étude, l'estimation de la dynamique des populations férales repose sur la localisation et les effectifs de ces populations ainsi que sur la position des champs et d'autres covariables environnementales. Ces données ont été relevées pendant plusieurs années consécutives. De plus, nous disposons de la caractérisation génétique de quelques populations férales et de champs (génotypes d'échantillons de feuilles ou de graines pour 8 marqueurs microsatellites). Notre modèle est centré sur le réseau routier, sur lequel se repartissent les populations férales et permet l'estimation le nombre d'individus présents sur chaque segment de ce réseau. Il est dynamique et fonction de la structure spatiale des effectifs les années précédentes, des positions des champs cultivés et des covariables (e.g. type de route). Il utilise également l'information génétique disponible de manière indirecte en incluant les distributions des probabilités d'origine commune des individus. Ce modèle hiérarchique a été appliqué dans un cadre bayésien à l'estimation de la dynamique des populations férales de colza présentes dans la région de Selommes (100 km²) à partir de données observées entre 2002 et 2005. L'estimation obtenue montre l'importance des relations spatiales et temporelles qui existent dans un agro-écosystème de ce type et l'importance de leur prise en compte lors d'étude de la dynamique de ces populations.

Contact : Florence Carpentier - MIA Jouy (inra) - Jouy - florence.carpentier@jouy.inra.fr

Session 34 : L'ingénierie écologique questionne l'écologie fondamentale

L'ingénierie écologique au service de la compensation écologique : le cas de la première réserve d'actifs naturels française dans la plaine de Crau (Bouches-du-Rhône)

Thierry Dutoit

L'investissement de la Caisse des Dépôts et Consignations via sa filiale biodiversité (CDC Biodiversité) pour la compensation écologique par l'offre a fait l'objet d'une importante double expérimentation dans la plaine de Crau tant dans la mise en place opérationnelle de cet outil d'aménagement du territoire que de la réhabilitation écologique d'un verger industriel abandonné de 357 ha en un espace pastoral ayant pour vocation de restaurer sa capacité d'accueil des oiseaux steppiques emblématiques de la plaine. Après avoir présenté, les enjeux politiques du choix territorial de la localisation de cette vaste opération d'ingénierie écologique (contexte socio-économique, intégration paysagère, écosystème de référence, etc.), nous détaillerons les différents protocoles appliqués (forçage des processus de dispersion, semis d'espèces nurses, inoculation de sol, etc.) et les limites rencontrées dans le passage de connaissances acquises expérimentalement en écologie de la restauration à celle d'une des plus grandes opérations de restauration écologique terrestre en France. Après une année, le processus opérationnel local de compensation des unités de biodiversité a fait l'objet d'ajustements par les comités locaux de suivi, le conseil scientifique de CDC Biodiversité et le Ministère de l'Environnement. Il montre la difficulté et les risques de la généralisation d'un éventuel cahier des charges à d'autres opérations. Des premiers résultats encourageants sur la réussite à très court terme de la réhabilitation et des expériences en écologie de la restauration sont maintenant disponibles (communication Renaud Jaunatre *et al.*). Cependant, l'écart avec les objectifs initiaux attendus au niveau scientifique montre nos limites tant au niveau des connaissances en ingénierie écologique nécessaires pour la restauration d'écosystèmes complexes que de l'insertion des techniques d'ingénierie écologique dans un chantier de génie civil. Enfin le contexte socio-économique particulier dans lequel s'est déroulé l'opération avec notamment la co-habitation d'activités traditionnelles d'élevage dans la réserve naturelle, le maintien de vergers intensifs et la présence d'activités industrielles dans le voisinage immédiat du chantier, pose le problème de son insertion opérationnelle. Existerait-il alors des alternatives intégrant notamment les aspects de durabilité vers lequel devrait évoluer ce type d'opération au niveau des choix de l'écosystème de référence (réaffectation plutôt que restauration) mais aussi de la conduite des interventions (limitation des intrants, émissions de CO₂, phasage sur le long terme, etc.) ?

Contact : Thierry Dutoit : IUT Avignon, site Agroparc BP 61207 - thierry.dutoit@univ-avignon.fr

Session 34 : L'ingénierie écologique questionne l'écologie fondamentale

Ingénieurs humains et naturels d'écosystèmes maintiennent la concentration des ressources et des services écosystémiques dans les champs surélevés précolombiens des savanes côtières de Guyane

Delphine Renard - Jago Jonathan Birk - Bruno Glaser - José Iriarte - Stephen Rostain - Doyle McKey

Les savanes inondables d'Amazonie ont fait l'objet d'intenses remaniements agricoles avant la Conquête européenne. Les techniques conçues par les agriculteurs ont apparemment permis de soutenir des populations amérindiennes denses dans diverses régions d'Amérique du Sud. Les vestiges de ces systèmes sont encore visibles aujourd'hui. Peut-on les réhabiliter et comment ? L'étude de leur fonctionnement actuel peut-elle nous aider à concevoir des agroécosystèmes permettant d'associer production agricole et conservation des services écosystémiques ? Nos travaux dans les savanes saisonnièrement inondées de la côte de Guyane suggèrent que les actions couplées des agriculteurs précolombiens et des « ingénieurs naturels » ont mené à un écosystème auto-entretenu. Ces savanes présentent des milliers de petites buttes de terre qui sont les vestiges de champs surélevés amérindiens, construits pour permettre une agriculture intensive sédentaire dans ces milieux contraignants. Environ 1000 ans après leur abandon, ces buttes sont encore présentes. Nos résultats (<http://www.pnas.org/content/107/17/7823.full.pdf+html>) montrent que les ingénieurs d'écosystème, notamment les insectes sociaux, les vers de terre et les plantes ligneuses, sont concentrés sur les buttes, attirés par leur sol bien drainé. Les fourmis et les termites transportent de la matière organique et minérale sur les buttes. La plus grande densité de turricules de vers de terre et des systèmes racinaires des plantes ligneuses sur les buttes comparativement à la matrice, contribuent à la stabilisation du sol et à son drainage. Les actions des ingénieurs d'écosystèmes, concentrées sur, et dans les buttes, réduisent ainsi l'érodibilité des structures et compensent l'érosion due aux fortes pluies tropicales et au passage du feu. Le fonctionnement actuel de l'écosystème est donc caractérisé par des boucles de rétroaction positives qui assurent l'auto-entretien de l'hétérogénéité topographique, et accentuent l'hétérogénéité fonctionnelle de ces milieux. Nos travaux en écologie fondamentale montrent des applications potentielles dans le domaine de l'ingénierie écologique. En exploitant les mécanismes naturels de concentration de ressources, les surfaces cultivées pourraient être auto-entretenu pendant les périodes de jachère. Une bonne gestion de ces mécanismes pourrait mener à l'élaboration d'agroécosystèmes productifs tout en étant résilients aux perturbations anthropiques et aux changements climatiques, et dans lesquels la biodiversité des écosystèmes de savane serait maintenue. Des expériences de réhabilitation des champs surélevés—qui promettent de compléter nos connaissances imparfaites de leur fonctionnement écologique—montrent que leur productivité est importante. Des jachères auto-organisées pourraient réduire le travail humain, ce dernier facteur étant susceptible de limiter l'adoption du système de culture sur champs surélevés par les agriculteurs contemporains.

Contact : Delphine Renard - CEFÉ-CNRS - Montpellier - delphine.renard@cefe.cnrs.fr

Session 34 : L'ingénierie écologique questionne l'écologie fondamentale

La facilitation dans une culture associée céréale-légumineuse est-elle fonction de la disponibilité en phosphore du sol ?

Philippe Hinsinger - Elodie Betencourt - Fanny Cordier - Gérard Souche - Bruno Colomb - Eric Justes

Dans le contexte d'une agriculture minimisant les impacts négatifs sur les services écosystémiques, parmi les processus écologiques qui méritent d'être mieux exploités figure la facilitation entre espèces végétales. Par définition, les processus de facilitation sont absents des agro-écosystèmes mono-spécifiques. En revanche, dans les cultures associées céréale-légumineuse, de tels processus peuvent être mobilisés en vue d'augmenter l'efficacité d'acquisition des ressources en azote et phosphore. Dans le cas de l'azote qui est le plus documenté, la capacité propre de la légumineuse à fixer symbiotiquement l'azote atmosphérique permet une complémentarité de niche entre les deux espèces associées. Dans le présent travail, nous avons testé l'hypothèse que la céréale et la légumineuse associées différaient aussi par leur aptitude à accéder à différents pools de phosphore du sol. La facilitation reposerait sur l'acidification plus importante de la rhizosphère de la légumineuse due à la fixation d'azote atmosphérique, permettant une augmentation de la disponibilité du phosphore au voisinage de ses racines, dont bénéficierait *in fine* la céréale associée. Les théories développées depuis plusieurs années suggèrent que les interactions positives (facilitation) au sein d'une communauté végétale prennent le pas sur les interactions négatives (compétition) lorsque les stress environnementaux augmentent. Pour mettre à l'épreuve cette théorie, nous avons conduit une expérience au champ dans un essai de fertilisation phosphatée de longue durée situé à Toulouse-Auzeville et présentant des niveaux très contrastés de disponibilité du phosphore, dont un traitement témoin n'ayant pas reçu de fertilisant phosphaté depuis 40 ans. L'essai a été conduit en 2009 sur blé dur (*Triticum turgidum durum*) associé au pois (*Pisum sativum*) ou à la féverole (*Vicia faba*). Des traitements comportant chacune de ces espèces cultivées en culture mono-spécifique ont servi de référence. Le suivi de la croissance au cours du cycle cultural et la mesure du rendement en grain des cultures n'ont pas permis de valider l'hypothèse de facilitation, y compris aux niveaux les plus faibles de disponibilité en phosphore du sol. Cependant, l'échantillonnage de sol rhizosphérique au stade floraison de la légumineuse (correspondant au maximum de fixation d'azote) a permis de montrer que les différentes espèces différaient par leurs aptitudes à augmenter la disponibilité du phosphore inorganique au voisinage immédiat des racines, avec un avantage significatif aux légumineuses. Celui-ci ne s'est cependant pas traduit en terme d'acquisition supplémentaire de phosphore. Ainsi, la meilleure efficacité de la culture associée (selon l'indice LER) a été observée en situation de nutrition non limitante en phosphore.

Vendredi

Contact : Philippe Hinsinger - INRA UMR Eco&Sols - Montpellier - philippe.hinsinger@supagro.inra.fr

Session 34 : L'ingénierie écologique questionne l'écologie fondamentale

Engineering the ecological services of N₂-fixing legumes in cereal cropping agro-ecosystems of the Mediterranean basin ?

Jean-Jacques Drevon - Nora Alkama - Adnane Bargaz - Georg Carlsson - Ghoulam Cherki - Hesham Hamza, Benoit Jaillard - Mohamed Sidi Ounane - Fatma Tajini

Legumes have the capacity to fix large amounts of atmospheric N₂ into the biosphere through their capacity to establish a symbiosis with soil rhizobia. However, this legume contribution to the N biogeochemical cycle varies with the physico-chemical and biological conditions of the nodulated-root rhizosphere. In order to assess the abiotic and biotic constraints that might limit this symbiosis in an agro-ecosystem, a nodular diagnosis is proposed and assessed with common bean as a model grain-legume, and a major source of plant proteins for world human nutrition. The results obtained in field-sites chosen with farmers in legume areas of the Mediterranean basin with cereal-cropping systems, show a large partial and temporal variation in the legume nodulation. In various reference areas, the nodular diagnosis show that low P availability of soils is a major limiting factor of the rhizobial symbiosis. The relation with engineering the legume symbiosis is further addressed by participatory assessment of bean recombinant inbred lines of common bean contrasting for their efficiency in use of phosphorous for symbiotic nitrogen fixation. In order to relate the field measurements with functional genomics of this symbiosis, the *in situ* RT-PCR of candidate gene has been developed on nodule sections. It is concluded that various tools and indicators are available for developing the engineering of the rhizobial symbiosis for its beneficial contribution to the bio-geochemical cycle of N, and also C and P in various agro-ecosystems.

Contact : Jean-Jacques Drevon - INRA - IRD - SupAgro (UMR Eco&Sols) - Montpellier - drevonjj@supagro.inra.fr

Session 35 : Plénière

Les défis de la science de la biodiversité

Michel Loreau

La Terre abrite une extraordinaire diversité biologique qui est aujourd'hui sérieusement menacée par l'accroissement des activités humaines. La crise globale de la biodiversité appelle une science globale de la biodiversité. Mais la création d'une science intégrée de la biodiversité est un projet ambitieux et de longue haleine, dont j'essaierai de tracer les contours et les principaux défis. La science de la biodiversité doit relever un certains nombres de défis de nature proprement scientifique, en particulier la découverte de la biodiversité inconnue, le suivi et la prédiction des changements présents et futurs de la biodiversité, l'évaluation des conséquences écologiques et sociétales de ces changements, le développement de stratégies appropriées de conservation et de gestion de la biodiversité, et l'élaboration de modèles prédictifs intégrés. Mais elle se doit également d'établir de nouveaux liens avec les processus de décision et s'intéresser aux racines philosophiques et économiques de la crise de la biodiversité. Cette crise ne pourra en effet être surmontée que par une nouvelle philosophie et une nouvelle économie qui remettent en cause la séparation entre l'homme et la nature à la base de la société moderne et qui rendent à la nature l'humanité qui lui appartient.

Contact : Michel Loreau - Department of Biology, McGill University, Montreal, Quebec H3A 1B1, Canada
michel.loreau@mcgill.ca

Session 36 : Plénière

2010 : Constat alarmant pour la biodiversité et nouveaux mécanismes à l'interface science-politique

Anne Larigauderie

Cet exposé présentera tout d'abord, en toile de fond, de nouvelles données synthétiques sur l'état présent et futur de la biodiversité et des services écosystémiques, tirées essentiellement du travail réalisé par DIVERSITAS et UNEP-WCMC pour le compte du rapport Global Biodiversity Outlook-3 (GBO-3) de la Convention sur la Diversité Biologique. Il évoquera notamment l'échec des pays vis-à-vis de l'objectif de biodiversité 2010. L'exposé abordera ensuite l'ensemble des composantes de l'interface science-politique en matière de biodiversité, qui se renforce pour faire face à cette crise sans précédent. Il fera état, en particulier, de la naissance, en cette année internationale de la biodiversité, de 2 composantes nouvelles et essentielles de cette interface que sont, le mécanisme d'observation (GEO BON), et le mécanisme d'évaluation des connaissances (IPBES).

Contact : Anne Larigauderie - Diversitas - Paris- anne@diversitas-international.org

Session 37 : L'érosion de la biodiversité: état des lieux et enjeux en 2010

Conservation of what and for whom in the Tropics ? Recognizing and informing the unavoidable tradeoffs

Francis (Jack) Putz

For conservation efforts in the tropics to be effective, promoters need to recognize the perspectives held by a wide variety of stakeholders. For example, while solutions to conservation problems imposed by outsiders can be successful (e.g., "fortress preservation"), conservation benefits are more likely to be sustained when there is local stakeholder support. Unfortunately, all interventions have unavoidable tradeoffs and relevant stakeholders often differ in what they value. For their part, environmentalists are often most concerned about tradeoffs between biodiversity maintenance and the intensity of ecosystem management. Local elites might instead focus on the reductions in financial yields from harvested products that would result from adoption of conservation practices. With the advent of markets for ecosystem carbon, a tradeoff of great environmental concern is between carbon sequestered and biodiversity retained. At a higher level of consideration, policy-makers need to consider any tradeoffs between economic development and carbon emissions. These tradeoffs will be illustrated with examples from tropical forests and a case made that the role of scientists is to inform decision-making processes.

Contact : Jack Putz - Université de Floride - US - fep@ufl.edu

Session 37 : L'érosion de la biodiversité: état des lieux et enjeux en 2010

La systématique est-elle une science de la conservation ?

Pierre-André Crochet

Sans prétendre répondre à cette question, je proposerai quelques pistes de réflexions totalement subjectives nourries par les deux constats suivant : 1) la systématique est quasi-unanimement exclue du champ de la biologie de la conservation par les acteurs de la recherche académique dans lequel j'évolue et dont je fais partie, et ce bien que 2) les acteurs de la conservation (administrations, collectivité territoriales, organismes financeurs, ONG...) orientent l'essentiel de leurs actions à l'aune de liste d'espèces et de leur statut de conservation associé. Aux approches « espèce-centrée », la recherche académique tend en effet à substituer des approches globales basées sur des indicateurs de diversité (taxonomique, fonctionnelle, ...) ou des tendances basées sur le suivi de la « biodiversité ordinaire » (c'est-à-dire en essentiellement des espèces communes). Il me semble pourtant qu'il existe une différence de nature fondamentale entre l'extinction d'une espèce et les autres modifications de la biodiversité : l'extinction est totalement irréversible. En outre, la recherche académique et la société définissent souvent la crise actuelle de la biodiversité comme une crise d'extinction. Il me semble aussi que le suivi par les grands indicateurs de biodiversité ou les tendances ne permet en général pas de suivre le rythme des extinctions, et que les actions ciblées sur ces indicateurs ne permettent que rarement de lutter contre la crise d'extinction. Si l'on admet que lutter contre l'extinction des espèces doit demeurer un des objectifs prioritaires de la conservation, on ne peut alors pas faire l'économie d'un travail de fond dont les objectifs sont de caractériser la biodiversité spécifique. Selon les groupes considérés, ces approches différeront bien sûr par leurs méthodes et leurs degrés de résolution. Ainsi, si on peut espérer faire l'inventaire de la faune vertébré d'Europe dans un délai raisonnable, la préservation de la diversité spécifique des nématodes ou des collemboles passera par des approches basées sur la spécialisation et l'originalité des communautés entre habitats et entre régions. La systématique reste et restera longtemps incontournable pour atteindre ces objectifs. Ainsi, à moins de considérer que la conservation de la biodiversité peut se satisfaire de maintenir des écosystèmes divers et qui fonctionnent, sans se préoccuper de l'identité de leurs composants, il me semble évident que la systématique est une des disciplines de la biologie qui produit les connaissances les plus directement mobilisables pour la conservation.

Contact : Pierre-André Crochet - CEFÉ/CNRS - Montpellier - pierre-andre.crochet@cefe.cnrs.fr

Session 37 : L'érosion de la biodiversité: état des lieux et enjeux en 2010

La question de l'érosion de la biodiversité est-elle potentiellement pertinente pour les communautés microbiennes ?

Jean-François Humbert - S Barot - G Lacroix - JC Lata - J Leloup - E Rochelle-Newall

La question de l'érosion de la biodiversité dans les écosystèmes naturels a été jusqu'ici très majoritairement abordée en référence aux communautés de macroorganismes eucaryotes alors que les communautés microbiennes renferment une part prépondérante de la biodiversité terrestre. Les raisons de ce paradoxe tiennent probablement au fait que le concept d'espèce pose encore question chez les procaryotes mais aussi au fait que les outils pour appréhender la biodiversité microbienne sont disponibles depuis peu. La question de l'érosion de la biodiversité bactérienne peut être considérée à diverses échelles spatiales et temporelles. Jusqu'à présent, tous les travaux réalisés sur cette question dans les communautés microbiennes naturelles se sont intéressés à l'impact local de perturbations sur ces communautés microbiennes. Ces études ont été en général réalisées soit pour tester l'intérêt potentiel des communautés microbiennes comme indicateurs de la qualité d'un écosystème, soit pour aborder des questions plus fondamentales telle que celle relative aux conséquences fonctionnelles de la perte de biodiversité dans un écosystème. Il s'agissait notamment de déterminer si la redondance fonctionnelle qui semble caractériser les communautés bactériennes, limite l'impact d'une érosion de la diversité en leur sein. En ce qui concerne la question de l'érosion globale de la diversité microbienne à l'échelle du globe terrestre, celle-ci reste en revanche, entièrement posée. Cette question s'oppose tout d'abord, à la difficulté de prouver qu'une espèce microbienne a véritablement disparu, sachant que les espèces rares sont difficiles à détecter dans les écosystèmes. Cette question semble aussi conceptuellement contradictoire à deux caractéristiques fondamentales des communautés microbiennes, à savoir des abondances supposées élevées qui limitent les taux d'extinction et la taille réduite des microorganismes qui favorise les taux de migration. A l'inverse de ces arguments, quelques publications récentes ont montré que certains concepts de la macroécologie semblent avoir une pertinence pour les communautés microbiennes, que ces communautés peuvent présenter une structuration biogéographique, et qu'il existe, en leur sein, des espèces présentant des fortes variations de leur aire de distribution en relation avec les changements globaux. Si l'érosion de la diversité microbienne vue sous l'angle de la disparition d'espèces, pose donc de nombreuses questions, la prise en compte de la dimension intraspécifique en soulève encore d'autres qui seront également discutées. Enfin, nous terminerons cette analyse en nous demandant si, finalement, cette question de l'érosion de la biodiversité a véritablement un intérêt pour le monde bactérien, compte tenu de l'importance des transferts de gènes au sein de ces communautés.

Contact : Jean-François Humbert - Bioemco - Paris - humbert@biologie.ens.fr

Session 37 : L'érosion de la biodiversité: état des lieux et enjeux en 2010

Biodiversité et Evolution de la Malaria chez les Grands Singes

François Renaud - Franck Prugnolle

Dans le genre *Plasmodium*, quatre espèces étaient considérées comme spécifiques de l'Homme: *P. malariae*, *P. ovale*, *P. vivax*, et *P. falciparum*. Toutes ces espèces ont des origines très distantes et indépendantes, suggérant des événements différentiels de transfert et d'adaptation à l'espèce humaine. Nous ignorons quand et comment se sont produites les séquences de passage de ces différents agents paludéens chez l'Homme. Plus particulièrement, quelle est l'origine de l'agent pathogène le plus virulent du Paludisme: Les Oiseaux, les Rongeurs ou les Primates? Voici une des questions majeures des cinquante dernières années concernant l'évolution de *Plasmodium falciparum*. Des résultats très récents montrent (i) l'existence d'une large diversité de lignées évolutives plasmodiales circulant chez les Grands Singes en Afrique et (ii) la présence de *P. falciparum* chez ces derniers. L'hypothèse actuelle va dans le sens d'un transfert récent de parasites issus des singes vers l'Homme, mais les données sont elles vraiment solides? Quelles zones d'ombre demeurent dans l'organisation de la biodiversité de ces parasites et celles de leurs hôtes? Nous présenterons ici une analyse globale portant sur un ensemble d'études effectuées sur la diversité des *Plasmodium* humain/primates, et discuterons de l'évolution de ces agents infectieux dans les différentes lignées évolutives hôtes. Qui sont les réservoirs de l'agent responsable de cette maladie qui tue plus d'un million d'enfants chaque année: L'Homme où les Grands Singes?

Contact : François Renaud - CNRS / GEMI - Montpellier - Francois.Renaud@mpl.ird.fr

Session 38 : Ecologie et géographie de la conservation

Gestion de la biodiversité et écologie territoriale dans les projets de territoire durable : le cas de Lus-la-Croix-Haute, Drôme

Pierre Pech

Peut-on concilier conservation de la nature avec dynamique de développement au sein d'un territoire ? Ce qui semble encore paradoxal pour qui veut tenter de concilier deux enjeux apparemment antinomiques devient pourtant une démarche de plus en plus fréquente dans le domaine à la fois de l'ingénierie écologique et de l'aménagement du territoire. De manière incontestable, la gestion de la nature s'exerce dans un cadre territorial. Dans le même temps, tout projet de développement, qu'il soit local ou plus global par exemple à l'échelle de grandes infrastructures, se doit d'intégrer le patrimoine naturel. Ainsi, en matière de conservation de la nature, la plupart des labels de protection ou de gestion nécessite la définition de limites territoriales à l'intérieur desquelles s'exercent des réglementations plus ou moins strictes. Il existe d'ailleurs une intensité plus ou moins importante dans la nature de la réglementation, comme c'est le cas en France lorsque l'on va des aires territoriales les plus contraignantes, comme les réserves intégrales ou les arrêtés de biotope, à celles pour lesquelles l'identification n'a de valeur qu'indicative notamment en matière d'urbanisme, comme les ZNIEFF. On imagine donc aisément la priorité que revêt, sur un territoire donné, le choix de mesures de conservation les plus strictes quand existent de forts enjeux patrimoniaux de biodiversité. Pour mettre en évidence les intérêts que peuvent représenter les services rendus par la nature, certains auteurs ont investi le territoire comme porteur de ressources et de produits permettant d'assurer une rente territoriale. Le territoire est ainsi l'espace sur lequel des acteurs disposent de ressources ou produisent des activités économiques à partir de ces ressources ; ressources et productions engendrent des revenus qui constituent un panier de biens assurant cette rente territoriale. L'approche plaçant, dans une double synergie, la conservation de la nature comme instrument porteur du développement local et le développement local comme instrument porteur d'une meilleure efficacité de la gestion de la biodiversité constitue une perspective novatrice dans l'expérimentation de nouvelles formes de développement durable du territoire.

A Lus-la-Croix-Haute, commune montagnarde située dans la Drôme, les formes du développement local, agricole et touristique, reposent en grande partie sur la mise en valeur des atouts des ressources que représentent l'attractivité du patrimoine naturel mais aussi les éléments remarquables de la biodiversité.

Cette communication propose de démontrer, à l'aide de l'écologie territoriale, à travers l'exemple de la commune montagnarde de Lus-la-Croix-Haute, comment un territoire peut aboutir à un modèle de gestion conjointe à la fois de son patrimoine naturel et de son développement local. Cette démarche nécessite de mettre en œuvre le recensement et l'analyse des pratiques engagées (en particulier : nature des écotecnologies mises en œuvre, modalités de gestion du territoire). Cela nécessite aussi que soit mise en place une approche d'analyse multi-indicateurs fondée sur des objectifs précis, allant par exemple d'indices de qualité de la biodiversité (indices de biodiversité) à des indicateurs de la rente territoriale, ceci permettant, entre autres aux acteurs d'évaluer l'efficacité de cette double gestion territoriale, celle de la biodiversité et celle du développement, les deux étant conçues comme complémentaires.

Samedi

Contact : Pierre Pech - UMR LGP – CNRS 8591 - Pierre.Pech@univ-paris1.fr

Session 38 : Ecologie et géographie de la conservation

Les paysages de l'arbre hors forêt et l'apiculture au sein des agro-systèmes intensifs : l'abeille comme indicateur d'une agriculture durable

Fanny Rhone - Dominique Laffly - Eric Maire - Sylvie Guillerme - Gérard Briane - Virginie Britten

L'abeille est un bio-indicateur fonctionnel sensible au sein des paysages agricoles. Or, les éléments arborés / arbustifs et les strates herbacées associées jouent un rôle majeur en terme de services écosystémiques à l'échelle globale du biotope, de la biocénose et des sociétés humaines. En considérant que l'agriculture est un vecteur essentiel de l'agrobiodiversité, nous nous proposons d'étudier les structures paysagères, favorables aux abeilles en milieu agricole. Il s'agit d'évaluer les types et la diversité des ressources alimentaires que mobilise l'abeille domestique (*Apis mellifera*) tout au long de la saison apicole, en fonction d'un contexte paysager connu, en insistant plus particulièrement sur les périodes de disette résultant de la simplification des paysages et des moyens techniques agricoles mis en œuvre. La simplification des assolements, la reconversion des prairies, le remembrement exercent une très forte influence sur la diversité floristique et entomologique des paysages agricoles. Aujourd'hui, les importants taux de mortalité d'abeilles continuent d'amoindrir cette diversité, d'affaiblir l'ensemble de la chaîne trophique ainsi que l'économie des filières agricoles et apicoles. Les interactions entre pesticides et maladies pathogènes sont habituellement vues comme les causes principales de l'effondrement des populations de pollinisateurs. Cependant, la raréfaction qualitative et quantitative des ressources alimentaires au sein de tels agro-systèmes peut également contribuer à ces forts taux de mortalité. L'activité de ponte de la reine d'une colonie est influencée par la quantité de ressources disponibles. La qualité de ces ressources influence l'équilibre métabolique de la colonie. Nous émettons alors l'hypothèse qu'un paysage au maillage arboré / arbustif pauvre (d'un point de vue quantitatif et qualitatif) est préjudiciable à l'équilibre et à la dynamique d'une colonie d'abeilles. Une étude récente de L'INRA a montré que les strates arbustives et arborées contribuent à un apport nutritionnel important pour l'abeille, mais soulignent les difficultés d'en comprendre le rôle exact. L'approche géographique que nous nous proposons d'adopter permet également d'intégrer la dimension sociale et spatio-temporelle dans la compréhension du rôle des strates arborées / arbustives / herbacées en terme d'apports en ressources mellifères pour l'abeille. Un important dispositif de suivi des colonies a été mis en œuvre dans le département du Gers. Enfin, des enquêtes sociales sur les modes de gestion des structures végétalisées du paysage seront menées. Les résultats obtenus permettront d'élaborer des propositions de modes de gestion des paysages agricoles, plus adaptés à la faune pollinisatrice et ainsi à l'agrosystème dans sa globalité.

Contact : Fanny Rhone - UTM / CNRS laboratoire GEODE - Toulouse - fanenvelo@gmail.com

Session 38 : Ecologie et géographie de la conservation

Stratégies de conciliation entre conservation des communautés d'oiseaux et allocation spatiale de la production agricole et sylvicole

Yves Bas - Frédéric Jiguet

Concilier la production agricole et sylvicole avec la conservation de la biodiversité est un défi des plus difficile du fait de l'augmentation drastique de la demande en bois et nourriture attendue dans les prochaines décennies. Deux stratégies de conciliation ont été avancées au regard de l'allocation spatiale de la production, soit (1) une mise en réserve d'un maximum de surface au prix d'une production intensive sur l'espace restant (« land sparing »), soit (2) une intensité de production modérée au prix d'une exploitation sur un maximum de surface (« land sharing »). On retrouve en effet ces deux types de stratégies dans différents contextes : certification du bois versus Réserve Biologique Intégrale, répartition agrégée ou dispersée des Mesures Agro-Environnementales. Leurs efficacités relatives peuvent être mesurées en analysant la forme de la fonction liant rendement et densité des espèces à conserver (modèle de Green): une forme convexe plaidera en faveur du « land sparing », un forme concave en faveur du « land sharing ». Nous avons ici modélisé cette fonction pour 25 oiseaux spécialistes des milieux agricoles et 25 oiseaux spécialistes forestiers. Les variations de densité des espèces en milieu agricole ont été mesurées grâce à plus de 7000 points d'écoute réalisés pour le Suivi Temporel des Oiseaux Communs (STOC-EPS), alors que les données utilisées pour le milieu forestier provenaient de l'échantillonnage de 117 sites en Ille-et-Vilaine. Nos résultats ont montré que la plupart des oiseaux forestiers répondaient de façon concave aux variations d'intensité de production sylvicole alors qu'une majorité d'oiseaux des milieux agricoles répondaient de manière convexe aux variations d'intensité de production agricole. Ces différents types de réponse plaident donc pour des stratégies opposées pour les deux systèmes : une exploitation modérée sur l'ensemble des forêts, notamment en terme de longueur de rotation, et la mise en réserve des terres agricoles les plus extensives. Les pratiques d'exploitation modérées semblent plus efficaces en milieu sylvicole du fait de la possibilité d'obtenir un rendement relativement élevé tout en maintenant de nombreux micro-habitats et un niveau faible de perturbation.

Contact : Yves Bas - MNHN - Montpellier - ybas@mnhn.fr

Session 38 : Ecologie et géographie de la conservation

La circulation de la biodiversité cultivée : un indicateur de la territorialisation des agriculteurs sur les fronts pionniers d'Amazonie. Exemple de la région de Cruzeiro do Sul (Acre, Brésil)

Ludivine Eloy

Depuis plusieurs décennies, des collaborations entre géographes, anthropologues et ethnoécologues explorent les effets des dynamiques agricoles et des mobilités sur la biodiversité et les savoirs environnementaux en Amazonie. Dans les zones pionnières, la dichotomie qui est souvent faite entre des espaces « vierges » et des espaces dits « anthropisés » occulte les relations complexes que les agriculteurs entretiennent avec leur environnement. Par ailleurs, compte tenu de l'urbanisation rapide en Amazonie, la formation de systèmes résidentiels multilocaux, articulant les espaces urbains, périurbains et ruraux, devient un point commun aux amérindiens, aux populations traditionnelles riveraines et colons des fronts pionniers. La façon dont ces réseaux socio-spatiaux façonnent la gestion du milieu naturel reste encore à explorer. La biodiversité peut, dans ce contexte, être appréhendée non pas comme un objet de conservation mais comme une ressource circulatoire. Nos travaux visent à montrer que la circulation de l'agrobiodiversité constitue un indicateur de la territorialisation des agriculteurs sur les fronts pionniers. Nous prenons pour exemple de la région de Cruzeiro do Sul, dans l'état de l'Acre, située à l'extrême ouest de l'Amazonie brésilienne. La représentation graphique des réseaux sociaux d'échange de germoplasme révèle l'ancrage territorial de ces circulations. Le réseau retrace en effet les lignes des trois routes vicinales étudiées, ce qui exprime le fait que les habitants d'une même colonie agricole sont particulièrement interdépendants pour l'approvisionnement en germoplasme. Après un épisode migratoire, les familles doivent s'adapter à un milieu forestier inconnu. L'obtention de plantes cultivées auprès de personnes et de lieux connus assure la continuité de la mémoire des lieux et des proches. La pratique de la multilocalité intensifie les flux de germoplasme entre jardins-vergers des zones urbaines et rurales. Cette approche géographique de la circulation de l'agrobiodiversité met en évidence la gestion collective des ressources biologiques dans des espaces marqués par l'appropriation privée des moyens de production.

Contact : Ludivine Eloy - CNRS ART Dev - Montpellier - ludivine.elay@univ-montp3.fr

Session 38 : Ecologie et géographie de la conservation

Pour une distinction entre échelles et processus de nature différente dans la saisie des interactions hommes/milieus

Xavier Arnauld de Sartre

La saisie des rapports hommes / milieux a été un des objets d'étude privilégié des géographes au moment de leur institutionnalisation dans le concert des sciences sociales. Elle s'est faite, en lien étroit avec l'écologie, au travers d'une approche fortement inspirée du lamarckisme. Cette identité originelle n'est plus de mise aujourd'hui : alors que l'homogénéité de l'objet d'étude s'est fissurée en même temps que la discipline s'est scindée en différentes sous-disciplines, d'autres champs disciplinaires se sont, à la faveur des problématiques suscitées par développement durable, emparés de cet objet d'études. Pourtant, on observe ces dernières années, sous l'impulsion là encore du développement durable, une volonté de refonder la géographie sur ses anciennes bases. Ces propositions, quand elles n'appellent pas à un recyclage de prétendus savoir-faire géographiques mais qu'elles intègrent les réflexions épistémologiques contemporaines qui invitent à ne pas prendre pour acquis des cadres spatiaux largement hérités de la modernité, permettent d'identifier ce qui pourrait constituer la spécificité de la géographie dans l'appréhension des rapports hommes / milieux et dans les liens qu'elle peut (re)mettre en place avec l'écologie. Notre proposition, qui s'appuiera sur les résultats d'un programme de recherche pluridisciplinaire mené dans un contexte amazonien, se fondera sur une déconstruction / reconstruction de quelques-uns des concepts centraux de la géographie, en particulier ceux de milieux, d'échelles, de territoires et de réseaux. Nous montrerons les limites des approches d'écologie humaine qui tendent à considérer l'homme comme une espèce intervenant sur son milieu. La multiplicité des dimensions des hommes, et en particulier leur capacité réflexive, de même que la complexité des logiques qui les animent, font que les rapports des hommes à leurs milieux sont toujours médiatisées – ce qui renvoie au lamarckisme. Nous montrerons sur cette base qu'il est nécessaire de distinguer entre les différents processus qui interviennent dans les rapports hommes / milieux, afin de mieux s'interroger sur leur intégration. Celle-ci se fait en particulier à des niveaux d'interaction entre individus et entre sociétés qui ont leurs logiques, entrent en compétition les uns avec les autres et sont menacés de dislocation par les forces centripètes que sont les réseaux – ce qui réactive l'opposition territoires-réseaux constitutive, elle aussi, de la géographie. La construction d'un cadre conceptuel des rapports hommes / milieux, et la proposition d'une approche particulière de ces rapports devraient, par le biais d'une mise à l'épreuve du terrain, être les fruits de cette communication.

Contact : Xavier Arnauld de Sartre - CNRS, UMR Société Environnement Territoire - Pau - xavier.arnauld@univ-pau.fr

Session 39 : Approche macroécologique de la conservation de la biodiversité

Preserving the Tree of Life - on the consequences of climate and land use change on the different facets of the French Alpine flora diversity

Wilfried Thuiller - Laure Zupan - Isabelle Boulangeat - Cristina Roquet - Sébastien Lavergne - Mar Cabeza

Alpine biodiversity is predicted to become vulnerable in the next 50-100 years as consequence of projected environmental changes. However, not all species face equal challenges. Some are predicted to decline ('losers'), whilst others are predicted to expand their ranges ('winners'). In order to plan for adequate responses to mitigate impacts of climate-change on biodiversity, there is a need to identify the species that are most likely to become losers or winners, as well as the areas that might witness disproportionate declines in the numbers of species present. In the meantime the evolutionary and functional consequences of projected environmental changes have been neglected so far, although entire clades or functional group could be unequally vulnerable to environmental changes. If losers and winners are not randomly distributed over the tree of life, Alpine biodiversity will certainly lose higher evolutionary history and functional diversity than expected under a random extinction hypothesis. We present here the first study aiming to estimate the taxonomic and phylogenetic consequences of projected of environmental changes on French Alpine biodiversity (2700 plants). Using an ensemble for projections, a molecular tree and an extended functional trait database, we demonstrate a substantial phylogenetic clustering in species' vulnerability whatever the climatic scenario used, leading to unexpected extra-vulnerability in some clades. We also show that the consequences of projected environmental changes could lead to a non-random loss of evolutionary history. We also assess the efficiency of the current protected areas and NATURA2000 sites to protect current and future diversity facets throughout the use of gap analyses.

Contact : Wilfried Thuiller - LECA - UMR CNRS 5553 - Grenoble - wilfried.thuiller@ujf-grenoble.fr

Session 39 : Approche macroécologique de la conservation de la biodiversité

Impact du recouvrement glaciaire différentiel entre nord et sud de l'Europe sur la biodiversité végétale actuelle aux échelles alpha, beta, et gamma

Jonathan Lenoir - Jean-Claude Gégout - Antoine Guisan - Pascal Vittoz - Thomas Wohlgemuth - Nicklaus Zimmermann - Stefan Dullinger - Harald Pauli - Wolfgang Willner - John-Arvid Grytnes - Risto Virtanen - Jens-Christian Svenning

A l'époque du dernier maximum glaciaire le nord de l'Europe était recouvert d'un inlandsis, tandis que des étendues de glaciers plus localisés recouvraient les montagnes du sud de l'Europe. Cette différence de recouvrement par les glaces a-t-elle laissé des traces visibles sur la biodiversité végétale actuelle de ces deux régions, et si oui, jusqu'à quelle échelle spatiale sont-elles perceptibles ? Nous avons étudié cette question chez les plantes vasculaires de montagne en comparant les trois échelles de mesure de la biodiversité (alpha, bêta, et gamma) entre les Alpes (France, Suisse, et Autriche) et les Alpes scandinaves (Norvège et Finlande). Nous avons pour cela rassemblé plusieurs bases de données totalisant plus de 30,000 relevés floristiques sur l'ensemble des deux chaînes étudiées. A l'aide d'une analyse multivariée sur l'ensemble des données nous avons été en mesure d'apparier 403 relevés dans les Alpes scandinaves avec 403 relevés présentant des conditions écologiques similaires dans les Alpes. Pour chaque paire de relevés aux conditions écologiques équivalentes, nous avons comparé les trois échelles de mesures de la biodiversité. La diversité alpha a été calculée pour chaque relevé en dénombrant les espèces présentes au sein de celui-ci. La diversité bêta reflète la modification de la composition en espèce lorsque l'on passe d'un relevé à un autre au sein d'une région et a donc été mesurée pour chaque paire possible de relevés au sein de cette région. La diversité gamma a été calculée en sommant le nombre d'espèces présentes dans une région. Nos résultats montrent qu'aux échelles gamma et bêta, le niveau de diversité dans les Alpes est bien supérieur à celui observé dans les Alpes scandinaves pour des conditions écologiques équivalentes. Néanmoins, à l'échelle alpha, cette différence n'est plus perceptible, si ce n'est pour les relevés situés dans des conditions où le pH du sol est moins acide. Ces résultats suggèrent un impact fort de l'effet glaciation aux échelles les moins fines de mesure de la biodiversité (gamma et bêta), mais qui semble s'atténuer à l'échelle plus fine du relevé en condition acide (alpha). L'histoire plus récente et différenciée des sols acides entre nord et sud de l'Europe, une limitation naturelle des ressources sur ces sols, ainsi qu'une limitation physique du nombre d'individus pouvant coexister aux échelles spatiales les plus fines sont autant de facteurs qui pourraient expliquer cette tendance à l'atténuation de la différence de diversité alpha sur sol acide entre nord et sud de l'Europe.

Contact: Jonathan Lenoir - Århus University, The Ecoinformatics & Biodiversity Group - Århus (Danemark)
lenoir.john@gmail.com

Session 39 : Approche macroécologique de la conservation de la biodiversité

A spatially-explicit assessment of progress towards the 2010 global biodiversity target

Ana Rodrigues - Thomas Brooks - Simon Stuart - Michael Hoffmann

Year 2010 marks both the International Year of Biodiversity and the agreed timeline for meeting the 2010 biodiversity target of achieving a "significant reduction in the current rate of loss of biological diversity at the global, regional and national level". All evidence indicates that this aim has not been met. Efforts to monitor progress towards the 2010 target have concentrated on aggregated indicators of overall trends in global biodiversity status. However, biodiversity is not evenly distributed across space, and neither are the drivers of its decline. Accordingly, the degree of change in biodiversity status is expected to vary across countries and regions of the world. Here, we present the first spatially-explicit assessment of global progress towards the 2010 biodiversity target, across both the terrestrial and marine realm. We found high spatial variability in the rates of global biodiversity loss, and also in the extent to which different countries and regions are contributing to those losses. Although there is overwhelming evidence for acceleration in the rates of loss worldwide, particularly in Southeast Asia, there have also been some regions or countries that have had an improvement in the overall conservation status of species, particularly in North America and in some marine systems.

Contact : Ana Rodrigues - CEFE - CNRS UMR 5175 - Montpellier - ana.rodriques@cefe.cnrs.fr

Session 39 : Approche macroécologique de la conservation de la biodiversité

Planification systématique de la conservation : influence de l'information phylogénétique et fonctionnelle

Christine Meynard - Vincent Devictor - Emmanuel Douzery - David Kaplan - David Mouillot - Nicolas Mouquet

La planification systématique de la conservation est une stratégie de sélection de sites prioritaires pour la conservation qui se base sur la complémentarité des sites ainsi que sur un principe d'optimisation. En effet, on cherche à accomplir des buts de conservation bien précis (en général une aire ou une représentation minimale pour chaque espèce en danger) tout en minimisant l'aire totale ou les coûts d'implémentation. L'un des avantages de la planification systématique c'est que les objectifs de conservation sont explicites. Trois caractéristiques importantes de la méthode sont donc la flexibilité par rapport aux critères de conservation, l'efficacité par rapport aux coûts d'implémentation, et la possibilité de répondre de différentes façons au même problème. Cette stratégie est amplement utilisée de nos jours à niveau mondial par les grandes organisations de conservation telles que The Nature Conservancy ou Conservation International pour définir des réseaux d'aires prioritaires pour la conservation au niveau global ou national, et constitue l'un des outils les plus répandus pour systématiser la sélection de sites prioritaires pour la conservation. Dans ce travail nous explorerons la possibilité d'ajouter des considérations phylogénétiques et fonctionnelles dans ces stratégies de planification systématique. Le but de ce travail c'est donc de nous poser la question : est-ce que l'incorporation des aspects phylogénétiques et fonctionnels peut changer le résultat final d'une stratégie de planification systématique ? Nous présenterons des résultats sur deux régions et taxons bien différents : les oiseaux en France continentale et les poissons en mer Méditerranée. Nous chercherons à représenter dans chaque cas une aire minimale ou un pourcentage minimal d'espèces, tout en considérant ou pas la maximisation de la diversité fonctionnelle et phylogénétique à conserver. Nous nous intéresserons tout particulièrement aux similitudes entre les résultats en mer Méditerranée et en France continentale pour essayer d'en déduire les patrons qui risquent d'être généralisables pour générer des recommandations par rapport aux avantages et désavantages d'inclure des considérations phylogénétiques et fonctionnelles dans le processus de planification de la conservation.

Contact : Christine Meynard - UMR 5554 - ISEM, Université Montpellier II - Montpellier - cnmeynard@gmail.com

Session 39 : Approche macroécologique de la conservation de la biodiversité

Évolution des assemblages de poissons côtiers méditerranéens face au changement climatique : résultats préliminaires et perspectives

Camille Albouy - François Guilhaumon - Frida Ben Rais Lasram - Samuel Somot - François Leloc'h - David Mouillot

Depuis les 100 dernières années la température de la planète a augmenté de $0,61^{\circ}\text{C}$, le GIEC (Groupe d'experts intergouvernemental sur l'évolution du Climat) prévoit une augmentation comprise entre $1,4$ et $5,8^{\circ}\text{C}$ à la fin du 21^{ème} siècle. Les changements climatiques sont reconnus pour avoir une influence sur les espèces endémiques. Dans ce contexte, la mer Méditerranée « point chaud » de biodiversité, zone présentant un fort taux d'endémisme (10% des espèces de poissons), apparaît être une zone où les modifications des assemblages risquent d'avoir des conséquences importantes pour la conservation des espèces de poissons. Au cours de cette présentation, les projections de la niche climatique future de 75 espèces de poissons endémiques de la méditerranée seront tout d'abord décrites. Ces projections se basent sur des scénarios de changements globaux implémentés dans un modèle de circulation générale (OPAMED8) forcé par un modèle atmosphérique. D'après ce modèle, la température moyenne des eaux de surfaces augmenterait de $3,1^{\circ}\text{C}$ pour la période 2070-2099. Les projections des aires de répartition pour 2041-2060 montrent ainsi que 25 espèces endémiques pourraient être placées sur la liste rouge de l'IUCN (International Union for the Conservation of nature and Natural resources) et 6 pourraient disparaître. Pour la période 2070-2099 45 espèces pourraient être placées sur la liste rouge de l'IUCN, et 14 pourraient disparaître. Au milieu du 21^{ème} siècle, les zones les plus froides de la méditerranée seraient le golfe du Lion et l'Adriatique. Ces zones pourraient servir dans un premier temps de refuge pour les espèces d'eau froide, mais à la fin du 21^{ème} siècle ces zones deviendraient des « cul-de-sac » pour ces espèces qui ne pourront pas migrer vers le nord à cause des barrières géographiques. Ces premiers résultats sur les espèces endémiques de Méditerranée soulèvent un ensemble de questions et de perspectives, lesquelles seront abordées dans une deuxième partie. En prenant en compte l'ensemble des poissons côtiers, comment les structures taxonomique, fonctionnelle et phylogénétique des assemblages d'espèces vont-elles évoluer face au changement climatique? Comment ces changements à l'échelle des assemblages vont-ils se répercuter sur le fonctionnement des écosystèmes et en particulier sur la structure des réseaux trophiques locaux? Quelle méthodologie pourrait être mise en place pour évaluer les impacts potentiels du changement climatique sur la structure des réseaux trophiques?

Contact : Camille Albouy - Université Montpellier II - Montpellier - albouycamille@gmail.com

Session 39 : Approche macroécologique de la conservation de la biodiversité

Quand les espèces se généralisent: un nouveau facteur d'homogénéisation des communautés

Jean-Yves Barnagaud - Frédéric Jiguet - Frédéric Archaux

La prise en compte de la dynamique des écosystèmes à larges échelles spatiales et temporelles, et de la dimension évolutive, sont devenues des priorités en biologie de la conservation. De ce fait, l'utilisation d'indices fonctionnels, qui permettent de tenir compte des processus, et non seulement de la structure, des communautés, reçoit une attention croissante. La spécialisation des espèces et des communautés, qui correspond à l'étendue de leur niche sur des gradients de ressources ciblés et facilement quantifiables, constitue de ce fait une métrique attractive, dont l'intérêt a déjà été montré dans le cadre de l'étude des effets de la fragmentation des paysages et des changements climatiques sur les communautés avifaunistiques et floristiques. Directement reliée à la largeur de la niche écologique d'une espèce, la spécialisation est classiquement considérée comme un paramètre variant à l'échelle évolutive, mais non sur le court terme. Utilisant un jeu de données de points d'écoute à grande échelle (STOC-EPS, CRBPO), nous avons étudié les variations temporelles d'un indice de spécialisation à un gradient de fermeture des habitats sur une période de sept ans. Les analyses montrent que (1) les espèces se sont généralisées sur cette période et (2) cette tendance a été plus marquée pour les espèces initialement spécialistes. Cette tendance apparaît enfin densité dépendante : les espèces sont plus généralistes les années de forte densité, probablement en lien avec une capacité des espèces à exploiter une plus grande gamme d'habitats lorsqu'elles sont abondantes. Cette «généralisation» à l'échelle spécifique est logiquement répercutée à l'échelle des communautés, accentuant un résultat précédemment connu et attribué à des tendances populationnelles plus favorables des espèces généralistes que spécialistes (considérant la spécialisation comme un trait fixe). Ce résultat suggère une plasticité, possiblement plus forte qu'attendu, de ces espèces en réponse à des changements rapides ou des disparitions d'habitat. Parmi les questions qui persistent, figure le caractère adaptatif des variations interannuelles de spécialisation. Nos résultats encouragent la prise en compte de variations temporelles rapides de la spécialisation lorsqu'elle est utilisée comme un indicateur de l'état et de la dynamique des communautés en réponse aux changements globaux.

Contact : Jean-Yves Barnagaud - Cemagref Efn - Nogent-sur-Vernisson
jean-yves.barnagaud@cemagref.fr

Session 40 : Invasions biologiques: au croisement de l'écologie et de l'évolution

Retracer l'émergence mondiale du champignon phytopathogène *Mycosphaerella fijiensis* : routes d'invasion, perturbations démographiques et succès d'émergence

Stéphanie Robert - Marie-Françoise Zapater - Catherine Abadie - Françoise Carreel - Jean Carlier - Virginie Ravigné

Les maladies émergentes de plantes cultivées peuvent être caractérisées par l'expansion de l'aire de répartition d'un agent pathogène, et s'apparenter ainsi aux invasions biologiques. De façon comparable, les capacités d'adaptation et de colonisation des populations envahissantes sont potentiellement modelées par les événements historiques accompagnant leur dissémination, tels que des événements de fondation ou des introductions multiples. Pour comprendre leur succès d'invasion, la reconstruction des scénarios historiques de colonisation constitue alors une première étape clé, à laquelle peu d'études se sont attelées chez des champignons phytopathogènes. La maladie des raies noires du bananier est une pandémie récente causée par l'Ascomycète *Mycosphaerella fijiensis*. Originaire d'Asie du Sud Est, il s'est répandu sur les autres continents où il a généralement supplanté l'espèce apparentée *M. musicola*. Des études antérieures sur la structure des populations ont mis en évidence de fortes différenciations génétiques entre continents et entre pays, suggérant que des événements de fondation ont accompagné la dissémination mondiale de *M. fijiensis*. Afin de mieux appréhender les fondements de cette émergence, nous avons cherché à inférer plus précisément les routes d'invasion, l'importance relative des différents modes de dispersion impliqués (anthropique vs. naturelle) et les événements démographiques ayant affecté les populations envahissantes (goulots d'étranglement, expansions rapides, admixture...). Nous avons combiné différentes approches récentes de phylogéographie et génétique des populations, basées sur différents types de marqueurs neutres. Une analyse phylogénétique basée sur 8 séquences nucléaires a été réalisée sur un échantillon mondial d'une centaine d'individus de *M. fijiensis*. Cette étude souligne le rôle prépondérant des interventions humaines dans le déclenchement et la propagation mondiale des épidémies. Une vingtaine de populations issues des aires d'origine et d'introduction du pathogène ont d'autre part été génotypées avec 21 marqueurs microsatellites, afin de préciser la structuration géographique de la diversité génétique. Ces analyses complémentaires ont permis d'émettre des hypothèses sur l'histoire des populations de *M. fijiensis*, et de proposer différents scénarios d'introduction de ce parasite sur les continents Africain et Américain. Des méthodes récentes d'inférence bayésienne permettent ensuite d'intégrer les données historiques et génétiques, afin de tester plus précisément ces scénarios et d'inférer les paramètres temporels et démographiques associés. Enfin, des expérimentations impliquant des mesures de traits d'histoire de vie liés à l'agressivité sont poursuivies afin d'estimer l'impact de ces processus historiques de colonisation sur le potentiel évolutif des populations introduites, en relation avec leur succès d'émergence.

Contact : Stéphanie Robert - CIRAD Bios, UMR BGPI Campus International de Baillarguet - Montpellier - stephanie.robert@cirad.fr

Session 40 : Invasions biologiques: au croisement de l'écologie et de l'évolution

Effet de la diversité spécifique et de l'arrangement spatial des espèces résidentes sur la survie, la croissance et la reproduction des génotypes natifs et invasifs des plantes envahissantes

Aurélie Thébault - Peter Stoll - Alexandre Buttler

Le succès de l'invasion végétale est la conséquence d'une part de la capacité de la plante à envahir et d'autre part du manque de résistance de la communauté d'accueil. A ce jour, ces deux composantes ont souvent été étudiées séparément. Cependant, il est aujourd'hui reconnu que leur étude combinée mènerait à des conclusions pertinentes pour comprendre les processus d'invasion. Malgré des résultats controversés, la diversité affecterait la résistance de la communauté végétale, via notamment l'occupation des niches écologiques et/ou la complémentarité de l'utilisation des ressources. Par ailleurs, l'arrangement spatial des espèces résidentes, en modifiant les interactions biotiques au sein de la communauté, pourrait également influencer le succès des plantes envahissantes. Nous avons étudié les effets combinés de la diversité végétale et de l'arrangement spatial des espèces résidentes sur la survie, la croissance et la reproduction des génotypes natifs et introduits de deux espèces envahissantes, *Centaurea stoebe* et *Senecio inaequidens*. Nous avons élaboré des communautés composées de 4 ou 8 espèces résidentes suivant un arrangement spatial randomisé ou agrégé. Nous y avons ensuite transplanté des plantules des génotypes natifs et introduits des deux espèces envahissantes étudiées. La survie et la biomasse aérienne des deux espèces étaient plus élevées dans l'arrangement spatial agrégé que dans l'arrangement randomisé. La biomasse était également plus importante dans les communautés à 8 espèces que dans celles contenant 4 espèces résidentes. La biomasse des génotypes introduits de *S. inaequidens* était plus élevée que celle des génotypes natifs, quelles que soient les conditions environnementales. De plus, les deux génotypes présentaient les mêmes réponses à l'augmentation de la diversité et à l'agrégation de la communauté. Pour *C. stoebe* en revanche, alors que la biomasse des génotypes natifs était influencée par les facteurs expérimentaux, les génotypes invasifs se sont révélés particulièrement insensibles à ces mêmes facteurs. Nos résultats démontrent que l'agrégation intra-spécifique dans la communauté résidente ainsi que sa diversité spécifique favoriseraient le succès de l'invasion. Par ailleurs, les deux espèces envahissantes adoptent deux stratégies différentes face aux variations d'arrangement spatial et de diversité dans la communauté résidente : *Centaurea stoebe* s'adapte aux conditions environnementales défavorables alors que *S. inaequidens* profite de l'amélioration des conditions environnementales.

Contact : Aurélie Thébault - Laboratoire WSL/ECOS - EPFL - Lausanne - aurelie.thebault@epfl.ch

Session 40 : Invasions biologiques: au croisement de l'écologie et de l'évolution

Invasion biologique, adaptation et système de reproduction chez la fourmi *Wasmannia auropunctata*

Olivier Rey

De nombreuses espèces envahissantes des milieux agricoles ont la capacité à se reproduire de manière clonale. Traditionnellement, la parthénogenèse est vue comme un trait favorisant l'invasion grâce aux bénéfices démographiques qu'elle procure et les avantages adaptatifs de ce mode de reproduction sont souvent négligés. La petite fourmi de feu, *Wasmannia auropunctata* est une espèce dont certaines populations présentent un caractère invasif. Native des forêts primaires des zones tropicales d'Amérique du Sud, elle a envahi la quasi-totalité de la ceinture tropicale et depuis peu un pays méditerranéen (i.e. Israël), en s'établissant préférentiellement dans les milieux anthropisés. De plus cette fourmi montre un polymorphisme au niveau du système de reproduction fortement associé au statut envahissant des populations. En effet, les populations de l'aire native (i.e. en forêt primaire) se reproduisent majoritairement via une sexualité classique chez les hyménoptères alors que les populations envahissantes (i.e. sur zones anthropisées) se reproduisent de manière clonale. Dans ce cas, les reines sont issues de la parthénogenèse et les mâles se clonent via les œufs des reines alors que les ouvrières (stériles) sont produites sexuellement. Bien que les mécanismes de la clonalité ne soient pas encore totalement élucidés, des études récentes suggèrent que ce système de reproduction confère un avantage adaptatif aux conditions biotiques et abiotiques des milieux anthropisés. Nous avons donc entrepris de décrire les mécanismes cytologiques de la parthénogenèse chez les reines *W. auropunctata* et d'expliquer le maintien de ces populations en dépit des conséquences évolutives qu'entraîne ce type de reproduction. Nous avons également étudié l'adaptation de ces populations aux conditions abiotiques des milieux anthropisés en comparant les réponses d'ouvrières issues de populations clonales et sexuées à des stress thermiques caractéristiques des milieux tropicaux perturbés. Une étude spécifique a également été réalisée pour étudier l'adaptation au froid des populations établies en Israël. Les résultats ont permis de mettre en évidence que les reines se reproduisent par parthénogenèse automictique (i.e. avec méiose) à fusion centrale, associée à un mécanisme de réduction de la recombinaison méiotique permettant entre autre le maintien de l'hétérozygotie dans la lignée reine. Nous avons également mis en évidence que les populations clonales sont adaptées aux conditions de températures des milieux anthropisés. Cette adaptation est d'autant plus marquée pour les populations établies en Israël confrontées à des températures basses extrêmes.

Contact : Olivier Rey - Centre de Biologie pour la gestion des populations - Monferrier-sur-Lez - olivier.rey@supagro.inra.fr

Session 40 : Invasions biologiques: au croisement de l'écologie et de l'évolution

Evolution des corrélations génétiques et potentiel adaptatif chez la plante envahissante *Ulex europaeus*

Benjamin Hornoy - Michèle Tarayre - Anne Atlan

Chez les plantes envahissantes, on observe fréquemment une évolution des traits d'histoire de vie conduisant à une augmentation de la croissance et de la reproduction. L'hypothèse privilégiée pour expliquer cette évolution est liée à l'absence d'ennemis naturels dans les zones d'introduction, qui entraînerait une perte des mécanismes de défenses assortie d'une réallocation des ressources vers les autres composantes de la valeur sélective. Cette hypothèse, dite EICA (Evolution of Increased Competitive Ability), ne tient pas compte des corrélations génétiques pourtant fréquentes entre les traits considérés. Il existe par exemple souvent un trade-off entre croissance et reproduction. De plus, l'évitement du parasitisme peut faire intervenir des stratégies qui impliquent à la fois la phénologie et l'architecture des individus. Les corrélations ainsi générées créent des contraintes génétiques susceptibles d'influencer le potentiel évolutif et les capacités d'expansion géographique d'une espèce. L'étude présentée est la première à explorer l'évolution des corrélations génétiques chez une plante envahissante, l'ajonc *Ulex europaeus*. Une expérience de génétique quantitative dans la zone d'origine a permis de montrer l'existence d'une grande diversité des modes de croissance et de floraison, ainsi que l'existence de corrélations génétiques entre ces traits et la résistance au principal ennemi naturel de l'ajonc, le charançon spécialiste *Exapion ulicis*. Dans une deuxième expérience en terrain expérimental, nous avons comparé des ajoncs issus de zones d'origine et envahies. Dans les zones envahies, où *U. europaeus* a été introduit sans ses parasites, les corrélations génétiques liées à l'évitement du parasitisme ont disparu ou sont fortement diminuées. Notre hypothèse est que la diminution de ces corrélations génétiques a permis d'augmenter les possibilités de combinaisons entre traits, conférant ainsi à l'espèce les capacités évolutives qui lui ont permis d'élargir sa niche écologique dans les zones envahies, et de coloniser une large gamme de milieux parfois très différents de ceux de la zone d'origine. La diminution des corrélations génétiques et l'augmentation du potentiel adaptatif qui en résulte peut potentiellement se retrouver chez d'autres espèces envahissantes, chaque fois qu'une contrainte évolutive forte de la zone d'origine (biotique ou abiotique) est levée dans la zone d'introduction. Elle peut impliquer d'autres traits que ceux liés à la croissance et la reproduction, et ne se limite pas aux liaisons de type trade-off. L'évolution des contraintes génétiques est donc une nouvelle hypothèse, complémentaires des précédentes, dont la prise en compte peut permettre d'appréhender de nouveaux mécanismes évolutifs dans les invasions biologiques.

Contact : Benjamin Hornoy - Université Rennes 1 - UMR CNRS 6553 ECOBIO - Rennes - benjamin.hornoy@etudiant.univ-rennes1.fr

Session 40 : Invasions biologiques: au croisement de l'écologie et de l'évolution

Une perspective micro- et macro-évolutive sur l'écologie des invasions biologiques

Sebastien Lavergne

Comme en témoigne l'intérêt que portaient déjà des auteurs classiques en écologie et évolution (Darwin, Grinnell, Elton, Stebbins), l'essor sans précédent qu'a connu l'étude des invasions biologiques durant les 20 dernières années ne s'explique pas seulement par des préoccupations d'ordre environnemental ou éthique, mais plutôt par l'opportunité scientifique qu'offrent ces cas d'études. Les invasions biologiques permettent en effet de mieux comprendre les mécanismes qui déterminent les changements d'aire de distribution d'espèces et leur assemblage (et leur coexistence) au sein des communautés naturelles. Ici j'essayerai d'illustrer comment les approches micro- et macro-évolutives ont permis de mieux comprendre les phénomènes d'invasions biologiques, et d'en tirer des implications fondamentales. Par exemple, la perspective micro-évolutive a permis de montrer le rôle joué par les processus d'adaptation rapide dans les migrations d'espèces, et de tester l'importance des effets fondateurs, des événements de recombinaison ou de réarrangements génomiques pour permettre aux espèces introduites de faire face à des nouvelles pressions de sélection, biotiques ou abiotiques. Plus récemment, une perspective macro-évolutive s'est aussi développée, permettant de mieux cerner les contextes évolutifs propices à l'émergence d'espèces ayant un fort potentiel envahissant, et de tester si l'« originalité phylogénétique » d'une espèce introduite par rapport à l'assemblage d'espèce de sa région d'introduction prédit son caractère envahissant dans cette région. L'ensemble de ces travaux concourent à montrer que les mécanismes écologiques (filtres environnementaux, interactions biotiques) permettant ou empêchant les invasions biologiques sont largement influencés par les changements évolutifs passés et contemporains subis par les espèces.

Contact : Sébastien Lavergne - LECA - Grenoble - sebastien.lavergne@ujf-grenoble.fr

Session 41 : Conséquences écologiques et socio-économiques des introductions d'espèces

Espèces introduites et invasions : le point de vue de l'écosystème et celui des usagers

Eric Tabacchi - Anne-Marie Planty-Tabacchi

L'introduction croissante de nouvelles espèces dans nos écosystèmes est généralement perçue comme une catastrophe écologique, en particulier en termes de perte de biodiversité. S'il est désormais évident que les introductions, et encore davantage les invasions, modifient la structure des assemblages d'espèces, les conséquences de ces deux phénomènes sur le fonctionnement des écosystèmes, et sur les services naturels associés sont moins bien connus. Selon leur nature, les différents écosystèmes ne réagissent pas de façon identique aux introductions. De même, la sensibilité des différents usagers se traduit par des perceptions très différentes d'une même situation d'invasion. Enfin, il est impératif que certains mécanismes socio-économiques soient pleinement intégrés dans le concept de processus d'invasion. A la lumière de la littérature et de quelques cas d'étude, nous nous efforcerons de relativiser ces différentes visions et proposerons un canevas pour une analyse diagnostique des impacts des introductions d'espèces.

Contact : Eric Tabacchi - ECOLAB CNRS - Toulouse - eric.tabacchi@cict.fr

Session 41 : Conséquences écologiques et socio-économiques des introductions d'espèces

Biodiversité, stabilité et invasibilité

Isabelle Combroux - Photis Nobelis - Michèle Trémolières

Parmi les services rendus par la biodiversité, la résistance des écosystèmes aux espèces invasives est une assertion débattue depuis plus d'un demi siècle. L'hypothèse de biodiversité/stabilité (hypothèse de Elton) a été étudiée en mésocosmes ou en expérience contrôlées *in-situ*, notamment en systèmes prairiaux. Ces expériences ont en général montré une relation positive entre biodiversité et stabilité. Cependant quelques études en milieu naturel (terrestre) suggèrent que la stabilité des écosystèmes serait négativement corrélée avec la richesse spécifique ou la biodiversité. En corollaire à cette hypothèse, les écosystèmes les plus riches sont censés être plus résistants aux espèces invasives (Diversity/Invasibility hypothesis). Cette hypothèse repose sur plusieurs mécanismes : (i) les invasions peuvent être favorisées par l'existence de niches vacantes, (ii) la probabilité pour une espèce invasive de trouver un compétiteur est plus grande dans une communauté plus riche, (iii) la disponibilité des ressources est moindre dans une communauté plus diversifiée, et (iv) les interactions avec d'autres niveaux trophiques peuvent empêcher l'établissement et le développement d'une espèce exotique. Nous avons testé l'hypothèse d'une relation entre la richesse des communautés aquatiques végétales et la stabilité des écosystèmes en cours d'eau dans la plaine alluviale du Rhin en Alsace. La stabilité de la végétation a été étudiée à deux échelles spatio-temporelles : à l'échelle de la parcelle pendant une saison de végétation et à l'échelle du tronçon sur une période de 20 ans. La stabilité temporelle a été estimée au travers de la variabilité stochastique observée au sein des communautés végétales. La capacité de résistance des communautés à l'établissement d'une espèce invasive *Elodea nuttallii* (Planch.) H. St John. A également été étudiée sur cette même période. Les résultats démontrent que les relations diversité/stabilité et diversité/invasibilité sont vérifiées si l'on tient compte uniquement de la biodiversité active en terme de services écosystémiques, c'est-à-dire si l'on exclut les espèces accidentelles de l'estimation de la biodiversité.

Contact : Isabelle Combroux - UMR 7517 - Strasbourg - combroux@unistra.fr

Session 41 : Conséquences écologiques et socio-économiques des introductions d'espèces

Modalités de résistance à l'invasibilité : cas des végétations palustres des lacs de Gironde

Bernard Clément - Ahmed Aidoud

Les changements globaux affectent particulièrement les écosystèmes d'eau douce. L'augmentation du niveau trophique des systèmes oligotrophes peut promouvoir l'expansion des espèces invasives et, simultanément, une perte des plantes indigènes. Une analyse diachronique sur 40 années a été menée sur les systèmes palustres des lacs médocains (années 1963-66 / 2006-08) afin de tester les changements de flore et de végétation en réponse à l'eutrophisation et d'évaluer la vulnérabilité versus résistance de cet écosystème. Les méthodes d'échantillonnage de la végétation ont été conduites selon les mêmes protocoles pour les 2 séries de prélèvements: analyse phytosociologique sigmatiste le long d'écoclines: le traitement des données a été conduit via l'utilisation d'analyses multivariées (DCA et CCA) et un test d'indépendance. La comparaison des tableaux de relevés montrent qu'il n'y a pas de différence significative entre 1963-66 et 2006-08 sur les écoclines localisés à l'Est et, ceci malgré une eutrophisation (P total) du système lacustre et la présence localement d'espèces invasives (*Ludwigia* et *Lagarosiphon*) dans ces lacs. La grande stabilité des végétations palustres illustre un mécanisme de résistance à l'invasibilité. Le caractère sableux et oligotrophe des rives Est des lacs et le marnage estival constituent les conditions du maintien des populations et des communautés de plantes tolérantes au stress trophique (Grime, 2001) et de la non-invasibilité par des espèces plus exigeantes (David *et al.* 2000). Mais, comment cet écosystème palustre peut-il conserver cet état oligotrophe alors même que le système lacustre dont il dépend est eutrophisé? Sachant que les espèces amphibies présentes, ne s'alimentent qu'à partir des eaux interstitielles oligotrophes du substrat sableux, l'hypothèse est que les premières pluies d'automne saturant ce substrat, avant l'arrivée plus tardive de la lame d'eau du lac, plus riche en nutriments. La résistance du système palustre dépend du maintien du marnage saisonnier naturel, ce qui peut constituer un modèle pour le contrôle de l'invasibilité de ce type de système.

Contact : Bernard Clément - Univ. Rennes1 UMR CNRS 6553 Ecobio - Rennes - bernard.clement@univ-rennes1.fr

Session 41 : Conséquences écologiques et socio-économiques des introductions d'espèces

Changements climatiques et risques d'amplifications d'invasions biologiques par les espèces thermophiles dans les hydrosystèmes continentaux ? Cas de *Lepomis gibbosus*

Gérard Masson - Emmanuel Valente - Samuel Dembski - Chafik Maazouzi - Philippe Wagner - Armand Maul Mireille Ollivier - Nicolas Poulet

L'altération des hydrosystèmes et l'introduction d'espèces participent à l'érosion de la biodiversité. Le changement climatique amplifie-t-il ce phénomène en modulant l'expression des traits ? L'âge, le développement sexuel et l'occupation spatiale par les jeunes d'une espèce introduite et proliférante, la perche soleil, sont caractérisés dans un réservoir échauffé puis confrontés à l'ichthyocénose du système et aux populations régionales de perches soleil non exposées à ce type de pression. Le réservoir du Mirgenbach (95ha, $7 \times 10^6 \text{m}^3$) est échauffé par une centrale électronucléaire (Cattenom) alimentée par la Moselle. Sa température minimale annuelle (8-10°C) favorise son réchauffement printanier qui est retardé dans la vallée de la Moselle où sont échantillonnées les autres perches soleil. La température estivale dépasse 25°C dans chaque site. Dans le réservoir, les espèces mésothermes précoces ont disparu (brochet, vandoise). Avant le raccordement des 4 tranches électronucléaires et postérieurement, les poissons mésothermes (perches, gardons et sandres) dominaient en domaine pélagique, actuellement, des espèces à reproduction plus tardive (brèmes communes et bordelières, ...) les remplacent. Ces percidés et cyprinidés connaissent un développement sexuel automnal marqué contrairement à la perche soleil entrant en maturation sexuelle l'hiver. Cette espèce peu représentée en domaine littoral en 1991 domine et prolifère depuis 2000. Les espèces à développement ovarien asynchrone ont donc progressé contrairement aux espèces à développement ovarien synchrone. L'échauffement du réservoir favorise la reproduction printanière précoce des espèces mésothermes, le développement des jeunes et leur migration précoce vers la zone pélagique. La brème bordelière et la perche soleil exploitent différemment cet espace littoral libéré. La fraye est plus précoce et moins étalée pour la brème bordelière ; ses jeunes d'abord confinés dans les herbiers de naissance exploitent des espaces profonds. La perche soleil réalise un partage ontogénétique des ressources spatiales et trophiques littorales. Depuis 1990, les tailles et âge minima et maxima des cyprinidés adultes diminuent ainsi que leur abondance et leur biomasse. La production de jeunes perches soleil est forte dans le Mirgenbach, car 90% des mâles et femelles sont adultes à un an, contre 10 à 40% dans nos sites non échauffés. La perche soleil prolifère dans les gravières de la Moselle mais pas dans le lit mineur. Elle optimise l'usage des ressources (spatiales, énergétiques, trophiques) dans un contexte régional thermique élevé du printemps à l'automne et d'accès aux hydrosystèmes artificialisés ou artificiels. L'approche initialement limitée aux conséquences thermiques du changement climatique est élargie aux effets hydrologiques (crue, étiage, canicule) sur la propagation ou l'installation d'individus.

Contact : Gérard Masson - Univ Metz - LIEBE - UMR CNRS 7146 - Metz - masson1@univ-metz.fr

Session 41 : Conséquences écologiques et socio-économiques des introductions d'espèces

Haida Gwaii, un archipel pour comprendre les conséquences de « l'effet de cerf »

Simon Chollet - Carita Bergman - Anthony Gaston - Jean-Louis Martin

Si l'impact direct ou indirect des introductions de mammifères sur les oiseaux forestiers est bien documenté, la dynamique de cet impact à long terme et ses mécanismes restent à éclaircir. La majorité des études portant sur le sujet sont réalisées sur des espaces relativement restreint (e.g. exclos) et sur des pas de temps court (inférieur à 10 ans). Notre objectif est double (1) analyser, sur une période de 20 ans, et sur une vaste échelle géographique, l'évolution des communautés d'oiseaux dans des forêts tempérées présentant à l'origine un niveau variable d'impact des herbivores sur l'avifaune; (2) de comprendre le potentiel de réponse de ces populations d'oiseaux à une réduction prolongée (10 ans) de la pression d'herbivorie à travers une approche expérimentale centrée sur un petit nombre d'îles. Notre zone d'étude est située sur Haïda Gwaii, un archipel constitué de plus de 150 îles à 80km au large de la Colombie Britannique (Canada), où le cerf à queue noir de Sitka (*Odocoileus hemionus sitkensis*) a été introduit à la fin du XIXème siècle. Les études antérieures ont permis de mettre en évidence un effet en cascade des cerfs sur la végétation, les insectes et les oiseaux sur des îles présentant différentes histoires de colonisation. Les résultats révèlent un processus d'érosion du couvert végétal et des peuplements d'oiseaux forestiers sur l'ensemble de la période, ceci quel que soit le niveau initial d'impact du cerf. L'approche expérimentale montre que la restauration des populations d'oiseaux est possible. Elle reste cependant dépendante d'un effort continu de contrôle des populations de cervidés. Nous analysons le rôle des traits biologiques des espèces dans les patrons de réponse observés. Cette évolution défavorable de la biodiversité sur cet archipel entre en contradiction avec le classement d'une importante proportion de sa surface en parc national en 1989 avec pour objectif de maintenir l'intégrité écologique de ces îles. Toutefois tout scénario de contrôle des populations de cerfs à l'échelle de l'archipel, si tant est qu'elle soit réaliste, posera des problèmes d'acceptabilité sociale, le cerf étant devenu aujourd'hui une ressource alimentaire appréciée qui a remplacé des ressources traditionnelles tombées en désuétude.

Contact : Simon Chollet - CEFE-CNRS - Montpellier - simon.chollet@cefe.cnrs.fr

Session 41 : Conséquences écologiques et socio-économiques des introductions d'espèces

L'implantation de l'Ibis sacré en France : espèce invasive menaçant la biodiversité ou peur irraisonnée ?

Loïc Marion

Les espèces allochtones invasives peuvent dans certaines conditions, notamment sur les îles océaniques, exercer un impact important sur les faunes et flore endémiques, mais plus rarement sur les continents, où les espèces ont évolué dans des conditions de compétition et de prédation élevées. L'impact sur le fonctionnement des écosystèmes peut cependant être non négligeable, notamment sur le milieu aquatique (ex. plantes aquatiques comme la jussie, mammifères ou écrevisses herbivores). Faut-il pour autant considérer toutes les espèces allochtones comme problématiques par principe, telle une résurgence non de la notion de nuisible apparue au XIX^{ème} siècle et à juste titre fortement contestée depuis les années 1960, ou doit-on étudier au cas par cas les inconvénients mais aussi les avantages d'apparition d'espèces allochtones, introduites ou en expansion spontanée ? Le succès de ces espèces relève-t-il de leurs traits d'histoire de vie ou de la perturbation des écosystèmes par l'homme (Teysnière & Barbault 2009)? Le cas de l'Ibis sacré, espèce symbolique des Pharaons et espèce patrimoniale dans son aire africaine d'origine, est devenue depuis 2004 un cas exemplaire de cette problématique scientifique mais aussi philosophique des espèces dites invasives. Echappée de parcs zoologiques dans les années 1970, l'espèce s'est durablement établie en Bretagne méridionale. Longtemps admirée par les ornithologues locaux et le public, quelques cas de prédation d'œufs ou de jeunes oiseaux d'eau ont suscité une émotion démesurée chez certains ornithologues, décrivant l'espèce comme une menace pour la biodiversité en France (Clergeau *et al.* 2005, Clergeau & Yésou 2006, Yésou & Clergeau 2006) puis aux USA (Hering & Gawlik 2008), entraînant une éradication administrative (3000 ibis tués en 2008 en France), malgré le manque de données scientifiques publiées sur le régime alimentaire global de ces populations férales. L'objet de cette communication est de mettre en relation les principaux traits d'histoire de vie de l'espèce (capacité reproductive, stratégies d'utilisation de l'espace alimentaire et de reproduction, fidélité aux sites de reproduction, régime alimentaire, rôle des espèces associées, facteurs environnementaux et comportementaux favorisant ou non l'espèce...) obtenus lors d'un suivi de 14 ans, permettant de fortement relativiser le caractère invasif et « nuisible » de cette espèce, dont la dynamique est fortement corrélée à celle d'une autre espèce invasive, celle-ci problématique pour le milieu aquatique, l'Ecrevisse de Louisiane, apparue dans les années 1990-2000, et dont l'Ibis sacré a fait sa proie principale, contribuant ainsi à lutter contre cette espèce.

Contact : Loïc Marion - UMR CNRS ECOBIO, Université Rennes1 - Rennes - Loic.Marion@univ-rennes1.fr

Session 41 : Conséquences écologiques et socio-économiques des introductions d'espèces

L'analyse de risque, un outil pour prioriser les actions de gestion envers les espèces végétales exotiques à risque pour la biodiversité : existant et perspectives en France

Audrey Marco - Isabelle Mandon-Dalger - Enora Leblay

La mise en œuvre de dispositifs réglementaires visant à limiter la propagation des espèces végétales exotiques à risque pour la biodiversité et/ou à interdire leur commercialisation reste encore très fragmentaire en France, alors que les impacts de ces espèces sur la biodiversité sont toujours aussi préoccupants. Actuellement, seules *Ludwigia grandiflora* et *Ludwigia peploides* disposent d'un arrêté du 2 mai 2007 interdisant leur commercialisation, leur utilisation et leur introduction dans le milieu naturel. Par ailleurs, l'application de ces dispositifs réglementaires nécessite en amont l'existence de listes d'espèces à risque pour la biodiversité. Or actuellement les listes d'espèces végétales exotiques à risque qui ont été historiquement établies sur avis d'experts et de gestionnaires manquent d'une méthodologie claire qui permette de documenter la présence/non présence des espèces sur ces listes et de critères communs aux différents organismes qui les établissent régionalement. Afin de hiérarchiser les espèces végétales exotiques à risque sur le territoire national et de proposer une liste d'espèces documentées au MEEDDAM, une centaine d'espèces végétales exotiques (invasives, naturalisées,...) a été soumise au protocole d'analyse de risque de Weber & Gut (2004) préalablement établi pour l'Europe. Cette analyse de risque récemment publiée sur le plan international offre une méthode uniforme de classement des espèces végétales exotiques et facile à mettre en œuvre avec des critères souples adaptables au territoire étudié. En outre, elle consacre une part non négligeable aux impacts de ces espèces sur les écosystèmes. L'utilisation de ce protocole a permis de classer selon trois niveaux de risque les espèces végétales exotiques sur la base de divers critères biologiques et écologiques. Au-delà, des résultats obtenus qui confirment globalement les propositions de listes faites par les experts, ce protocole met en exergue de nouvelles priorités de recherches et d'actions qui viseront à mieux évaluer les risques associés aux espèces végétales exotiques envahissantes.

Contact : Audrey Marco - LPED UMR 151 UP/IRD - Marseille - audrey-g.marco@laposte.net

Session 42 : Règles d'assemblage des communautés : quelles questions et quelles méthodes ?

Relations entre diversité génétique et diversité spécifique dans une métacommunauté

Thomas Lamy - Géraldine Huth - Jean Pierre Pointier - Patrice David - Philippe Jarne

Comprendre la distribution de la diversité génétique au sein des populations a été un enjeu majeur de la génétique des populations. La diversité génétique est contrôlée par quatre forces majeures : la mutation, la dérive, la migration et la sélection. Chacune de ces forces se retrouve ou bien trouve un équivalent au niveau de la diversité spécifique. Malgré des ressemblances frappantes entre ces deux niveaux de diversité, celles-ci ont été majoritairement étudiées de manière disjointe. Toutefois la similarité entre ces deux niveaux commence enfin à être appréciée depuis une trentaine d'années et a mené certains chercheurs à penser que des processus parallèles pouvaient mener à une corrélation positive entre ces deux niveaux de diversité. Aujourd'hui cette idée n'a été que rarement testée ainsi qu'expliquée. Dans cet étude nous testons cette idée en se basant sur l'étude de la métacommunauté des mollusques d'eau douce de la Guadeloupe. Ce système est composé d'une grande diversité écologique de sites qui sont soumis à une forte saisonnalité. 31 espèces ont été recensées dont un grand nombre sont introduites. Nous avons utilisé 3 espèces focales toutes natives, ayant des systèmes de reproduction différents : *Physa marmorata* (majoritairement autofécondante), *Drepanotrema surinamense* (majoritairement autofécondante) et *Drepanotrema depressissimum* (allofécondante) pour lesquelles la diversité génétique a été évaluée à l'aide de marqueurs neutres dans une grande variété de sites (de 24 à 30 sites). En comparant ces données à celles basées sur un suivi à long terme d'un grand nombre des mares de Guadeloupe (280 sites suivis depuis 10 ans) nous essayons de décrire les facteurs agissant sur la diversité génétique et la diversité spécifique dans ce système et de comprendre pourquoi une corrélation entre ces deux niveaux peut exister ou pas.

Contact : Thomas Lamy - CEFE - Montpellier - thomas.lamy@cefe.cnrs.fr

Session 42 : Règles d'assemblage des communautés : quelles questions et quelles méthodes ?

Comment calcule-t-on une valeur sélective dans un cadre spatialisé ?

François Massol - Vincent Calcagno - François Rousset

Un thème important en écologie évolutive – de la génétique des populations à l'écologie des communautés – est celui du calcul de la valeur sélective ou «fitness». C'est grâce à l'ajustement des modes de calcul de la valeur sélective que beaucoup de questions ont pu être abordées par le passé, par exemple pour étudier l'évolution du sex-ratio, ou de traits dans des populations structurées par classe d'âge, ou encore pour déterminer les règles d'assemblage de métacommunautés. Jusqu'à récemment, les approches d'écologie évolutive en métapopulation se fondaient essentiellement sur les calculs de gradients de sélection sur des traits évoluant dans une métapopulation, qui n'étaient pas à même de conclure sur la stabilité évolutive de stratégies. Depuis peu, il existe un nouveau critère de valeur sélective en métapopulation, dit critère « R_m », qui généralise la notion de valeur sélective telle qu'elle a pu être présentée pour les populations structurées par l'âge ou la taille à des populations structurées dans l'espace géographique. Dans cet exposé, je vous montrerai comment ce critère est calculé et quelles en sont les limites; j'esquisserai rapidement les innovations aussi bien techniques que conceptuelles liées à ce critère; je vous montrerai au travers de quelques exemples en quoi ce critère peut répondre simplement à certaines questions; et, enfin, je dresserai les perspectives d'élargissement de la notion de valeur sélective pour des populations spatialement structurées qui sortent des limites liées à l'utilisation du critère « R_m ».

Contact : François Massol - Cemagref, UR HYAX - Aix-en-Provence - francois.massol@cemagref.fr

Session 42 : Règles d'assemblage des communautés : quelles questions et quelles méthodes ?

L' invasion biologique, un outil pour révéler les règles d'assemblage des communautés

Laure Gallien - Wilfried Thuiller - Sébastien Lavergne - Tamara Münkemüller - Marta Carboni

Aujourd'hui, quand les questions de conservation et de protection de la biodiversité deviennent pressantes, il apparaît essentiel de bien comprendre les mécanismes qui déterminent la coexistence des espèces. Or, il est difficile de décrire et de comprendre ces mécanismes complexes dans les communautés naturelles déjà formées. Les invasions biologiques créent alors une opportunité inouïe pour étudier pas à pas les mécanismes impliqués lors de l'arrivée d'une espèce dans une communauté déjà existante. Dans ce travail nous nous sommes particulièrement intéressés aux l'hypothèses de naturalisation des espèces exogènes. Dans ce contexte, deux prévisions s'affrontent, la première affirme qu'une espèce intégrant une nouvelle communauté doit être pré-adaptée au nouvel environnement, elle doit donc être fonctionnellement similaire aux espèces natives (hypothèse de filtre d'habitat). La seconde s'y oppose en arguant qu'une nouvelle espèce doit être dissimilaire aux espèces natives afin d'éviter les processus d'interactions interspécifiques tels que l'exclusion compétitive (hypothèse des similarités limitantes). Jusqu'à ce jour, aucune étude n'a permis de trancher parmi ces deux visions. A la base de cet échec nous avons identifié 3 raisons majeures de ce désaccord dans la littérature: (1) les échelles d'étude utilisées (échelle spatiale et de similarité interspécifique), (2) les métriques utilisées (différentes caractérisations de la niche alpha) ainsi (3) que leurs attendus aléatoires (différents modèles nuls). Nous proposons ici un travail de clarification de ces concepts, afin de créer un cadre théorique clair. Quels processus agissent à quelles échelles? Quelles relations interspécifiques sont décrites par quelles métriques? Quelles hypothèses sont testées par quel(s) modèle(s) nul(s)? Finalement, en appliquant ce cadre de travail au contexte de l'invasion des espèces végétales dans les alpes françaises, et en utilisant les distances phylogénétiques en tant que proxy pour les similarités fonctionnelles interspécifiques, nous parvenons à réconcilier les deux hypothèses originelles.

Contact : Laure Gallien - Laboratoire d'Ecologie Alpine - Grenoble - laure.gallien@gmail.com

Session 42 : Règles d'assemblage des communautés : quelles questions et quelles méthodes ?

Les communautés des agro-écosystèmes ont-elles les mêmes règles d'assemblage que les communautés des milieux naturels ?

Sabrina Gaba - Bernard Amiaud - Vincent Bretagnolle - Mélanie Le Guilloux - Benjamin Borgy - Guillaume Fried - Sandrine Petit

Les communautés végétales d'adventices au sein des parcelles cultivées ont largement été étudiées en agronomie pour réduire la compétition qu'elles exercent sur la culture. La majorité des études a par conséquent porté sur la compréhension de la biologie de ces espèces et sur leurs réponses à des filtres agronomiques à l'échelle de la parcelle sans s'intéresser à identifier et quantifier les processus qui structurent ces communautés dans les parcelles. Contrairement aux communautés des milieux naturels, les communautés hébergées dans les parcelles cultivées sont soumises à des contraintes et perturbations importantes qui évoluent très rapidement à différentes échelles d'espace et de temps. Parmi les perturbations, les pratiques culturales visant à optimiser le rendement de la culture agissent comme des filtres non-aléatoires qui sélectionnent un pool d'espèces capables de survivre. Les espèces adventices possèdent des caractéristiques spécifiques (production importante de graines, dormance et un temps de génération court) qui leur permettent de persister. De plus, la majorité des adventices des grandes cultures sont des espèces annuelles et la flore exprimée ne reflète qu'une partie de la flore potentielle présente dans le stock semencier. Ainsi, une année donnée, des parcelles d'une même culture peuvent héberger des communautés adventices de richesse et de diversité différentes. Du fait de ces particularités, on peut alors se demander si les concepts et les méthodes développées pour identifier les processus sous-jacents à l'assemblage des communautés dans les milieux naturels peuvent s'appliquer aux communautés de l'agro-écosystème. Ici, nous vous présentons une synthèse des travaux ayant appliqués ces concepts et ces méthodes aux communautés adventices. Les résultats montrent qu'à des échelles spatiales larges (biogéographique et régionale), certains filtres écologiques (conditions pédoclimatiques et pratiques culturales) déterminent l'assemblage des communautés adventices, alors qu'à des échelles locales, l'assemblage semble être aléatoire. Ainsi, même si les pratiques et les conditions pédoclimatiques tendent à s'homogénéiser, la compétition (filtre biotique) ne semble pas contribuer de manière importante à l'assemblage des communautés adventices. L'analyse de l'évolution temporelle des communautés adventices révèle des résultats contrastés : d'une part, les espèces généralistes sont plus aptes à répondre à la stochasticité environnementale que les espèces spécialistes et d'autre part, certaines cultures sélectionnent une flore spécialisée. Enfin, l'utilisation des traits fonctionnels des adventices s'est révélée pertinente pour déterminer la réponse de la flore aux différents filtres en confirmant par exemple l'importance de l'étendue de la plage de germination pour le succès reproducteur des espèces adventices.

Session 42 : Règles d'assemblage des communautés : quelles questions et quelles méthodes ?

Coupled dynamics of mutualistic/antagonistic communities : when interactions can be omitted ?

Franck Jabot - Jordi Bascompte

We investigate under which circumstances the dynamics of a trophic group (e.g., trees) behaves independently of the other organisms interacting with this group. To do this, we simulate the coupled dynamics of two trophic groups presenting interactions that are either mutualistic (e.g., plants and pollinators) or antagonistic (e.g., trees and herbivores). We vary the properties of the interaction network (connectance, modularity, etc...) and the fraction of individuals' fitness which depend on the interaction with mutualists/antagonists. We identify several areas in the parameter space where the dynamics of the two trophic groups are either strongly or slightly coupled. These parameters values are compared to known properties of different biomes, taxonomic groups and interaction types to assess when community ecologists would most benefit from a network approach.

Contact : Franck Jabot - Estacion Biologica de Doñana - Sevilla - franck_jabot@yahoo.fr

Session 42 : Règles d'assemblage des communautés : quelles questions et quelles méthodes ?

Can we relate species migration as stated by the neutral theory to the seed dispersal process in tropical forest ?

Champak Beeravolu Reddy - François Muñoz - Raphaël Pélissier - Pierre Couteron

The link between dispersal limitation and the local species composition of tropical forests has been the focus of a great deal of research in community ecology. The unified neutral theory of Hubbell invokes it as a major factor structuring biodiversity but lacks an explicit account of the seed dispersal process. On the other hand, correctly inferring a dispersal kernel from field/experimental observations is fraught with the interplay of numerous factors such as dispersal vectors, fruiting phenologies and complex feedbacks between the flora and their environment. Consequently, there is a need to reconcile dispersal limitation as reckoned by the neutral theory with an unambiguous representation of limited seed dispersal. In this presentation, we compare two conceptually distinct approaches: (i) a spatially explicit approach involving theoretical seed dispersal kernels of different shapes (e.g. thin vs. fat-tailed) and applied to communities of varying sizes along with (ii) the spatially implicit approach promoted by Hubbell which includes a phenomenological parameter of immigration limitation. The immigration parameter, also known as I , is inferred from community composition data and denotes a migration-drift limitation on a local community level. We perform numerical integrations in order to study the immigration parameter with respect to community size and the key features of a dispersal kernel. The results under our explicit model display the existence of two contrasted situations, namely that of a strong sensitivity of I to ecological drift (as defined by community size) and a strong sensitivity to the dispersal distance. We discuss these results with the help of a wide review of seed dispersal distances compiled from existing field studies and link the corresponding predicted I to inferences based on the floristic composition of permanent field plots.

Contact : Champak Beeravolu Reddy - IRD - UMR AMAP; Institut Français de Pondichéry - champak_br@yahoo.com

Session 42 : Règles d'assemblage des communautés : quelles questions et quelles méthodes ?

Analyses multivariées et mesures d'autocorrélation spatiale pour l'analyse des assemblages d'espèces

Stéphane Dray - Thibaut Jombart

Les structures observées dans les distributions spatiales d'espèces peuvent avoir de nombreuses origines (environnement, interactions biotiques, etc). Les assemblages spécifiques apparaissent donc comme un indicateur global de l'action de ces multiples facteurs et permettent d'appréhender les différents mécanismes à l'origine de l'organisation de la biodiversité. L'étude de la composition des assemblages d'espèces (et de ses variations dans l'espace ou le temps) conduit naturellement à analyser de l'information massivement multivariée. La description des assemblages est faite via la constitution d'un tableau contenant des indices d'abondance d'espèces pour un certain nombre de sites alors qu'un deuxième tableau décrivant la variabilité environnementale synthétise les mesures de plusieurs descripteurs pour les mêmes sites. Depuis plus de 50 ans, les méthodes d'analyse multivariée ont été traditionnellement utilisées en écologie des communautés afin de résumer l'information contenue dans ces tableaux. Ces méthodes, via une opération de diagonalisation de matrice, fournissent un nombre limité d'axes orthogonaux synthétisant les principaux changements en composition spécifique, expliqués (ou non) par la variabilité environnementale. La plupart des processus écologiques conduisent à une structuration spatiale des communautés. Afin d'appréhender les processus responsables de ces structures, il est nécessaire de comprendre où, comment et pourquoi les assemblages d'espèces s'organisent dans l'espace. Pour ce faire, il est nécessaire de pouvoir intégrer l'information géographique directement dans l'analyse des données écologiques. L'utilisation de matrice de distances (test de Mantel) ou de polynômes des coordonnées (trend surface) ont ainsi été proposés dans le passé mais posent un certain nombre de problèmes pratiques. La dernière décennie a vu le développement d'un grand nombre d'approches permettant de considérer l'espace de manière explicite dans un contexte multivarié. Nous nous intéresserons particulièrement à la définition des proximités spatiales sous la forme d'un graphe de voisinage. Dans ce graphe, deux sites sont connectés si ils sont proches géographiquement ou topologiquement. Via cette définition de l'organisation spatiale, on accède alors aux mesures classiques d'autocorrélation (e.g., indice de Moran). Nous présenterons trois approches, développées dans le cadre de l'écologie des communautés, permettant d'intégrer explicitement la notion d'autocorrélation spatiale en analyse multivariée. Alors que la première vise à identifier les principales structures spatiales de la variabilité des assemblages, les deux autres permettent d'appréhender la notion d'échelle de cette structuration.

Contact : Stéphane Dray - Lab. Biométrie et Ecologie Evolutive (UMR 5558), CNRS - Université Lyon 1 - Lyon - dray@biomserv.univ-lyon1.fr

Session 43 : Interactions plantes - herbivores

Analyse de la réponse du sous-bois à la pression des grands herbivores au travers du réseau national d'enclos/exclos Renecofor couplé à un gradient de populations animales

Vincent Boulanger - Anders Marell - Jean-Luc Dupouey - Frédéric Archaux - Yoan Paillet - Patricia Heuzé - Christophe Baltzinger - Sonia Saïd

Sous l'effet des augmentations de populations de grands herbivores, l'attention des gestionnaires s'est initialement portée sur les problèmes posés pour la régénération forestière en forêts tempérée et boréale. Plus récemment, le questionnement écologique s'est étendu à l'ensemble de l'écosystème forestier, abordant notamment les effets des grands herbivores sur la diversité de la végétation du sous-bois. Nous avons utilisé les relevés de végétation de 88 sites du Réseau National d'étude et de suivi à long terme des ÉCOsystèmes FORestiers (RÉNÉCOFOR) pour analyser la réponse du sous-bois à la pression de grands herbivores. Sur une période de 10 ans (1995-2000-2005), ces relevés ont été effectués à l'intérieur et à l'extérieur de zones clôturées. Nous analysons les différenciations qui se sont opérées en termes de recouvrement, diversité et composition entre la végétation en enclos (soustraite à la présence des grands herbivores) et en exclos (libre accès aux grands herbivores). Nous confrontons ensuite ces observations à des estimations locales des populations de grands herbivores sauvages, d'après les statistiques de chasse de l'ONCFS. En 10 ans, la richesse spécifique de la strate herbacée montre une plus forte augmentation à l'extérieur des enclos, particulièrement au profit d'espèces rudérales. A l'inverse, la richesse et le recouvrement des strates arbustives, de même que la fréquence et le recouvrement de la ronce, présente dans la plupart des relevés, augmentent plus fortement à l'intérieur des enclos ; les communautés herbacées y deviennent également plus sciaphiles. En corrélant les différences floristiques observées après 10 années de mise en défens avec les niveaux des populations des grands herbivores, les différences de recouvrement de la strate arbustive entre enclos et exclos apparaissent d'autant plus marquées que les populations de Chevreuil sont importantes. Nous observons également une relation positive entre la densité du Sanglier et le taux de sol nu ainsi que la richesse de la strate herbacée. Nous mettons en évidence que le Chevreuil, en contenant le développement des arbustes et espèces fortement couvrantes, contribue à maintenir un sous-bois ouvert qui permet à un plus grand nombre d'espèces herbacées de se maintenir. En piétinant, le Sanglier libère également des espaces de sol nu et active probablement la banque de graines. Nous concluons donc que des densités modérées d'ongulés créent des niveaux de perturbations intermédiaires, et donc augmentent la densité d'espèces de la strate herbacée. La valeur patrimoniale des espèces favorisées en présence d'ongulés reste sujette à discussion.

Contact : Vincent Boulanger - INRA - UMR1137 - Champenoux - boulanger.vi@gmail.com

Session 43 : Interactions plantes - herbivores

Réponse fonctionnelle de la végétation boréale à la surabondance des grands herbivores sauvages : le cas du cerf de Virginie à l'île d'Anticosti (Québec, Canada)

Marianne Bachand - Monique Poulin - Stéphanie Pellerin - Isabelle Aubin

L'expansion rapide des populations de cervidés en Europe et en Amérique du Nord au cours du dernier siècle constitue l'un des cas les plus probants de surabondance de populations animales terrestres. À haute densité, les populations de cervidés peuvent constituer un facteur important dans la perte de biodiversité en surexploitant les ressources végétales d'un milieu. Les cervidés peuvent mettre en péril la régénération végétale naturelle d'un écosystème et ainsi entraîner des cascades trophiques nuisant à la survie des espèces animales qui y sont associés. À l'île d'Anticosti, les quelques 200 cerfs de Virginie introduits en 1896 ont rapidement atteint une densité élevée estimée à 160 000 individus en 2006, altérant la composition et la structure forestières et possiblement les espèces animales y vivant. Dans le cadre des travaux de recherche sur la surabondance de cervidés en forêt boréale, l'utilisation d'une approche fonctionnelle nous permet de mieux comprendre l'impact du cerf sur les fonctions écosystémiques. Cette étude mise sur un dispositif de broutement contrôlé établi en 2002, où trois niveaux de densité de cerfs (i.e. 0, 7.5 et 15 cerfs/km²) ont été répliqués en trois blocs complets et comparés aux densités naturelles de l'ordre de 27 à 56 cerfs/km². Les sites expérimentaux ont été établis dans des coupes forestières dans lesquels 30% de forêt résiduelle a été conservé. Une approche d'analyse fonctionnelle directe, la méthode du 4^e coin, a été utilisée afin de déterminer comment les traits des plantes répondent aux densités de cerfs. Cette analyse a révélé des associations significatives entre les traits des espèces et la densité de cerf et a permis de dégager des syndromes clairs selon la densité de cerfs. Les syndromes des faibles densités de cerfs sont, entre autres, des fleurs solitaires, des fruits charnus avec une faible production de graines principalement dispersées par les oiseaux alors que ceux associés aux fortes densités sont un feuillage étalé ou en rosette appartenant à des espèces introduites et pollinisées de façon abiotique. Ce projet représente à notre connaissance l'une des rares études abordant l'impact de densités variables de cervidés sur les communautés végétales par une approche fonctionnelle. Il s'agit de résultats cruciaux pour une meilleure compréhension des processus régissant la réponse des communautés végétales à la surabondances des grands herbivores en milieu forestier et pour assurer la résilience de ces écosystèmes.

Contact : Marianne Bachand - Université Laval - Québec - marianne.bachand.1@ulaval.ca

Session 43 : Interactions plantes - herbivores

Les traits clonaux sont-ils de bons indicateurs de la réponse au pâturage ?

Marie-Lise Benot - Anne Bonis - Cendrine Mony

Les espèces présentant une croissance de type clonale sont très fréquentes chez les plantes vasculaires et, en particulier, dominant la matrice des prairies pâturées. Les traits clonaux restent néanmoins rarement pris en compte dans l'analyse des liens entre les traits fonctionnels des espèces et leurs capacités de réponse au pâturage. La croissance clonale correspond à la production, par voie végétative, de descendants génétiquement identiques et potentiellement autonomes, les ramets. Elle est réalisée par l'intermédiaire d'organes spécialisés, d'origine le plus souvent caulinaire, mais également racinaire voire foliaire. L'intégration clonale confère aux plantes des propriétés particulières, telles que la colonisation de l'espace via différents types d'architectures ou la mise en place de stocks de réserves. L'expression de ces propriétés et des traits clonaux qui les gouvernent est variable. Il en résulte une diversité de formes de croissance clonale, alors que la clonalité est souvent elle-même considérée comme un unique trait. L'objectif de ce travail est de tester l'hypothèse selon laquelle le pâturage favorise les traits clonaux conférant aux plantes des capacités de résistance au pâturage. A cet effet, des relevés floristiques et de patrons de hauteur de végétation ont été réalisés dans des prairies naturelles du Marais Poitevin (Vendée, France), sous trois intensités de pâturage. Les analyses spatiales conduites ont montré que le pâturage génère une défoliation homogène à l'échelle du fragment clonal (inférieure à un mètre), quelle que soit l'intensité du pâturage. L'étude couplée de la composition floristique et des traits clonaux, issus de base de données ou mesurés expérimentalement, indique qu'un régime de pâturage croissant tend à favoriser les formes stolonifères et cespiteuses, tandis que les formes rhizomateuses dominent en conditions non pâturées. Bien que le pâturage défavorise les organes souterrains spécialisés dans le stockage (rhizomes), des analyses chimiques réalisées sur des fragments clonaux appartenant à cinq espèces de Poaceae prélevés *in situ* suggèrent que la constitution de réserves carbonées dans la base des tiges des ramets serait impliquée dans la résistance au pâturage. De manière générale, le pâturage semble favoriser les formes clonales permettant de maximiser l'occupation de l'espace et la constitution de stocks de réserves rapidement mobilisables pour la repousse suite à la perte de tissus aériens, tout en limitant l'investissement dans les structures clonales coûteuses.

Contact : Marie-Lise Benot - UMR CNRS 6553 ECOBIO, Université de Rennes 1 - Rennes - mlbenot@gmail.com

Session 43 : Interactions plantes - herbivores

Conflits et coopération dans un mutualisme spécifique plante-insecte parasite de graines

Laurence Despres - Sébastien Ibanez

Les mutualismes de pollinisation plante-insecte parasite de graines impliquent des insectes pollinisateurs dont les larves se nourrissent des graines de la plante. Dans ce type d'interaction, des conflits peuvent apparaître à de multiples niveaux : intra-individu, lorsque l'une des deux fonctions sexuelles de la plante gagne plus que l'autre dans l'interaction avec le pollinisateur spécifique, inter-plantes pour l'entretien et le partage de la ressource 'pollinisateur', et entre espèces en interaction. Nous illustrons chacun de ces niveaux de conflit, et la façon dont ils sont gérés, dans le système trolle-chiastochètes (diptère). La spécialisation du trolle sur les chiastochètes bénéficie essentiellement à la fonction mâle, et les conditions écologiques nécessaires à l'évolution de la spécialisation de pollinisation ne sont pas les mêmes que celles qui permettent son maintien. Chez le trolle d'Europe, le coût de l'élevage des pollinisateurs est partagé entre les plantes, et le nombre de graines par fruit est remarquablement stable dans le temps et l'espace, malgré une grande variabilité des conditions écologiques et de densité en pollinisateurs dans les populations arctiques et alpines étudiées. Cette stabilité résulte de la compétition densité-dépendante entre les larves de chiastochètes qui se développent dans l'infrutescence du trolle. La compétition inter-larves est manipulée par la réponse chimique du trolle à l'infestation larvaire. L'induction tissu-spécifique d'une toxine, l'adonivernith, sélectionne diverses stratégies d'exploitation du fruit (comportement d'évitement de la toxine, capacités de métabolisation...), à l'origine de la radiation écologique dans le genre *Chiastocheta*. Les traits impliqués dans la spécialisation du trolle sur les chiastochètes sont donc à la fois mutualistes (morphologie globulaire et composés volatils de la fleur) et antagonistes (défense chimique contre les larves). Les contradictions de cette mosaïque de traits sont un moteur d'évolution.

Contact : Laurence Despres - UMR5553 UJF CNRS - Grenoble - laurence.despres@ujf-grenoble.fr

Session 43 : Interactions plantes - herbivores

Manipulations par un insecte mineur de la physiologie de sa plante hôte par l'intermédiaire d'un endosymbionte bactérien

Wilfried Kaiser - Elisabeth Huguet - Arnaud Lanoue - Jérôme Casas - David Giron

Les organismes endophytes (c.a.d vivant au sein des tissus végétaux), en raison de leur interaction étroite et prolongée avec la plante hôte, sont un modèle privilégié pour aborder les contextes écologique et évolutif liés à la phytophagie ainsi que des questions telles que la résistance de certaines plantes aux ravageurs ou les manipulations physiologiques induites au sein de la plante hôte. Une association étroite facilite en effet l'évolution de dialogues biochimiques et hormonaux entre les arthropodes et les plantes pouvant aboutir à des modifications profondes du patron d'expression génique ou à des changements d'activité hormonale au sein de la plante. Dans ce contexte, les insectes galligènes se distinguent généralement des autres insectes endophytes par la manipulation active de leur plante hôte pouvant conduire à la création de tissus nutritionnels supplémentaires, à la stimulation de la synthèse de protéines et/ou de sucres *in situ*, ou à la modification des flux de nutriments au sein du végétal aboutissant ainsi à la translocation de nutriments vers le site d'alimentation de l'insecte. Néanmoins, d'autres insectes endophytes semblent également avoir la capacité de manipuler leur plante hôte comme cela est suggéré par la création d'îles vertes par certains insectes mineurs. Ces manipulations se manifestent alors par la persistance de la photosynthèse au niveau de la zone minée à l'automne alors que le reste de la feuille entre en sénescence et jaunit. Nos travaux ont permis de mettre en évidence chez un lépidoptère mineur de feuilles de pommiers (*Phyllonorycter blancardella*) (i) une capacité de l'insecte à manipuler son environnement végétal afin d'optimiser les apports nutritifs et de limiter l'activation des défenses de la plante hôte, (ii) le rôle clé joué par les phytohormones de type cytokinines dans cette manipulation, et, pour la première fois, (iii) l'intervention privilégiée de bactéries endosymbiotiques de l'insecte (*Wolbachia*) dans la manipulation de la physiologie de la plante. L'étude du rôle clé joué par les endosymbiontes d'insectes dans ces manipulations devrait nous permettre de mettre en évidence un bénéfice en terme de 'fitness' pour l'insecte à être associé à *Wolbachia* et de démontrer, pour la première fois, un impact de cet endosymbionte bactérien sur la physiologie d'une plante.

Contact : Wilfried Kaiser - Université F. Rabelais - UMR CNRS 6035 - Tours - kaiser@univ-tours.fr

Session 44 : Ecotoxicologie évolutive

Conséquences génétiques de la colonisation des sites calaminaires chez *Arabidopsis halleri* (Brassicaceae)

Maxime Pauwels - Isabelle Decombeix - Claire-Lise Meyer - Alicja Kostecka - Hélène Frérot - Anne Créach - Patrick De Laguérie - Vincent Castric - Pierre Saumitou-Lapadre

Arabidopsis halleri (Brassicaceae) est une espèce végétale herbacée des grandes chaînes de montagnes d'Europe centrale. Dans certaines régions (en France, en Allemagne, Pologne et en Italie), l'espèce présente aussi des populations dites métallicoles se développant sur des sols calaminaires d'origine anthropique. Les sols calaminaires sont caractérisés par des concentrations fortes, toxiques, en métaux Zinc, Cadmium, Plomb. Ces concentrations exerçant autant de pressions de sélection sur les organismes exposés, la colonisation des sols calaminaires par *A. halleri* suppose l'adaptation des populations aux conditions environnementales locales. C'est pourquoi nous cherchons, à travers nos travaux en biologie des populations, à caractériser les conséquences de la colonisation des sites pollués sur la distribution des polymorphismes génétiques dans les populations métallicoles et non métallicoles d'*A. halleri*. Une étude phylogéographique a révélé que le polymorphisme génétique neutre des génomes nucléaires et cytoplasmique n'était pas affecté: la diversité n'est pas réduite dans les populations métallicoles et, surtout, ces populations ne constituent pas un écotype génétiquement homogène. Elles rassemblent au contraire des populations d'origines variées. Cela signifie que la colonisation des sites pollués s'est produite plusieurs fois indépendamment dans des régions géographiques distantes. Par ailleurs, des études phénotypiques en conditions contrôlées ont permis d'établir que les capacités de tolérance au zinc étaient en moyenne plus élevées dans les populations métallicoles. Cette différence résulte très probablement de l'adaptation locale des populations métallicoles aux sites métallifères. Elle suggère aussi l'existence de polymorphismes génétiques sélectionnés dans les populations métallicoles durant l'adaptation. Dans ce contexte, nous avons tenté de mettre en évidence les régions du génome montrant l'existence de divergence adaptative entre populations métallicoles et non métallicoles. Par une étude de criblage génomique, nous avons recherché les régions montrant un niveau de structuration entre populations supérieur à l'attendu sous l'hypothèse neutre. Quelques locus ont été révélés, séquencés et positionnés sur la carte génétique du génome d'*A. halleri*. L'évolution des outils moléculaires disponibles chez *A. halleri* et l'identification, par des études de génétique quantitative et fonctionnelle, de gènes candidats pour l'évolution de la tolérance aux métaux, nous permet maintenant de développer des analyses de génomique des populations. A partir de données, nouvellement acquises, de re-séquencage en population, nous tenterons de caractériser plus précisément les conséquences de la colonisation des sites calaminaires sur l'évolution des génomes. En exploitant des banques BAC, récemment développées, nous chercherons à décrire la distribution des polymorphismes génétiques aux gènes candidats identifiés dans les populations de l'espèce.

Contact : Maxime Pauwels - USTL-Lille1, Laboratoire GEV UMR CNRS 8016 - Villeneuve d'Ascq cedex - maxime.pauwels@univ-lille1.fr

Session 44 : Ecotoxicologie évolutive

Résistance au *Bti* chez le moustique : développement d'un outil de détection en populations naturelles

Guillaume Tetreau - Margot Paris - Aurélie Bonin - Jean-Philippe David - Laurence Despres

Le *Bti* (*Bacillus thuringiensis* var. *israelensis*) est un bioinsecticide utilisé dans le monde entier pour la démoustication. Présenté comme une alternative « propre » aux insecticides chimiques, le *Bti* est considéré comme très spécifique de sa cible et peu rémanent dans l'environnement. Cependant, une litière végétale en décomposition collectée dans la région Rhône-Alpes plusieurs mois après traitement au *Bti* montre un fort effet larvicide dû à la présence du *Bti*. Alors que le *Bti* est en passe de devenir l'unique insecticide autorisé en démoustication en Europe, il apparaît indispensable de comprendre les facteurs écologiques qui favorisent la persistance du *Bti* dans l'environnement, et d'évaluer les risques d'apparition de résistance au *Bti* dans les populations de moustiques. Une souche de laboratoire *Aedes aegypti* a été sélectionnée pendant une vingtaine de générations à cette litière toxique : si la résistance reste modérée au *Bti* commercial (mélange de 4 toxines), cette souche présente une résistance élevée à chaque toxine individuelle du *Bti* (Cry_{4A}, Cry_{4B}, Cry₁₁). Alors que peu de cas de résistance au *Bti* ont été rapportés en populations naturelles, nos résultats montrent que des mécanismes différents conférant des résistances aux toxines individuelles peuvent être sélectionnés, même si elles ne se traduisent pas par une résistance très importante au *Bti* complet. Afin de détecter si ces résistances aux toxines séparées sont présentes dans les populations naturelles, nous avons mené une campagne d'échantillonnage et de bioessais aux toxines séparées du *Bti* dans des gîtes de la région Rhône-Alpes. Les gîtes ont été choisis en fonction de leur modalité de traitement et de leur isolement. Le but est de développer un outil diagnostic pour les gestionnaires afin d'appréhender au plus vite l'apparition d'une résistance au *Bti*. Lors de cette présentation, nous décrirons les caractéristiques de la souche sélectionnée (niveaux de résistance à chacune des toxines), puis nous présenterons les résultats des bioessais sur les populations naturelles et conclurons sur l'impact de la rémanence du *Bti* sur l'apparition de résistance en populations naturelles.

Contact : Guillaume Tetreau - LECA - Grenoble - guillaume.tetreau@gmail.com

Session 44 : Ecotoxicologie évolutive

Caractérisation fonctionnelle d'enzymes impliquées dans la résistance métabolique aux insecticides chez les moustiques

Alexia Chandor-Proust - Emma Rossetto - Jean-Philippe David - Stéphane Reynaud

Les moustiques impactent largement sur la santé publique par leur capacité à transmettre des maladies virales ou parasitaires. Bien que les insecticides jouent un rôle prépondérant dans le contrôle des moustiques et donc dans la prévention des épidémies, l'expansion de phénomènes de résistance à tous les pesticides chimiques menace aujourd'hui sérieusement le contrôle des populations de moustiques et la santé publique. A l'échelle moléculaire, deux mécanismes peuvent être à l'origine de la résistance : une diminution de la sensibilité de la cible et/ou une surproduction d'enzymes capables de métaboliser les insecticides conduisant à une augmentation de la tolérance des moustiques. Chez les insectes, l'implication de cytochromes P₄₅₀ et des glutathion S-transférases (GST) dans la résistance métabolique aux polluants, aux molécules phytopharmaceutiques (insecticides et herbicides) ou encore aux toxines issues de plantes a été démontrée depuis les années 2000. Ainsi, des analyses transcriptomiques ont permis d'identifier plusieurs cytochromes P₄₅₀ et GST surexprimés dans les populations d'insectes résistants. En revanche, peu de données sont disponibles à l'heure actuelle en ce qui concerne les spécificités de substrats et les mécanismes moléculaires de ces enzymes impliquées dans la résistance aux insecticides. Pour répondre à ces questions, il est apparu important de pouvoir disposer de ces cytochromes P₄₅₀ et GST de moustique en quantité suffisante afin d'entreprendre in vitro des études de métabolisation. Notre choix s'est porté sur l'expression hétérologue des P₄₅₀ dans une souche de levure *Saccharomyces cerevisiae* génétiquement modifiée tandis qu'une des GST a été exprimée dans une souche de bactérie *Escherichia coli*. Les protéines obtenues ont été caractérisées et utilisées pour évaluer in vitro leur capacité à métaboliser différents xénobiotiques (insecticides, herbicides, etc.).

Contact : Alexia Chandor-Proust - LECA - UMR 5553 - Grenoble - alexia.chandor@bvra.e.ujf-grenoble.fr

Session 44 : Ecotoxicologie évolutive

Phénomène de résistance aux anticoagulants chez les rongeurs ravageurs des plantations de palmier à huile en Indonésie

Julie Andru - Jean-François Cosson - Jean-Pierre Caliman - Yannick Chaval - Romain Lasseur - Etienne Benoit

Les rongeurs (*Rattus tiomanicus* et *Rattus tanezumi*) constituent les principaux mammifères ravageurs des noix de palmiers. Leur prolifération est principalement régulée par deux méthodes : la lutte biologique par l'introduction d'un prédateur naturel la chouette effraie (*Tyto alba*), et la lutte chimique par l'utilisation de raticides anticoagulants (AVK). Cependant, il a récemment été démontré que les rongeurs (*R. rattus*, *R. norvegicus*) peuvent être génétiquement résistants à ces AVK. La compréhension de ces mécanismes de résistance constitue un enjeu majeur dans le développement de stratégies de lutte intégrée. Ce travail a été réalisé dans deux sites : - des palmeraies situées sur l'île de Sumatra, où la lutte biologique permet de limiter les populations de rongeurs. - des palmeraies situées à Bangka (proche de Sumatra), où la lutte biologique est couplée à la lutte chimique avec l'utilisation d'un AVK : le coumatétralyl. Malgré l'intensification de la lutte à Bangka, les dégâts sur les cultures demeurent importants. Notre étude a démontré que la population de Sumatra est dite « sensible » aux anticoagulants, ce qui signifie qu'en situation de surpopulation l'utilisation de pesticide permettrait de réduire considérablement la taille de la population. Alors qu'à Bangka, la population est phénotypiquement très résistante aux anticoagulants : la dose de coumatétralyl efficace à Sumatra n'a pas d'effets significatifs à Bangka, même lorsqu'elle est multipliée par 32. Afin d'identifier l'origine de ce phénomène, nous nous sommes intéressés au gène *Vkorc1* codant pour une sous unité de l'enzyme VKOR, qui a un rôle primordial dans les processus de coagulation sanguine, et qui est la cible des anticoagulants. Le faible polymorphisme observé sur ce gène n'est pas associé au phénomène de résistance. Nous émettons donc l'hypothèse d'une origine métabolique de la résistance aux anticoagulants chez ces rongeurs. On sait notamment que, la famille des cytochromes P450 est un groupe clé d'enzymes qui oxydent les pesticides et dont le polymorphisme peut affecter leur fonction. Nos résultats montrent également que les espèces peuplant les deux palmeraies sont différentes : *R. tiomanicus*, espèce forestière, à Sumatra et *R. tanezumi*, espèce associée aux milieux anthropisés, à Bangka. La littérature signale l'apparition progressive de *R. tanezumi* dans les palmeraies. En couplant nos données avec ces observations, nous pouvons formuler l'hypothèse que *R. tanezumi* serait une espèce mieux adaptée aux anticoagulants que *R. tiomanicus*, lui permettant de coloniser et de dominer les plantations en cas de lutte chimique intensive, rendant la lutte anti-rongeur difficile.

Contact : Julie Andru - CBGP - Montferrier-sur-Lez - julie_andru@yahoo.fr

Session 44 : Ecotoxicologie évolutive

Etude des réponses adaptatives d'une population d'invertébré benthique (*Chironomus riparius*) exposée à un milieu contaminé à l'uranium

Victor Dias - Denis Réale - Jean-Marc Bonzom - Jacqueline Garnier - Laplace

Les perturbations d'origine anthropique sont généralement considérées comme un moteur puissant de l'évolution. Au delà d'une certaine concentration dans le milieu, la présence de polluant peut induire sur les populations présentes un stress. Les conséquences à court terme vont être une réduction de la fitness des individus. Pour compenser cette réduction, une adaptation des populations peut se produire sur un faible nombre de générations, à travers l'augmentation du niveau de tolérance. L'acquisition de tolérance à un polluant a déjà été observée chez des populations pré-exposées en conditions contrôlées. Cependant, peu de ces travaux ont étudié comment l'évolution de la tolérance est liée à la concentration d'exposition et à l'augmentation de la fitness des individus au fil des générations. Dans ce contexte, l'objectif du travail présenté a été d'étudier les réponses adaptatives de populations de *Chironomus riparius* exposées à l'uranium. La combinaison d'une démarche d'évolution expérimentale et d'une approche comparative a permis d'étudier le rôle de la présence d'uranium dans la sélection naturelle, et les mécanismes adaptatifs mis en place au sein des populations exposées. L'exposition sur huit générations de populations de chironomes à une gamme de concentration d'uranium induisant des effets sublétaux (0 – 32 – 64 – 128 $\mu\text{g U g}^{-1}$ de sédiment sec) a induit des micro-évolutions sur l'ensemble des traits phénotypiques contribuant à la fitness des individus (temps de développement, taille des adultes, fécondité). Ainsi, la fitness moyenne des populations exposées a augmenté via l'augmentation du succès reproducteur et du niveau de tolérance. Une expérience en jardin commun menée en parallèle dans un environnement non contaminé a confirmé l'adaptation génétique des populations exposées, avec la mise en évidence de différences phénotypiques entre les populations. Par l'origine commune des populations, et leur histoire de vie différente, ces différences ont une valeur adaptative, et peuvent donc être liées à l'acquisition de tolérance. L'ensemble des résultats a ainsi montré que l'uranium a induit une pression de sélection directionnelle et forte sur les populations exposées. Celles-ci y ont répondu de manière proportionnelle en termes d'acquisition de tolérance, la population la plus tolérante étant la plus fortement exposée. Néanmoins, la nature de cette réponse serait différente selon la concentration d'exposition. L'hypothèse d'une sélection induite par l'uranium agissant de manière séquentielle permettrait d'expliquer ces différences de réponses des populations.

Contact : Denis Réale - Groupe de Recherche en Ecologie Comportementale et Animale - Département des Sciences Biologiques - Université du Québec à Montréal - Québec - reale.denis@uqam.ca

Session 44 : Ecotoxicologie évolutive

Modèle individu-centré de dynamique de population afin de comprendre les modifications phénotypiques d'une population de *Chironomus riparius* soumis à une exposition chronique à l'uranium

Rémy Beaudouin - Victor Diaz - Jean-Marc Bonzom - Alexandre Péry

Les conséquences à long terme de polluants sur les populations sont très peu étudiées alors que les populations naturelles sont exposées à des polluants de façon chronique sur de nombreuses générations. Ainsi, comprendre et quantifier la dynamique adaptative au sein des populations soumises à diverses pressions anthropiques (polluants, changement climatique, altération des ressources alimentaires, etc.) est primordial pour bien évaluer le risque écotoxicologique. L'objectif de ce travail est donc d'étudier les réponses évolutives de populations de *Chironomus riparius* exposées à l'uranium et d'en appréhender les mécanismes sous-jacents. Dans ce but, à partir des expériences menées, nous proposons de construire un modèle individu-centré de la dynamique de populations de chironomes sur plusieurs générations. Ce modèle permet de tester différentes hypothèses sur les mécanismes qui induisent des modifications phénotypiques en situation témoin et exposée. Lors des expériences, des populations de chironomes exposées à l'uranium ont été suivies au laboratoire tout au long de leur cycle de vie sur 7 générations successives. Quatre concentrations d'uranium ont été testées et pour chaque concentration, quatre populations expérimentales ont été suivies. Plusieurs traits d'histoire de vie (longueur des ailes, survie, poids, fécondité, temps de développement) ont été mesurés pour chaque génération. Le modèle individu-centré de dynamique de populations a été développé à partir du modèle DEB pour le chironome mis au point par Péry *et al.* (2002). Dans ce modèle, chaque individu a ses caractéristiques propres, mais son cycle de vie connaît une allocation énergétique compatible avec la théorie DEB. Dans un premier temps, notre modèle a permis de rendre compte des observations sur les 7 générations en situation témoin et de mettre en évidence l'évolution de certains traits dans ces conditions (fécondité, temps d'émergence et taille des adulte). Dans un second temps, nous avons testé, à l'aide du modèle, différents modes d'action afin de déterminer lesquels permettent de reproduire les observations de modifications phénotypiques induites par l'exposition à l'uranium. Nos résultats montrent deux effets distincts de l'uranium. (i) L'uranium entraînerait une sélection de phénotypes particuliers par une survie différentielle (temps émergence long et taille maximale des larves faibles). (ii) Les chironomes développeraient une tolérance à l'uranium au cours des 7 générations. En conclusion, le développement d'outils de modélisation a permis de comprendre le comportement à long terme d'une population à partir des règles de comportement et de structuration de ses différents éléments (les individus, avec leurs propres caractéristiques biologiques et toxicologiques).

Contact : Rémy Beaudouin - INERIS - METO - remy.beaudouin@ineris.fr

Session 45 : Ecologie du stress chimique

Pesticides et variation phénotypique chez une espèce de poisson (*Gobio gobio*) en milieu naturel : prise en compte d'effets confondants

Candida Shinn - Simon Blanchet - Géraldine Loot - Gael Grenouillet - Sovan Lek

Les réponses des organismes aux stress environnementaux (d'origine naturelle ou anthropique) sont couramment utilisées en bioévaluation pour l'établissement de diagnostics écologiques des milieux. Parmi ces réponses, les modifications morphologiques intègrent les effets d'un ou plusieurs facteurs de stress sur le développement des organismes. Ces modifications ont donc été utilisées comme biomarqueurs pour révéler des expositions présentes ou passées à divers contaminants, et ont permis d'évaluer des effets d'exposition de longues durées, même à de faibles niveaux de contamination. En milieu naturel, de nombreux facteurs sont impliqués dans les patrons de différenciation morphologiques entre individus. Cependant, très peu d'études ont cherché à séparer et mesurer les effets indépendants de ces facteurs (diversité et structure génétique, structuration spatiale des populations, conditions physico-chimiques du milieu...). Dans cette étude, nous avons cherché à établir un lien entre les niveaux de pesticides mesurés dans 11 stations échantillonnées dans des rivières du bassin de la Garonne, avec d'éventuelles différences morphométriques chez une espèce de poisson : le goujon (*Gobio gobio*). Chaque individu échantillonné a été génotypé à l'aide de 8 marqueurs microsatellites et leur morphométrie a été caractérisée à l'aide de 17 traits morphologiques. Nos analyses ont révélé l'existence d'un lien entre la structure génétique (mise en évidence à l'aide de méthode Bayésienne) et la structure morphométrique (synthétisée à l'aide d'une Analyse Factorielle Discriminante) de ces populations. Nous avons ensuite développé une méthode originale basée sur les modèles linéaires généralisés sur matrices de distances et permettant une extension du test partiel de Mantel à plus de trois matrices de distance. Cette méthode nous a permis de tester par permutation le lien entre contamination (facteur de toxicité) et morphométrie (Pst), en prenant en compte différents facteurs confondants tels que (1) la différenciation génétique entre populations (Fst), (2) la distance géographique entre les stations, (3) la surface du bassin versant et (4) un ensemble de paramètres physico-chimiques pour chaque station. Après élimination des effets confondants [(1) à (4)] et après corrections de Bonferonni, 3 des 17 traits morphologiques étudiés étaient significativement corrélés aux niveaux de contamination par les pesticides, suggérant une réponse de ces traits face à ce stress anthropique.

Contact : Candida Shinn - Laboratoire EDB, CNRS-Université Paul Sabatier - Toulouse - candida.shinn@gmail.com

Session 45 : Ecologie du stress chimique

Composés phénoliques et biodiversité dans le genre *Coffea*

Claudine Campa - Noémie Mathonnet - Jean-Jacques Rakotomalala - Laurence Mondolot - Arsène Rakontodravao - Philippe La Fisca - Perla Hamon - Annick Gargadennec - Alexandre De Kochko

L'ensemble des composés phénoliques représente plus de 40% du carbone organique de la biosphère. Il regroupe plusieurs milliers de composés dont certains sont présents chez toutes les plantes terrestres (lignine, flavonoïdes) et d'autres sont spécifiques de familles de plantes, voire d'espèces végétales. Ils ont en commun la particularité d'être des composés antioxydants et d'intervenir dans les relations entre la plante et son environnement, en particulier lors de contraintes biotiques ou abiotiques. Le genre *Coffea* appartient à la famille des Rubiacées et regroupe plus d'une centaine d'espèces. Toutes sont originaires de la zone intertropicale du continent africain au sens large (comprenant les îles Mascareignes et Madagascar). La très grande majorité sont sauvages puisque seules deux d'entre elles sont intensivement cultivées pour la production de café : *Coffea arabica* L. et *C. canephora* Pierre. Basé sur des critères botaniques et d'allofertilité, ces espèces ligneuses ont été divisées en trois sous-groupes, les *Eucoffea*, les *Mozambicoffea* et les *Mascarocoffea*, inféodés respectivement aux forêts tropicales humides d'Afrique de l'Ouest et du Centre, aux forêts sèches d'Afrique de l'Est et aux forêts insulaires. Des différences de teneur des grains en différentes substances naturelles telles que la caféine, les lipides ou les composés phénoliques, ont été observées pour une vingtaine d'espèces suivant leur origine géographique. Ainsi, la teneur en acides chlorogéniques (intermédiaires de la lignine) est plus faible dans les grains d'espèces sauvages de l'Est africain par rapport à celles de l'Ouest et la diversité en composés phénoliques est très grande pour les espèces malgaches. L'analyse des teneurs des feuilles en composés phénoliques, étendue à un plus grand nombre d'espèces, a permis de montrer que, en plus des acides chlorogéniques, la plupart des *Mozambicoffea* accumulent des xanthones alors que les *Mascarocoffea* accumulent des dérivés coumariques, deux familles de composés phénoliques généralement impliqués dans les réponses aux stress biotiques. Le classement des espèces en fonction de la nature et de la teneur en composés phénoliques dans les feuilles permettra d'obtenir un arbre « phylobiochimique » dont la comparaison avec les différents arbres phylogénétiques déjà obtenus devrait indiquer la pertinence des composés phénoliques en tant que marqueurs (ou acteurs) de la biodiversité des caféiers.

Contact : Claudine Campa - IRD UMR1097 DIAPC - Montpellier - claudine.campa@gmail.com

Session 45 : Ecologie du stress chimique

Le secrétome de *Trametes versicolor* : vers un indicateur de l'écotoxicité des sols ?

Christian Mougín - Jérémie Lebrun - Achref Aloui - Nathalie Cheviron - Nathalie Demont-Caulet - Isabelle Gattin - Karine Laval

Les activités anthropiques ont conduit à la contamination des sols par des composés chimiques, avec dans certains cas des conséquences écotoxicologiques et sanitaires. Les activités enzymatiques globales sont souvent utilisées pour évaluer les perturbations du fonctionnement des sols, mais l'interprétation des résultats obtenus reste difficile. Ceci est dû en partie à notre mauvaise connaissance de la relation entre niveaux d'expression enzymatique, physiologie des organismes sécréteurs et interférences avec un milieu complexe, le sol. La connaissance des réponses fonctionnelles des champignons du sol exposés aux contaminants pourrait offrir des perspectives dans le développement d'outils pour l'évaluation des risques écotoxicologiques. Dans un premier temps, nous avons étudié l'impact de métaux sur les secrétomes d'une douzaine de souches fongiques isolées de sols agricoles, et cultivées en milieux liquides. Les études se sont focalisées sur deux familles d'enzymes impliquées dans les cycles biogéochimiques des sols : les hydrolases (phosphatase, β -glucosidase, β -galactosidase et N-acetyl- β -glucosaminidase) et les oxydoréductases (laccase, Mn- et lignine-peroxydases). La réponse des hydrolases aux métaux présente une grande variabilité intracommunautaire. Elle dépend de la souche, du métal et de l'enzyme considérés. A l'inverse, les activités oxydoréductases des souches disposant d'un système oxydatif sont stimulées. Dans certains cas, des oxydoréductases non produites dans les cultures non dopées par les contaminants, sont spécifiquement synthétisées en présence de métaux. Au niveau protéique, nous avons montré que la stimulation des activités oxydoréductases par les métaux est fortement corrélée à la quantité de protéines sécrétées. De par la spécificité, la sensibilité et la généralité de leur réponse, les oxydoréductases fongiques se sont avérées être des biomarqueurs potentiels d'exposition aux métaux. Dans un second temps, nous nous sommes focalisés sur l'étude du secrétome du basidiomycète *Trametes versicolor* en considérant 3 conditions d'exposition : champignon témoin, ou exposé à un contaminant métallique, le Cu, ou organique, la 2,5-diméthylaniline. Ces deux composés sont connus pour agir au niveau transcriptionnel sur certaines oxydoréductases (par exemple les laccases) produites par cette souche. Une étude protéomique des protéines sécrétées nous a permis, pour la première fois, de déterminer le profil protéique du secrétome de ce champignon sur un gel 2D. D'autre part, nous avons pu mettre en évidence des expressions différentielles du secrétome de *T. versicolor* en présence de ces contaminants. L'identification de spots protéiques par spectrométrie de masse devrait permettre d'identifier des biomarqueurs potentiels d'exposition aux contaminants, et de confirmer la pertinence des oxydoréductases pour cette finalité.

Contact : Christian Mougín - INRA, UR 251 PESSAC - Versailles - mougin@versailles.inra.fr

Session 45 : Ecologie du stress chimique

Programme ADEME - Bioindicateur II : Recherche d'outils de surveillance, de caractérisation et d'évaluation des risques des sols basés sur la faune du sol

Mickaël Hedde - Antonio Bispo - Daniel Cluzeau - Jérôme Cortet - Francis Douay - Laurence Galsomies - Cécile Grand - Sabine Houot - Corinne Leyval - Benjamin Pauget - Nuria Ruiz-Camacho - Erwin Ulrich - Franck Vandembulcke - Annette de Vaufleury - Cécile Villenave - Guénola Péres

Les objectifs généraux du programme sont de fournir aux professionnels de nouveaux outils de surveillance, de caractérisation et d'évaluation des risques basés sur les propriétés biologiques des sols. Lors de la première phase du programme, les équipes impliquées ont développé et testé leurs indicateurs dans les situations qu'elles maîtrisaient le mieux, sans pouvoir les évaluer dans des situations contrastées. Après sélection, les indicateurs les plus pertinents sont testés et comparés sur des sites communs. Cette communication présente les premiers résultats du groupe s'intéressant à la faune du sol. Trois types d'indicateurs sont envisagés. L'Indice Global de Qualité des Sols (IGQS) qui est un indice synthétique combinant des indicateurs physiques, chimiques et biologiques (macro-invertébrés) de la qualité des sols. D'autres indicateurs dérivent de mesures liées à la structure et la diversité des communautés d'invertébrés appartenant à la macrofaune, la mésofaune et la nématofaune. Enfin, des mesures sont réalisées à l'échelle (infra)organismale chez les lombriciens (expression génique de la métallothionéine), chez les escargots (bioaccumulation active ou passive dans différents tissus) et chez les micromammifères (bioaccumulation dans l'animal). Ces indicateurs sont testés sur 13 sites retenus en fonction de leur histoire, de leur usage et de leur niveau de contamination, les travaux présentés correspondent aux sites étudiés en 2009.

Contact : Mickaël Hedde - INRA, UR PESSAC - Versailles - Mickael.Hedde@versailles.inra.fr

Session 46 : Couplages réseaux trophiques - flux biogéochimiques dans les écosystèmes terrestres et aquatiques

Domaines fonctionnels de régulation et émission de N_2O

Alain Brauman - Eric Blanchart

Les invertébrés de la macrofaune jouent un rôle clé dans le fonctionnement des sols. Ces organismes, comme les vers de terre, les termites (dans les sols tropicaux) régulent de façon non-trophique l'activité microbienne en modifiant l'environnement physique et la disponibilité en ressources pour les microorganismes. Ces propriétés de régulation du compartiment microbien du sol sont à l'origine du concept des ingénieurs du sol. Ce concept s'applique également aux racines des plantes. Le volume de sol et les populations affectées par l'activité de ces ingénieurs, constituent des domaines fonctionnels telle la rhizosphère pour les racines, la drilosphère pour les vers de terre ou la termitosphère pour les termites. Au sein de ces oasis ou domaines fonctionnels, l'activité bactérienne n'est pas obligatoirement stimulée mais régulée dans le temps et l'espace. Les ingénieurs du sol affectent l'ensemble des paramètres bactériens, comme la densité, la diversité et/ou la structure génétique. Cependant l'intensité de cette modification varie selon l'organisme et la fonction étudiée. Pour illustrer ce point, nous comparerons dans cet exposé les mécanismes de régulation de l'activité bactérienne par ces trois ingénieurs (plante-termite-vers de terre). Cet exposé s'intéressera particulièrement à un service écosystémique important d'origine microbienne, l'émission de N_2O , principal gaz à effet de serre

Contact : Alain Brauman - IRD, UMR ECO&SOLS - Montpellier - alain.brauman@ird.fr

Session 46 : Couplages réseaux trophiques - flux biogéochimiques dans les écosystèmes terrestres et aquatiques

Importance des relations trophiques au sein de la rhizosphère des plantes ligneuses : Cas des interactions entre communautés fongique, bactériennes et de nématodes sur la nutrition minérale de *Pinus pinaster*

Claude Plassard - Usman Irshad - Cécile Villenave - Alain Brauman

Dans les écosystèmes terrestres, et plus particulièrement dans les écosystèmes forestiers, la disponibilité en éléments minéraux comme N et P est souvent limitante pour la croissance des arbres. Leur acquisition s'effectue dans la rhizosphère, environnement très compétitif, caractérisé par des interactions entre les racines, les microorganismes du sol et la macrofaune. Jusqu'ici, l'importance de ces relations trophiques sur les cycles biogéochimiques de N et P a été peu étudiée dans la rhizosphère des plantes ligneuses comme les gymnospermes. Dans les conditions naturelles, ces espèces ligneuses forment toujours des associations symbiotiques avec les champignons au travers des organes mixtes champignon-racine, les ectomycorhizes (ECM) qui vivent elle-mêmes en association avec des bactéries spécifiques, appelées BAMs. Dans la rhizosphère, ces populations bactériennes sont régulées par la microfaune se nourrissant à partir des bactéries, comme les nématodes bactérovores. Notre hypothèse de travail est que, dans un environnement pauvre en éléments minéraux, ces bactéries représentent un pool de nutriments pour les plantes ligneuses, pool dont l'accessibilité est régulée par la prédation. Pour tester cette hypothèse, nous avons utilisé un système simplifié comprenant diverses combinaisons de jeunes plantes de Pin maritime (*P. pinaster*), d'un basidiomycète ectomycorhizien (*Hebeloma cylindrosporum*), une bactérie BAM (*Bacillus subtilis*), préalablement marquée par du ^{15}N , et une population de nématodes bactérovores (Rhabditidae). Dans ces conditions expérimentales, nous avons démontré que la présence de nématodes exerçait un effet positif sur la minéralisation du ^{15}N contenu dans les bactéries. Nos résultats montrent que cet effet positif n'est pas dû au seul prélèvement de ^{15}N par la plante mais aussi à une meilleure exploitation du nitrate du milieu. Cette meilleure exploitation du nitrate du milieu serait liée à une meilleure nutrition phosphatée des plantes. La mycorhization joue aussi un rôle important car elle augmente toujours l'accumulation de N et P dans les plantes, avec ou sans bactéries. Ces travaux montrent que la libération d'éléments nutritifs par la prédation des bactéries dans la rhizosphère représente un pool disponible pour les plantes. Ils soulignent l'importance de prendre en compte la complexité de ces interactions trophiques dans l'étude de processus fonctionnels comme l'acquisition de N et P par les plantes.

Contact : Claude Plassard - INRA, UMR Eco&Sols - Montpellier - plassard@supagro.inra.fr

Session 46 : Couplages réseaux trophiques - flux biogéochimiques dans les écosystèmes terrestres et aquatiques

Impact des facteurs abiotiques et des communautés de décomposeurs sur la décomposition de litière prairiale racinaire

Rémi Pilon - Pierre Birbis - Katja Klumpp - Catherine Picon-Cochard

La décomposition de la litière végétale joue un rôle important dans les cycles du carbone et des nutriments dans les écosystèmes terrestres. La litière racinaire apparaît comme l'entrée principale de carbone et de nutriments dans les sols prairiaux. Une modification du climat, de la qualité de la litière et de la diversité des décomposeurs microbiens et de la microfaune sont les facteurs principaux affectant le taux de décomposition de la matière organique. Notre étude porte sur l'impact d'un scénario climatique futur (+3°C, -20% de précipitations estivales, +200ppm [CO₂] atmosphérique) et des communautés de décomposeurs sur le taux de décomposition d'une litière racinaire. A même qualité de litière, nous testons l'hypothèse que le taux de décomposition est contrôlé à la fois par des effets directs (changements de communautés de décomposeurs, activité rhizosphérique) et des effets indirects (modification du climat). Une incubation de litière racinaire en sachet est réalisée durant une année dans des monolithes de prairies qui subissent 4 traitements climatiques (C=Control, T=Température, TD=Température + Sécheresse estivale, TDCO₂=Température+Sécheresse estivale +CO₂ élevé) à -10 cm. Trois mailles différentes permettent de comparer les effets des principaux groupes de décomposeurs: 5µm=bactéries, 50µm=champignons+bactéries, 1000µm=exclusion de la macrofaune uniquement. L'observation confirme l'absence de filaments fongiques dans les sachets de maille 5µm et de racine pour la maille 50µm. Des analyses chimiques (C, N, parfois selon méthode Van Soest) sont réalisées sur la litière pendant la décomposition. Pour la maille standard 1mm, nos résultats confirment que la température accélère la décomposition alors que la sécheresse estivale n'induit aucun effet. L'augmentation de la concentration en CO₂ accélère la vitesse de décomposition probablement via l'augmentation de l'activité rhizosphérique (rhizodéposition, respiration). Sous le climat témoin, l'ensemble du réseau trophique étudié (1mm) décompose plus rapidement la litière que les bactéries et champignons. Les bactéries sont toutefois responsables de la majorité de la décomposition. L'inclusion des champignons ne modifie pas ces taux. Cependant, l'analyse des différents composés pariétaux montre que le groupe champignons+bactéries accélérerait la décomposition de la lignine aux dépens de l'hémicellulose. Sous climat réchauffé, les composés pariétaux sont décomposés à la même vitesse quels que soient les niveaux trophiques impliqués, alors que l'effet CO₂ n'est observé que si la totalité du réseau trophique est prise en compte. L'interaction climat et décomposeurs permet entre autre d'accélérer la décomposition de la lignine. Ces résultats suggèrent que les groupes de décomposeurs sont différemment affectés par le changement climatique via une combinaison d'effets directs et indirects.

Contact : Rémi Pilon - INRA Clermont-Ferrand - remi.pilon@clermont.inra.fr

Session 46 : Couplages réseaux trophiques - flux biogéochimiques dans les écosystèmes terrestres et aquatiques

Les apports allochtones de pollen favorisent la production zooplanctonique dans un écosystème aquatique d'eau douce

Hélène Masclaux - Alexandre Bec - Marie-Elodie Perga - Martin Kainz - Maiko Kagami - Christian Desvillettes - Gilles Bourdier

Durant ces dix dernières années, de nombreux auteurs ont suggéré que les apports en matières organiques allochtones jouaient un rôle important dans le fonctionnement des réseaux trophiques en milieu aquatique. Il a en effet été montré que les apports provenant en partie de la décomposition de la végétation terrestre et dans une moindre mesure de proies terrestres, étaient une source d'énergie importante soutenant la production secondaire dans les milieux aquatiques. Dans les forêts boréales et dans les plaines d'inondation, les milieux aquatiques font également l'objet de larges dépôts de pollen provenant de la pollinisation d'espèces anémophiles. Ces dépôts, bien que ponctuels, peuvent dans certains écosystèmes s'élever à plusieurs centaines de Kg par hectare et représenter des apports en nutriment non négligeables pour les écosystèmes aquatiques. Il arrive de plus que la présence de sacs aériens empêche les grains de pollen de couler. Ceux-ci favorisent alors l'apparition d'un biofilm neustonique induisant une hétérogénéité spatiale dans la distribution des sources de matière organiques. L'objectif de cette étude a été d'évaluer l'importance de ces dépôts de pollen pour la production zooplanctonique d'un bras mort de la rivière Allier. A partir du début de la pollinisation de *Pinus* sp. au mois de mai, des prélèvements de plancton (50 cm de profondeur), de neuston (<5mm de surface) et de zooplancton ont été effectués afin d'en suivre la composition taxonomique et biochimique. L'utilisation de méthodes de dénombrement par cytométrie et microscopie nous ont permis de montrer une forte augmentation de l'abondance des bactéries, des flagellés hétérotrophes ainsi que des cellules ciliées dans le biofilm neustonique suite au dépôt de pollen de pin contrairement au plancton. Un transfert de carbone du pollen jusqu'aux espèces zooplanctoniques capables de venir se nourrir sur le neuston a également pu être mis en évidence grâce à l'utilisation de marqueurs biochimiques (isotopes et isotopes d'acides gras). Cette étude nous a ainsi permis de mettre en évidence le transfert de carbone du pollen jusqu'aux producteurs secondaires. Elle nous laisse également penser que cet apport de matière organique allochtone favorise le maintien de la diversité spécifique zooplanctonique en augmentant l'hétérogénéité spatiale et en favorisant le développement d'espèce ayant accès à cette nouvelle source de nourriture.

Contact : Hélène Masclaux - Laboratoire microorganismes : génome et environnement - Aubiere - helene.masclaux@univ-bpclermont.fr

Session 46 : Couplages réseaux trophiques - flux biogéochimiques dans les écosystèmes terrestres et aquatiques

Importance nutritionnelles des sources alimentaires dans un réseau trophique aquatique : approche par analyse isotopique des acides gras

Apostolos-Manuel koussoroplis - Alexandre Bec - Marie-Elodie Perga - Emmanuil Koutrakis - Aikaterini Kademoglou - Gilles Bourdier - Christian Desvillettes

L'analyse isotopique constitue un des principaux outils utilisés pour l'étude des réseaux trophiques. Toutefois, les approches « classiques » basées sur le carbone total, permettent uniquement d'estimer l'importance quantitative d'une source alimentaire pour les consommateurs sans pour autant renseigner sur leur qualité nutritionnelle. Dans des écosystèmes tels que les lagunes côtières, caractérisés par une production primaire et des apports allochtones très diversifiés, l'importance quantitative et la qualité nutritionnelle peut ne pas être corrélée entre les différentes sources de matière organique. Dans ce contexte, nous avons suivi à l'aide d'analyses de contenus stomacaux et d'analyses isotopiques (carbone total et acides gras), le passage d'un régime alimentaire zooplactonophage vers un régime alimentaire benthique plus diversifié chez les alevins du mullet *L. saliens* dans une lagune méditerranéenne. L'analyse des contenus stomacaux et l'analyse isotopique « classique » confirment ce passage vers des ressources alimentaires benthiques. Néanmoins, bien qu'on observe, en accord avec le $\delta^{13}\text{C}$ plus élevé des ressources alimentaires benthiques, un enrichissement du $\delta^{13}\text{C}$ de nombreux acides gras de *L. saliens*, certains AG et notamment le 22:6 ω 3 gardent un $\delta^{13}\text{C}$ typiquement phytoplanctonique. Cet acide gras essentiel pour les organismes aquatiques, joue un rôle clé dans de nombreux processus physiologiques et détermine le taux de survie et le bon développement chez les alevins. Ainsi, en étant la seule source de 22:6 ω 3, le compartiment planctonique peut déterminer l'efficacité de croissance des alevins benthiques malgré sa moindre contribution à leur biomasse.

Contact : Apostolos-Manuel Koussoroplis - Université Blaise Pascal, UMR CNRS 6023 LMGE - Clermont-Ferrand - a-manuel.koussoroplis@univ-bpclermont.fr

Session 46 : Couplages réseaux trophiques - flux biogéochimiques dans les écosystèmes terrestres et aquatiques

Dynamique des composés lipidiques essentiels dans le réseau trophique des larves de brochets dans les annexes hydrauliques

Jeremy Sauvanet - Christian Desvillettes - Gilles Bourdier - Alexandre Bec

Pour sa reproduction en milieu fluvial, le brochet (*Esox lucius*) est strictement dépendant des annexes hydrauliques riches en macrophytes. La survie des stades larvaires, et donc le recrutement annuel de cette espèce, dépendent étroitement des plantes immergées (supports de ponte, caches) et de la nourriture zooplanctonique disponible. L'importance nutritionnelle de ces micro crustacés (cladocères, copépodes cyclopoïdes) n'a que rarement été étudiée, notamment en ce qui concerne la couverture en composés lipidiques (acides gras polyinsaturés) nécessaires au développement des larves de brochet (Desvillettes *et al.*, 1997). Dans les annexes hydrauliques, diverses sources de matière organique, d'origine allochtone ou autochtone, peuvent être utilisées directement ou indirectement par ces organismes zooplanctoniques. Dans ce contexte, notre objectif était de préciser l'origine et le transfert trophique du carbone nécessaire à l'élaboration des lipides structurels et de réserve au sein des larves de brochet. Sur un bras mort de la rivière Allier (France, 03) un échantillonnage hebdomadaire des larves de ce poisson, de leurs proies dominantes, ainsi que des différentes sources de matière organique présentes (macrophytes, débris végétaux allochtones, phytoplancton, périphyton) a ainsi été réalisé. Sur le plan analytique, l'utilisation combinée des biomarqueurs lipidiques et du fractionnement isotopique du carbone des acides gras (AICS), nous a permis de mieux appréhender l'importance des microorganismes et des micro crustacés dans la synthèse et le transfert des acides gras, ainsi que l'importance de ces molécules pour le développement des alevins de brochets.

Contact : Jeremy Sauvanet - UMR CNRS 6023 - LMGE - Aubiere - jeremy2020@wanadoo.fr

Session 47 : Intégration de l'interaction Génotype x Environnement dans l'étude des capacités d'adaptation

Lecture de la plasticité des arbres forestiers à partir du matériau bois

Laurent Bouffier - Jean-Marc Gion - Anne-Sophie Sergent - Leopoldo Sanchez - Philippe Rozenberg - Christophe Plomion

Le changement climatique va modifier profondément les enveloppes des aires climatiques de répartition des arbres forestiers. Pour faire face à ces changements brutaux à l'échelle d'une génération d'arbres, l'adaptation de ces organismes longévifs fera surtout appel à leur plasticité. Le cambium des arbres met en place le xylème secondaire ou bois qui assure à la fois des fonctions de support, de stockage de réserves et de conduction de la sève brute. Les propriétés hydrauliques du bois, qui jouent notamment un rôle essentiel dans la résistance à la sécheresse, sont étroitement liées à son anatomie. Martinez-Meier *et al.* (2008) ont pu montrer, chez le douglas, un lien entre la densité du bois et la survie des arbres après la sécheresse de l'été 2003 : il est donc possible d'associer une valeur adaptative aux propriétés du bois. C'est pourquoi l'analyse rétrospective de la réponse des arbres aux variations climatiques à travers l'étude des cernes successifs du bois est une approche prometteuse pour évaluer leur capacité d'adaptation. Dans ce contexte, nous avons estimé la plasticité phénotypique des arbres forestiers par des analyses de la densité du bois et du fonctionnement du cambium. Ces dernières reposent sur la comparaison des phénotypes d'une même entité génétique évaluée sur des sites différents (sec, mésophile ou humide) ou à des périodes contrastées au cours d'une année de végétation (printemps, été) ou entre années climatiques différentes (années sèches, humides). Le déterminisme de cette plasticité a également été étudié à partir d'analyses phénotypique, génétique et moléculaire.

Contact : Laurent Bouffier - FCBA - Bordeaux - bouffier@pierroton.inra.fr

Session 47 : Intégration de l'interaction Génotype x Environnement dans l'étude des capacités d'adaptation

Vers une meilleure compréhension écologique et évolutive de la tolérance au zinc chez *Arabidopsis halleri*

Isabelle Decombeix - Pierre Saumitou-Laprade - Hélène Frérot - Anne Créach - Angélique Bourceaux - Cédric Glorieux - Cécile Godé - Maxime Pauwels - Antoine Tailliez - Guillaume Capet

D'un point de vue écologique, la tolérance est définie comme la capacité que possèdent les organismes à se maintenir, c'est-à-dire à se développer et à se reproduire, dans des conditions stressantes. *Arabidopsis halleri* (Brassicaceae) est une espèce capable de se développer sur des sols fortement contaminés en zinc. Chez cette espèce, la tolérance au zinc est un caractère commun à tous les individus. Néanmoins, des variations quantitatives importantes ont été observées. Pour comprendre l'évolution de la tolérance au zinc, il est nécessaire de déterminer les mécanismes génétiques sous-jacents. L'analyse QTL (Quantitative Trait Loci), notamment, fondée sur l'étude génétique et phénotypique d'une descendance de croisement, permet d'étudier l'architecture génétique de caractères quantitatifs et d'identifier les régions génomiques impliquées dans le déterminisme du caractère. Chez *A. halleri*, trois régions QTLs impliquées dans la tolérance au zinc ont déjà été mises en évidence grâce à l'étude d'une descendance de type backcross provenant d'un croisement interspécifique *A. halleri* x *A. lyrata*. Les résultats de l'analyse QTL dépendent fortement de la nature du phénotypage effectué. Chez *A. halleri*, les résultats proviennent d'un phénotypage en hydroponie par mesure de la dose minimale de zinc provoquant l'arrêt de la croissance racinaire. Cependant cette méthode de phénotypage s'éloigne des conditions en milieu naturel et réduit la tolérance à au compartiment racinaire. Or, chez les espèces hyperaccumulatrices comme *A. halleri*, les feuilles, organes de stockage, sont supposées être au moins aussi sensibles que les racines à l'intoxication par les métaux. Afin de mieux appréhender les mécanismes de la tolérance au zinc chez *A. halleri*, deux nouveaux types de phénotypage ont donc été mis en place. Ils se fondent d'une part sur une méthode de mesure de la croissance foliaire sur terreau pollué, d'autre part sur différentes mesures morphologiques et physiologiques, (biomasse, rendement photosynthétique...) en hydroponie. Notre étude a porté sur 150 individus de la même descendance que précédemment. Les génotypes ont été phénotypés par les deux nouvelles méthodes, ainsi que par le test d'arrêt de la croissance racinaire, utilisé dans les études précédentes. Nous avons ainsi pu (1) tester la répétabilité dans la détection de QTLs, (2) mettre en évidence l'impact de la méthode de phénotypage (différents traits, différents substrats) sur la détection des QTLs, (3) mieux comprendre et définir la tolérance au zinc d'un point de vue écologique et adaptatif.

Contact : Isabelle Decombeix - Laboratoire GEPV - Lille - isabelle.decombeix@ed.univ-lille1.fr

Session 47 : Intégration de l'interaction Génotype x Environnement dans l'étude des capacités d'adaptation

Distribution de la diversité génétique adaptative pour 23 plantes alpines

Stéphanie Manel - Félix Gugerli - Wilfried Thuiller - Nadir Alvarez - Rolf Holderegger - Pierre Legendre - Pierre Taberlet

La vitesse sans précédente des changements globaux induite par l'homme exige que les espèces migrent ou s'adaptent aux nouvelles conditions si elles ne veulent pas disparaître. Dans ce contexte comprendre la réponse génétique adaptative des espèces en réponse aux pressions environnementales est indispensable pour mieux comprendre le potentiel des espèces à s'adapter. Si la réponse phénotypique des espèces a déjà été bien étudiée, l'étude de la réponse génétique adaptative des espèces non modèles sur lesquelles les connaissances génétiques (génome inconnu) sont limitées reste encore un challenge à l'heure actuel. Les avancées génomiques récentes ont permis de développer un grand nombre de marqueurs moléculaires chez beaucoup d'individus échantillonnés dans de nombreuses populations. Cette approche, large échelle, permet d'étudier les interactions environnement géotypes chez des organismes non modèles et de décrire la distribution de la diversité génétique adaptative. Les résultats issus de ces études permettront d'établir des hypothèses sur les mécanismes à l'origine des patrons de distribution de la variation génétique adaptative. Je vais présenter dans cet exposé des résultats sur l'étude de l'influence de l'environnement sur la distribution de la fréquence allélique de 2687 marqueurs AFLP typés chez 5631 individus issus de 23 espèces de plantes alpines communes échantillonnées dans les Alpes Européennes. Après avoir contrôlé pour la structure spatiale nous avons montré que la distribution de 352 marqueurs est influencée par la température et les précipitations. Ces deux variables sont connues pour avoir une influence sur la survie des plantes alpines. Ces loci identifiés comme important d'un point de vue écologique sont des gènes candidats potentiels chez ces espèces non modèles. Ce travail ouvre de nouvelles perspectives pour comprendre la réponse adaptative des espèces alpines aux changements climatiques.

Contact : Stéphanie Manel - Laboratoire d'Écologie Alpine (LECA) - Grenoble - stephanie.manel@ujf-grenoble.fr

Session 47 : Intégration de l'interaction Génotype x Environnement dans l'étude des capacités d'adaptation

Rôle de l'épigénétique dans l'évolution adaptative

Julie Lepesant - Céline Cosseau - Cécile Perrin - Guillaume Mitta - Christoph Grunau

Tous les êtres vivants sont exposés à un environnement variable. Afin de maintenir une fitness maximale, ils doivent être capables d'exprimer des phénotypes leur permettant de s'adapter ou de s'acclimater aux variations parfois stressantes. La capacité des individus à produire différents phénotypes dépend du génotype mais aussi de l'épigénotype. Des études récentes indiquent que l'environnement peut induire des changements épigénétiques, éventuellement hérités par les générations futures. Ces changements épigénétiques produisent des changements phénotypiques sans impliquer de mutations de l'ADN, la plupart de ces modifications restant réversibles. Les interactions hôtes/parasites sont des modèles adaptés pour aborder expérimentalement ce genre de questions, car il s'agit de systèmes pour lesquels les pressions sélectives sont fortes et l'évolution rapide, l'environnement hôte étant hostile pour le parasite et vice-versa. Les schistosomes (agents des bilharzioses humaines) sont un excellent modèle de biologie évolutive, parfaitement adapté à ces questions, puisqu'il est le terrain d'une véritable course aux armements tant dans l'interaction avec ses hôtes définitifs qu'intermédiaires. De nombreuses études réalisées par notre groupe à ce sujet et portant sur le polymorphisme de compatibilité et le polymorphisme antigénique ont illustré ces phénomènes. Nous suggérons qu'un stress environnemental peut entraîner des modifications épigénétiques, produisant ainsi de nouveaux phénotypes sur lesquels la sélection naturelle peut agir. Ce mécanisme pourrait s'observer par une augmentation ou une diminution de la variabilité phénotypique. Nous avons décidé d'étudier la variabilité épigénétique et phénotypique associée, chez *Schistosoma mansoni*, en le soumettant à différents stress (hôte allopatrique, drogues antihelminthes, stress oxydatif...). Nous utiliserons des approches de génomique (ChIP-Seq, RNA-Seq, DNA-Seq) et des loci candidats comme des sentinelles des modifications de l'épigénotype (et/ou du génotype, éventuellement) liées aux variations environnementales. Notre travail a pour but de montrer que l'épigénétique accélère l'évolution dans un scénario où l'environnement agit en tant qu'inducteur et agent sélectif de nouveaux phénotypes.

Contact : Julie Lepesant - UMR 5244 CNRS UPVD CBETM - Université de Perpignan - Perpignan - julie.lepesant@free.fr

Session 48 : Ecologie du déplacement : tracking, cartographie des habitats et modélisation

Analyse de trajectoires animales par ondelettes et ponts aléatoires : des informations cachées

Cédric Gaucherel - Simon Benhamou

Les analyses de trajectoires d'animaux fournissent des renseignements sur les individus en déplacement, mais aussi sur leur environnement, et finalement sur leurs relations à l'environnement. Ces trajectoires, qui sont aujourd'hui enregistrées de plus en plus finement, montrent parfois des propriétés très délicates à analyser avec les outils statistiques habituels (à base de moments). On peut par exemple chercher à détecter des événements non-stationnaires (des changements abrupts) qui nécessiteront des méthodes d'analyse dites temps-fréquences, comme la transformée en ondelettes. On peut également vouloir estimer la probabilité qu'a un individu de passer par certains endroits entre un point de départ et un point d'arrivée. Là où les analyses habituellement utilisées n'imposent pas de contraintes sur ces points extrêmes du mouvement, les ponts aléatoires offrent d'estimer cette probabilité conditionnelle.

Nous proposons d'analyser une même trajectoire à l'aide de ces deux outils pour caractériser et quantifier des propriétés difficiles, sinon impossible, à déceler : i) caractérisation des différents régimes de mouvement de l'animal ; ii) identification des relations entre ces régimes et l'environnement qui l'accueille; et iii) estimation de la distribution de probabilité entre les points de départ et d'arrivée de la trajectoire. Nous avons analysé la trajectoire d'un buffle du parc W en Afrique de l'Ouest, enregistré à la résolution temporelle de trois minutes pendant plusieurs jours. Ces mesures proviennent du projet ANR « Mobilité » porté par le CIRAD, et ont été mises en regard de mesures environnementales concernant notamment la végétation rencontrée par l'animal.

Cette trajectoire montre une sélection préférentielle de certains habitats et de leurs ressources que les deux outils d'analyse, complémentaires, mettent clairement en évidence. Des hypothèses plausibles sur le déplacement de l'animal mettent en lumière les différents régimes par lesquels passent l'animal, à différentes échelles temporelles (et spatiales). Une étude des ponts aléatoires de la même trajectoire montre un bon accord entre l'attendu et l'estimé des zones traversées au cours du déplacement. Ces outils ouvrent des pistes complémentaires pour les futures analyses de mouvements en écologie, ou plus largement, en biologie.

Contact : Cédric Gaucherel - INRA – EFPA, UMR AMAP - Montpellier - gaucherel@cirad.fr

Session 48 : Ecologie du déplacement : tracking, cartographie des habitats et modélisation

Sélection de l'habitat et déplacement du chevreuil dans un paysage agricole moderne

Nicolas Morellet - Michel Goulard

Comprendre comment les patrons de sélection de l'habitat par les animaux varient en relation avec la structure du paysage est essentiel pour prédire les réponses écologiques des espèces aux changements globaux et aux modifications du paysage. Nous souhaitons analyser la plasticité comportementale du chevreuil (*Capreolus capreolus*) en termes de sélection de l'habitat en relation avec l'hétérogénéité en disponibilité d'habitats au sein du paysage à différentes échelles spatiales. En effet, les chevreuils (comme bon nombre d'ongulés) sont en expansion démographique et géographique ces dernières décennies et donc un enjeu financier non négligeable (chasse, dégâts, collisions routières...), et peuvent être vecteurs de maladies et agir sur la biodiversité. Il semble donc important de mieux comprendre comment le chevreuil utilise son habitat pour notamment connaître quels sont les préférences du chevreuil en termes d'habitats pour se déplacer dans le paysage ? Pour ce faire, nous suivons par télémétrie une population de chevreuils dans le sud de Toulouse depuis plusieurs années. Cette population vit dans un paysage agricole moderne présentant différents niveaux de fragmentation du milieu boisé. Pour caractériser les habitats, nous avons digitalisé toutes les unités paysagères (parcelles agricoles, routes, bois, haies, etc...) de la zone d'étude que nous renseignons annuellement dans notre SIG. Pour analyser les déplacements des chevreuils, nous avons modélisé les mouvements à partir de l'approche basée sur les SSF (step selection function). Cette méthode nous a permis de mettre en évidence l'évitement des bâtis et des routes par le chevreuil. Plus récemment, nous avons développé une approche basée sur les RSPF (resource selection probability function) qui nous permet de modéliser les mouvements des animaux en mettant en évidence une sélection de l'habitat différentielle en fonction de l'ouverture du paysage. Nous avons également modélisé la distance parcourue par ces animaux, pour appréhender leurs rythmes d'activité de déplacement au cours de la journée et de l'année. Cette approche basée sur des modèles additifs généralisés mixtes, permet de tenir compte de l'autocorrélation temporelle et de lisser l'information. Nous montrons comment ces diverses approches peuvent aider à décrypter les choix des animaux en termes d'habitats.

Contact : Nicolas Morellet - INRA - CEFS - Castanet-Tolosan cedex - Nicolas.Morellet@toulouse.inra.fr

Session 48 : Ecologie du déplacement : tracking, cartographie des habitats et modélisation

Différences inter-spécifiques du déplacement de grands herbivores en milieu alpin

Zulima Tablado - Anne Loison - Sonia Said - Gilles Bourgoïn

Les espèces de grands herbivores doivent assurer leurs besoins énergétiques avec des ressources alimentaires qui leur demandent le plus souvent de faire un compromis entre qualité et quantité. L'exigence de la qualité se paie en général par un temps de recherche plus grand. Il devrait donc être possible de différencier des espèces aux exigences différentes en analysant leur trajectoire de déplacement dans le paysage. Nous avons ainsi étudié les trajectoires de chamois, de mouflons et de chevreuils coexistant sur un même site (le Massif des Bauges dans les Alpes du Nord), à partir de localisations GPS. Nous nous sommes intéressés à l'hypothèse que (1) la tortuosité et la distance parcourue sont les plus élevées pour le chevreuil (espèce sélective), puis le chamois et enfin moindres pour le mouflon, (2) les échelles spatiales qui pourraient correspondre à des sessions d'alimentation diffèrent entre les espèces et suivant les types d'habitat utilisés (notamment forêts versus pelouses d'altitude). Nous discutons ensuite des implications de ces différences sur la coexistence des grands herbivores dans les milieux de montagne.

Contact : Zulima Tablado - CNRS, UMR 5553, LECA - Chambéry - zutal@ebd.csic.es

Session 48 : Ecologie du déplacement : tracking, cartographie des habitats et modélisation

Déplacement et sélection de l'habitat à différentes échelles spatio-temporelles chez le buffle africain

Daniel Cornelis

L'analyse des patrons de déplacement de la faune sauvage est une source importante d'information sur les processus sous-jacents qui régissent le comportement animal. Les études abordant ces questions analysent le plus souvent le déplacement animal à une seule échelle, alors que les règles employées par les animaux pour organiser leurs déplacements répondent à des contraintes opérant simultanément à plusieurs échelles spatiotemporelles.

Nous abordons dans cette communication la question de savoir comment les mouvements du buffle Ouest-africain sont organisés à différentes échelles, en relation avec leur habitat. Au moyen de colliers GPS, nous avons suivi les déplacements de 7 troupeaux au Parc Régional W (Niger, Bénin, Burkina Faso) à différentes fréquences d'échantillonnage, dans le but de scanner une gamme d'échelles aussi large que possible (d'une localisation toutes les 3 heures jusqu'à une localisation toutes les 5 minutes). En parallèle, une suite de variables environnementales a été réalisée en s'appuyant aux échelles les plus grandes sur des données de télédétection (NDVI, carte d'occupation du sol, etc.) et, aux échelles les plus petites, sur des reconstitutions de trajets au sol (ressources disponibles, prélèvements alimentaires, etc.). Le champ de ce travail aborde donc des échelles spatiotemporelles comprises entre le domaine vital saisonnier et le patch d'alimentation.

Notre approche méthodologique a consisté à exploiter le comportement de déplacement de l'animal pour isoler des échelles sur une base fonctionnelle, et non pas arbitraire. A grande échelle, nous montrons comment les dynamiques spatiotemporelles des ressources en fourrage et en eau façonnent les domaines vitaux saisonniers et stimulent des déplacements directionnels inter-saisonniers. Nos résultats soulignent également l'importance des herbacées pérennes, dont la phénologie est exploitée par le buffle en période de soudure alimentaire. L'analyse des déplacements à petite échelle montre comment le buffle adapte son budget d'activité journalier et ses stratégies de déplacements inter-saisonniers en réponse à l'évolution de la disponibilité des ressources. L'organisation de l'espace entre troupeaux voisins suggère enfin aux différentes échelles l'existence d'une compétition spatiale, agissant comme une contrainte endogène majeure sous laquelle les facteurs mentionnés ci-dessus opèrent.

Contact : Daniel Cornelis - UR AGIRS - CIRAD Montpellier - daniel.cornelis@cirad.fr

Session 48 : Ecologie du déplacement : tracking, cartographie des habitats et modélisation

Rôle des points d'eau dans l'écologie spatiale des grands carnivores en savane semi-aride

Marion Valeix

L'interaction entre la structure de l'environnement et la distribution spatiale et les déplacements des animaux sous-tend de nombreux processus écologiques et comportementaux. Dans les savanes arides et semi-arides, les points d'eau définissent des habitats particuliers souvent associés à de forts niveaux d'agrégation d'herbivores, particulièrement en saison sèche. La distribution de ces points d'eau définit une hétérogénéité spatiale et contribue fortement à expliquer la distribution des proies pour les carnivores. L'étude présentée porte sur le rôle des points d'eau dans l'écologie spatiale (configuration des domaines vitaux, sélection de l'habitat, déplacements, comportement de chasse) d'un grand carnivore : le lion. L'analyse de données issues de 19 lions équipés de colliers GPS dans le Parc National de Hwange au Zimbabwe a révélé que la taille des domaines vitaux est négativement corrélée au nombre de points d'eau disponibles et les domaines semblent être configurés pour inclure un nombre minimum de points d'eau. Les cartes de déplacements des lions suivis montrent à quel point les points d'eau sont des lieux de passage obligé. Une analyse de sélection de l'habitat a révélé que les lions sélectionnaient fortement les zones à moins de 2 km d'un point d'eau. De plus, l'analyse des déplacements montre que lorsque les lions sont proches d'un point d'eau, ils se déplacent plus lentement, couvrent des distances plus courtes et ont des déplacements plus tortueux, suggérant un comportement de recherche alimentaire en zone restreinte ; alors que lorsqu'ils sont loin d'un point d'eau, ils se déplacent rapidement et en ligne droite, suggérant l'existence de déplacements orientés. L'étude des zones de chasse avec succès, identifiées à partir de clusters de points GPS et confirmées par la présence de carcasse sur le terrain (N = 209), a révélé que la plupart de ces chasses avaient lieu dans un périmètre de 2 km d'un point d'eau. L'étude des déplacements associés à ces chasses a montré que les lions partent ensuite à plus de 2km de la carcasse (95% des cas) voire 5km (60% des cas) et le plus souvent pour aller vers un autre point d'eau (68% des cas). L'ensemble de ces résultats suggère fortement que les lions effectuent une rotation entre les divers points d'eau de leur domaine vital pour chasser leurs proies. Cette étude illustre à quel point les points d'eau (associés à un niveau fort d'agrégation de proies) jouent un rôle fondamental dans l'écologie spatiale des carnivores en savane semi-aride.

Contact : Marion Valeix - CNRS LBBE UMR5558 - Lyon - mvaleix@yahoo.fr

Session 48 : Ecologie du déplacement : tracking, cartographie des habitats et modélisation

Le risque de rencontre loup-proie : une question de point de vue

Nicolas Courbin - Viviane Fargeot - Daniel Fortin - Christian Dussault - Réhaume Courtois

Les interactions prédateur-proie résultent aussi bien des décisions du prédateur que de celles de ses proies. La cooccurrence des prédateurs et de leurs proies dépend de leur sélection d'habitat (c.-à-d., l'utilisation d'un milieu relativement à sa disponibilité), et est donc étroitement associée à la définition de la disponibilité des composantes du paysage. Tandis que cette disponibilité a fréquemment été représentée à différentes échelles spatiotemporelles, elle n'a pas encore été définie à différents niveaux trophiques. Pourtant une telle considération devrait permettre de préciser le jeu prédateur-proie. Pour évaluer la perception du risque de prédation dépendamment de l'espèce considérée, nous avons suivi simultanément par télémétrie GPS, des loups, des caribous forestiers et des orignaux en forêt boréale aménagée. Nous avons considéré les points d'intersection des trajets des loups avec ceux de leurs proies comme des sites potentiels de rencontre loup-caribou et loup-orignal. Nous avons ensuite déterminé si ces sites étaient répartis de façon aléatoire le long du trajet du prédateur ou des proies. Ainsi, les points de rencontre potentielle étaient communs au prédateur et à chaque proie, tandis que la disponibilité était propre à chacune des trois espèces. Compte tenu de leurs déplacements, les caribous avaient un risque de rencontre avec le loup plus important dans les peuplements mixtes ou feuillus. Au contraire ces lieux de rencontre étaient simplement répartis de façon aléatoire le long des trajets du loup. D'une part, les peuplements mixtes et feuillus colonisant le milieu suite aux interventions forestières seraient donc susceptibles d'augmenter la vulnérabilité du caribou à la prédation. D'autre part, il semble également que le loup ne chasse pas spécifiquement les caribous dans ces peuplements mais les rencontrerait plutôt de manière opportuniste. En revanche, les loups et les orignaux avaient tous deux un risque de rencontre plus élevé à proximité des lacs durant l'été. Ceci indique que les loups chassent spécifiquement les orignaux aux alentours des lacs et que les orignaux malgré un risque de rencontre plus élevé avec le loup utilisent quand même ces milieux, probablement pour s'alimenter de plantes aquatiques. Notre étude démontre que l'observation croisée de réponses comportementales du prédateur et de ses proies, étant donné leurs déplacements, peut nous informer sur le comportement de chasse du prédateur et la nature des compromis effectués par la proie.

Contact : Nicolas Courbin - Université Laval - Québec - niccou@hotmail.com

Session 48 : Ecologie du déplacement : tracking, cartographie des habitats et modélisation

Analyse des trajectoires du zooplancton. Méthodologie et exemples

François G. Schmitt - Sami Souissi - Jiang-Shiou Hwang - Gael Dur - Maud Moison - Mohamed-Sofiane Mahjoub - François-Gaël Michalec

Depuis plusieurs années, notre laboratoire à Wimereux a développé des dispositifs expérimentaux et un cadre méthodologique permettant de recueillir les trajectoires de copépodes (crustacés zooplanctoniques) en laboratoire, de les numériser et les analyser. Cette présentation visera à exposer les principes de notre approche, à présenter la méthodologie mise en œuvre pour l'analyse, et à donner des exemples issus de plusieurs thèses soutenues ou en cours. Les copépodes ont une taille typique de l'ordre du millimètre et sont communs à tous les écosystèmes aquatiques. Ils ont développé des comportements spécifiques pour s'adapter aux propriétés intrinsèques turbulentes de leur environnement, de façon à maximiser certains processus critiques comme l'alimentation, la reproduction et de minimiser les rencontres avec les prédateurs. Dans notre approche, les copépodes sont étudiés, individuellement ou en groupe, dans des aquariums au laboratoire. Les trajectoires 2D ou 3D sont extraites à l'aide de logiciels d'analyse d'image après enregistrement. Différentes analyses quantitatives permettent ensuite de caractériser statistiquement les déplacements de l'animal, en relation avec les conditions de l'expérience. Les méthodes d'analyse de trajectoires utilisées sont les suivantes : d'un côté nous caractérisons la diffusion lagrangienne de l'animal, en estimant comment les déplacements dépendent de l'échelle d'observation. Nous estimons également les distributions de probabilité de la vitesse et de l'accélération de l'animal, ainsi qu'un estimateur indiquant la tortuosité de la trajectoire. D'un autre côté, nous caractérisons les états de nage, utilisant des symboles de type « nage lente », « nage rapide » et « pause ». Les densités de probabilité du temps passé dans chaque état, ainsi que les probabilités de transition d'un état à l'autre, sont utilisés pour caractériser la dynamique symbolique du comportement de l'animal. Ces différentes métriques fournissent des indicateurs utilisés dans un cadre écologique pour étudier l'influence de facteurs environnementaux naturels comme la salinité ou la température mais aussi anthropogéniques (pollution des eaux) sur le comportement de nage. Appliqués à différents milieux et à différentes espèces, ils permettent d'acquérir une meilleure connaissance des mécanismes comportementaux majeurs pouvant influencer les populations zooplanctoniques locales. Ainsi, si une nage rapide a l'avantage de maximiser les chances de rencontrer des particules alimentaires ou un partenaire sexuel, elle a l'inconvénient de rendre le copépode plus vulnérable à la prédation par les larves de poissons. Les résultats obtenus au laboratoire sont ainsi souvent analysés dans un cadre plus global en les combinant aux observations in situ mais également à l'approche de modélisation individu-centré.

Contact : François G. Schmitt - CNRS, UMR LOG - Wimereux - francois.schmitt@univ-lille1.fr

Session 48 : Ecologie du déplacement : tracking, cartographie des habitats et modélisation

Sélection de l'habitat à différentes échelles : application à la conservation en haute mer de l'Albatros hurleur *Diomedea exulans*

David Pinaud - Maite Louzao - Clara Péron - Karine Delord - Thorsten Wiegand - Henri Weimerskirch

La délimitation de zones de protection en haute mer pose des problèmes à différents niveaux, particulièrement lorsque l'on s'intéresse à des prédateurs supérieurs très mobiles et menacés comme les albatros. Ces oiseaux s'alimentent dans un environnement hétérogène et surtout dynamique, où la distribution des proies est très changeante, structurée horizontalement et verticalement selon des processus physiques complexes. Protéger leurs zones d'alimentation des pêcheries intensives et des pollutions nécessite 1 - d'identifier les facteurs caractérisant la distribution de leurs zones d'alimentation ; 2 - de prédire à différentes échelles les concentrations d'individus pour implémenter des zones de protection marines. Basé sur une série de données de tracking à long terme sur le suivi individuel d'Albatros hurleur de Crozet, nous développons ici une procédure à 3 échelles pour identifier les zones clés pour l'alimentation en fonction de variables environnementales. Premièrement, les zones les plus fréquentées par les oiseaux sont identifiées selon une grille où le temps passé par cellule est calculé. Deuxièmement, l'effort de recherche pour chaque individu est estimé selon la méthode du «First-Passage Time», permettant ainsi de déterminer les zones de recherche intenses. Troisièmement, les zones où ont eu lieu les captures de proies sont déterminées à l'aide de sondes stomacales en complément de balises Argos. Enfin, selon des variables environnementales statiques et dynamiques, nous cherchons à expliquer les localisations des zones sélectionnées par les individus selon ces trois approches, afin de proposer des zones de protection à différentes échelles: utilisation de l'habitat, effort de recherche et capture de proies.

Contact : David Pinaud - Centre d'Etudes Biologiques de Chizé - CNRS - Beauvoir-sur-Niort - pinaud@cebc.cnrs.fr

Session 48 : Ecologie du déplacement : tracking, cartographie des habitats et modélisation

De la trajectoire des prédateurs (thoniers senneurs) à la cartographie de leurs proies (thons tropicaux)

Nicolas Bez - Emily Walker - Philippe Gaspar - Daniel Gaertner - Jacques Rivoirard

Les thons tropicaux étant des espèces hautement migratrices et distribuées très largement dans les bassins océaniques, il n'est, en pratique, pas possible de réaliser des campagnes scientifiques pour assurer leur suivi. Les seules données disponibles sont les données de pêche. L'idée poursuivie dans cette étude est de se baser sur l'interprétation des trajectoires des thoniers senneurs, pour proposer la cartographie et le calcul d'un indice d'abondance des thons tropicaux dans l'Océan Indien. A partir des positions GPS horaires des thoniers senneurs français, quatre types d'activités ont été identifiés et associés à chaque élément de leurs trajectoires grâce à un modèle à espaces d'états markoviens cachés inféré dans un cadre bayésien. Ces activités bien que représentées par des variables catégorielles ont une traduction en terme de probabilité de présence de thon et sont donc interprétées comme des variables ordinales. Elles ont été agrégées par cellule de $0.2^\circ / 0.2^\circ$ et par mois selon une règle qui donne priorité à toute présence avérée de thons et qui respecte le caractère ordinal des données de bases. Chaque niveau est représenté par une indicatrice. L'analyse des variogrammes simples et croisés des indicatrices a permis d'analyser la structure spatiale des champs de proies et la mise en évidence de la forte stabilité des structures agrégatives sur la période d'étude (2006-2008). L'ajustement d'un modèle linéaire de corégionalisation a permis de réaliser différents types de cokrigeage. Dans un premier temps, une carte à trois niveaux de probabilité de présence de thon (présence/présence potentielle/absence) a été définie en prenant l'indicatrice correspondant au maximum d'estimation par cokrigeage. Une combinaison linéaire des trois indicatrices basée sur une pondération arbitraire a finalement permis de produire des cartes haute-résolution de distributions des thons tropicaux en ne se basant que sur les trajectoires de leurs principaux prédateurs. Dans un second temps, un co-krigeage global a permis d'estimer un indice d'abondance sur une zone prédéterminée. Une série temporelle d'indice d'abondance est donc produite pour cette zone sans recours aux données déclaratives de captures et d'effort de pêche ce qui représente une alternative séduisante aux pratiques actuelles des groupes d'évaluations des stocks.

Contact : Nicolas Bez - IRD, UMR EME 212 - Sète - nicolas.bez@ird.fr

Session 48 : Ecologie du déplacement : tracking, cartographie des habitats et modélisation

Au-delà des chemins de moindre coût : un simulateur simple de mouvement stochastique pour modéliser la connectivité du paysage

Aurélie Coulon - Steve Palmer - Jean Clobert - Justin Travis

Depuis quelques années, différentes branches de l'écologie utilisent fréquemment une approche appelée « chemins de moindre coût » pour modéliser de façon simple les déplacements d'animaux. Le chemin de moindre coût entre deux points d'un paysage représenté par une grille est l'itinéraire qui minimise la somme cumulée des cellules traversées par ce chemin ; les valeurs (coûts) attribuées à chaque cellule représentent par exemple la demande énergétique requise pour se déplacer à travers la cellule, sa résistance aux déplacements, le temps requis pour la traverser, les risques de mortalité associés, ... Malgré leur utilisation répandue, une limite majeure des chemins de moindre coût est qu'ils supposent que les animaux ont une connaissance parfaite du paysage entier, et qu'ils connaissent leur destination dès leur départ. Ces pré-supposés sont probablement très peu réalistes pour la plupart des mouvements de dispersion, et surtout pour les dispersions à longue distance et les mouvements de dispersion effectués juste après la naissance. Nous proposons une nouvelle méthode permettant de modéliser simplement mais de façon plus réaliste les déplacements d'animaux entre taches d'habitat à travers une matrice hétérogène. Cette méthode suit la même idée de base que les chemins de moindre coût (minimiser les coûts de déplacement), mais en intégrant le fait que i) les individus ne peuvent évaluer le coût de leur déplacement au-delà de leur domaine de perception de l'environnement, et ii) les individus en dispersion ont tendance à suivre des chemins directionnellement corrélés. Cette nouvelle méthode demande donc seulement deux paramètres supplémentaires par rapport à l'approche des chemins de moindre coût: la grandeur du domaine de perception de l'organisme étudié, et le degré de biais directionnel dans ses déplacements. Nous montrons que les prédictions de connectivité relative entre taches d'habitat obtenues par l'approche chemins de moindre coût et par cette nouvelle approche peuvent être très différentes. Nos résultats montrent également que ces estimations sont très sensibles aux domaines de perception des organismes, et au degré de corrélation entre étapes de déplacement.

Contact : Aurélie Coulon - MNHN - Brunoy - acoulon@mnhn.fr

Session 49 : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique

Green chemistry and sugars: a fruitful mixing for new amphiphilic molecules (or surfactants)

Isabelle Rico-Lattes

Amphiphilic molecules (or surfactants) are key components of organized systems as emulsions and microemulsions. Depending of the applications of these systems, it is important to use an appropriate amphiphile for the process under consideration. This requires synthesis by modular methods leading to variations in the structures of the compounds.

In this context, surfactants based on sugars are very important, the sugar part bearing together hydrophilicity, biocompatibility and/or bioactivity. Moreover, considering the crucial importance of developing green chemistry, the use of renewable sugars is also an important goal. Generally, these derivatives from sugars are not readily synthesized as the starting sugars require protection. We present here routes, avoiding protection of the starting carbohydrates, to new series of surfactants derived from lactose and rhamnose, two natural sugars. All these compounds form aggregates in aqueous solutions with corresponding biological properties and vectorization ability (of drugs) depending of the nature of the aggregates.

Contact : Isabelle Rico-Lattes - Laboratory of the IMRCP, UMRCNRS 5623 - University of Toulouse
rico@chimie.ups-tlse.fr

Session 49 : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique

L'écologie chimique des interactions tritrophiques aux niveaux aérien et souterrain

Dr. Ivan Hiltpold

Au cours de l'évolution, les plantes ont élaboré tout un arsenal de défenses physiques et chimiques qui leur permet de faire face à leurs nombreux assaillants. Des études de plus en plus nombreuses suggèrent que les défenses naturelles des plantes, si elles sont bien comprises, peuvent être manipulées dans le but de mieux contrôler les insectes ravageurs. Nous avons étudié une forme de défense indirecte dans lequel la plante, lorsqu'elle est dévorée par des insectes, émet différents composés volatils qui attirent les ennemis naturels des ravageurs, par exemple des guêpes parasitoïdes. En utilisant des plantes de maïs comme modèle, nous avons démontré que ces interactions tritrophiques avaient également lieu sous terre, où des racines endommagées par des insectes émettent des substances qui attirent des nématodes entomopathogènes. Les racines de nombreuses variétés de maïs produisent le sesquiterpène (E)- β -caryophyllène lorsqu'elles sont attaquées par les larves de la féroce chrysomèle des racines du maïs *Diabrotica virgifera virgifera*. Curieusement, la plupart des variétés nord-américaines du maïs ont perdu la capacité de produire cette substance attractrice. Des études en champ ont montré que l'absence de (E)- β -caryophyllène diminuait sensiblement l'attraction des nématodes, ce qui se traduisait par une énorme diminution du taux d'infection des larves ravageuses. Récemment, des transformations génétiques pour restaurer le signal dans une souche américaine ont permis d'augmenter considérablement les capacités d'attraction des nématodes bénéfiques vers la plante, comme l'ont révélé des études en champ. Dans ma présentation, j'évoquerai nos efforts actuels visant à améliorer le potentiel de contrôle biologique des nématodes entomopathogènes.

Contact : Dr. Ivan Hiltpold - Université de Neuchâtel - NCCR Plant Survival - Neuchâtel - Switzerland
ivan.hiltpold@unine.ch

Session 49 : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique

La Chimie Ecologique

Marc Lemaire

Les objectifs de la chimie écologique sont centrés sur les méthodes de synthèses respectueuses de l'environnement. Cette discipline récente s'appuie sur les douze principes de la chimie verte, qui constituent un guide conceptuel de nouveaux schémas de synthèse. Le professeur Marc Lemaire présentera un aperçu des principes de la chimie verte et des procédés verts à travers ses principes, ses méthodes mais aussi ses contradictions.

Contact : Marc Lemaire - Laboratoire de Catalyse et Synthèse Organique - CASO
Université Claude Bernard, Lyon 1, VILLEURBANNE - marc.lemaire@univ-lyon1.fr

Session 49 : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique

Etude des fluctuations de l'expression métabolique de la gorgone rouge méditerranéenne *Paramuricea clavata*

Nicolas Penez - Gérald Culioli - Thierry Perez - Olivier Thomas - Yves Blache

Le monde marin, au sein duquel la vie est apparue il y a plus de 3 millions d'années, a conduit à une adaptation des organismes vivants dans des environnements très divers. De ce fait, ce milieu abrite une biodiversité très riche mais encore méconnue en comparaison de celle inhérente au monde terrestre. A l'heure où les événements climatiques et les activités humaines induisent des dérèglements importants sur le fonctionnement et la productivité de cette biodiversité marine, il est urgent de travailler à son évaluation et à la compréhension des différents facteurs qui la régissent. De telles actions permettront ainsi de mieux la préserver et de la valoriser dans le cadre d'une utilisation durable. Dans ce contexte, la gorgone rouge *Paramuricea clavata*, espèce emblématique des fonds rocheux des côtes du nord-ouest de la mer Méditerranée, constitue un modèle de choix pour une étude en écologie chimique. Le but principal des travaux réalisés consiste en une évaluation de la variabilité de la production en métabolites secondaires par *P. clavata* de façon à : (i) comprendre comment cette gorgone adapte son métabolisme secondaire aux variations environnementales ; (ii) déterminer parmi ces métabolites des bio-indicateurs de l'état physiologique de ces organismes dans la mesure où leur production métabolique serait influencée par leur état de stress. Comme peu d'analyses portant sur la composition chimique de cette espèce ont été réalisées, la première partie de nos travaux a consisté à identifier les métabolites secondaires majoritaires dans les extraits de *P. clavata*. De façon assez surprenante, les molécules isolées sont quasi-exclusivement des alcaloïdes alors que les terpènes et les stéroïdes sont généralement les seuls métabolites décrits chez les cnidaires. Par la suite, un dosage par CLHP/UV/SM de ces composés a été entrepris afin d'évaluer chez *P. clavata* les variations métaboliques intra-coloniales, à micro et macro-échelles, ainsi que celles induites par la présence d'un compétiteur (*Savalia savaglia*, zoanthaire).

Contact : Nicolas Penez - Laboratoire MAPIEM (EA 4323) Université du Sud Toulon-Var, La Garde - Toulon
penz@univ-tln.fr

Session 49 : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique

Médiateurs chimiques d'une ascidie méditerranéenne

Bernard Banaigs - Nathalie Bontemps - Xavier Turon - Annabel Simon-Levert - Susanna Lopez- legentil - Delphine Bry

Les pyridoacridines sont des alcaloïdes polyaromatiques isolés exclusivement d'organismes marins. Plus de 70 de ces alcaloïdes ont été décrits en une trentaine d'années. Ces molécules possèdent une entité structurale commune, le noyau pyrido[2,3,4-kl]acridine. Sur ce squelette tétracyclique peut être fixé un nouveau cycle pyridine, un cycle thiazole ou un cycle thiazinone et/ou une chaîne de type éthylamine pendante ou cyclisée. Les pyridoacridines ont été isolées d'invertébrés marins aussi différents et éloignés d'un point de vue évolutif que des éponges, des anémones de mer ou des ascidies. Prenant l'ascidie *Cystodytes dellechiaiei*, présente en Méditerranée Occidentale, comme modèle d'étude pour sa capacité à biosynthétiser des pyridoacridines, nous avons étudié le rôle de ces métabolites dits secondaires pour l'organisme producteur et les facteurs contrôlant leur production. Cette étude a permis notamment de : - montrer l'existence d'une variabilité chimique (chimiotypes) associée aux différences morphologiques observées (chromotypes) au sein de l'espèce, en relation avec une variabilité génétique, - montrer le rôle de défense (prédateurs, fouling) que jouent dans la nature les pyridoacridines, - localiser les pyridoacridines dans l'organisme (cellules animales vs microorganismes), - montrer l'existence d'un bilan énergétique ("trade-offs") entre coûts dédiés à la production des métabolites bioactifs et coûts dédiés à d'autres fonctions biologiques (croissance et reproduction).

Contact : Bernard Banaigs - INSERM- Perpignan - banaigs@univ-perp.f

Session 49 : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique

Bioactivity and secondary metabolite variation in relation to biotic and abiotic factors: chemical ecology study of a new Mediterranean *Oscarella* species (*Porifera*, *Homoscleromorpha*)

Julijana Ivanisevic - Olivier Thomas - Laura Pédel - Alexander Ereskovsky - Thierry Perez

The genus *Oscarella* belongs to a small and challenging sponge clade, Homoscleromorpha, whose phylogeny is still debated and which has been little studied in terms of chemistry. Identification at species level is troublesome in the highly diversified *Oscarella* genus which lacks a skeleton, a fundamental character of sponge taxonomy. A new Mediterranean species of *Oscarella* grows mainly in semi-dark caves and coralligenous communities where it co-occurs with other common species, *Oscarella tuberculata* and *Oscarella lobularis*. Up to now, it has been reported along the coast of Provence and Corsica, in the south of Spain and Croatia. In general, *Oscarella* species are dominant components of certain communities and may constitute particular facies. Therefore, they seem to be good competitors for space. *Oscarella* sp. nov. has often been observed to colonize other massive sponge species as well as gorgonians and bryozoans. This capacity to overgrow different biological substrates could be inferred by an efficient secondary metabolism and the chemical defenses it confers. *Oscarella* sp. nov. was identified and described using morphological, cytological, chemical and genetic characters. Growth patterns detected by the analysis of *in situ* pictures taken during a photogrammetric monitoring (2002-2007) reveal a highly dynamic species. The life cycle and the natural fluctuation of two metabolic indicators with a high energetic cost, reproductive effort and bioactivity, were studied on a subsequent temporal series of samples (2007-2009). *Oscarella* sp. nov. is gonochoric and ovoviviparous, having a seasonal life cycle with an annual reproduction peak during spring. Significant variation of crude extract bioactivity was observed in time and we attempted to explain it by correlations with other factors such as reproductive effort, substrate type, season, water temperature and secondary metabolite expression. A significant decline in bioactivity and therefore chemical defense capacity was observed in spring, corresponding to the period of embryogenesis and larval development. A negative correlation between bioactivity and water temperature could also be evidenced. The metabolic fingerprint analysis (HPLC-ELSD-MS) revealed variation in the expression level of several major metabolites leading to a distinction of different metabolic phenotypes. The metabolic phenotypes characterized by high expression pattern of one particular group of metabolites is associated to individuals displaying the lowest bioactivity and highest reproductive effort. It seems that optimization of resource allocation, clearly observed in the peak of the reproductive season and probably influenced by a combination of interacting biotic and abiotic factors, shaped the observed variation in bioactivity.

Session 49 : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique

Macroevolution des terpénoïdes volatils en Guyane Française : Un test de la théorie de la coévolution plantes-herbivores

Elodie Courtois - C.E. Timothy Paine - Kyle G. Dexter - Christopher Baraloto - Jérôme Chave

Les métabolites secondaires chez les plantes se caractérisent par une extrême diversité de composés, avec près de 200 000 composés décrits. Les théories sur la coévolution entre les plantes et les herbivores proposent que la pression imposée par les herbivores serait la force principale de diversification de ces composés de défense. Selon cette théorie, la diversité chimique des composés de défense des plantes devrait ainsi montrer un patron d'augmentation au cours de l'évolution. Une telle augmentation de la diversité chimique n'a été que rarement mise en évidence et la plupart du temps pour des classes de composés restreintes à certains groupes d'espèces. Néanmoins, pour les composés qui sont apparus tôt au cours de l'évolution des végétaux, cette tendance devrait être encore plus marquée. C'est le cas des terpénoïdes volatils, en particulier les monoterpènes et les sesquiterpènes qui sont largement distribués chez les espèces végétales. Nous avons analysé la composition en terpènes volatils pour 202 espèces réparties dans 172 genres d'arbres tropicaux de Guyane française, représentant 45% de la diversité générique du plateau des Guyanes. Nous avons combiné ces données de composition avec une hypothèse phylogénétique originale basée sur 627 espèces de Guyane Française. En reconstruisant l'état ancestral de chaque caractère par des méthodes de maximum de parcimonie, nous avons déterminé le nombre de composés à chaque nœud de la phylogénie. Les résultats de cette étude sont en cohérence avec les prédictions de la théorie de la coévolution. Le nombre de composés reconstruits à chaque nœud de la phylogénie est corrélé négativement avec la profondeur du nœud, indiquant une augmentation de la diversité chimique au cours de l'évolution. Le taux d'apparition des nouvelles molécules est plus lent que le taux d'apparition de nouvelles espèces, ce qui peut être dû à un échantillonnage incomplet d'espèces ou au fait que certains clades (Ericales, Gentianales, Malpighiales et Rosales) ne présentent pas cette tendance phylogénétique.

Contact : Elodie Courtois - laboratoire EDB, UMR 5174 - Toulouse - courtoiselodie@gmail.com

Session 49 : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique

Coexistence stable de deux pollinisateurs chez *Ficus natalensis* dans le Kwazulu Natal (Afrique du Sud)

Amandine Cornille - Magali Proffit - Martine Hossaert - Mc Key - Finn Kjellberg - Steve Johnson - Simon Van Noort - Jenny Underhill

Les interactions entre les figuiers et leurs guêpes pollinisatrices sont considérées depuis toujours comme des modèles de mutualismes strictement spécifiques. En effet, chaque espèce de figuier est obligatoirement pollinisée par une seule espèce de guêpe qui en retour se reproduit uniquement dans les figes de son espèce hôte. Le signal chimique émis par les figes permet à lui seul le maintien de la spécificité de nombreuses interactions figuier/pollinisateur. Cependant, des études moléculaires récentes révèlent la présence d'espèces cryptiques de pollinisateurs, impliquant des cas de non spécificité stricte dans certaines interactions figuier/pollinisateur. Dans le KwaZulu-Natal (Afrique du Sud) *Elisabethiella stuckenbergii*, le pollinisateur de *Ficus burkei* a été observé dans les figes de *F. natalensis natalensis* avec *E. socotrensis*. Nous avons étudié ce système en utilisant des données démographiques et chimiques afin de comprendre les facteurs écologiques permettant la présence de deux espèces de pollinisateurs sur une même espèce de figuier hôte. Nous montrons que les deux pollinisateurs coexistent de manière stable sur un transect de 300km malgré une corrélation négative entre la présence de *E. stuckenbergii* et *E. socotrensis* au sein d'une même figue, mais aussi plus largement à l'échelle de l'aire d'échantillonnage, suggérant une compétition intra-figue pour la ressource entre ces deux pollinisateurs. Nous montrons d'autre part qu'il n'existe pas de différences significatives inter-populations du signal chimique émis par *F. n. natalensis* sur ce transect, pouvant ainsi expliquer la distribution homogène de ces deux espèces de pollinisateurs. Enfin, la similarité des messages chimiques émis à réceptivité par les deux espèces de figuiers hôtes pourrait expliquer le saut d'hôte de *E. stuckenbergii* vers *F. n. natalensis*.

Contact : Amandine Cornille - ESE - UMR 8079 / CEFE - UMR5175 - Orsay / Montpellier - amandine.cornille@u-psud.fr

Session 49 : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique

Variations géographique des profils d'odeurs chez deux espèces d'*Arum* dupant leurs pollinisateurs

Marion Chartier - Laurent Pelozuelo - Marc Gibernau - Bruno Buatois - Jean-Marie Bessière

Arum italicum et *Arum maculatum* sont deux espèces proches dupant des pollinisateurs de l'ordre des diptères pour assurer leur pollinisation. Ces deux espèces ont des degrés de spécificité différents pour leurs pollinisateurs. Pendant deux années consécutives, nous avons comparé la diversité des pollinisateurs et des odeurs attractives de ces deux espèces entre différentes populations. Les odeurs florales ont été collectées par la méthode de micro-extraction sur phase solide (SPME). Nos données confirment que du point de vue pollinisation, *Arum italicum* est un opportuniste, pollinisé par des insectes des familles des Psychodidae, Chironomidae et Sciaridae, en proportions variables d'une population à l'autre ; *Arum maculatum* est par contre spécialiste, pollinisé à plus de 90% par des Psychodidae dans toutes les populations étudiées. Dans ces populations, *Arum maculatum* est plus attractif qu'*Arum italicum*. La structuration géographique des profils d'odeurs entre les populations est différente pour les deux espèces : nous avons mis en évidence une structuration géographique des odeurs entre les populations pour *Arum maculatum*, le spécialiste, contrairement à *Arum italicum*, le généraliste. L'interaction entre ces deux espèces d'*Arums* et leurs pollinisateurs varie donc entre les populations, formant une mosaïque géographique de coévolution. Nous étudions les causes évolutives de ces variations plus finement par des biotests sur les insectes et des transplantations entre sites.

Contact : Marion Chartier - Ecofog - Kourou - chartier.marion@gmail.com

Session 49 : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique

Des odeurs pour la protection des cultures

Sébastien Dugravot - Anne-Marie Cortesero

En réponse aux attaques d'insectes phytophages, les plantes se défendent activement en produisant des composés chimiques qui agissent directement sur la physiologie et/ou le comportement de leurs agresseurs. Ces plantes peuvent également se défendre indirectement en favorisant l'action des ennemis naturels (prédateurs ou parasitoïdes ; également appelés entomophages) des phytophages, notamment à travers l'émission de substances volatiles qui guident ces ennemis naturels dans leur quête d'hôtes ou de proies. Ces signaux volatils peuvent être perçus à la fois par des phytophages conspécifiques, des phytophages hétérosécifiques et des entomophages et influencer l'utilisation des ressources (plantes, hôtes ou proies) par ces différents organismes. Les composés chimiques impliqués dans les systèmes de défenses des plantes peuvent ainsi jouer un rôle clé dans la structuration des communautés d'arthropodes inféodées à une plante. Par ailleurs, de par leur effet attractif sur les auxiliaires et/ou répulsifs sur les phytophages, ces composés volatils peuvent être utilisés pour renforcer les stratégies de protection intégrée des cultures et ainsi contribuer au développement de méthodes de protection respectueuses de l'environnement. Les plantes de la famille des Brassicacées (chou, brocoli, navet, colza...) sont régulièrement attaquées par un cortège d'insectes phytophages. Parmi ces phytophages, l'un d'entre eux, la mouche du chou, *Delia radicum*, pose de sérieux problèmes agronomiques. Ce problème agronomique est devenu d'autant plus sérieux que le principal traitement utilisé pour lutter contre cet insecte ravageur a été interdit très récemment. Les études réalisées en écologie chimique au sein de notre équipe sur les interactions tritrophiques Brassicacées – mouche du chou – entomophages nous laissent entrevoir de nouvelles pistes pour la protection des cultures de Brassicacées notamment via l'utilisation de substances naturelles pour leurrer les insectes sur la quantité de ressource disponible.

Contact : Sébastien Dugravot - UMR1099 Bio3P - Univ. Rennes 1 - Rennes - sebastien.dugravot@univ-rennes1.fr

Session 49 : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique

Profils des composés organiques volatils de fougères communes

Sylvie Rapior - Françoise Fons - Didier Froissard - Jean-Marie Bessière - Bruno Buatois

De nombreux travaux ont étudié les composés organiques des fougères comme les composés phénoliques, les acides aminés, les diterpènes, les sesquiterpènes, les alcaloïdes, les caroténoïdes [1] mais ont rarement porté sur le profil de leur fraction volatile [2]. Notre objectif consistait donc à identifier et à comparer pour la première fois les composés organiques volatils (COV) de fougères communes en France métropolitaine [3]. Cinq espèces, *Adiantum capillus-veneris*, *Athyrium filix-femina*, *Blechnum spicant*, *Dryopteris filix-mas* et *Oreopteris limbosperma*, choisies dans différentes familles de Pteridophyta ont été analysées par CG-SM pour mettre en évidence la biodiversité de leurs composés volatils. Cinquante cinq composés produits par différentes voies de biosynthèse ont été identifiés. - Issu de la voie de biosynthèse de l'acide shikimique, le 2-phényléthanal (odeur florale) était majoritaire chez *B. spicant* (45 %) et *A. filix-femina* (25%) mais le benzaldéhyde à odeur d'amande amère (4,4 % dans les frondes fertiles de *B. spicant*), l'acide benzoïque (5 % dans *A. capillus-veneris*) ou la coumarine (2,7 % pour *A. filix-femina*) ont également été identifiés. - Vingt-six molécules issues de la voie de biosynthèse des lipides ont été identifiées. Les dérivés en C8 tels l'octen-3-ol (arôme fongique), dominants chez les champignons [4], ont été détectés dans toutes les fougères et particulièrement les frondes fertiles (43 %) et les frondes stériles (37 %) de *B. spicant*, chez *A. filix-femina* (25 %) et *D. filix-mas* (9 %). Les polycétides représentaient 88 % des composés volatils d'*A. capillus-veneris* dont le (E)-2-decenal (32 %) à odeur de plastique ou de punaise, l'amide de l'acide laurique (12,4 %) et le (E)-2-heptenal (7 %). Différents dérivés de l'acide filicinique ont été retrouvés chez *D. filix-mas* (16,7 %). - Les dérivés terpéniques (monoterpènes, sesquiterpènes et dérivés de caroténoïdes) représentaient 80 % des composés volatils d'*Oreopteris limbosperma* à odeur citronnée dont les majoritaires : le (E)-nérolidol (14,7 %) à odeur boisée, l' α -terpinéol (13,5 %) à odeur de citron, le β -caryophyllène (5 %) à odeur épicée et différents monoterpènes minoritaires (linalool, pinènes, limonène, γ -terpinen-7-al...) contribuant à l'odeur agréable de cette plante. C'est également dans cette fougère qu'a été identifié le plus grand nombre de dérivés de caroténoïdes présents en grande quantité (18 %). Notre étude montre donc une grande biodiversité des composés organiques volatils chez ces cinq fougères et des profils très différents entre *A. capillus-veneris*, *D. filix-mas* et *O. limbosperma* alors qu'*A. filix-femina* et *B. spicant* présentent un certain nombre de similitudes.

Contact : Sylvie Rapior - Laboratoire de Botanique, Phytochimie et Mycologie, Faculté de Pharmacie (Université Montpellier 1) UMR 5175 CEFE - Montpellier - sylvie.rapior@univ-montp1.fr

Session 49 : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique

Composés phénoliques d'Asteraceae comestibles : histolocalisation et analyse par chromatographie sur couche mince

Françoise Fons - Annick Gargadennec - Coralie Goetz - Philippe La fsca - Laurence Mondolot - Sylvie Rapior

Bien que les salades soient en majorité des Asteraceae (salades sauvages : *Cichorium*, *Lactuca*, *Taraxacum*, *Sonchus*, *Bellis*, *Crepis*...) (salades cultivées : *Cichorium* et *Lactuca*), elles présentent une grande diversité de formes, de couleurs, de goûts et d'arômes. La chromatographie planaire permet d'établir leur profil phénolique pour deux catégories majoritaires de composés phénoliques : les dérivés caféiques et les flavonols, molécules d'intérêt biologique. Ces composés phénoliques peuvent également être observés et localisés par microscopie optique en fluorescence (lumière ultra-violette et lumière bleue). Ces classes chimiques ont un rôle dans la diversité des caractères organoleptiques.

Contact : Françoise Fons - UFR des Sciences Pharmaceutiques et Biologiques (Université Montpellier 1)
UMR 5175 CEFE - Montpellier - francoise.fons@univ-montp1.fr

