



HAL
open science

Impact de la disponibilité en azote sur la dynamique microbienne hétérotrophe et l'activité laccase au cours de la décomposition de feuilles de *Miscanthus giganteus* dans un sol

Sylvie Recous, Norbert N. Amougou, Isabelle I. Bertrand

► To cite this version:

Sylvie Recous, Norbert N. Amougou, Isabelle I. Bertrand. Impact de la disponibilité en azote sur la dynamique microbienne hétérotrophe et l'activité laccase au cours de la décomposition de feuilles de *Miscanthus giganteus* dans un sol. *Ecologie* 2010, Sep 2010, Montpellier, France. 1 p., 2010. hal-02817561

HAL Id: hal-02817561

<https://hal.inrae.fr/hal-02817561>

Submitted on 6 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.

Posters

Session 02 : Adaptation des bio-agresseurs de plantes à leur environnement biotique et abiotique

P02 /01 Titre : L'acquisition de nutriment, un nouveau rôle pour les récepteurs dépendants de TonB chez les bactéries phytopathogènes, aquatiques et symbiotiques de l'homme.

Matthieu Arlat - Guillaume Dejean - Alice Boulanger - Martine Lautier - Servane Blanvillain-Baufumé - Claudine Zischek - Pauline Rival - Nicolas Hollebeck - Laurent Noël - Emmanuelle Lauber

Xanthomonas campestris pathovar *campestris* (XCC) est une bactérie Gram négative phytopathogène, infectant les crucifères. L'analyse du génome de 3 souches de XCC a révélé une surreprésentation des récepteurs de la membrane externe appartenant à la famille des transporteurs dépendants de TonB (TBDTs). Jusqu'à présent, les TBDTs étaient surtout connus pour leur rôle dans le transport des complexes fer/sidérophore chez les bactéries Gram négatives. Toutefois, une analyse contextuelle du génome de XCC couplée avec des études fonctionnelles ont révélé un nouveau rôle pour certains TBDTs. En effet, nous avons établi qu'ils participent au transport de plusieurs molécules d'origine végétale et qu'ils appartiennent à des systèmes impliqués dans l'utilisation de ces molécules. Ces systèmes, appelés systèmes CUT, pour Carbohydrate Utilization systems with TBDTs, renferment, outre les TBDTs, des gènes codant des enzymes actives sur les hydrates de carbone, des transporteurs de la membrane interne et des régulateurs. Nous avons ainsi caractérisé 4 systèmes CUTs impliqués dans l'utilisation du saccharose, des pectines, du xylane ou des parties glycanes des glycoprotéines végétales chez XCC. L'une des particularités de ces systèmes réside dans le fait que les molécules transportées sont complexes et que leur transport se fait avec une très grande affinité. Ces systèmes CUT sont actifs in planta et permettent l'accomplissement du cycle infectieux. Des études de génomique comparative ont révélé que ces 4 systèmes CUTs sont uniques au genre *Xanthomonas* et qu'ils ne sont pas présents chez des bactéries non phytopathogènes proches sur le plan taxonomique. Il semble donc que ces systèmes CUT soient spécifiques de l'association des *Xanthomonas* avec les plantes et représentent donc un facteur d'adaptation de ces bactéries. Nos études ont aussi permis de répertorier de nombreuses espèces bactériennes montrant une surreprésentation des TBDTs. Plusieurs loci de type CUT ont pu être identifiés chez ces bactéries provenant d'environnement très divers tels que des milieux aquatiques, (*Caulobacter crescentus*; *Pseudoalteromonas tunicata*); des plantes en décomposition (*Saccharophagus degradans*; *Cellvibrio japonicum*) ou bien encore l'intestin humain (*Bacteroides*). Toutes ces bactéries possèdent en commun la particularité de pouvoir exploiter des macromolécules d'origine végétale ou animale. L'ensemble de ces données semble donc souligner l'importance du rôle joué par les TBDTs dans l'acquisition des nutriments par les bactéries dans des environnements très divers. Cette fonction insoupçonnée des TBDTs semble confirmée par des travaux de métagénomique récents établissant la présence de très nombreux TBDTs dans plusieurs environnements marins ainsi que dans la phyllosphère.

Matthieu Arlat - Castanet Tolosan - arlat@toulouse.inra.fr

P02 /02 Titre : Évolution du pouvoir pathogène d'une bactérie phytopathogène en dehors des zones agricoles. Impact des biofilms aquatiques sur la structure des populations de *Pseudomonas syringae*

Odile Berge - Caroline Monteil - Catherine Glaux - Caroline Guilbaud - Christelle Leyronas - Demba diallo Moudjahidou - Frédéric Rimet - Cindy E. Morris

Les agents pathogènes des plantes sont le plus souvent étudiés exclusivement dans les agrosystèmes sans prendre en compte les niches écologiques situées hors du contexte agricole ou botanique. En santé humaine il est pourtant bien démontré que la survie de pathogènes humains dans l'environnement peut avoir des répercussions sur leur pouvoir pathogène chez l'homme (Cangelosi et al. 2004). Notre laboratoire s'engage résolument dans une nouvelle dimension de la recherche en phytopathologie avec la bactérie modèle *Pseudomonas syringae* (Morris et al 2009). *P. syringae* représente actuellement un des meilleurs modèles d'agent phytopathogène largement dispersé en dehors du contexte agricole et donc une bonne opportunité pour aborder cette démarche. Les données du laboratoire montrent qu'elle est présente tout au long du cycle de l'eau, elle s'élève jusqu'aux nuages, retombe sur terre avec les précipitations, pluie ou neige, et établit des populations dans les rivières, leur biofilms épilithes et les plantes sauvages avoisinantes (Morris et al 2008). Le pouvoir glaçogène de certaines souches est suspecté de jouer un rôle dans le déclenchement des précipitations dans les nuages (Morris et al 2004) participant ainsi à l'équilibre écologique global de la planète. Cette découverte impose d'élargir les champs d'investigation concernant ces agents au-delà des agrosystèmes ce qui représente en phytopathologie, un nouveau paradigme proposé récemment par Morris et al (2009). Un projet pionnier sur la diversification d'agents phytopathogènes en milieu naturel est ainsi développé au laboratoire. Cette démarche est illustrée ici par l'étude d'un compartiment particulier, les biofilms épilithes qui tapissent le lit des rivières et représentent un habitat important tant par leur étendue que par leur nature puisqu'ils sont le siège d'une vie microbienne intense et spécifique. *P. syringae* a été détectée dans 50 % des biofilms épilithes dans plusieurs rivières françaises et américaines (Morris et al 2007) et les souches sont identiques pour leur pouvoir pathogène à celles isolées de plantes cultivées (Morris et al. 2008). Nous recherchons le rôle des micro-algues, composante biotique principale en biomasse dans la structuration des populations de *P. syringae* et en particulier la sélection de traits relatifs au pouvoir phytopathogène. Cangelosi et al. 2004. A report of the American Academy of Microbiology, Washington, DC (USA), <http://www.asm.org/ASM/files/ccLibraryFiles/FILENAME/000000001402/EnvironMicroBW.pdf>, 18 p. Morris et al 2004. J Phys IV France 121:87-103. Morris et al 2007. Infect Genet Evol 7, 84-92. Morris et al 2008. The ISME Journal 2:321-334. Morris et al 2009. PLoS Pathog. 5(12)

Odile Berge - INRA-PACA, UR407 Pathologie végétale - Avignon - odile.berge@avignon.inra.fr

Po2 /o3 Titre : Parasites en tant que marqueurs de l'écologie évolutive des amphibiens.

Pauline Berthier - Miguel Vences - Louis Du preez - Olivier Verneau

Madagascar fait aujourd'hui l'objet d'une attention toute particulière puisque l'île a été classée parmi les 25 points chauds les « plus chauds » de la planète, en raison de sa forte diversité biologique, d'un taux d'endémicité très élevé, mais aussi en raison d'une perte d'habitat très prononcée. Si la plupart des amphibiens de l'île présentent un micro endémisme prononcé, qui justifie les priorités engagées pour leur conservation, *Guibemantis liber* est l'une des rares espèces qui présente une distribution géographique très étendue, du Nord-Est au Sud-Est de l'île. Toutefois, malgré l'utilisation de très nombreux outils d'analyse à savoir la morphologie, la bioacoustique et le «DNA barcode», de nombreuses interrogations demeurent quant au niveau taxonomique, phylogénétique et évolutif de cette espèce. L'hypothèse de l'existence d'un complexe d'espèces cryptiques au sein de *G. liber* a donc tout naturellement été proposée. Pour confirmer ou infirmer cette hypothèse, nous nous proposons d'utiliser les parasites de cette espèce comme marqueurs de l'écologie évolutive de son hôte. *G. liber* abrite un endoparasite plathelminthe appelé polystome de la classe des Monogenea, qui se loge dans la vessie de l'amphibien à l'âge adulte. Puisqu'il a été rapporté que les taux d'évolution moléculaires des monogènes étaient beaucoup plus élevés que ceux de leurs hôtes vertébrés, l'étude génétique et phylogénétique des polystomes portés par *G. liber* pourrait permettre de lever de nombreuses interrogations quant au statut taxonomique de son hôte. Les premières analyses portant sur des marqueurs nucléaires (28S) et mitochondriaux (COI) révèlent une forte divergence génétique entre les parasites échantillonnés sur des hôtes provenant de localités distinctes. De même les analyses phylogénétiques tendent à montrer une absence de dispersion, aussi bien entre les populations de parasites les plus éloignées, qu'entre celles les plus proches. Parce que les polystomes sont entièrement dépendants de leurs hôtes en termes de reproduction et de dispersion, ces premiers résultats suggèrent donc un début d'isolement des populations d'amphibiens en allopatrie, voire même l'existence d'un complexe d'espèces cryptiques au sein de *G. liber*.

Pauline Berthier - pauline.berthier@gmail.com

Po2 /o4 Titre : Adaptation of pathogens to plants at the agricultural ecosystem scale: a network of complementary disciplines taking into account agricultural ecosystem specificities

Lydia Bousset - Anne-Marie Chèvre

Reconsidering pesticide use for crop protection and related agricultural policies constitutes a good case study of multiple ecosystem services interactions at the landscape scale. Understanding adaptation of pathogen to plants at that scale necessitates connection between concepts of ecology, plant pathology, epidemiology, plant breeding and evolutionary biology. Such connections have been proposed for natural ecosystems, but specificities of agricultural ecosystems have not been highlighted. Consequences of underlying evolutionary and ecological processes remain to be connected in the context of agricultural ecosystems. We propose a conceptual diagram adapted to agricultural ecosystem specificities, integrating multiple scales of space, time and disciplines. This network approach generates new research perspectives, illustrated by a special focus on plant resistance against diseases. We propose that human actions should be recognised as a way to act on pathogen's life history traits expression, that therefore constitute a lever to stabilise disease control over time in the landscape in support to breeders' effort. Links to economical sciences, management sciences, medical and animal epidemiology are derived, offering the prospect of pluridisciplinary research and interactions between scientists and actors to re-engineer tomorrow's agricultural ecosystems according to ecological principles to achieve multiple ecosystem services.

Lydia Bousset - INRA, UMR1099 BiO3P - Le Rheu - lydia.bousset@rennes.inra.fr

P02 /05 Titre : An integrated approach to define management strategies of fungicide resistance in populations of the plant pathogenic fungus *Mycosphaerella fijiensis*

Luc De lapeyre de bellaire - Adrien Rieux - Josué Esho ngando - Marie-Françoise Zapater - Françoise Carreel - Virginie Ravigné - Jean Carlier

The adaptation of populations of plant pathogenic fungi in response to the use of fungicide is generally rapid. In principle, such adaptation could be canalized through the introduction of heterogeneity in agro-systems with mosaics of treated and untreated areas. The evolution of fungicide resistance in such landscapes will depend on the interactions between gene flow, selection and the cost of resistance. It is then of prime importance to estimate parameters related to these factors and to integrate them into models to define management strategies based on mosaics. The fungus *Mycosphaerella fijiensis* causing black leaf streak disease of banana is a good example to develop such an integrated approach. In Cameroon, using systemic fungicides and an original forecasting system, the number of treatments to control the disease in agro-industrial plantations has been maintained to 12-14 per year until the emergence of resistances. From then onwards, like in most banana exporting countries, the control implies 50-60 fungicide applications/year using mostly contact fungicides. This evolution has led to an important increase of negative environmental effects since 30-40 kg/a.i/ha/year are now applied (vs. 2-4 kg/ha/year in the former forecasting system). The level of resistance to systemic fungicides, that have been abandoned, is now regularly decreasing in the banana farms. Because a mixture of treated and untreated areas exists in the Cameroon production area, this evolution should depend on interactions among the factors mentioned above. Finally *M. fijiensis* can be considered as a good model to apply population genetic methods since its populations show relative demographic stability and panmixia. To further understand evolution of fungicide resistance in *M. fijiensis* and to define new management strategies we developed an integrated approach including the following steps: (i) Estimate gene flow and dispersal parameters using both indirect and direct methods. (ii) Estimate a selection coefficient for two systemic fungicides using an original field experiment located in an isolated area in order to reduce gene flow. (iii) Evaluate potential changes in aggressiveness traits in resistant versus susceptible individuals through artificial inoculations. (iv) Integrate the different factors through modelling.

Luc De lapeyre de bellaire - Systèmes de Culture bananiers, plantains et ananas, CIRAD - Montpellier - luc.de_lapeyre_de_bellaire@cirad.fr

P02 /06 Titre : Modélisation de l'évolution des populations virales à l'échelle d'un paysage agricole pour la gestion des variétés de plantes résistantes

Frédéric Fabre - Benoit Moury

Les résistances génétiques ont permis de réduire fortement l'impact des maladies virales chez de nombreuses plantes cultivées. Cependant, comme pour tous les couples hôte-parasite, les plantes et leurs virus constituent des systèmes dynamiques en perpétuelle évolution. C'est ainsi que les pressions de sélection exercées par la culture à grande échelle de variétés résistantes ont fréquemment induit l'émergence de populations virales adaptées, qualifiées de virulentes en phytopathologie. Si, à l'échelle de plante, les mécanismes générant les variants viraux adaptés sont désormais identifiés, les mécanismes impliqués dans l'émergence de populations virales virulentes à l'échelle de l'agro-écosystème restent, eux, largement méconnus. Identifier ces mécanismes est un préalable afin de savoir comment combiner au mieux variétés sensibles et résistantes pour maintenir sur le long terme l'efficacité des gènes de résistances. Cette question est abordée ici par la modélisation car elle permet d'intégrer la diversité des processus et des échelles spatio-temporelles à l'œuvre au cours du contournement d'une résistance. Un modèle représentant la dynamique démo-génétique d'une population virale dans un paysage agricole (composé de plantes cultivées sensibles, de plantes cultivées résistantes et plantes sauvages hébergent les populations virales en dehors de la saison cultivée) au cours d'une succession d'épidémies annuelles est proposé. A l'échelle des plantes hôtes, les processus de sélection, dérive et mutation affectant les populations virales sont décrits par des systèmes d'équations différentielles. A l'échelle du paysage, la dynamique épidémique est modélisée par une approche individu-centré où chaque plante est un individu. L'effet de 6 facteurs sur la réduction des pertes de rendement obtenue grâce au déploiement d'une variété résistante dans un paysage durant 15 saisons culturales a été analysé à l'aide de ce modèle. Ces facteurs sont: (1) le nombre de mutations nécessaires au contournement, (2) le type de ces mutations (transitions - transversions), (3) le coût de fitness associé à ces mutations, (4) l'intensité des épidémies, (5) le type d'épidémies (proportion des événements d'infection primaire et de dissémination secondaire) et (6) la proportion de variété résistante dans le paysage. Les résultats de simulations indiquent notamment que, dans un contexte épidémiologique donnée, le choix du gène de résistance (i.e. les facteurs nombre, nature et coût des mutations nécessaires pour acquérir la virulence) a autant d'importance, voire plus, que la stratégie de déploiement adoptée ultérieurement pour ce gène (le facteur proportion de variété résistante cultivée). L'effet de la structure du paysage sur ces stratégies sera également discuté.

Frédéric Fabre - INRA, UR 407 Unité Pathologie Végétale - Avignon - frederic.fabre@avignon.inra.fr

Po2 /07 Titre : Evolution moléculaire de loci effecteurs et de gènes d'avirulence chez *Magnaporthe oryzae*, champignon pathogène du riz et d'autres Poacées.

Elisabeth Fournier - Didier Tharreau - Stelly Mississipi - Ludovic Alaux - Joëlle Milazzo - Christophe Tertois - Thomas Kroj - Cécile Ribot - Marc-Henri Lebrun

Les champignons pathogènes des plantes représentent de bons modèles pour étudier l'adaptation des populations d'agents pathogènes à leurs hôtes. Ces bio-agresseurs produisent des effecteurs, petites protéines sécrétées dans l'hôte, pour détourner son métabolisme à leur profit. Parmi ces effecteurs, certains, appelés gènes d'avirulence (AVR), sont reconnus spécifiquement par des gènes de résistance (R) de la plante et déclenchent rapidement des mécanismes de défense. Les gènes AVR acquièrent donc, en plus de leur fonction effectrice, une fonction d'avirulence. De cette interaction spécifique découle une pression de sélection réciproque à ces loci. En particulier, toute modification du gène AVR permettant d'échapper à la reconnaissance par la plante sera positivement sélectionnée. Cette évolution est cependant contrebalancée, d'une part par l'évolution, en retour, du gène R correspondant, et d'autre part par la fonction effectrice potentiellement exercée par ailleurs par le gène AVR, fonction qui est souvent inconnue et qui peut contraindre son évolution. Les effecteurs et gènes AVR sont de mieux en mieux caractérisés grâce aux progrès de la dernière décennie en génomique, génétique fonctionnelle et transcriptomique, mais leur dynamique évolutive reste mal connue. Nous avons cherché à caractériser cette dynamique évolutive chez *Magnaporthe oryzae*, champignon ascomycète responsable de la pyriculariose du riz et pathogène d'autres plantes de la famille des Poacées. Nous avons étudié la présence/absence et le polymorphisme nucléotidique de 7 gènes AVR et 4 effecteurs non connus pour être des AVR, dans une collection de 95 souches de *M. oryzae*, provenant de différentes plantes hôtes, et représentatives de la diversité génétique mondiale pour les souches provenant du riz. Nous avons comparé les résultats obtenus avec 4 régions génomiques neutres. Les résultats montrent un polymorphisme de présence/absence plus élevé pour les gènes AVR que pour les autres effecteurs ou les régions neutres. Ce résultat confirme que, en réponse à la sélection par les gènes de résistance correspondants, certains gènes AVR peuvent être éliminés sans conséquence mesurable pour le pouvoir pathogène en général. Dans les cas où les gènes sont maintenus, les mutations portées par les variants alléliques sont biaisées en faveur des substitutions non-synonymes, par rapport aux régions neutres. Comme attendu les gènes AVR sont donc soumis à sélection. Les effecteurs candidats étudiés sont aussi soumis à sélection, ce qui démontre leur implication dans l'interaction avec la plante. Parmi le millier d'effecteurs candidats de *M. oryzae*, il semble donc possible d'identifier ceux qui sont potentiellement fonctionnels par l'analyse de leur polymorphisme.

Elisabeth Fournier - BGPI, INRA-CIRAD-Supagro - Montpellier

Po2 /08 Titre : Caractérisation de populations françaises invasives de *Phytophthora infestans*, agent du mildiou de la pomme de terre (2006-2008)

Hélène Magalon - Frédéric Boulard - Didier Andrivon - Roselyne Corbière

Phytophthora infestans, agent responsable du mildiou de la pomme de terre, est un oomycète hétérothallique dont les deux types sexuels (A1 et A2) sont potentiellement capables de reproduction sexuée quand mis en présence l'un de l'autre. Depuis 2003, en France, a eu lieu l'expansion rapide des souches de type sexuel A2 au détriment de souches A1 présentes depuis plusieurs décennies et se propageant par multiplication clonale exclusivement. Afin de mieux comprendre le fonctionnement des populations de ce bioagresseur et l'impact de la reproduction sexuée sur l'évolution des populations pathogènes, une approche pluridisciplinaire a été réalisée combinant génétique des populations et phénotypage (virulence et résistance à un fongicide) sur 480 isolats prélevés dans trois grandes régions de production de pomme de terre (Bretagne, Nord et Centre) sur trois années de culture (2006-2008). Les isolats A2 présentent des profils de virulence plus complexes que les isolats A1. De plus, la fréquence des isolats résistants au métalaxyl est plus élevée chez les A2 que chez les A1. Ces différents traits, possiblement adaptatifs, pourraient expliquer en partie l'expansion des souches A2 en France. Par ailleurs, le génotypage réalisé à l'aide de 12 loci microsatellites révèle (1) que les populations sont dominées par quelques clones qui dispersent du Nord vers la Bretagne de l'année n à l'année $n+1$ respectivement, et (2) une très forte différenciation génétique entre les deux types sexuels (les isolats A1 étant génétiquement plus diversifiés que les A2 ; $F_{ST} = 0.41^{***}$). Cependant, une faible différenciation génétique est observée entre les trois bassins de production et les années au sein d'un même type sexuel. Des tests d'assignation semblent montrer, pour la première fois en France, l'existence de génotypes recombinants. Ainsi le rôle de la reproduction sexuée chez ce bioagresseur peut être déterminant dans le développement des épidémies et la gestion durable des résistances variétales.

Helene Magalon - INRA UMR BiO3P - helene.magalon@rennes.inra.fr

Po2 /09 Titre : Réponse de patrons de communautés de nématodes phytoparasites au changement d'usage des sols

Thierry Mateille - Johannes Tavoillot - Bernard Martiny - Stephan Plas - Elsa Rulliat - Denis Lehir - Marie-Lisa Brachet

Les nématodes phytoparasites (NPP) se présentent partout en communautés. Les dégâts qu'ils occasionnent dépendent plus de la diversité des populations d'espèces qui composent les communautés que d'espèces emblématiques définies en agronomie comme bioagresseurs majeurs. Afin d'étudier la relation entre structure et pathogénie des communautés de NPP, il convient de comprendre les mécanismes de réponse des communautés au stress environnemental imposé par la culture. Le changement d'usage des milieux – naturels (trade-offs de communautés) vs cultivés (communautés sous contrainte) – est une situation écologique congruente pour analyser l'incidence de la diversité des communautés de NPP sur la production végétale. Le système agro-forestier des Landes de Gascogne est particulièrement adapté à cet objectif. Une étude préliminaire a porté sur la réponse des patrons de communautés de NPP au changement forêt-culture, donc sur la diversité des NPP dans les espaces boisés (*Pinus pinaster*) depuis environ 200 ans d'une part, et dans les espaces cultivés en monoculture de maïs (*Zea mays*) d'autre part, qui ont été introduits après défriche il y a environ 60 ans, et dont certains sont affectés depuis 15 ans par l'introduction de rotations avec la culture de carotte (*Daucus carota*), culture sur laquelle s'expriment les dégâts dus aux NPP. L'analyse de la nématofaune phytoparasite réalisée au niveau générique montre une érosion de la diversité locale α au cours de la séquence forêt-maïs-carotte. Les parcelles forestières échantillonnées (pins de 40 ans, couverts végétaux homogènes), réparties le long d'un gradient nord-sud de 200Km et d'un gradient est-ouest de 80Km, présentent une grande diversité régionale β des communautés de NPP. L'analyse synchronique des communautés sur des parcelles de monoculture de maïs de 1, 2, 4, 7, 13, 20, 32, 43 et 56 ans indique que la diversité régionale observée sous forêt disparaît entre 7 et 13 ans de culture au profit de « patrons maïs » dominés par les genres *Pratylenchus* et *Trichodorus*. Ce processus d'homogénéisation de la diversité nématologique par la culture est difficilement résiliable puisque 40 ans de forêt après 10 ans de maïsiculture ne semblent pas affecter les « patrons maïs ». Au cours de la rotation quadriennale maïs-carotte, l'érosion de la diversité sur carotte renforce la dominance des genres *Pratylenchus* et *Trichodorus*. Les communautés issues de ce phénomène sont à l'origine de pertes de rendement importantes sur cette culture. La gestion des NPP sur carotte doit donc être anticipée sur le précédent maïs.

Thierry Mateille - IRD UMR CBGP - Montferrier surLez - Thierry.Mateille@ird.fr

Po2 /10 Titre : A mechanistic-statistical approach to estimating risk factors from incomplete survey data: the case of a Sharka epidemic.

David Pleydell - Gael Thebaud - Samuel Soubeyrand - Sylvie Dallot - Sylvain Grizard - Joel Chadœuf - Gerard Labonne

Mathematical models are used in epidemiology to explore the responses of disease dynamics to parameter change. Simulation experiments, which play an important role in this exploration, typically rely on parameters gleaned from experiments or the literature. The risk of such parameters failing to represent natural variation under epidemic conditions and thus biasing simulations can be high. Parameters might be better estimated from datasets of epidemic monitoring programs, however mismatches (event time censoring, imperfect sensitivity / specificity, opportunistic sampling, etc) between model requirements and sampling design frequently render such estimation non-trivial. Hybrid mechanistic-statistical models can correct for such mismatches. We present a SEIR dissemination model which is adapted to the sampling strategy employed during 14 years of monitoring Sharka disease among peach orchards in southern France. The statistical part consists of a discrete-time survival analysis that models the probability of detecting symptomatic cases on given survey dates. To account for imperfect sensitivity the infectious compartment I is split into detected and non-detected sub-compartments. Parameters relating to a local infection process, disease latency, sensitivity and removal rates of detected cases are estimated. Non-parametric random effects for sensitivity, removal rate and the relative proportions of vector borne / anthropogenically mediated transmission events are included via finite mixture model classifications of peach varieties, farmers, and orchards respectively. Markov chain Monte Carlo strategies are employed for Bayesian inference. Implications for control strategies are discussed.

David Pleydell - Supagro - Montpellier - dpleydell@supagro.inra.fr

Po2 /11 Titre : Caractérisation d'espèces cryptiques du psylle *Cacopsylla pruni*, insecte vecteur d'une maladie des Prunus.

Nicolas Sauvion - Jean Peccoud - Dave Pleydell - Véronique Mariejeanne - Patrick Limon - Josiane Peyre - Gérard Labonne

Le psylle *Cacopsylla pruni* est un insecte piqueur suceur, vecteur de l'European stone fruit yellows (ESFY), une maladie de quarantaine causée par le phytopathogène *Candidatus Phytoplasma prunorum* (bactérie sans paroi) qui affecte les arbres du genre *Prunus* (Rosacées) principalement l'abricotier et le prunier japonais. *C. pruni* a une génération par an : il se reproduit au printemps essentiellement sur *Prunus* sauvages (prunelliers, myrobalans) et migre début juin pour le reste de l'année sur conifères. Nous avons démontré récemment que le phytoplasme est acquis par les jeunes émergents en juin et que la transmission en verger se fait essentiellement l'année suivante par les réimmigrants en février-avril. L'écologie de ce vecteur insecte apparaît donc particulièrement importante dans la compréhension du fonctionnement de la maladie. Une étude préliminaire a montré que *C. pruni* comprenait en fait 2 groupes génétiques bien distincts qui pourraient constituer deux espèces. Nous avons caractérisé les groupes de *C. pruni* en termes génétiques (marqueurs microsatellites, mitochondriaux et nucléaires). De plus, en partie grâce à l'établissement d'une PCR diagnostique, nous avons établi leur répartition géographique à l'échelle européenne, nous avons recherché les barrières à l'origine de leur isolement reproducteur et les particularités écologiques qui pouvaient les distinguer. Nous avons ainsi analysé le taux d'infection des deux groupes par le phytoplasme et leur préférence quant aux plantes hôtes de reproduction ou d'hivernage. Notamment, l'étude des groupes de *C. pruni* sur conifères a apporté des résultats informatifs et inattendus concernant cette phase encore largement méconnue du cycle biologique des psyllides.

Nicolas Sauvion - INRA - Montpellier - sauvion@supagro.inra.fr

Po2 /12 Titre : Dynamique de l'adaptation de *Bremia lactucae* face aux résistances variétales de la plante hôte

Romain Valade - Claire Neema - Brigitte Maisonneuve

De nouvelles résistances aux agents pathogènes introgressées dans les plantes cultivées sont fréquemment contournées dans différents pathosystèmes, engendrant des épidémies et des pertes économiques. En conséquence, la compréhension des stratégies évolutives impliquées dans l'adaptation des populations pathogènes est nécessaire pour améliorer la gestion durable des résistances. *Bremia lactucae*, agent pathogène de la laitue, diploïde, avec deux cycles de reproduction sexuée ou asexuée, est soumis aux fortes pressions de sélection exercées par des gènes de résistance et les modes de culture de la plante hôte (abri, plein-champ). De plus, *B. lactucae* présente cette capacité à contourner rapidement les nombreux gènes de résistance de la laitue. J'ai validé 12 microsatellites, marqueurs moléculaires neutres, pour analyser la structure génétique de *B. lactucae* en France. 520 isolats distribués dans 6 régions ont été génotypés. La faible diversité génétique et l'excès d'hétérozygotie observés sont en faveur d'une reproduction clonale importante. Par ailleurs, la faible différenciation des populations entre les régions suggère un taux de migration important. Des flux de gènes ont également été mis en évidence entre le pathosystème du compartiment sauvage et le pathosystème du compartiment cultivé. Une structuration des populations sous la pression de sélection des gènes de résistance des cultivars est également suggérée par nos résultats. Les résultats seront discutés dans l'objectif de proposer un modèle expliquant la stratégie d'évolution de *B. lactucae* face aux gènes de résistance et aux modes de culture de la plante hôte. Ainsi, nous pourrions suggérer des pistes pour une gestion plus efficace de ces gènes : quels gènes cumuler dans une variété, comment alterner les gènes dans le temps et les associer dans le paysage agricole pour améliorer la durabilité des résistances ?

Romain Valade - Grignon - romain.valade@versailles.inra.fr

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

P05/01 Titre : Mapping spatial patterns of denitrifiers for bridging community ecology and microbial processes along environmental gradients

David Bru - Laurent Philippot - Jiri Cuhel - N.P.A. Saby - Dominique Cheneby - Dominique Arrouays - Fabrice Martin-Laurent - Miloslav Simek

While there is ample evidence that microbial processes can exhibit large variations at a field scale, very little is known about the spatial distribution of the communities mediating these processes. To explore spatial patterns of size and activity of the denitrifying community, a functional guild involved in N-cycling, in a grassland field subjected to different cattle grazing regimes. We used geostatistical modeling to map the distribution of size and activity of the denitrifier community in the pasture. Size of the denitrifier community was estimated by PCR quantification of the denitrification gene copy numbers while its activity was estimated by measuring potential denitrification activity and potential emissions of the greenhouse gas N₂O. Non-random distribution patterns of the size and of the activity of the denitrifier community were observed with a field-scale spatial dependence. The soil properties, which were strongly affected by presence of cattle, imposed significant control on potential denitrification activity, potential N₂O production but not on the size of the denitrifier community. The relative abundance of bacteria possessing the nosZ gene encoding the N₂O reductase within the total bacterial community was a strong predictor of the N₂O/N₂ ratio. Our results clearly indicated that patterns of distribution of the abundance of denitrifiers can be modelled at a field scale. Characterization of such pattern at a field-scale constitutes the first step in modelling distribution of functional bacterial communities at a scale compatible with land management strategies. The absolute abundance of most denitrification genes was not correlated with potential denitrification activity or potential N₂O production. However, the relative abundance of bacteria possessing the nosZ gene in the total bacterial community was a strong predictor of the N₂O/(N₂+N₂O) ratio, providing evidence for a relationship between ecosystem processes and bacterial community composition.

Laurent Philippot - INRA, UMR Soil and Environmental Microbiology - Dijon

P05/02 Titre : Stabilité des communautés écologiques et architecture des réseaux mutualistes et trophiques

Colin Fontaine - Elisa Thébault

La recherche sur la relation entre l'architecture des réseaux écologiques et la stabilité des communautés s'est principalement focalisée sur les interactions trophiques, négligeant les autres types d'interaction tels que les interactions mutualistes. En utilisant une approche théorique pour montrer que l'architecture favorisant la stabilité diffère entre réseaux mutualistes et réseaux trophiques. Les fortes connectances et les architectures emboîtées favorisent la stabilité des réseaux mutualistes alors que la stabilité des réseaux trophiques est accrue par de faibles connectances et une architecture compartimentée. Ces prédictions théoriques sont confortées par une méta-analyse sur l'architecture de réseaux empiriques de pollinisation et d'herbivorie. Nos résultats indiquent que la stabilité contraint l'architecture des réseaux mutualistes et antagoniste vers des architectures opposées.

Colin Fontaine - MNHN - cfontaine@mnhn.fr

P05/03 Titre : Impacts de l'hétérogénéité structurale et de la densité de pollinisateurs sur le service écosystémique de pollinisation : une approche expérimentale.

Benoit Geslin - Mathilde Baude - Samuel Perret - David Carmignac - Isabelle Dajoz

Les pollinisateurs jouent un rôle crucial dans le fonctionnement des écosystèmes via la pollinisation des plantes à fleurs et notamment celles utiles à la consommation humaine. La pollinisation est donc un service écosystémique majeur car elle permet le maintien de la diversité végétale mais aussi la production alimentaire. Les changements de pratique de gestion des écosystèmes, la fragmentation des milieux et l'urbanisation ont fragilisé ce service écosystémique si bien qu'on parle actuellement d'une crise de la pollinisation. Dans certains pays européens, des diminutions de densité et de diversité de pollinisateurs ainsi qu'un déclin de la diversité des plantes sauvages ont été observés conjointement. De fait, les activités humaines ont entraîné une perte d'hétérogénéité des paysages, à petite comme à grande échelle. Or, la distribution spatiale et la diversité des ressources florales sont des facteurs prédominants dans l'assemblage des communautés de pollinisateurs. A l'échelle du paysage, l'abondance et la richesse spécifique des pollinisateurs seraient directement reliées à la diversité florale et à sa disponibilité spatiale et temporelle. A l'échelle locale, la structure des patches floraux semble affecter le comportement de butinage des pollinisateurs et donc le succès reproducteur de la communauté de plantes. Il est de ce fait important de quantifier la sensibilité du service écosystémique de pollinisation face à l'homogénéisation de la structure des paysages. L'étude que je propose vise à comprendre les impacts croisés de la densité de pollinisateur et de l'agencement spatial d'une communauté florale sur le comportement de butinage et sur le succès reproducteur d'une communauté de plantes en condition expérimentale. Dans le poster que je présenterai, je détaillerai les premiers résultats d'une expérimentation mise en place de Juin à Août 2010, dans laquelle deux espèces à pollinisation entomophile, *Medicago sativa* et *Lotus corniculatus* sont plantées en conditions semi-contrôlées (tentes à pollinisation) selon deux traitements d'hétérogénéité. Un traitement en blocs (regroupement des individus par espèce) et un traitement mixte (distribution aléatoire des individus). Ces traitements d'hétérogénéité sont croisés avec deux traitements de densité de pollinisateurs (*Bombus terrestris*); densité forte (6 individus) et faible (2 individus). Nous pouvons nous attendre à ce que le succès reproducteur moyen de la communauté expérimentale soit plus important en condition de densité forte et d'hétérogénéité forte. Nos résultats devraient ainsi permettre d'avoir une approche expérimentale de la sensibilité du service écosystémique de pollinisation au regard de la perte d'abondance de pollinisateurs et de l'homogénéisation des communautés florales.

Benoit Geslin - UMR 7618-Bioemco - Paris - bgeslin@biologie.ens.fr

P05/04 Titre : 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

P05/05 Titre : Disturbance of total bacterial community and autotrophic ammonia oxidizing bacteria communities' structure submitted to different quality of irrigated water under urban agriculture in tropical soil

Yacine badiane Ndour - Ezékiel Badouin - Alain Brauman

In most West-African farming systems, changes in soil land use management affect soil properties. An understanding of the contributions made by the various components of these ecosystems to their overall functioning and followed by a monitoring of changes is needed. This study aims to explore the long-term impact of water irrigation quality (High NH₄⁺ loads in these urban effluents) on soil microbial communities in Senegalese peri-urban agricultural area in the Niayes. We targeted microbial activity, total bacterial community and autotrophic ammonia oxidizing bacteria (AOB) in these sandy tropical soil submitted to fifteen years waste water irrigation. With regard to the previously evidenced nitrogen pollution on this site (Gaye and Niang 2002), bacterial communities specifically engaged in the nitrogen cycle are of critical interest. According to Kowalchuk and Stephen, 2001 the AOB have been suggested as model organisms in microbial ecology and are often used as indicators of soil perturbations (Nyberg et al., 2006). The total bacterial community and the ammonia oxidizing bacterial (AOB) were respectively identified by means of DGGE of 16S rRNA and amoA gene. Microbial biomass C was determined by the chloroform fumigation-extraction method (Amato and Ladd 1988). FDA was determined according to Adam and Duncan (2001). Results shown that, neither microbial biomass nor its activity, determined as fluorescein diacetate hydrolysis, were influenced by irrigation regimes. The bacterial community structure, assessed by denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) of 16S ribosomal DNA fragments, was also weakly impacted as molecular fingerprints shared an overall similarity of 85%. High bacterial diversity was shown to favor community resistance to chemical perturbation of soil. Minor shifts between our 16S rDNA fingerprints could also suggest a high bacterial diversity at the studied site. On the contrary, water quality had a salient impact at the scale of the functional AOB community. The AOB community was deeply impacted by the quality of ground water irrigation supply. Ammonium availability has often been demonstrated to exert a selective control over the AOB community activity and development (Okano et al. 2004; Geets et al. 2006), especially in a sandy soil irrigated with tertiary-treated wastewater (Cantera et al. 2006). Consequently, poor NH₄⁺ concentration of groundwater should be regarded as a major limiting factor of AOB development in these plots. Overall, this functional community appeared to be a relevant biological indicator of disturbance induced by waste management and NO₃⁻ pollution.

Yacine badiane Ndour - Institut Senegalais de Recherches Agricoles -Dakar - yacine.ndour@ird.sn

P05/06 Titre : Changes in macrofauna and enzyme activities in soils in Eucalyptus (*Europhylla grandis*) plantations of different ages

Fatima Sellami - Corinne Rouland-Lefevre - Alain Robert

Eucalyptus trees have been introduced in Pointe Noire (Congo) since 1978. Presently, more than 40,000 hectares are planted with these fast growing species and annually provide almost 300,000 m³ of wood. Soil is the productive basis for forest ecosystem production and the interaction of soil properties with biotic communities influences the ecosystem structure. Our study aims to determine the effect of the age of eucalyptus plantations on soil macrofauna and soil enzyme activities in order to better understand and manage soils functioning and to ensure a sustainable development of these ecosystems. The study was carried out in eucalyptus plantations aged from 7, 15 and more than 20 years. Soil samples were collected at random from the 0-10 cm top soil and from a depth of more than 20 cm, while soil macrofauna were sampled according to the T.S.B.F method from a depth of 0-30 cm. From soil samples the activities of nine enzymes involved in the functioning of the major soil biogeochemical cycles of C, N and P were assessed by photometrical methods. Abundance, diversity and biomass were calculated for the main taxa of soil macrofauna collected. Results revealed significant variation, depending on the age plots and depth. Enzymes activities were significantly higher at surface (0-10 cm) than in subsoil (>20 cm). In general, enzyme activities increased with the age of plantations, except for urease activity. In the same way, soil macrofauna became more important as the age of plantations increased, however specific richness seems not to be related to the age plots. Among soil inhabiting groups, earthworms and termites were the most represented in soil. Contrary to the common perception of the effect of eucalyptus, this study showed that, even after more than twenty years of cultivation, there were no unfavorable changes in soil macrofauna and soil enzyme activities, except for Urease activity. This decrease of ureolytic activity in old eucalyptus plantations may be linked to a decrease in the nitrogen content of soil organic matter owing to efficient nitrogen mineralization and take up for tree growth. The introduction of a nitrogen fixing plant such as the acacia might improve the nitrogen status in these soils. It might also be worth taking the findings of this study into account with other biotic and abiotic soil factors to give a better understanding of the real impact of reforestation as a basis for sustainable land management.

Fatima Sellami - IBIOS, UMR BIOEMCO, IRD, 32 av Henri Varagnat, 93140 Bondy - Bondy - fatima.sellami@ird.fr

P05/07 Titre : Prédiction des taux de décomposition de la litière végétale par la méthode des traits fonctionnels agrégés

Antoine Tardif - Bill Shipley - Jean-François Soussana - Katja Klumpp - Catherine Picon-Cochard

La vitesse de décomposition de la litière végétale des forêts et prairies est un processus clé pour comprendre les cycles biogéochimiques et en particulier prévoir la capacité de séquestration dans le sol du carbone, élément impliqué dans le réchauffement climatique. Les traits fonctionnels des feuilles et les attributs environnementaux qui affectent la vitesse de décomposition sont bien connus, mais nous ne savons pas encore comment les combiner pour faire de la prévision à grande échelle. Notamment, la complexité des interactions entre espèce ne nous permet pas encore de prédire les taux de décomposition en mélanges. L'objectif principal de ce projet de recherche est donc d'améliorer la prédiction des taux de décomposition de litières végétales en mélanges d'espèces, en utilisant les traits fonctionnels agrégés. Les principales hypothèses testées sont : (1) le taux de décomposition d'une litière plurispécifique peut être prédit par la pondération des taux de décomposition de chaque espèce en fonction de son abondance (processus additif), (2) la précision de prédiction est réduite quand la richesse spécifique est faible (processus non-additif), (3) le climat affecte les interactions entre espèces dans une litière en mélange. Plusieurs expériences de décomposition sont menées sur des litières de feuilles sénescents, en litterbags, avec une à six espèces prairiales ou forestières, en conditions contrôlées et in situ le long d'un gradient climatique altitude / température / précipitations. Les espèces ont été choisies pour maximiser la variabilité fonctionnelle et sont présentes en quantités égales dans les sachets. Six périodes d'incubation sont étudiées, de 1 à 18 semaines pour les espèces forestières et de 2 à 28 semaines en prairie. Les mesures réalisées au cours de la décomposition seront la perte de masse sèche, les teneurs des litières en carbone, azote et fibres (lignine, cellulose, hémicellulose) et la spectrométrie proche infra-rouge (NIRS). On s'attend à obtenir un gradient de vitesses de décomposition des espèces seules, en fonction de leurs traits fonctionnels et en particulier de leur composition chimique (teneur en carbone, azote, fibres). La précision de prédiction devrait augmenter avec la richesse spécifique (idiosyncrasie) car les effets particuliers de chaque espèce devraient s'estomper au profit d'un effet moyen global. En reliant les cycles biogéochimiques, le réchauffement climatique et la biodiversité, mon étude permettra de tester les limites du biomass-ratio de Grime et l'hypothèse d'idiosyncrasie en écosystèmes forestiers et prairiaux.

Antoine Tardif - INRA UREP - Clermont-Ferrand - antoine.tardif@usherbrooke.ca

Session 06 : Biodiversité et fonctionnement des milieux aquatiques continentaux

Po6/01 Titre : L'histoire et la localisation de la litière dans les cours d'eau forestiers affectent l'efficacité des transferts trophiques

Julien Cornut - Michael Danger - Arnaud Elger - Eric Chauvet

Posters Session 06

Dans les cours d'eau forestiers, la décomposition des litières végétales constitue un processus écologique fondamental. Cette matière organique allochtone est rapidement colonisée par les microorganismes, notamment des champignons qui augmentent la palatabilité des litières pour les invertébrés détritivores et contribuent à l'incorporation du carbone allochtone dans ces écosystèmes. Bien qu'une grande quantité de la litière soit décomposée en surface du sédiment, une part substantielle peut intégrer le compartiment hyporhéique sous-jacent et ainsi être soumise à des conditions physico-chimiques et biologiques différentes. L'objectif de cette étude visait à déterminer dans quelle mesure la position de la litière dans le cours d'eau (en surface ou enfouie dans le sédiment) et l'historique d'enfouissement affectent l'assemblage microbien associé à la litière et, par conséquent, la décomposition de cette dernière. Nous avons testé les hypothèses que (1) l'enfouissement dans la zone hyporhéique influence la diversité de l'assemblage microbien associé aux feuilles en décomposition et (2) diminue le taux de décomposition de la litière du fait de la diminution de la palatabilité et de la qualité du matériel foliaire, et (3) le devenir de la litière dans le cours d'eau dépend de l'historique de colonisation microbienne. Nous avons testé ces hypothèses dans un cours d'eau du sud-ouest de la France à l'aide de sacs à litière. Les taux de décomposition et la qualité physico-chimique de feuilles mortes, ainsi que les communautés fongiques associées ont été comparés sur une période de 17 semaines selon quatre scénarios de localisation et de mode d'exposition des litières dans le cours d'eau : (1) en surface ou (2) enfoui dans les sédiments, (3) enfoui après deux semaines d'exposition en surface, ou (4) en surface après deux semaines d'enfouissement. En parallèle, nous avons examiné les effets de ces traitements sur la valeur nutritionnelle potentielle de la litière à travers des tests de consommation sur trois espèces de macro-invertébrés détritivores. Nos résultats indiquent que l'historique d'enfouissement de la litière dans les sédiments réduit fortement la qualité du matériel foliaire et sa palatabilité pour les détritivores, en modifiant la composition des communautés fongiques mais pas la biomasse mycélienne totale. Cette diminution de la palatabilité se traduit par un ralentissement de la croissance des détritivores et une réduction de l'efficacité des transferts trophiques dans l'écosystème.

Julien Cornut - Université de Toulouse; UPS, INPT; EcoLab et CNRS UMR5245; EcoLab -Toulouse - cornut@cict.fr

Po6/02 Titre : Vulnérabilité des zones humides aux assecs: Stratégies de résistance et de résilience des communautés végétales.

Mélissa De wilde - Gudrun Bornette

Le changement global affecte les régimes hydrologiques via le changement climatique et l'augmentation de la pression anthropique sur les ressources hydriques. Le fonctionnement des zones humides continentales est très fortement régi par leur hydrologie. Elles présentent une biodiversité élevée et des fonctions cruciales pour les populations humaines. Dans les vallées alluviales, leur faible profondeur et la forte porosité des sédiments les rendent particulièrement vulnérables à ces altérations hydrologiques. On s'attend donc à ce que la biodiversité et les fonctions des zones humides soient altérées par ce changement global, et notamment par les étiages sévères provoqués par ce dernier. Les espèces végétales, en temps que producteurs primaires jouent un rôle clef dans le fonctionnement des zones humides. Leur caractère sessile les rendent particulièrement vulnérables aux effets directs (sécheresse) et indirects (disponibilité des nutriments) des assecs. Des modifications des peuplements dans le sens d'une augmentation des espèces tolérantes à l'assec devraient également avoir des conséquences en cascade sur le fonctionnement des zones humides, dans la mesure où cela pourrait contribuer à augmenter la production de matière organique peu dégradable et donc le comblement des zones humides. Les espèces végétales aquatiques ont pour la plupart des exigences strictes en termes de niveau de trophie. Elles constituent donc un bon descripteur du fonctionnement des zones humides mais leur comportement face à l'assec reste encore mal connu. L'objectif de la thèse sera de répondre à des questions à l'aide d'une démarche emboîtée, de la dynamique à long terme des écosystèmes jusqu'à l'analyse des réponses individuelles des organismes, en passant par des expérimentations in situ. Pour cela nous disposons d'une grande diversité de zones humides subissant des régimes d'assec différents pour lesquelles nous disposons de données écologiques à long terme. Le premier objectif sera d'évaluer les effets à long terme des assecs récurrents et exceptionnels sur la dynamique de la biodiversité végétale et le rôle de la résilience dans cette dynamique, notamment à travers l'étude de l'implication potentielle de la banque de graines dans la régénération saisonnière des communautés. Un second objectif sera de mesurer les réponses des communautés végétales (modifications structurelles et fonctionnelles, via la plasticité phénotypique et le remplacement d'espèces) et de l'habitat (dynamique de la matière organique) à l'épisode d'assec et après le retour à la normale. L'objectif du troisième volet sera d'étudier en laboratoire les capacités d'espèces contrastées phylogénétiquement et de populations, à mettre en place des ajustements plastiques face aux assecs

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

Po6/03 Titre : Étude de dégradation des litières des petits cours d'eau aménagés en restauration écologique passive

Guillaume Forget - Antoine Leceff - Ivan Bernez

La sauvegarde des écosystèmes ripariens est un champ d'étude majeur dans la compréhension et le maintien de la santé des rivières. Des campagnes de restauration écologique passive, ie à intervention minimale, ont été effectuées depuis six ans sur des ruisseaux du bassin versant de l'Oir (Basse Normandie). Ces restaurations écologiques consistent en la suppression de la perturbation liée à la présence de pâturage sur les berges de cours d'eau par la mise en place d'abreuvoirs et de clôtures. Le recouvrement du biotope au sein des exclos par les espèces végétales se fait ensuite sans aucune intervention extérieure. L'objectif de cette étude est de déterminer si les changements de diversité végétale induits par la restauration écologique des berges ont un impact sur le fonctionnement des ruisseaux et notamment sur leurs capacités à dégrader les litières. Des expérimentations en cours s'intéressent aux vitesses de dégradation des litières. Cette étude a lieu sur quatre ruisseaux, deux restaurés et deux autres considérés en bon état écologique. Des sacs de maille 1cmx1cm remplis de feuilles d'aulne (*Alnus glutinosa*) récoltées juste après abscission sont disposés dans le lit des ruisseaux. Ces sacs sont récoltés après une, trois et cinq semaines d'immersion. Les feuilles sont alors pesées et des prélèvements sont effectués afin de doser l'ergostérol permettant d'évaluer la biomasse mycélienne. Pour mieux caractériser les communautés de détritivores présents dans les ruisseaux, les invertébrés présents dans ces sacs de litières sont également prélevés pour leur détermination ultérieure (au niveau du genre). Nous émettons l'hypothèse d'une modification des vitesses de dégradation des litières après la mise en place de la restauration passive des ruisseaux. De plus, il sera intéressant de comparer ces valeurs avec celles des deux autres ruisseaux témoins. Les ruisseaux restaurés sont-ils capables de dégrader la litière de la même manière que des ruisseaux considérés en bon état écologique? Ces expérimentations s'inscrivent dans un programme à long terme (Observatoire de Recherche en Environnement) et permettent de mieux comprendre les interactions existantes entre les berges et le fonctionnement des lits de petits ruisseaux situés en tête de bassin versant.

Guillaume Forget - INRA-Agrocampus Ouest. UMR ESE - Rennes - guillaume.forget@rennes.inra.fr

Po6/04 Titre : Dynamique temporelle des diatomées de la colonne d'eau et du biofilm épilithique : une étude comparative dans la Garonne

Nabil Majdi - Nerea Tekwani-Movellan - Benoit Mialet - Marie - stéphanie Boyer - Loic Ten-Hage - Michèle Tackx - Evelyne Buffan-Dubau - Frédéric Azemar - Robert Fernandez

Dans les portions de la Garonne où l'hydrodynamique est importante, le temps de résidence dans la colonne d'eau ne permet pas un grand développement des organismes phytoplanctoniques. Ainsi, l'essentiel de la production primaire phototrophe est assurée par les algues benthiques du biofilm (principalement des diatomées). Le biofilm épilithique subit des cycles de croissance et de décrochage. L'objectif de cette étude est de déterminer si la communauté phytoplanctonique est alimentée par le décrochage des micro-algues benthiques, ou si cette communauté est strictement pélagique. Pour cela nous avons suivi, à travers une campagne d'échantillonnage hebdomadaire de septembre 2008 à mars 2010, le couplage entre diatomées benthiques et diatomées pélagiques en fonction des paramètres environnementaux et des cycles de croissance/décrochage du biofilm.

Nerea Tekwani-Movellan - EcoLab UMR 5245 - Toulouse - nere_2407@hotmail.com

Po6/05 Titre : Etude de transferts trophiques dans les rivières antillaises

Sophie Coat - Dominique Monti

Les cours d'eau antillais ont de très fortes originalités qui les distinguent du fonctionnement de la majorité des rivières européennes. Avec de fortes pentes dans leurs parties moyennes et supérieures, une faible longueur et de petits bassins versants dont la forme détermine la nervosité des écoulements. Ces milieux sont, par la turbulence de leur flux, « orientés à l'export ». Ceci se traduit par une forte limitation et une grande variabilité des ressources consommables par les espèces de poissons et crustacés qui y résident. Les premiers résultats utilisant les isotopes stables de l'azote et du carbone dans une modélisation permettant la prise en compte de sources alimentaires multiples (modèle IsoSource) montrent une faune aquatique opportuniste et organisée dans un réseau trophique à chaînes courtes. Une part significative de l'énergie entrante est allochtone (feuilles, fruits, matière dérivante...) tandis que le seul producteur autochtone abondant et partagé par de nombreuses espèces est un biofilm épilithique bien installé.

Dominique Monti - UAG - Pointe-à-Pitre - dominique.monti@univ-ag.fr

Po6/06 Titre : Quelles sont les conditions physico-chimiques au sein d'herbiers de macrophytes invasifs ? Influencent-elles les communautés d'invertébrés aquatiques associées à ces macrophytes ?

Nina Richard - Philippe Juge - Laure Fraboul - Catherine Boisneau - Brigitte Ruaux

Les plantes aquatiques influencent leur environnement physique (atténuation de la lumière, température, substrat), leur environnement chimique (oxygène, carbone inorganique et organique, nutriments) et les autres organismes vivants (épiphytes, brouteurs, détritivores, poissons). Ainsi, les macrophytes peuvent avoir des effets directs (support, abris, nourriture) comme indirects (qualité d'eau, oxygène) sur les invertébrés aquatiques. L'apparition de macrophytes invasifs, telles que *Ludwigia peploides* et *Elodea Nuttallii*, peut entraîner des changements sur les communautés macrobenthiques qui y sont associées. Au sein des annexes hydrauliques de Loire moyenne, les communautés d'invertébrés aquatiques et leurs relations avec les macrophytes ont été peu étudiées. Dans une annexe hydraulique de la Loire moyenne, « Chapeau-Bas » située en amont de Tours (Indre-et-Loire), nous avons cherché à quantifier les conditions physico-chimiques au sein d'herbiers de *Ludwigia peploides* et d'*Elodea nuttallii* et leurs éventuels effets sur les communautés d'invertébrés qui y sont associées. Nous avons installé durant un an des sondes multiparamètres mesurant en continu, avec un pas de temps horaire, la température, le dioxygène, la conductivité et le pH dans une placette de neuf m² au sein d'un herbier mixte de *Ludwigia peploides* et d'*Elodea nuttallii* ainsi que dans une seconde placette sans herbiers de même surface. Cette dernière a été dévégétalisée en début de campagne et recouverte par un herbier artificiel constitué de plantes en plastiques imitant les jussies. Les communautés d'invertébrés au sein de ces deux placettes ont été échantillonnées, analysées et comparées. Mots clés : *L. peploides*, *E. nuttallii*, macroinvertébrés, annexe hydraulique, Loire moyenne, dioxygène, conductivité, pH, température

Nina Richard - Université François-Rabelais Tours - CETU Elmis Ingénieries - Chinon - nina.richard@univ-tour

Po6/07 Titre : Méthodologie de conception d'outils multicritères d'évaluation du fonctionnement des zones humides

Célia Rodriguez - Gudrun Bornette - Pierre Marmonier - Bernard Montuelle - Jean-Marcel Dorioz

La caractérisation du bon état écologique passe fréquemment, en ce qui concerne les zones humides, par la recherche de la présence de groupes phytotaxonomiques emblématiques, dont la présence ou le maintien dans l'écosystème est interprété comme un signe de conservation de ce bon état écologique (cf textes législatifs, code Corine Biotope, Liste de protection, Annexes Directive Habitat). Pourtant, plusieurs travaux récents ont montré que la signification de cet outil pouvait fréquemment être altérée, et qu'il était nécessaire d'avoir recours dans certaines situations à des indicateurs d'altération complémentaires. En effet, le fonctionnement des zones humides résulte d'interactions complexes entre les processus physiques (hydrologie, géomorphologie, hydraulique, etc.), les processus microbiens et les processus physico-chimiques. La difficulté consiste 1) à identifier les indicateurs végétaux pertinents de ces différentes composantes fonctionnelles (et/ou de produire des indicateurs complémentaires à la végétation), et 2) à interpréter les changements floristiques observés dans les zones humides. Cette difficulté est exacerbée par les fluctuations drastiques des conditions climatiques observées depuis quelques décennies, qui affectent profondément le fonctionnement hydrologique des zones humides sur des pas de temps courts. L'objectif est donc de trouver des indicateurs physico-chimiques du fonctionnement de ces zones humides qui fourniraient des clefs d'interprétation des variations observées au sein des peuplements végétaux, et par conséquent, qui permettraient : 1) d'identifier des indicateurs végétaux fiables du fonctionnement des zones humides : de borner les valeurs indicatrices de l'outil « végétation » : quelle est la valence fonctionnelle des groupements phytosociologiques? 2) Par voie de conséquence, d'identifier des espèces dont l'apparition, ou la disparition, traduirait la modification de facteurs clef du fonctionnement des écosystèmes ? 3) d'établir une interprétation des changements floristiques que l'on observe actuellement dans les zones humides: simples fluctuations ou signes d'altérations plus profondes Ces indicateurs fonctionnels ont été sélectionnés vis à vis de 3 processus clef du fonctionnement des zones humides : processus d'accumulation et de minéralisation de la matière organique, processus d'eutrophisation potentielle et avérée vis à vis du phosphore, et processus de dénitrification. Ce travail aboutira à la conception d'outil(s) multicritère(s), que les gestionnaires des hydrosystèmes pourront utiliser pour identifier précisément le type de fonctionnement et le degré d'altération éventuel de la zone humide.

Célia Rodriguez - UMR CNRS 5023 - Villeurbanne - celia.rodriguezRhomeo@gmail.com

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

P07/01 Titre : Mise en évidence de l'introduction de l'algue rouge *Polysiphonia morrowii* Harvey, (Rhodomélacées), en Atlantique Nord sur les côtes Bretonnes

Alexandre Geoffroy - Christophe Destombe - Line Le gall - Stéphane Mauger

Les nombreuses activités humaines telles que la pêche, l'aquaculture et les aménagements littoraux menacent les écosystèmes marins côtiers. Un des risques majeurs pour la biodiversité et le fonctionnement ces écosystèmes est l'introduction d'espèces exotiques via notamment, le transport maritime et l'aquaculture qui font des mers et des océans un vaste réseau communicant, idéal pour la dispersion des espèces invasives. Les premiers stades d'introduction sont généralement difficiles à mettre en évidence, en particulier, dans les zones caractérisées par de fortes diversités spécifiques. C'est le cas par exemple, de la Pointe Bretagne, région qui se situe à la jonction de deux zones biogéographiques et où se rencontrent des espèces de mers froides de la province Boréale, et des espèces de mers chaudes de la province Lusitanienne (on dénombre plus de 450 espèces dans la région de Roscoff). Dans ces milieux, la phase initiale de l'introduction d'espèces exogènes passe souvent inaperçue car ces dernières sont couramment confondues avec les taxons autochtones. Ce pourrait, en particulier, être le cas du genre *Polysiphonia* qui est cosmopolite, très divers (200 espèces dont 17 répertoriées en Bretagne) et dont la délimitation des espèces sur la base de caractères morpho-anatomiques est quasiment impossible en raison d'importantes variations phénotypiques et de phénomènes de convergence. Dans la présente étude, l'utilisation de marqueurs moléculaires de type barcode (basée sur la séquence du RbcL) a révélé que des spécimens du genre *Polysiphonia*, collectés à Roscoff, avaient une séquence identique à celle de spécimens de *Polysiphonia morrowii* Harvey, ce qui suggère l'introduction en Atlantique de cette espèce réputée invasive. Celle-ci est originaire des côtes du Pacifique nord-ouest (Japon, Corée) et a été observée en tant qu'espèce introduite dans le Pacifique Sud le long des côtes chiliennes ainsi qu'en Méditerranée dans l'étang de Thau. Nos résultats suggèrent que *Polysiphonia morrowii* ait été introduite en Bretagne via l'activité aquacole (probablement en passant par l'étang de Thau). Cette espèce est morphologiquement très proche de deux espèces autochtones ce qui pourrait expliquer qu'elle soit jusqu'alors passée inaperçue. Cette étude montre qu'une approche de type DNA-barcode constitue un outil de surveillance de choix pour mettre en évidence, dans les communautés algales, l'introduction d'espèces exogènes.

Alexandre Geoffroy - Station biologique de Roscoff, UMR7144, équipe BEDIM - Roscoff - geoffroy@sb-roscoff.fr

P07/02 Titre : Aménagement des éco-quartiers et biodiversité

Alexandre Henry

Au cours du dernier siècle, un déclin de la biodiversité a été observé, en grande partie dû à l'urbanisation. Aujourd'hui, 50% de la population mondiale vit en ville. On estime qu'en 2050, la planète comptera plus de 75% de citoyens. Le monde s'urbanise rapidement, la ville est devenue un centre d'intérêt majeur pour la conservation de la biodiversité. De plus en plus d'éco-quartiers sont créés, avec pour but principal de réduire les consommations en énergie et en eau, rarement pour améliorer la biodiversité. Pour étudier tous les aspects de l'éco-conception, VINCI et 3 écoles de ParisTech (MINES ParisTech, Ecole des Ponts ParisTech et AgroParisTech) ont mis en place en novembre 2008 un partenariat de long terme sur le thème de l'éco-conception des ensembles bâtis et des infrastructures. Le développement des éco-quartiers et de la biodiversité sont actuellement un sujet de grande importance. Plusieurs questions sont posées : De quelle biodiversité parle-t-on ? Comment la mesurer ? La ville est-elle une menace pour la biodiversité ? Comment concilier les citoyens et les espèces floristiques et faunistiques ? Quelle végétation pour quelle ville ? Comment combiner biodiversité et durabilité des espaces verts ? Les objectifs de ma thèse sont de réaliser un état de l'art de la biodiversité urbaine (quelles études ont été réalisées, quels indicateurs ont été utilisés, quelles conclusions ont été faites, quelle solutions ont été proposées), pour déterminer le ou les indicateurs les plus appropriés. Le second objectif est de proposer des aménagements pour améliorer la biodiversité dans l'éco-quartier et dans la ville, pour en faire un écosystème durable et fonctionnel.

Alexandre Henry - Laboratoire Ecologie, Systématique et Evolution - UMR 8079 Université Paris Sud, CNRS, AgroParisTech - Orsay - alexandre.henry@u-psud.fr

P07/03 Titre : Structure génétique des populations de deux urodèles en plaine alluviale

Aurélie Johanet - Christophe Lemaire

La fragmentation et la disparition de l'habitat sont les principales causes d'extinction des espèces. Les espèces philopatrices ou à capacités dispersives limitées sont particulièrement concernées de par leurs faibles capacités à la recolonisation. La connectivité de l'habitat apparaît alors comme un élément majeur pour la viabilité des populations. Les amphibiens y sont particulièrement sensibles du fait de leur dépendance aux milieux humides pour leur reproduction et de la nécessité de migrer entre habitats terrestres et aquatiques. En plaine alluviale, les paysages sont liés au régime fluvial. La vallée peut ainsi être considérée comme un habitat de reproduction favorable et un corridor de dispersion pour les amphibiens par le biais des crues. Les prédictions ne sont toutefois pas si claires car le cours d'eau d'une part et la zone inondable, régulièrement soumise à une perturbation importante, d'autre part peuvent agir comme des barrières à la dispersion. Le comportement des populations d'amphibiens en vallée inondable est actuellement mal connu et difficile à étudier. Les outils moléculaires sont ici particulièrement utiles pour quantifier l'influence du paysage sur le flux de gènes et la connectivité des populations. A l'échelle des Pays-de-la-Loire, nous avons analysé la structure génétique des populations chez une espèce ubiquiste, le triton palmé *Lissotriton helveticus*, et une espèce inféodée aux milieux alluviaux sur la zone d'étude, le triton ponctué *Lissotriton vulgaris*. Les objectifs de cette étude étaient (1) de tester l'existence d'une structure génétique et de comprendre comment s'organisent les populations à l'échelle de la région, et (2) d'évaluer l'influence de grands éléments du paysage sur les flux de gènes. Nous avons observé une faible structure génétique à l'échelle de la région pour les deux espèces ($F_{ST} = 0,027$ ($p > 0,000$) pour le t. palmé et $0,028$ ($p > 0,000$) pour le t. ponctué). La structure s'expliquait principalement par un isolement par la distance selon un modèle de migration de proche en proche. Conformément aux résultats de simulations que nous avons effectuées, le flux de gènes observé était plus élevé en vallée alluviale qu'en plateau. Les individus semblent profiter de la densité élevée des sites de reproduction potentiels et des corridors de dispersion dans la plaine d'inondation. Il ressort que pour ces deux espèces, les vallées inondables sont des éléments paysagers de forte connectivité entre sites et non des barrières à la dispersion entre rives. Il semble donc important de conserver les zones humides alluviales qui constituent des corridors dans la matrice paysagère.

Aurélie Johanet - UMR CNRS ECOBIO - Rennes - aurelie_johanet@hotmail.com

P07/04 Titre : Mise en évidence d'un effet lisière à longue portée sur la flore forestière : effet lisière ou rôle de l'histoire ?

Laurent Bergès - Vincent Pellissier - Théodora Nedeltcheva - Catherine Avon - Jean-Luc Dupouey

Si les phytosociologues ont établi depuis longtemps des listes d'espèces de lisière, leur définition souffre de plusieurs défauts : (1) elle se cantonne à des comparaisons d'habitats et ont rarement fait l'objet d'analyse directe de l'effet de la distance à la lisière, (2) les effets «lisière» n'ont jamais été étudiés au-delà de quelques dizaines de mètres et (3) l'idée que certaines espèces préfèrent l'intérieur forestier est un sujet de recherche encore peu exploré. Les objectifs de cette étude sont : (1) d'établir une liste de plantes de cœur des massifs forestiers ; (2) de mesurer la portée de l'effet "lisière" ; (3) de déterminer quels traits d'histoire de vie discriminent la réponse des espèces à la distance à la lisière. La réponse des espèces forestières à la distance à la lisière a été modélisée pour 214 espèces. Les données proviennent du réseau de l'Inventaire Forestier National et comprennent 19801 placettes réparties dans 1801 massifs situés sur la moitié Nord de la France. Les patrons de réponse ont été définis en utilisant des modèles de régression logistique et en contrôlant pour la taille du massif et la qualité de l'habitat local (climat, sol, peuplement). Les relations entre certains traits d'histoire de vie (espèces de forêts anciennes, mode de dispersion, forme biologique) et la réponse des espèces à la distance à la lisière ont été analysées. Sur les 214 espèces analysées, 51 sont des espèces de cœur et 45 des espèces de lisière. L'influence de la lisière dépasse 1000 m pour 26 espèces de cœur et 12 de lisière. Les espèces de cœur sont plus souvent des espèces de forêts anciennes et des hémicryptophytes et moins souvent des phanérophytes et des zoochores que les espèces de lisière. L'effet lisière a une portée beaucoup plus grande qu'attendu, qui ne semble pas pouvoir s'expliquer par les gradients biotiques ou abiotiques habituels. Nous privilégions plutôt une interprétation basée sur un déplacement généralisée des lisières, du fait de la forte reconquête forestière depuis le milieu du 19ème siècle. Cette recolonisation a créé de nouveaux habitats sur d'anciennes terres agricoles ou pâturées dans lesquels les espèces de cœur ne s'installent que très lentement, à cause notamment de leur faible capacité de dispersion. Cet effet «lisière» à longue distance a des implications importantes pour la conservation de la biodiversité.

Laurent Bergès - Cemagref UR EFNO - nogent-sur-vernisson - laurent.berges@cemagref.fr

Session : Agriculture, paysage et biodiversité

Po8/01 Titre : Description de la biodiversité d'un agro-écosystème : composition génétique des champs et populations de colza (*Brassica napus*) à l'échelle du paysage

Diane Bailleul - Sandrine Pivard - Aurélie Garnier - Sébastien Ollier - Jane Lecomte

Les agro-écosystèmes sont des paysages complexes où les espaces de biodiversité sont imbriqués : champs cultivés, zones sauvages dites naturelles (bois, prairies ...) et marginales (bords de route, de chemin et de cours d'eau, jachères...). De nombreuses espèces cultivées comme le colza (*Brassica napus*) peuvent s'établir dans les espaces marginaux et former des populations qualifiées de férales qui côtoient la biodiversité sauvage. Les populations férales sont originellement fondées par les graines de champs et développent une dynamique indépendante de celle des cultures. La diversité génétique du colza à l'échelle d'un paysage agricole, dans les espaces cultivés et marginaux, est fortement dépendante des facteurs anthropiques : l'homme décide des variétés de colza semées, de la rotation des cultures et de leur fréquence et crée des perturbations dans les bordures par fauche ou application de pesticides. La dispersion du pollen et des graines de colza influence également la diversité génétique à l'échelle du paysage et pas seulement locale, ce qui pose le problème de l'échappement des trans-gènes par ces biais et de leurs conséquences sur les compartiments dans lesquels ils s'installent. La question des flux de gènes dans les agro-écosystèmes entre populations cultivées, populations férales et populations apparentées est donc au cœur de l'étude des impacts des plantes transgéniques. Des travaux ont été entrepris dans le cadre de l'ANR GMBioImpact afin d'estimer et de prédire les flux de gènes et de trans-gènes du colza à l'échelle du paysage et d'en inférer leurs impacts sur la biodiversité. Des données de cartographie pluriannuelle, de description démographique des populations et des données génétiques sur les populations férales et les champs dans l'agro-écosystème de Selommes (41 km², Loir-et-Cher) nous ont permis d'approfondir nos connaissances sur l'origine des plantes des populations férales (immigration par le transport, champs ou populations voisines par dispersion, production et constitution de banque de graines), leur maintien (Pivard et al.) et sur les flux de gènes, pollen (Devaux et al.) et graines (Garnier et al.), entre champs et populations férales. Concernant les données génétiques, 8 marqueurs microsatellites ont été utilisés afin d'identifier la variété de chaque plante prélevée par comparaison des génotypes obtenus avec une base de variétés de référence (55 variétés commerciales). Ce travail d'assignation nous a permis de décrire la composition génétique du paysage agricole de Selommes et ses variations dans le temps en évaluant les proportions relatives des variétés cultivées en champs et présentes dans les populations férales.

Diane Bailleul - Université Paris-Sud 11, UMR8079, Orsay - diane.bailleul@u-psud.fr

Po8/02 Titre : Impact écologique des modes agricoles traditionnelles sur les formations steppiques de la commune de Maamora Wilaya de Saida (Algérie)

Amine habib Borsali - Okkacha Hasnaoui

L'ensemble steppique est entrain de vivre une véritable catastrophe écologique et la fragilisation de son écosystème hypothèque fortement l'existence des populations. La commune de Maamora s'inscrit parmi ces zones steppiques, elle figure parmi les communes de la wilaya de Saida, elle se caractérise par une pluviométrie inférieure à 200 mm /an, un climat rude et des amplitudes thermiques importantes, ces sols sont peu profonds, elle présente une forte sensibilité aux incendies de forêts et de la steppe et à la désertification. L'objectif principal de ce travail consiste à donner un diagnostic complet et une étude poussée pour endiguer tout échec ou perte éventuelle de la restauration écologique de ces espaces dégradés par des modes agricoles traditionnelles et anarchiques et de proposition d'aménagements en symbiose avec le milieu naturel. De ce fait, la méthode préconisée pour entreprendre notre travail consiste à : Une description des différents groupements végétaux et animaux, une analyse de l'occupation du sol par type de culture et par secteur et une description des potentialités de la zone et l'action anthropique. La connaissance de ces milieux naturels et de la végétation nous a permis de travailler en accord avec cet écosystème et présenté une restauration réfléchie et adéquate avec le milieu naturel plutôt que de chercher à le dominer ou le modifier par des aménagements absurdes en désaccord total avec les potentialités de la zone.

Amine habib Borsali - Algérie - Saida - rhizobiologie@yahoo.fr

Po8/03 Titre : Etude de l'utilisation de l'espace par les espèces adventices des cultures au sein d'une mosaïque agricole hétérogène de Côte d'Or

Mélanie Le guilloux - Sandrine Petit

Sous la pression des demandes sociétales et politiques actuelles, les moyens de gestion des adventices de culture dites « mauvaises herbes » vont être amenés à évoluer dans les années à venir, vers des systèmes de cultures à faible usage d'herbicides. De nouveaux leviers de gestion devront alors être mobilisés pour pallier à la lutte chimique, parmi lesquels une prise en compte de la biologie et de l'écologie des espèces à l'échelle du paysage agricole, et non plus simplement à celle de la parcelle. De quelle manière la répartition des habitats au sein du parcellaire impacte-t-elle la dynamique des espèces, par le biais des filtres environnementaux et anthropiques qui agissent sur elles en créant des différences de composition floristique ? Chez les espèces à forte spécificité d'habitat, comme chez les espèces plus ubiquistes qui occupent l'ensemble de la mosaïque, l'occupation des habitats peut-elle être associée à l'occurrence de valeurs particulières de traits fonctionnels d'établissement, de dispersion et de régénération des espèces ? Afin de répondre à ces questions, l'échantillonnage au printemps 2009 de la flore adventice d'un paysage agricole de Côte d'Or, sur la base d'une maille de relevés de 50m de côté, a permis de mettre en évidence, à cette échelle d'observation : -la forte hétérogénéité floristique des parcelles, échelle qui n'est donc pas la plus fonctionnelle pour la gestion des espèces, -une répartition des espèces qui semble plus sous l'emprise de facteurs paysagers locaux tels que la connectivité ou la présence de linéaire hors-champ successifs, que sous l'influence du type cultural, -que les espèces sont présentes sur l'ensemble du territoire, mais que leur expression en différentes abondances résulte plutôt d'un processus aléatoire, à partir d'un stock semencier rendu lui aussi homogène au fil du temps par les pratiques agricoles, - que les zones de transition à la marge des parcelles semblent constituer de véritables refuges pour la diversité spécifique. Est-ce également le cas pour la diversité fonctionnelle ? C'est pour répondre à cette question qu'une approche fonctionnelle a été développée, qui cherche, à travers l'étude de la structuration spatiale des traits d'histoire de vie et des traits fonctionnels des espèces, à mieux comprendre les mécanismes qui sous-tendent l'utilisation de l'espace par les espèces. Ainsi, il sera possible d'identifier à l'échelle de la communauté, les traits les plus informatifs liés aux différents types de structuration, pour tenter de mieux comprendre les règles d'assemblage non aléatoire des espèces adventices.

Mélanie Le guilloux - INRA UMR 1210 Biologie et Gestion des Adventices - Dijon - melanie.le-guilloux@dijon.inra.fr

Po8/04 Titre : Flux de gènes à l'échelle du paysage : Dispersion du pollen de colza dans un agro-écosystème

Gwendal Restoux - Céline Devaux - Etienne Klein - Jane Lecomte

Les plantes cultivées sont caractérisées par une diversité génétique réduite et des phénotypes adaptés aux conditions de culture, qui peuvent donc différer d'un champs à l'autre ou de celles des apparentées sauvages. Cette différenciation est plus marquée dans le cas des organismes génétiquement modifiés, d'autant plus que l'impact de la fuite de transgènes dans l'environnement reste encore largement méconnu. Il est donc important de comprendre l'impact des flux de gènes au sein des agro-écosystèmes et d'intégrer ce processus à l'échelle du paysage. Nous avons étudié une des composantes des flux de gènes, la dispersion du pollen car elle permet le transport de propagules sur de grandes distances et pourrait donc être une source importante de fuite de transgènes dans l'environnement. Nous avons choisi d'étudier le colza (*Brassica napus*) dans un paysage agricole (10x10km) au sein duquel nous avons géoréférencé exhaustivement la position de tous les champs ainsi que la position des populations férales (i.e. populations échappées des champs présentes le long des routes) pour lesquels nous avons le génotypes de graines (8 marqueurs microsatellites). Nous avons également positionné des individus mâle-stériles sur l'ensemble du paysage à différentes distances des champs et des populations férales, dont nous possédons le génotypes de certaines graines. Afin d'estimer les flux de pollen à l'échelle de ce paysage agricole nous avons développé un modèle bayésien qui permet de i) caractériser la composition génétique des champs en assignant la distribution des fréquences des variétés au sein de chaque champ ; ainsi il nous est possible de caractériser individuellement les champs de manière génétique et donc d'estimer la diversité génétique finement sur l'ensemble du paysage, que nous pouvons cartographier et ii) d'estimer la dispersion du pollen à partir des génotypes des grains de pollen capturés par les plantes mâle-stériles. Ces grains de pollen sont issus (a) des champs ou des populations férales du paysage étudié et dispersés selon un noyau de dispersion individuel depuis la plante source ou (b) de l'extérieur de la zone et sont dans ce cas considérés issus d'un nuage de pollen commun dont la composition génétique est estimée ainsi que le taux de migration. Les étapes (i) et (ii) sont effectuées de manière simultanée en utilisant un algorithme MCMC. Nos estimations considèrent l'hétérogénéité des sources de pollen ainsi que leurs formes et leurs positions.

Gwendal Restoux - CNRS - UMR 8079 - Lab ESE - Université Paris-Sud 11 - Orsay - gwendal.restoux@u-psud.fr

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

Pog/01 Titre : Rôle de la banque de propagules dans la conservation de la biodiversité dans les réseaux d'étangs agro-piscicoles.

Florent Arthaud - Dominique Vallod - Gudrun Bornette

Les petits plans d'eau (mares et étangs) constituent un habitat essentiel pour de nombreuses espèces animales et végétales et jouent un rôle crucial dans le maintien de la biodiversité régionale. Les végétaux aquatiques constituent un bon indicateur de l'état écologique des écosystèmes aquatiques. Outre leur contribution à la biodiversité des étangs, les végétaux aquatiques contribuent à fournir des abris, des supports et de la nourriture à de nombreuses espèces végétales et animales, et contribuent donc à augmenter significativement la biodiversité des plans d'eau peu profonds. Cependant l'eutrophisation de ces écosystèmes par les activités humaines favorise la dominance du phytoplancton qui limite le développement de la végétation. L'objectif de cette étude est d'établir la relation entre l'eutrophisation et la végétation dans un contexte d'étangs agro-piscicoles. La végétation établie et la banque de propagules a été suivie dans 26 étangs. Les nutriments ainsi que la biomasse phytoplanctonique, ont été mesurés durant la période d'émergence de la végétation. Les pratiques agro-piscicoles et caractéristiques de chaque étang ont été collectées lors d'enquêtes auprès des gestionnaires. La concentration en nutriment et la biomasse phytoplanctonique sont fortement corrélées. L'augmentation de la biomasse phytoplanctonique diminue la richesse et l'abondance de la végétation établie, mais n'a pas d'effet sur la banque de propagules. Dans les étangs avec une forte biomasse phytoplanctonique, la non-similarité entre la végétation établie et la banque de propagules peut être expliquée par l'existence d'une banque de graines persistante. Cette persistance des graines peut être reliée aux pratiques agro-piscicoles qui favorisent la dispersion spatiale et temporelle des graines. La dispersion spatiale peut être reliée à une forte variation annuelle de la biomasse phytoplanctonique, les gestionnaires alternant différentes pratiques, avec des années dévouées à la reproduction ou au développement des petits puis des gros poissons, ou à des périodes d'assez tout les 4 ans environ, avec mise en culture ou en jachère. L'organisation en réseaux d'étangs se vidant les uns dans les autres, favorise la dispersion spatiale des propagules flottantes des étangs végétalisés (source de propagules) vers des étangs où la végétation ne s'exprime pas (puits de propagules). Cette étude démontre que la biodiversité végétale réalisée diffère fortement de la biodiversité potentielle (banque de propagules), et que la comparaison entre les deux, apportent des informations utiles sur le fonctionnement des réseaux d'étangs agro-piscicoles et comment les pratiques humaines affectent la biodiversité.

Florent Arthaud - Université Lyon 1 - UMR CNRS 5023 / ISARA-Lyon - florent.arthaud@univ-lyon1.fr

Pog/02 Titre : Connectivité biologique et connectivité structurale : comprendre les patrons de distribution des espèces à l'échelle régionale

Aude Ernoult - Solene Croci

La fragmentation, principalement liée à l'évolution des activités anthropiques telle que l'agriculture, induit une altération de la qualité des habitats et l'isolement des populations. La recherche, notamment en Ecologie du Paysage, souligne depuis plusieurs années l'importance du rôle des corridors pour pallier les effets négatifs de la fragmentation en augmentant la connectivité entre les populations locales. La connectivité structurale entre les taches d'habitat, c'est-à-dire leur jonction physique, est ainsi recommandée pour accroître la connectivité biologique, c'est-à-dire les flux d'individus, entre taches d'habitat. La convergence des résultats scientifiques confirmant la perte de biodiversité par fragmentation de l'habitat a fini par alerter les pouvoirs publics. Ainsi, les conclusions issues du Grenelle de l'Environnement soulignent l'importance du maintien, voire de la restauration, de la biodiversité grâce à la mise en place de corridors dans le cadre de la trame verte et bleue. Répondre à cet enjeu national nécessite d'évaluer la fonctionnalité des corridors biologiques sur des espaces étendus et pour un grand nombre d'espèces. Or actuellement, la majorité des études considère une espèce cible, et se place ainsi à l'échelle de la population. Il existe donc un manque de connaissances pour répondre à la volonté commune aux scientifiques et aux gestionnaires de maintenir la biodiversité dans sa globalité. Il est désormais indispensable d'appréhender le rôle des corridors dans le maintien de la biodiversité à l'échelle des communautés. Dans ce contexte, notre étude cherche à mieux comprendre les relations entre connectivité biologique et connectivité structurale sur de grandes étendues spatiales. Plus précisément, nous cherchons à déterminer si, à l'échelle des communautés et malgré le fait que les espèces qui les constituent ont des caractéristiques de dispersion différentes, il est possible d'identifier des configurations paysagères - passées ou actuelles - qui assurent la connectivité biologique entre ces communautés. Cette étude exploratoire repose sur la mise en relations de cartographies des habitats obtenues à l'échelle de la région Bretagne grâce au développement de la télédétection, et de données biologiques (plantes, oiseaux) issues d'atlas régionaux.

Solene Croci - UMR CNRS 6553 ECOBIO, Univ. Rennes 1 - Rennes - solene.croci@gmail.com

P09/03 Titre : Histoire des paysages urbains et Impact sur les patrons actuels de répartition des espèces

Solene Croci - Antoine Lefebvre - Laurence Hubert-Moy - Alain Butet

L'urbanisation est un processus plus ou moins rapide qui fragmente les habitats naturels et minéralise les sols (bâti, voirie). Comme dans d'autres paysages, par exemple agricoles, des travaux ont montré que la fragmentation en ville peut avoir un impact sur la structure des communautés animales. Parallèlement, des travaux ont montré qu'il peut exister un temps de latence plus ou moins long entre les modifications de l'environnement et la réponse des communautés à ces changements. Les patrons de distributions actuels des espèces peuvent donc traduire l'histoire passée des habitats. Pour cette raison, l'étude des trajectoires paysagères passées peut enrichir considérablement notre compréhension de l'impact des changements paysagers sur la structure des communautés. Ce type d'étude peut également aider à modéliser la structure des communautés futures en réponse aux paysages actuels. Dans cette étude, nous avons cherché à déterminer l'impact des trajectoires des paysages urbanisés sur les patrons de distributions actuels des oiseaux dans des boisements situés le long d'un gradient d'urbanisation. Les oiseaux ont été recensés en 2004 et 2005 dans 13 boisements répartis du centre ville de Rennes (Bretagne, France) au milieu rural adjacent. Parallèlement, nous avons analysé la composition et la configuration des paysages (fenêtres paysagères de 1km² centrées autour des sites) en 1952, 1969, 1878, 1989 et 1999, ainsi que leurs mutations entre ces différentes dates. Puis, nous avons testé l'importance de ces paysages passés et présents pour comprendre la distribution actuelle (2004-2005) des espèces le long du gradient rural-urbain. L'urbanisation s'est effectuée progressivement de 1952 à 1999 et a engendré une augmentation des surfaces minérales et de la fragmentation des habitats. Elle s'est accompagnée d'une diminution des surfaces boisées de 1952 et 1969, lesquelles ont ensuite augmentées légèrement jusqu'en 1999. Nos résultats indiquent que les distributions d'oiseaux sont corrélées à la composition et à la configuration des paysages de 1969 à 1999, mais pas des paysages de 1952. Leur structure actuelle est donc en adéquation avec les paysages mis en place à partir de 1969. Ainsi, la structure des communautés d'oiseaux semble s'être adaptée rapidement à la diminution de la disponibilité des habitats (les boisements) intervenus entre 1952 et 1969. Depuis, les modifications du paysage liées à l'urbanisation (minéralisation des sols principalement) n'affectent pas profondément la structure des communautés d'oiseaux.

Solene Croci - UMR CNRS 6553 ECOBIO, Univ. Rennes 1 - Rennes - solene.croci@gmail.com

P09/04 Titre : Impact de la fragmentation liée à l'urbanisation sur la structure génétique de populations de petits mammifères distribuées le long d'un gradient d'urbanisation

Solène Croci - Aurélie Johanet - Oscar Lima - Eric Petit - Alain Butet

Le milieu urbain représente 8% du territoire métropolitain français et ne cesse de s'étendre. Les programmes de conservation de la biodiversité à l'échelle du territoire doivent donc prendre en compte ce milieu. Ce milieu peut participer ou entraver la conservation de la biodiversité sur de plus grandes échelles spatiales selon que les espaces « naturels » qu'il abrite accueillent ou non des populations viables et pérennes. La fragmentation, en diminuant la taille des taches d'habitats et en les isolant les unes des autres, induit une diminution de la taille efficace des populations animales par des effets démographiques directs (diminution de la capacité de charge) et indirects (diminution du nombre de migrants et donc des flux de gènes entre populations). Il en résulte un isolement de ces populations et une perte de leur diversité génétique par dérive génétique ou consanguinité, ce qui peut affecter leur capacité à répondre rapidement aux variations stochastiques de leur environnement. Ces effets s'accroissent si les habitats sont peu connectés (absence de corridors de dispersion) et/ou si la matrice paysagère entre habitats est peu perméable aux déplacements des individus (résistance de la matrice). Par la minéralisation des sols tout à fait singulière qu'elle induit, l'urbanisation fragmente fortement les habitats naturels et réduit considérablement la connectivité entre ces habitats. Quelques études ont déjà suggéré un isolement des populations animales en milieu urbain. La ville apparaît comme un milieu original tout à fait pertinent pour l'étude de la résistance de la matrice paysagère et de son impact sur les flux de gènes par une approche de type « génétique du paysage ». Dans ce contexte, notre étude cherche à évaluer le niveau d'isolement des populations urbaines de mulots sylvestres (*Apodemus sylvaticus*) par l'analyse comparative de la diversité génétique de populations distribuées le long d'un gradient rural-urbain. Comment sont structurées ces populations ? Ces populations sont-elles isolées ou connectées ? Si elles sont connectées, comment s'organisent les flux d'individus : s'agit-il d'un flux multidirectionnel entre les populations (fonctionnement en métapopulations), d'un flux unidirectionnel du milieu rural jusqu'en ville (fonctionnement de type source-puits) ou d'un flux de proche en proche du milieu rural jusqu'en ville (qui pourrait se traduire par un isolement par la distance) ?

Solène Croci - UMR CNRS 6553 ECOBIO, Univ. Rennes 1 - Rennes - solene.croci@gmail.com

Pog/05 Titre : Les mesures agro-environnementales favorisent les oiseaux agricoles en déclin en France

Karine Princé - Jean-Pierre Moussus - Frédéric Jiguet

Les mesures agro-environnementales (MAE) sont un outil de plus en plus important pour le maintien et la restauration de la biodiversité dans les milieux agricoles à travers l'Europe, mais leur efficacité écologique reste peu connue. Cependant, leurs effets ont été souvent étudiés à des échelles spatiales locales et ils restent assez controversés. Dans cette étude nous estimons l'impact global des MAE sur les tendances des oiseaux à travers l'indicateur Oiseaux Communs (CRBPO) regroupant les espèces spécialistes des milieux agricoles. Nous avons d'abord modélisé les réponses de l'abondance des espèces aux MAE en utilisant des méthodes statistiques bayésiennes. Puis, nous avons exploré la relation potentielle entre la réponse de l'abondance des oiseaux agricoles aux MAE et leurs tendances démographiques en France entre 1989 et 2001. Nos résultats concernant l'efficacité des MAE à promouvoir la biodiversité dans les paysages agricoles sont encourageants. En effet, 70% des espèces d'oiseaux des terres agricoles répondent positivement aux MAE ayant un effet attendu sur la biodiversité. Toutefois, la gestion des MAE n'est peut-être pas suffisamment adaptée aux exigences des espèces agricoles ciblées, compte tenu de l'absence de réponses statistiquement significative (seulement 14%). Par ailleurs, nous avons mis en évidence que les espèces les plus en déclin avant la mise en place des MAE en 2001, i.e. les espèces qui ont le plus souffert de l'intensification agricole, sont celles qui répondent le mieux aux mesures. Afin de mettre en évidence l'efficacité de quelques MAE qui ciblent le plus la biodiversité et ainsi fournir des prescriptions de gestion plus précises, nous modélisons l'abondance des huit espèces les plus en déclin entre 1989 et 2001 en réponse à cinq types de MAE herbagères. Ces mesures sont les plus contractualisées en France et sont a priori celles qui devraient impacter le plus la biodiversité en milieu agricole. Dans la pratique, les programmes agro-environnementaux devraient réussir à changer les tendances des populations si ils sont bien conçues et associées à des prescriptions de gestion dédiées aux espèces ciblées.

Karine Princé - UMR 7204 CERSP-CRBPO - Paris - prince@mnhn.fr

Pog/06 Titre : Effet de la fragmentation du paysage sur la diversité génétique des populations de *Rhodnius robustus* vecteur de la maladie de Chagas en Amazonie brésilienne

Myriam Harry - Marion Quartier - Fernando Braga - Christine Romana - Lileia Diotaiuti

Effet de la fragmentation du paysage sur la diversité génétique des populations de *Rhodnius robustus* vecteur de la maladie de Chagas en Amazonie brésilienne Marion Quartier^{1,2*}, Fernando Braga Stehling Dias^{1,3}, Christina Romana⁴, Liléia Diotaiuti³, Myriam Harry^{1,5}
¹LEGS, CNRS & IRD, 91 198 Gif-sur-Yvette, France ²Laboratoire de Parasitologie Moléculaire, Université de Neuchâtel, Suisse, ³Laboratório de Triatomíneos e Epidemiologia da Doença de Chagas, Belo Horizonte, MG, Brazil. ⁴Unité Espace, IRD, Montpellier France/Université Paris Descartes, France ⁵Université Paris sud-11, 91 405 Orsay, France En région amazonienne, les changements anthropiques liés à la déforestation en vue de l'établissement de terres agricoles sont à l'origine de l'émergence de maladies parasitaires par la destruction des biotopes naturels mettant en contact les vecteurs et les hommes. C'est le cas des vecteurs de la maladie de Chagas du genre *Rhodnius* dont l'habitat sylvaire est constitué par des palmiers. Sous la pression anthropique, certaines populations colonisent les habitations humaines. La connectivité entre les différentes unités de paysages (habitat sylvaire, péri-domiciliaire et domiciliaire) est facilitée par le maintien des palmiers (ressource extractive pour les paysans) ou leur établissement invasif après les pratiques de déforestation. De ce fait, les palmiers constituent un bioindicateur écologique fiable de la présence des *Rhodnius* et du risque épidémiologique associé. Dans une approche de génétique du paysage, notre démarche est de comprendre comment les facteurs géographiques et environnementaux structurent la variation génétique des populations. Dans cette étude, 148 palmiers géoréférencés ont été disséqués dans quatre localités de la région du Tapajos. 78 palmiers étaient infestés (présence de *R. robustus*) et 35 contenaient au moins un insecte infecté par *T. cruzi*. Au total 752 insectes ont été échantillonnés. La diversité génétique des vecteurs a été étudiée à l'aide de 11 locus microsatellites et d'un gène mitochondrial (cytb). Les diversités génétiques intra et inter palmiers ont été étudiées afin de mettre en évidence d'une part les relations de parenté entre les individus issus du même palmier et d'appréhender les processus de dispersion des vecteurs et d'autre part de mettre en évidence une structuration de la population totale (tous palmiers confondus) reflétant des réductions de flux géniques. Cette structuration a été mise en relation avec les modes de pratiques culturelles et l'hétérogénéité du paysage. Ces données nous permettront de modéliser et prédire les effets des changements environnementaux dus à l'anthropisation en terme de risques épidémiologique et de mettre en place des politiques d'aménagement et de lutte efficaces

Marion Quartier - Laboratoire de Parasitologie Moléculaire, Institut de Biologie, Université de Neuchâtel - Neuchatel

Pog/07 Titre : Modélisation d'habitat des oiseaux prairiaux sur une grande plaine d'inondation – l'exemple du bassin de la Loire

Denis Lafage - Lpo Anjou

L'inondation est un facteur écologique important qui conditionne directement ou indirectement la structuration des peuplements. Un de ses effets indirects est la restriction de la gamme des pratiques agricoles réalisables. La prairie est ainsi un mode d'exploitation privilégié en plaine inondable car l'intérêt économique de pratiques alternatives décroît lorsque la fréquence de l'inondation augmente et la prévisibilité de sa période d'occurrence diminue. Ces deux conditions se retrouvent sur la partie basse du bassin de la Loire où de larges surfaces prairiales sont encore présentes sur les quelques 200 km de linéaire du fleuve et de ses affluents. L'inondation favorise donc l'accueil d'espèces d'oiseaux liées au milieu prairial bien que non inféodées aux zones inondables alors que ces espèces ont souvent fortement régressées dans d'autres contextes. Toutefois, les conditions ne sont pas homogènes à cette échelle. Si l'inondabilité des sites varie fortement, d'autres facteurs climatiques ou paysagers présentent également des variations géographiques qui peuvent intervenir sur la capacité d'accueil des habitats. Nous avons étudié les facteurs explicatifs de la distribution et de l'abondance de 4 espèces prairiales de passereaux le Tarier des prés *Saxicola rubetra*, le Bruant des roseaux *Emberiza schoeniclus*, le Bruant proyer *Miliaria calandra*, la Bergeronnette printanière *Motacilla flava* et d'un gruiiforme le Râle des genêts *Crex crex*. Le statut de ces 5 espèces varie à l'échelle nationale et européenne. Nous avons développé deux approches complémentaires pour répondre à ces questions. D'une part, nous avons réalisé une modélisation d'habitat qui estime la présence des espèces sur l'ensemble de la zone et cartographie les zones d'intérêt. Nous avons également analysé les relations entre structure de végétation, ressources trophiques et abondance des populations sur un ensemble de transects de façon à identifier les facteurs locaux modulant la capacité d'accueil de l'habitat. Les résultats de cette étude visent à mieux cerner le fonctionnement des populations d'oiseaux prairiaux et à proposer des scénarios pour la gestion et la conservation de ces espèces à une échelle régionale.

Denis Lafage - nantes - denis.lafage@corela.org

Lpo Anjou - Ligue de protection des oiseaux - la pointe - anjou@lpo.fr

Pog/08 Titre : biodiversité (carabes et araignées) en habitats urbain (Rennes, France)

Marion Varet

Ces dernières années, la population urbaine a fortement augmenté, renforçant l'urbanisation (Fenger 1999 ; Weber 2003). Les études sur la « biodiversité et l'urbanisation » s'accroissent et analyse majoritairement les assemblages le long des gradients urbains-ruraux. Nous nous concentrons plus particulièrement sur les quartiers résidentiels (périurbains). Récemment, un nouveau type de forme résidentielle a été développé. Il densifie l'urbanisation et favorisent les espaces verts publics (faible utilisation de pesticide). Ces nouvelles formes urbaines sont-elles caractérisées par une richesse faunistique plus élevée (araignées et carabe) comparée à ceux des types résidentiels classiques ? La distance à une zone urbanisée, modifie-t-elle la biodiversité ? Le protocole expérimental comporte 6 quartiers de deux types de formes urbaines. Sur chaque site, entre 40 et 45 points d'échantillonnage ont été aléatoirement établis dans les haies publiques. Pour chaque point d'échantillonnage, des variables locales et paysagères ont été estimées. Les sites sont localisés dans des villes périurbaines de Rennes (Bretagne, France). En plus, trois transects (urbains et ruraux) de 1200 mètre long, incluant sept points d'échantillonnage (établis en haies), ont été prélevés. Le piégeage a été réalisé par piège Barber, sans interruption entre les 20 avril et 17 juin 2009. Au total, 5063 individus araignées appartenant à 137 espèces ont été récoltés. 25 familles ont été représentées, dont Lycosidae dominante (42% d'individus). 2380 individus carabique appartenant à 39 espèces ont été récoltés dont *Nebria brevicollis* dominante (46%). Trois catégories de variables locales sont distinguées : variables dépendantes des choix des planificateurs lors de la mise en place des haies, variables dépendantes des choix des jardiniers et indépendant des choix humains. Les partitions de variance indiquent que les choix des planificateurs et des jardiniers sont d'importance semblable mais qu'il y a peu d'interaction entre ces différents choix. Actuellement l'étude de l'effet relatif des variables locales et paysagères sur les communautés est en cours d'analyse. Selon notre étude, en ville, l'abondance en araignée et carabe ne dépend pas de la densité de la population humaine (abondance araignées = $709 + 0.685 * \text{Igt/ha}$; $r^2 = 0.007$; $p=0.9$) (abondance carabe = $460 - 4.911 * \text{Igt/ha}$; $r^2 = 0.4$; $p=0.7$). Cependant la régression montre une augmentation du nombre d'individus d'araignée avec l'éloignement du secteur urbanisé (abondance araignées = $1.2697 + 0.0004 * \text{distance du bord}$; $r^2 = 0.38$; $p=0.002$). Nous n'avons pas observé de diminution de richesse spécifique mais un remplacement des espèces (analyse de CA).

Marion Varet - UMR 65553 - Rennes - marion.varet@sfr.fr

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

P10/01 Titre : Effets de feux de brousse sur la biodiversité végétale des futures aires protégées d'Ibity et d'Itremo (Madagascar) : implications pour leur gestion et conservation.

Harison Rabarison - Charlotte Rajeriarison - Chris Birkinshaw - Pete P Lowry II

L'île de Madagascar est un grand réservoir de biodiversité dans le monde. Un nombre remarquable d'oiseaux, de mammifères, de reptiles, d'amphibiens, d'insectes et de plantes sont endémiques à cette île et beaucoup de ces espèces sont en danger ou fortement menacées. À Madagascar, les écosystèmes ont souffert de fortes pressions anthropiques (e.g. perturbations anthropogènes et changements d'utilisation des terres). Ces changements et perturbations mènent à la modification profonde des processus naturels (e.g. changement des régimes d'incendie). Ce travail concerne les formations de savane et bois de *Tapia* (*Uapaca bojeri*) sur substrat quartzitique et granitique dans les massifs d'Ibity et d'Itremo, localisés dans les Hautes Terres Malgaches, et récemment déclarés nouvelles aires protégées avec un statut temporaire de protection. Ibity est exposé à des niveaux de dégradations modérés à graves (e.g. pâturage de bétail, introduction d'espèces exotiques, utilisation sélective de certaines espèces locales, fragmentation des écosystèmes par des systèmes agricoles) tandis qu'Itremo subit des dégradations moins intenses du fait de son isolement. Pour étudier les effets des régimes de feu et du sol sur la diversité végétale, dix sites sur Ibity et sept sites sur Itremo ont été choisis. Des relevés de végétation ont été effectués dans 16 quadrats (1m²) pour caractériser la composition et la structure de communauté herbacées. Les relevés sur les arbres et arbustes ont été conduits dans trois quadrats de 40x40m. Les résultats montrent des différences dans la richesse floristique, la composition et la structure de la végétation qui dépendent du type de sol et du régime de feu. Sur Itremo, 84 espèces ont été recensées dans les bois de *Tapia* contre 121 espèces sur le massif d'Ibity. La richesse floristique est plus élevée sur Ibity bien que les feux y soient plus fréquents, et l'état de conservation de l'espèce ligneuse *Uapaca bojeri*, endémique de Madagascar, est meilleur sur Itremo. La menace la plus significative sur Ibity et Itremo est la modification des régimes de feu, qui peuvent diminuer la régénération des espèces ligneuses dans les cas où les feux sont trop fréquents (Ibity) ou diminuer la diversité végétale en raison de la compétition de quelques *Poaceae* et *Cyperaceae* quand les feux sont moins fréquents (Itremo). D'éventuelles recommandations sur les régimes de feu sont donc discutées pour développer les plans de gestion pour ces futurs secteurs protégés.

Harison Rabarison - Département de biologie et écologie Végétales, Université d'Antananarivo, Madagascar - Antananarivo - rabarisonhr@yahoo.fr

P10/02 Titre : Intégration de la notion d'adaptation locale en dans les programmes de renforcement

Betty Courquin

La différenciation adaptative entre populations géographiquement proches n'est pas un attendu intuitif et conduit souvent à négliger l'adaptation locale dans les programmes de conservation des micro-endémiques menacées d'extinction. Conserver voire augmenter la diversité génétique des populations en déclin est aujourd'hui, décrit comme un objectif prioritaire des programmes de conservation, la diversité génétique permettant d'éliminer les effets délétères des croisements entre apparentés et de conserver le potentiel adaptatif des espèces face aux modifications de l'habitat. Néanmoins, l'allo-renforcement (renforcement par introduction d'individus originaires d'autres populations), amène certaines interrogations quant au succès des génotypes introduits dans leur nouvel environnement et sur la façon dont les populations existantes, adaptées aux conditions locales, seront affectées par l'introduction de ces nouveaux gènes dans le pool local. On peut craindre que les croisements entre individus introduits et individus locaux conduisent à une réduction de la valeur sélective des descendants par dépression hybride, (qu'il s'agisse de dépression hybride extrinsèque, par la perte d'adaptations locales cruciales pour la viabilité des populations locales ou de dépression hybride intrinsèque par la dissociation de gènes coadaptés ou à la sous dominance à certains loci). Le renforcement aurait alors paradoxalement un effet négatif sur la croissance des populations fragilisées. On peut donc ramener le problème du renforcement et de la réintroduction à la question suivante : faut-il mélanger les accessions pour accroître la diversité génétique locale ou respecter les adaptations locales ? Nous travaillons sur le modèle *Biscutella neustriaca*, espèce menacée, endémique de la basse vallée de la Seine. L'objectif de notre étude est de déterminer si les populations de biscutelles de Neustrie sont localement adaptées et d'identifier les populations sources utilisables pour le renforcement des populations les plus fragiles. Les résultats permettront d'établir un protocole de renforcement prenant en compte à la fois le risque lié à la consanguinité des populations de faibles effectifs et le risque de rupture des adaptations locales. Dans le cadre de ce projet, nous avons (1) mesuré les différences phénotypiques entre populations en milieux naturels et en conditions contrôlées, (2) testé les corrélations entre les différences phénotypiques et les distances géographiques, génétiques et écologiques, (3) évalué l'adaptation locale par transplantations en conditions semi-contrôlées, (4) testé si des croisements entre individus plus ou moins proches génétiquement et écologiquement conduisait à de la dépression hybride, (5) proposé des stratégies de renforcement qui prennent en compte l'ensemble des résultats obtenus.

Contact : Betty Courquin - balathief@hotmail.com

P10/03 Titre : Prendre en compte la détectabilité : Pourquoi? Comment? Quels résultats?

Frédéric Archaux - Pierre-Yves Henry - Jean-Luc Dupouey - Olivier Gimenez - Sylvaine Camaret

De nombreuses études en biologie de populations et en écologie des communautés reposent sur la comparaison de l'abondance ou de la richesse spécifique moyenne au cours du temps ou entre modalités. Or cette comparaison peut être invalide si la probabilité de détecter les individus ou les espèces varie au cours du temps ou entre les modalités. Des simulations montrent en effet qu'une différence de la probabilité de détection inférieure à 8% entre deux modalités augmente considérablement -jusqu'à 50% contre les 5% attendus- le risque de conclure à tort que l'abondance ou la richesse spécifique moyenne diffère significativement (risque de type I dans la terminologie statistique). Ce risque est d'autant plus fort que l'effectif moyen des populations/communautés, le nombre de sites échantillonnés et la probabilité de détection sont importants. Les études de cas suggèrent que des variations de détectabilité de 5 à 10% entre modalités ou au cours du temps sont probablement communes dans les études écologiques. Différentes approches basées sur la réplification spatiale ou temporelle des comptages (en population/communauté close) permettent de prendre en compte cette probabilité de détection et de réduire le risque d'erreur de type I : l'efficacité de cette prise en compte dépend des caractéristiques des populations/communautés échantillonnées (effectif moyen, probabilité de détection) et de l'échantillonnage (nombre de sites d'échantillonnage, nombre de réplicats par site), et des estimateurs. Nous exposerons le rôle relatif de ces différents paramètres. Les données d'intercalibration du suivi à long terme de la flore forestière du réseau RENECOFOR (partie française du réseau européen PIC-Forêt) servent de cas d'étude pour apprécier le besoin de prendre en compte la probabilité de détection et l'efficacité des méthodes permettant de le faire.

Frédéric Archaux - Cemagref - Nogent sur Vernisson - frederic.archaux@cemagref.fr

P10/04 Titre : Les méta-analyses : intérêts et limites pour synthétiser les connaissances sur des sujets complexes et controversés

Laurent Bergès - Yoan Paillet

Les revues bibliographiques tiennent une place importante dans le progrès scientifique et permettent de savoir si les résultats sur une question donnée sont généralisables. Elles sont un moyen de synthétiser les connaissances sur des sujets complexes et plus ou moins controversés. Elles peuvent aider à transférer les connaissances scientifiques et encourager les gestionnaires et décideurs à adopter de nouvelles pratiques. Dans un domaine où toute acquisition de nouvelles données coûte cher mais où, justement, les questions posées sont la plupart du temps complexes et sujet à controverse, les demandes de synthèse de la part des politiques et décideurs sont de plus en plus fortes. Les méta-analyses sont un outil permettant de répondre en partie à ce besoin, et les chercheurs y portent à juste titre un intérêt croissant, attesté par le développement récent de cet outil en écologie. L'objectif de cette communication est de montrer l'intérêt mais aussi les limites des méta-analyses en écologie. Après avoir expliqué pourquoi les autres approches peuvent donner des résultats plus moins biaisés (revue narrative ou revue basée sur un décompte des études par catégorie selon la nature des résultats), le concept de méta-analyse est défini, puis la démarche à suivre pour la réaliser est explicitée. Elle est illustrée par un exemple en écologie forestière. Les principaux résultats d'une méta-analyse que nous avons publiée récemment sont présentés : elle portait sur les différences de biodiversité entre des forêts gérées et non gérées et a été réalisée au sein du réseau d'excellence européen Alter-net. Les limites actuelles de l'approche et les difficultés de réalisation dans le domaine de l'écologie sont soulignées et discutées. Malgré les limites de cette approche quantitative, elle nous semble constituer un outil prometteur pour réaliser de manière rigoureuse des revues systématiques. Ces méta-analyses doivent permettre d'orienter de manière pertinente les politiques publiques et établir des priorités pour mieux gérer et conserver la biodiversité.

Laurent Bergès - Cemagref UR EFNO - Nogent-sur-Vernisson - laurent.berges@cemagref.fr

P10/05 Titre : Signatures génétiques de bottleneck : déclin démographique et perte de connectivité induisent le même signal.

Thomas Broquet - Sonia Angelone - Julie Jaquière - Pierre Joly - Jean-Paul Léna - Thierry Lengagne - Sandrine Plénet - Emilien Luquet

L'identification de populations en déclin démographique est une étape importante pour la conservation de la biodiversité. Cependant, selon les espèces considérées il peut être difficile d'observer ou de modéliser la trajectoire démographique de populations. L'utilisation de marqueurs génétiques est une alternative intéressante. En effet, la génétique des populations offre une palette d'outils pour l'identification de populations ayant subi un fort déclin démographique (bottleneck). Ces outils, aujourd'hui communément employés dans le contexte de l'écologie moléculaire et de la biologie de la conservation, ont naturellement leurs propres limites, liées notamment aux modèles démo-génétiques sur lesquels ils reposent. L'absence de flux de gènes passés ou présents (c'est-à-dire l'isolement strict de la population étudiée) est notamment une hypothèse fondamentale mais parfois imparfaitement prise en compte dans la détection génétique d'un déclin démographique. Plus spécifiquement, une signature génétique de bottleneck peut théoriquement être produite par l'isolement brutal d'une population historiquement connectée à ses voisines par des échanges d'individus (ou autres agents de transport de gènes), et ce en l'absence de tout déclin démographique. Nous avons étudié ce cas de figure à l'aide de simulations basées-individu et de données empiriques pour 6 paires de populations (isolées vs. connectées) de rainette verte (*Hyla arborea*) en Europe. Nos simulations et nos données empiriques montrent que la déconnection d'une population induit effectivement un déséquilibre génétique identique à celui qui est généralement interprété comme un signal de déclin démographique. Ces résultats soulignent l'importance de prendre en compte le rôle des flux de gènes afin de correctement identifier la cause du déséquilibre génétique observé (déclin démographique ou déconnection), et éventuellement d'engager une action de conservation appropriée. Ces résultats soulignent également l'importance de distinguer bottlenecks démographiques (réduction de l'effectif d'une population) et bottlenecks génétiques (réduction de la taille efficace d'une population) dans ce type d'études d'écologie moléculaire.

Thomas Broquet - CNRS & UPMC, UMR 7144, équipe Divco - Roscoff - thomas.broquet@sb-roscoff.fr

P10/06 Titre : Biologie de la conservation de *Sideroxylon majus*, espèce endémique de La Réunion

Stéphanie Dafreville - Guillaume Payet - Thierry Pailler - Laurence Humeau - Eric Riviere - Gérard Lebreton - Marie-Hélène Chevallier

L'île de la Réunion fait partie d'un des hotspots de la biodiversité mondiale qui caractérisent des territoires présentant un fort endémisme sujets à de fortes pressions anthropiques. Il s'agit d'une île où plusieurs approches peuvent être considérées pour mieux comprendre la mise en place de la biodiversité et ainsi développer des plans de conservation adaptés aux espèces en ayant une meilleure connaissance de leur écologie. Une première approche évolutive a été initiée pour retracer l'histoire de la colonisation du genre *Sideroxylon* qui s'est diversifié au sein de l'archipel des Mascareignes. On compte 8 espèces endémiques d'une des trois îles de l'archipel. Il s'agit d'un bon modèle pour comprendre les processus de diversification et de spéciation en milieu insulaire. Pour déterminer l'origine des *Sideroxylon* de la Réunion, une analyse des séquences de la région trnC-petN1r d'espèces provenant de la Réunion, de l'Océan Indien et d'Afrique montre une différenciation nette entre les espèces de *Sideroxylon* des Mascareignes et celles de Madagascar et d'Afrique. Parmi les espèces des Mascareignes, deux groupes apparaissent : le premier contient les espèces *S. majus* (Réunion), *S. sessiflorum* (Maurice) et *S. grandiflorum* (Maurice) et le second *S. borbonicum* (Réunion) et *S. puberulum* (Maurice). Ces deux groupes sont hétérogènes en termes d'origine géographique, les espèces d'une même île ne forme pas un groupe monophylétique. Il y a peut être eu plusieurs événements de colonisation entre les deux îles. Ces résultats très encourageants permettent de discuter des processus d'évolution au sein de ce genre. Parmi ce genre, on retrouve le bois de fer *Sideroxylon majus* qui a subi de fortes pressions anthropiques : fragmentation des habitats, perte potentielle de ses disséminateurs et surexploitation pour son bois imputrescible. On peut donc se demander quel est l'impact de l'anthropisation sur la structure génétique de *Sideroxylon majus* ? En théorie, la fragmentation des habitats conduit à la perte de diversité génétique par la réduction des flux de gènes, la dérive, l'effet fondateur qui sont des processus dont les effets sont décuplés de part l'isolement et la taille réduite des populations. Pour vérifier cette hypothèse, la structure génétique spatiale de cette espèce a été déterminée à l'aide de marqueurs microsatellites nucléaires. Les résultats préliminaires soulèvent une forte diversité. Nous discuterons des processus potentiellement responsables cette diversité. Ces résultats sont indispensables pour identifier les hotspots de diversité génétique et ainsi permettre une gestion durable de la biodiversité.

Stéphanie Dafreville - UMR PVBMT (Université de la Réunion-CIRAD) - St-Pierre (île de la réunion) - stephanie.dafreville@cirad.fr

P10/07 Titre : Croissance et régression d'herbiers sous marins sur les côtes méditerranéennes françaises. Application de la cartographie par télémétrie acoustique au suivi temporel de *Posidonia oceanica*

Pierre Descamp - Florian Holon - Pierre Boissery - Bérangère Casalta - Laurent Ballesta - Antonin Guilbert

La cartographie des fonds marins, et notamment la connaissance de la distribution des biocénoses marines principales est généralement la base des programmes de conservation et joue un rôle important dans la gestion des côtes. *Posidonia oceanica* est une espèce endémique de la mer méditerranée formant de véritables prairies sous marines. Classées à l'annexe 1 des habitats naturels prioritaires de la Directive Cadre Eau, ces prairies tiennent un rôle important dans l'écologie, la géologie et l'économie des zones côtières. Sensibles aux perturbations anthropiques, les posidonies sont utilisées comme bioindicateurs pour définir la qualité de l'eau. Que ce soit dans un cadre de gestion de la biodiversité (Natura 2000), d'aménagement du littoral (étude d'impact) ou de suivi de la qualité des masses d'eau (Directive Cadre Eau), le suivi d'herbiers sous marins nécessite donc des moyens de surveillance efficaces. La méthode habituellement utilisée (méthode RSP), basée sur l'utilisation de balises permanentes immergées en limite d'herbier, n'est pas sans poser des difficultés méthodologiques liées au nombre restreint et à la pérennité des balises sur le fond. Affranchie de ces contraintes, la télémétrie acoustique (Descamp et al. 2005), permet d'obtenir des cartographies sous marines de précision (1/40ème) permettant le suivi des limites d'herbiers. Ici, nous présentons les avantages de cette méthode et son application au suivi temporel de trois herbiers de posidonie en situations contrastées : zone de rejet d'émissaire de Ramatuelle (83), zone touristique de Palavas-les-flots (34) et réserve marine de Banyuls sur Mer (66). Nos résultats de cartographie associés aux mesures écologiques habituelles (densité, recouvrement, déchaussement) obtenus en 2008 et 2010 (+ 2006 pour Banyuls sur mer) montrent une régression ou un maintien selon les sites. La comparaison à des données l'observatoire du littoral relevées depuis 2000 sur Ramatuelle suggère un ralentissement de la tendance régressive depuis 2006. Le suivi des herbiers de posidonie par télémétrie acoustique produit des microcartographies précises, reproductibles et aisées d'interprétation. Ceci explique sans doute que les gestionnaires en fassent une utilisation de plus en plus répandue puisque 22 balisages sont d'ores et déjà en place sur le littoral français et 10 autres sont prévus à court terme.

Pierre Descamp - Andromède Océanologie - Saturargues - pierre.descamp@andromede-ocean.com

P10/08 Titre : Cartes anciennes et ancienneté des forêts, des outils pour la gestion

Jean-Luc Dupouey - Sandrine Chauchard - Evelyne Granier

Les surfaces boisées en France ont connu un doublement depuis la date du minimum forestier, autour de 1830. Nous pouvons donc distinguer dans les paysages actuels des forêts anciennes, déjà présentes au début du XIXème siècle, qui s'opposent aux forêts récentes, apparues depuis cette date sur les anciennes terres agricoles. De nombreux travaux ont montré le rôle primordial de cette dichotomie dans l'évaluation de la valeur patrimoniale des forêts. En particulier, certaines espèces sont inféodées aux forêts anciennes. A partir de la carte au 1:40000 des usages anciens des sols de l'ensemble de la Lorraine, que nous venons d'achever, nous avons développé quelques outils utiles aux gestionnaires de l'environnement : (i) la carte des forêts anciennes, (ii) la liste des espèces végétales qui dépendent de l'ancienneté de l'état boisé et (iii) un indicateur synthétique d'ancienneté de l'état boisé estimé à partir de la composition des communautés végétales. Dans un premier temps, le croisement entre la carte des usages anciens des sols, établie à partir de la numérisation et du géoréférencement des minutes de la carte d'Etat-Major (1826-1837), et la carte forestière actuelle, dressée par l'Inventaire Forestier National (IFN), a permis de statuer quand au caractère récent ou ancien des massifs forestiers. Le pourcentage de couvert forestier en Lorraine est passé de 29,6% en 1830 à 34,9% en 2000. Les forêts anciennes sont majoritaires (76% des surfaces boisées actuelles étaient boisées en 1830). Ce taux est beaucoup plus élevé que la moyenne nationale, supposée d'environ 50% seulement. Par ailleurs, le taux de connectivité des forêts récentes aux massifs anciens est fort : 87% des surfaces boisées récentes sont directement rattachées à un massif ancien et 99% sont situées à moins de 2000m de la limite forestière de 1830. Dans un deuxième temps, le croisement des cartes précédentes avec 7042 relevés floristiques réalisés par l'IFN nous a permis d'identifier les espèces caractéristiques des forêts anciennes, les espèces caractéristiques des forêts récentes et les espèces dont la répartition n'apparaît pas liée à l'ancienneté de l'état boisé. Nous avons ainsi pu identifier 75 espèces statistiquement plus fréquentes dans les forêts anciennes et 81 espèces plus fréquentes dans les forêts récentes. Les premières ont une valeur patrimoniale plus élevée. Enfin, nous avons bâti, à partir des listes d'espèces précédentes, un indice d'ancienneté des forêts. Cet indice peut être utilisé pour estimer, avec d'autres indicateurs, le degré de «naturalité» des forêts récentes.

Sandrine Chauchard - UMR 1137 Ecologie et Ecophysiologie Forestière (INRA/ Nancy Université) - Nancy - Sandrine.Chauchard@nancy.inra.fr

P10/9 Titre : Diagnostic du déclin d'espèces d'arbres héliophiles dans la forêt du Haut Abanga au Gabon

Nestor Engone Obiang - Alfred Ngomanda - Raymonde Mboma - Thomas Nzabi - Alfred Ngoye - Lydia Atsima - Nicolas Picard

La forêt dense tropicale humide du Gabon abrite des écosystèmes d'une richesse exceptionnelle. Une question pour la conservation de ces forêts est : les forêts considérées comme matures sont-elles des systèmes à l'équilibre ou des états transitoires dans une dynamique naturelle ? Sur le long terme, la réponse est négative puisque l'évolution de la forêt répond à celle du climat. À court ou moyen terme, la réponse est loin d'être évidente. On observe en particulier dans de nombreuses forêts tropicales non perturbées un déclin de certaines espèces. Ces espèces ont typiquement une distribution diamétrique en forme de cloche, avec une accumulation de gros individus et une relative rareté de jeunes individus. Cette forme est habituellement interprétée comme la conséquence d'un déficit de régénération. Au Gabon, comme du reste dans l'ensemble du bassin du Congo, les espèces concernées par ce phénomène sont essentiellement des espèces héliophiles à croissance rapide qui sont également, pour la plupart d'entre elles, des espèces commerciales exploitées. Plusieurs hypothèses ont été avancées pour expliquer ce déclin, parmi lesquelles l'impact des perturbations naturelles ou la densité-dépendance de la mortalité. Une autre hypothèse stipule que la présence actuelle dans l'étage dominant des forêts tropicales matures d'espèces héliophiles incapables de se régénérer est liée à des perturbations anthropiques anciennes (cultures sur brûlis essentiellement). Cette hypothèse est importante dans le sens où elle conditionne les aménagements forestiers : si ces espèces commerciales sont de toute façon amenées à disparaître en conditions naturelles, l'objectif d'une exploitation durable de ces espèces doit être revu, et des mesures assurant leur régénération éventuellement prises. En utilisant un modèle de dynamique de population pour population structurée en taille (ici le diamètre des arbres), nous avons calculé les taux démographiques (croissance, mortalité, recrutement) compatibles avec la structure diamétrique actuelle de plusieurs espèces héliophiles, dans la forêt du Haut Abanga au Gabon. Ces taux démographiques sont confrontés à ceux observés dans des parcelles permanentes de suivi de la végétation, ce qui permet de diagnostiquer si la distribution diamétrique actuelle de ces espèces héliophiles est ou non compatible avec un état stationnaire de la population.

Nestor Engone obiang - IRET - Libreville (gabon) - engonobiang@yahoo.fr

P10/10 Titre : La biodiversité face aux activités anthropiques, des réponses aux perturbations directes et indirectes.

Romain Lorrilliere - Alexandre Robert

Les activités anthropiques qui sont à l'origine de modifications globales des environnements terrestre et aquatiques, ont déclenché la sixième crise d'extinction majeure dans l'histoire de la vie sur Terre. Ces dégradations sont à l'origine de perturbations directionnelles ou stochastiques qui ont un effet sur la biodiversité en affectant les espèces directement ou par un effet sur leurs ressources. La biodiversité est un concept multi-facette, et pourtant de nombreux travaux cherchent à comprendre ses réponses face aux changements globaux en travaillant principalement sur la richesse taxonomique. Ainsi, il n'existe pas de cadre théorique pour prédire les effets complexes et divers de ces perturbations sur les communautés. Nous avons développé un programme dynamique qui modélise l'utilisation de différents types de ressources pas une communauté d'espèces en interaction. Nous avons étudié les effets de différents types de perturbations de l'environnement (affectant la croissance des espèces ou la disponibilité de leurs ressources) sur plusieurs indicateurs de biodiversité (taxonomiques et fonctionnels). Nos résultats indiquent que (i) dans un modèle réaliste de « Communauté » (supposant que les besoins en ressources sont inégaux entre les espèces) les effets des perturbations sont fortement tamponnés par rapport au modèle neutre; (ii) les niveaux intermédiaires de perturbation sont censés améliorer la richesse spécifique de la communauté, confirmant ainsi les conclusions de la théorie des communautés, (iii) une augmentation de la variance de l'environnement (par exemple, climatique) peut avoir des effets contrastés sur la biomasse et la richesse spécifique d'une communauté. Globalement, le modèle peut aider à l'interprétation des paramètres de biodiversité des communautés face aux perturbations et apporte des informations complémentaires à celles dérivées de modèles plus simples.

Romain Lorrilliere - MNHN, UMR 7204 CERSP - Paris - lorrilliere@mnhn.fr

P10/11 Titre : Error propagation for biomass estimation in neotropical forest

Quentin Molto - Vivien Rossi - Lilian Blanc

(Le résumé a été préparé en anglais, mais si le français est la langue du colloque, la présentation sera faite en français) The above-ground biomass (AGB) of tropical forests is a crucial variable for the global ecological problems. It concerns both scientists and decision makers, especially through the recently set carbon market. Estimations of AGB from tree inventories are also a crucial point for the development of new methods of estimation, especially from above (plane, satellite). Tree inventories are the actual material for assessing carbon stocks. They produce a large range of datasets. Some cover small area and give hi-quality information: diameter at breast height (DBH), species Latin names, heights, ... Some datasets cover very large areas but give low-quality information: range of DBH instead of precise measure, family name or even no floristic specification, no heights, ... In addition, some other databases are required, like wood density data and weighted trees. For this study located in French Guiana, we use all of those kinds of datasets. To make correct inferences about biomass stocks and their evolution, it is essential to quantify the uncertainty associated with AGB estimates. It is also essential to answer those two questions: 1- Where does the uncertainty come from, and 2- How does it change with the quality of the data? To answer those questions, we calculate the AGB with a full hierarchical Bayesian model. It allows us to propagate errors through the model until the final AGB distribution. We can then perform a sensibility analysis, changing the error laws. The error laws are describing the uncertainty associated with every field measure. Both width and shapes may vary. Finally, we discuss the changes in AGB posterior distribution with the changes in error laws and data type. We also give some implication for both previous work and future experiments.

Quentin Molto - UAG-CIRAD, UMR ECOFOG - Kourou - quentin.molto@ecofog.gf

P10/12 Titre : Reconstruction de l'histoire démographique de lémurien et origine de la fragmentation des habitats forestiers dans le Nord de Madagascar

Erwan Quéméré - Brigitte Crouau-Roy - Lounès Chikhi

Dans la plupart des régions de la zone intertropicale, la destruction et la fragmentation des habitats sont les principales menaces pesant sur la biodiversité. C'est ainsi qu'au cours des cinquante dernières années, près de la moitié des forêts de la côte Est de Madagascar ont disparu du fait de la croissance démographique et de l'augmentation des activités humaines. L'île est aujourd'hui majoritairement recouverte de larges zones herbeuses dont l'origine est très controversée. Au cours du 20ème siècle un discours scientifique dominant a rendu responsable les pratiques agricoles traditionnelles de la destruction du couvert forestier originel suggérant par ailleurs que ce couvert représentait la quasi-totalité de la surface de l'île. Cette « hypothèse » continue de nourrir le discours conservacionniste actuel. Cependant des données biogéographiques et paléoclimatiques récentes remettent en cause ce discours en démontrant que des savanes étaient présentes dans certaines régions, notamment sur les hauts-plateaux bien avant l'arrivée des premiers hommes. Nous avons utilisé des données génétiques afin de reconstruire certains aspects de l'histoire démographique d'une espèce menacée de lémurien, *Propithecus tattersalli*, ou propitèque à couronne dorée, endémique de la région de Daraina dans le Nord de Madagascar. L'habitat forestier dans cette région est fortement fragmenté. Nous avons fait l'hypothèse que la structuration de la diversité génétique actuelle de la population de *P. tattersalli* contient le signal d'un éventuel goulot d'étranglement passé qui aurait accompagné la déforestation dans la région. En particulier nous avons cherché à caractériser l'origine (anthropique vs naturelle) et la datation (récente vs ancienne) de la fragmentation d'un habitat. Nos résultats suggèrent que (i) cette espèce présente une signature claire d'un important goulot d'étranglement, (ii) la datation de cet événement est très probablement antérieure à l'arrivée des premiers hommes à Madagascar il y a deux millénaires, excluant ainsi une hypothèse anthropique récente, (iii) cet événement est probablement lié aux importantes sécheresses d'origine climatique dont les données paléoclimatiques suggèrent qu'elles ont profondément modifié les communautés de primates dans le Nord de Madagascar, (iv) dans la région d'étude, la plupart des savanes actuelles ne sont pas uniquement liées à des activités humaines récentes mais sont probablement présentes depuis plusieurs millénaires.

Erwan Quéméré - Laboratoire INRA Ecologie et Santé des Ecosystèmes - Rennes - erwan@quemere.fr

P10/13 Titre : Le réapprovisionnement en larves est assuré par la connectivité chez une metapopulation de poissons de récifs coralliens

Pablo Saenz-Agudelo - Geoffrey Jones - Simon Thorrold - Serge Planes

L'estimation directe de la rétention larvaire et de la connectivité entre populations est essentiel pour paramétrer les modèles de dynamique des populations, pour élucider les principaux facteurs qui pourraient influencer le niveau d'échange entre populations et pour optimiser la conception et la mise en place de réseaux d'aires marines protégées (AMP). Nous avons utilisé des marqueurs génétiques de type microsatellites ainsi que des analyses de parenté (basées sur une méthode de maximum de vraisemblance) pour évaluer l'importance relative de l'autorecrutement et des échanges de larves entre huit populations géographiquement séparées du poisson clown Amphiprion polymnus. Le site d'étude s'étend sur 30 km de côte près de Port Moresby, en Papouasie-Nouvelle-Guinée. Nous avons également utilisé un test d'exclusion / assignation génétique afin d'identifier les immigrants en provenance de populations éloignées (génétiquement distinctes) de celles de la région étudiée. Le test d'exclusion génétique a montré que 6% des juvéniles sont probablement des immigrants. De plus, les analyses de parenté ont montré que 18% des juvéniles qui ont recruté dans l'ensemble de la région étudiée étaient nés de parents appartenant aux populations étudiées. Parmi les juvéniles produits localement, la majorité (60%) a recruté dans une population différente de celle de leurs parents (connectivité locale). Le reste des juvéniles produits localement a été recruté dans leur population parentale. La comparaison de nos données avec celles d'études antérieures suggère que les variations de la distance de dispersion entre différentes espèces sont susceptibles d'être influencées plus par l'isolement géographique et la distance entre les récifs coralliens que par les caractéristiques biologiques propres de chaque espèce.

Pablo Saenz-Agudelo - USR 3278 CNRS-EPHE CRIOBE - Perpignan - pablo.saenz@univ-perp.fr

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

P11/01 Titre : La perte de la diversité génétique de l'olivier de Laperrine multiplié par graines

Djamel Baali-Cherif - Guillaume Besnard - Mohamed Salah Abdellaoui

L'olivier de Laperrine (*Olea europaea* subsp. *laperrinei*) est une oleaceae endémique des régions montagneuses du Sahara central : Hoggar et Tassili (Algérie), Air (Niger) et Djebel Mara (Soudan). Aucune régénération naturelle récente de ce taxon n'a été observée dans les massifs algériens et certaines de ses populations sont menacées d'extinction. Pour pallier à ce problème, la multiplication du taxon par graines a été proposée. Afin de déterminer l'impact de cette pratique, des graines provenant de dix arbres (issues de quatre localités dans le Hoggar) étaient caractérisées avec des microsatellites nucléaires (SSR). Une importante perte de la richesse allélique était révélée par rapport à la population initiale, indiquant que notre échantillon de graines n'était pas représentatif de la diversité génétique locale. Les flux de pollen effectifs étaient ensuite mesurés par des analyses de paternité. Des croisements préférentiels entre génotypes étaient révélés. Une tendance pour une plus forte multi-paternité sur les graines collectées d'arbres provenant de peuplements relativement larges était observée. Enfin, les plantules issues d'arbres de petits peuplements montraient de faibles performances de croissance. Nos résultats sont discutés pour développer une stratégie adaptée de multiplication de ce taxon par graines. Mots-clés : Flux de pollen, Germination, Hoggar, Microsatellites, Olivier de Laperrine, Paternité

Djamel Baali-Cherif - ENSA El-Harrach - bacherdj@yahoo.fr

P11/02 Titre : Quelle est l'origine des mosaïques génétiques fluctuantes observées chez les invertébrés marins ? Une approche par simulations basées-individu.

Thomas Broquet - Jon Yearsley - Frédérique Viard

La dynamique de la diversité génétique au sein d'une espèce est façonnée par l'interaction de plusieurs grandes forces évolutives. La compréhension de ces interactions est au cœur de la biologie évolutive, mais c'est également un enjeu important pour l'écologie et la biologie de la conservation. En effet, l'étude de la dynamique de la diversité génétique est une passerelle vers une meilleure compréhension de l'évolution des cycles et traits d'histoire de vie d'une espèce. Cependant, de très nombreuses espèces présentent un cycle de vie dont la complexité échappe aux modèles théoriques de génétique des populations, limitant ainsi notre compréhension des processus évolutifs et écologiques à l'œuvre. C'est le cas notamment des nombreuses espèces d'invertébrés marins qui alternent au cours de leur cycle de vie une phase larvaire pélagique (phase dispersive), et une phase adulte benthique (essentiellement sédentaire). Il est souvent difficile d'identifier le rôle respectif des forces micro-évolutives à l'origine des structures génétiques observées chez ces espèces. En effet, ces structures, qualifiées de « mosaïques génétiques fluctuantes », se singularisent par leur instabilité et leur hétérogénéité spatiale. Une des hypothèses proposées pour expliquer ces distributions atypiques de la diversité génétique met en avant i) la très grande variance de succès reproducteur entre individus, et ii) l'hétérogénéité de la dispersion larvaire (due à la stochasticité de l'hydrodynamisme marin). Cette hypothèse repose donc implicitement sur une interaction entre une dérive génétique structurée dans l'espace et des flux de gènes hétérogènes. Ici nous utilisons des simulations pour tester cette hypothèse et identifier les conditions dans lesquelles des mosaïques génétiques fluctuantes sont générées. Spécifiquement, nous utilisons des simulations basées-individu pour modéliser la trajectoire démo-génétique d'une population composée d'un grand nombre de petits groupes reproducteurs dont le succès de reproduction est variable et dont les larves dispersent de manière plus ou moins hétérogène. L'analyse de la diversité génétique et de sa distribution spatio-temporelle, mesurées aux stades larvaire et adulte lors de ces simulations, nous permet de mieux appréhender la dynamique de la variance génétique chez les invertébrés présentant une phase larvaire pélagique.

Thomas Broquet - CNRS & UPMC, UMR 7144, équipe Divco - Roscoff - thomas.broquet@sb-roscoff.fr

P11/03 Titre : L'histoire inattendue de la différenciation adaptative entre les populations atlantiques et méditerranéennes de *Mytilus galloprovincialis*

Célia Gosset - Matthieu Faure - Nicolas Glaser - Nicolas Bierne

Les scans génomiques de la différenciation sont devenus un standard de la génétique des populations. Un locus présentant un niveau de différenciation anormalement élevé est traditionnellement interprété comme étant sous sélection locale. Cependant, une structure génétique forte à un locus peut être la conséquence de scénarios plus ou moins complexes combinant l'histoire des populations avec diverses formes de sélection. Ici, nous avons essayé d'identifier la base génétique et l'histoire de la différenciation de deux locus anormalement structurés chez la moule *Mytilus galloprovincialis*. Un scan génomique a été réalisé entre les populations atlantiques et méditerranéennes en utilisant différents types de marqueurs moléculaires (allozymes, microsatellites, polymorphismes d'intron, AFLP). La différenciation globale était faible (F_{st} moyen ~ 0.02), mais des locus anormalement différenciés ont été identifiés. L'analyse du polymorphisme de séquence d'ADN de deux de ces deux locus nous a permis de montrer que la structure génétique était la conséquence d'un différentiel d'introgression avec l'espèce sœur *M. edulis*. De façon inattendue c'est la population de Méditerranée qui s'est révélée être la plus introgressée alors que la zone de contact entre les deux espèces se trouve actuellement dans l'Atlantique, le long des côtes françaises et britanniques. L'introgression est historique et implique un contact entre des *M. edulis* et des *M. galloprovincialis* de Méditerranée. Ce contact aurait eu lieu pendant la dernière période glaciaire alors que les populations étaient distribuées plus au sud. Deux hypothèses non mutuellement exclusives permettent d'expliquer le différentiel d'introgression : (i) l'introgression est adaptative et implique que les allèles *edulis* soient favorisés dans les populations de Méditerranée, (ii) l'architecture génétique de la barrière au flux génique est différente entre les deux fonds génétiques *galloprovincialis* et implique que le fond génétique méditerranéen soit plus perméable à l'introgression que le fond génétique atlantique aux régions du génome considérées. Notre étude met en évidence l'importance de l'histoire et de l'architecture génétique de l'isolement reproductif dans la mise en place d'une structure génétique anormalement forte sur certain locus.

Célia Gosset - CNRS - ISEM UMR 5554 -Sète - celia.gosset@univ-montp2.fr

P11/04 Titre : *Euglena mutabilis* dans un drainage minier acide: étude des réponses aux stress et de son impact environnemental par des approches de protéomique et de métabolomique in situ

David Halter - Philippe Bertin

Euglena mutabilis est un protiste couramment retrouvé dans des environnements extrêmes tels que les drainages miniers acides. La forte acidité, les teneurs élevées en arsenic et en métaux lourds ainsi que le caractère oligotrophe de cet environnement le rendent hostile pour nombre de microorganismes. Afin de déterminer les mécanismes moléculaires qui sont impliqués dans la tolérance à ces stress ainsi que l'impact de l'euglène sur cet écosystème, des approches de protéomique in situ combinées à des analyses de méta-métabolomique ont été effectuées. Les résultats ont conduit à l'identification de mécanismes mis en oeuvre pour se défendre face aux stress osmotiques, oxydatifs et acides ainsi que de dresser un modèle de l'activité biologique de cet organisme dans les conditions environnementales extrêmes. Cette étude révèle notamment la présence de 27 métabolites présents dans les eaux interstitielles dont 22 sont également retrouvés dans les euglènes, suggérant un rôle dans l'apport de matière carbonée (acides gras, sucres,...) et azotée (urée, acides aminés) par l'euglène. Cependant aucun mécanisme impliqué directement dans l'hypertolérance de l'euglène face à l'arsenic n'a pu être élucidé. Des approches de protéomique différentielle menées en condition de laboratoire ont par ailleurs révélées un contenu protéique étonnamment peu affecté sous stress arsénié contrairement à ce qui a été observé chez d'autres microorganismes. D'autre part, aucun des mécanismes de défense classiquement retrouvés chez d'autres eucaryotes n'a été mis en évidence chez l'euglène, suggérant un mécanisme original de défense. Des analyses des propriétés de la pellicule de cet organisme ont révélé une très forte hydrophobicité en comparaison à d'autres euglènes. Cette propriété originale pourrait correspondre à l'un des mécanismes mis en oeuvre par l'euglène pour s'affranchir du stress arsénié, mais également du stress liés aux autres métaux lourds présents sur le site.

David Halter - UMR7156 GMGM -Strasbourg - david.halter@gem.u-strasbg.fr

P11/05 Titre : Fragmentation des populations naturelles d'*Ostrea edulis* : une adaptation locale de l'huître plate européenne ?

Estelle Harrang - Nicolas Bierne - Serge Heurtebise - Benjamin Morga - Sylvie Lapègue

L'huître plate européenne *Ostrea edulis* a connu une période faste dans l'aquaculture jusqu'à la fin des années 1960, lorsque deux parasites, *Marteilia refringens* (1969) et *Bonamia ostreae* (1979), ont successivement décimé les bancs naturels de cette espèce endémique, déjà affaiblis par la sur-exploitation de ses gisements. Historiquement présente sur toute la côte européenne, de la Mer du Nord à la Mer Méditerranée, en passant par l'Océan Atlantique, la Mer Adriatique et la Mer Noire, les bancs naturels de cette espèce sont devenus très localisés, laissant penser à des phénomènes d'adaptation locale de l'huître vis à vis de son environnement biotique et abiotique. La diversité et la structuration génétique de plusieurs populations de l'espèce, à l'échelle de son aire de distribution géographique, a déjà été caractérisée au moyen de plusieurs types de marqueurs moléculaires (allozymes, marqueurs mitochondriaux, microsatellites). Une différenciation génétique par isolement par la distance, entre les populations naturelles de la façade Atlantique et celles de la zone méditerranéenne a été rapportée au dernier événement glaciaire, mais la potentielle adaptation locale de ces populations a été jusque-là ignorée. Dans ce contexte, nous avons choisi de combiner l'information apportée par des marqueurs moléculaires déjà disponibles (mitochondriaux et microsatellites) et de développer des marqueurs de type SNPs, par séquençage direct de plusieurs portions de gènes chez des individus provenant de différentes populations naturelles de l'espèce. Les gènes étudiés proviennent de bibliothèques de gènes candidats identifiés comme potentiellement impliqués dans la résistance ou la sensibilité à la bonamiose (maladie due à *B. ostreae*). Le génotypage de ces marqueurs devrait permettre d'augmenter la couverture du génome et la probabilité de détecter des « outliers » afin de mettre en évidence une potentielle sélection des allèles identifiés sur les gènes ciblés ou sur les autres marqueurs. Pour cette étude, sept populations de *O. edulis*, isolées géographiquement, ont été choisies afin d'identifier de potentielles traces de sélection et d'adaptation locale.

Estelle Harrang - Ifremer, Laboratoire de génétique et pathologie - La Tremblade - Estelle.Harrang@ifremer.fr

P11/06 Titre : Phlébotomes en Kabylie, identification et recherche de l'ADN leishmanien

Abdelkamel Mouloua

Résumé Durant les étés 2007 et 2009, des piégeages de phlébotomes à l'aide de papier huilé de pièges lumineux ont été effectués au niveau de 8 sites en 2007 et 6 sites en 2009 au niveau de la wilaya de Tizi Ouzou, représentant une ligne nord-sud à travers la Kabylie, allant du niveau de la mer au nord jusqu'au pied du Djurdjura au sud. Cette étude a permis de constater que la densité des phlébotomes est nettement supérieure au sud de cette wilaya correspondant en effet à une où sont signalés le maximum de cas de leishmanioses humaines. Par ailleurs les espèces *P. perniciosus* et *P. perfiliewi* avec respectivement des taux de 37.5% et 23.3% représentent la majorité des espèces rencontrées. *P. perniciosus* est réputé comme étant le principal vecteur de la leishmaniose viscérale et de la leishmaniose canine, *P. perfiliewi* est quant à lui réputé comme vecteur de la leishmaniose cutanée sporadique. L'importante densité de ces espèces laisse supposer que le foyer kabyle de la leishmaniose à *Leishmania infantum* est toujours actif malgré les opérations de lutte menées dans cette région pilote depuis 1999. Les prélèvements effectués en été 2009 montrent que Boghni (le sud de la wilaya) présente toujours une densité importante en phlébotomes, et les femelles soumises à la recherche de l'ADN des leishmanies par PCR sont positives, ce qui laisse présager que la leishmaniose, aussi bien humaine que canine continuera à évoluer dans cette localité. Néanmoins on a pu observer dans les prélèvements fait en 2009 que les autres régions de la Grande Kabylie ne présentent pas la même densité en phlébotomes ce qui laisse supposer que l'action de désinsectisation menée par les pouvoirs publics depuis quelques années semble porter ses fruits.

Abdelkamel Mouloua - Université de Tizi Ouzou - Alger - mouloua_a@hotmail.com

P11/07Titre : Génomique de l'adaptation de l'huître creuse, *Crassostrea gigas*, dans le contexte de son expansion géographique en Europe

Audrey Rohfritsch - Nicolas Bierne - Pierre Boudry - Serge Heurtebise - Florence Cornette - Sylvie Lapegue

Originaire du nord de l'Asie, l'huître creuse, *Crassostrea gigas*, a été introduite et transférée, principalement pour l'aquaculture, dans plusieurs pays européens depuis le début des années 1970. Le caractère invasif de cette espèce a été observé au cours de la dernière décennie dans plusieurs pays et elle a même été considérée comme une espèce nuisible dans certaines régions, telles que la mer de Wadden. Dans le cadre du projet HiFlo, soutenu par l'ANR, nous avons pour objectif d'identifier les caractéristiques d'une telle espèce florissante: son succès peut-il être expliqué par le hasard des opportunités (expansion de leur niche écologique) ou est-il lié à des processus évolutifs, ce qui impliquerait une adaptation génétique de l'espèce à de nouvelles conditions ? Pour quantifier la part adaptive responsable du succès de cette espèce en expansion, nous avons utilisé une approche de génomique des populations, connue sous le nom de « scan génomique ». Il s'agit d'étudier de nombreux locus répartis aléatoirement dans le génome afin de quantifier la proportion du génome affectée par un événement de sélection positive récent. En effet, la fixation d'une mutation avantageuse laisse une signature moléculaire sous la forme d'une diminution de la variation aux locus avoisinants (balayage sélectif). Ce scan a été effectué avec la technique AFLPs qui présente l'avantage d'obtenir plusieurs centaines de marqueurs sans connaissances préalables du génome de l'espèce. En complément, plusieurs dizaines de marqueurs SNPs et microsatellites ont été utilisés. Seize populations, réparties sur les côtes de la France à la Suède, ont été génotypées. Les premiers résultats indiquent une différenciation entre certaines populations du Nord de l'Europe et les autres. En outre, certains marqueurs ont été détectés comme « outliers », indiquant potentiellement une trace de sélection. Ils seront étudiés plus précisément en se basant sur des données de séquence afin de confirmer leur rôle dans le processus d'adaptation.

Audrey Rohfritsch - Ifremer, Laboratoire de génétique et pathologie La Tremblade - rohfrisch@univ-montp2.fr

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

P12/01 Titre : Do earthworms and roots cooperate to build soil macroaggregates? A microcosm experiment

Anne Zangerlé - Anne Pando - Patrick Lavelle

Soil ecosystem engineers are major actors of soil aggregation, a process that drives the production of ecosystem services by soils. However, our inability to identify the origins of different types of macroaggregates found in soils is an obstacle to describing and modeling their dynamics and associated processes (C sequestration; hydraulic properties). This laboratory study investigated mechanisms of biological soil aggregation by two different earthworm species (*Apporectodea caliginosa* (Savigny) and *Allolobophora chlorotica* (Savigny) and two plant species (*Trifolium pratense*, *Plantago lanceolata* L.), in isolation and in all possible combinations. Near infrared (NIR) spectral analysis significantly discriminated macroaggregates according to the organisms that created them since each organism produced aggregates with distinct NIR signals

Anne Zangerlé - Bondy - Zangerleanne@yahoo.fr

P12/02 Titre : Effet de la manipulation des communautés édaphiques sur la croissance de deux espèces végétales en sympatrie.

Gabriel Perez - Thibaud Decaëns - Matthieu Chauvat

La majorité des écosystèmes terrestres est constituée d'un compartiment épigé et d'un compartiment endogé. Les interactions entre ces compartiments peuvent avoir des conséquences quant au maintien et à la durabilité des processus et du fonctionnement écosystémique. L'objectif de notre étude est de quantifier l'impact quantitatif et qualitatif du système endogé sur le système épigé. Nous nous sommes intéressés à partitionner le rôle de différents groupes d'organismes du sol sur divers processus écosystémiques et sur la performance du système épigé. Pour cela, nous avons suivi, en conditions contrôlées, le développement de deux espèces herbacées (*Poa annua* et *Stellaria media*) en sympatrie sous l'influence de différentes communautés endogées (bactéries, champignons et mésofaune). Les traitements consistent à 4 niveaux de complexité : 0, 1, 2 et 3 groupes d'organismes du sol. Toutes les combinaisons possibles ont été réalisées pour un total de 180 microcosmes. De nombreux paramètres (biomasse végétale aérienne et souterraine, croissance, traits de vie, abondance de la faune ré-inoculé, CO₂, carbone de la biomasse microbienne, ergostérol, etc...) ont été suivis et mesurés lors de cette expérience d'une durée de 6 mois. Les mesures de biomasse microbienne et d'ergostérols témoignent d'une diminution des communautés cibles de 50 à 70%, grâce à une inhibition spécifique (agent antifongique : Systhane et Elweiss, agent antibactérien : Streptomycin sulfate). En présence de bactéries et champignons, *Poa annua* a une croissance (taille, biomasse) 50% supérieur aux autres traitements. La croissance de *Stellaria media* est fortement inhibée dès lors qu'un des groupes trophiques n'est pas réinoculé. La Poaceae est plus compétitive que la Caryophyllaceae face aux stress, d'ordre trophique, appliqué. La masse des graines de *Stellaria media* étant plus importante que celle de *Poa annua*, ce n'est pas la quantité de ressources au démarrage qui influence la germination mais peut être la qualité de ces ressources et/ou les interactions directes ou indirectes avec la microflore. Les interactions entre les différents groupes d'organismes du sol jouent un rôle prépondérant dans la fitness des espèces végétales.

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

P12/03 Titre : Acquisition de phosphore et croissance dans l'association blé dur - pois chiche à deux niveaux contrastés de disponibilité en phosphore du sol : identification des mécanismes rhizosphériques.

Elodie Betencourt - Marek Duputel - Bruno Colomb - Philippe Hinsinger

L'intensification écologique de la production agricole doit permettre de réduire l'utilisation des fertilisants et maintenir, voire augmenter les rendements via le recours aux interactions biologiques. Un des moyens envisagés est l'augmentation de la diversité spécifique des agroécosystèmes pour favoriser les interactions positives entre espèces, en application des principes écologiques de complémentarité de niche et de facilitation. L'effet de la diversité sur la production du système est supposé varier selon l'intensité du stress abiotique. Les cas observés de sur-rendements traduisent une amélioration de l'utilisation des ressources du milieu. Il est ainsi admis que la facilitation dans les cultures associées céréale-légumineuse résulte d'une utilisation complémentaire d'azote. Dans de telles associations, quelques études ont montré une augmentation de l'acquisition de phosphore. Cette augmentation résulterait de la modification de l'environnement biogéochimique des racines qui conditionne la disponibilité du phosphore dans la rhizosphère. Les principales hypothèses de ces études sont l'utilisation complémentaire du phosphore et l'augmentation de sa disponibilité par la légumineuse. Cette dernière serait expliquée, en sol neutre à alcalin, par une diminution du pH de la rhizosphère liée à la fixation symbiotique d'azote. Il est attendu que de telles interactions soient modifiées par la disponibilité en phosphore du sol. Les objectifs de cette étude étaient donc (i) l'évaluation des performances de croissance et d'acquisition du phosphore du blé dur et du pois chiche associés, à deux niveaux de disponibilité en phosphore ; (ii) la compréhension des processus rhizosphériques sous jacents, en particulier l'excrétion de protons par la légumineuse et son impact sur la disponibilité du phosphore inorganique. L'expérimentation a été conduite en pots sous serre de janvier à mars 2010. Les sols Po et P4 considérés respectivement pauvre et riche en phosphore provenaient d'un essai longue durée de fertilisation en phosphore. Les espèces associées ont été comparées aux cultures monospécifiques selon un design substitutif. Deux prélèvements ont été effectués, au début de la période végétative puis à la floraison de la légumineuse quand le maximum de fixation est atteint. Les biomasses, le phosphore des parties aériennes et des racines ont été mesurés. Différentes formes de phosphore ont été mesurées dans le sol rhizosphérique et le sol témoin sans plantes pour évaluer l'hypothèse de complémentarité. Les mesures de pH ont été reliées au phosphore du sol. Les résultats seront discutés afin de mettre en relation les performances et les propriétés de la rhizosphère des espèces associées et cultivées seules.

Elodie Betencourt - UMR Eco&Sols Montpellier SupAgro-Cirad-INRA-IRD - montpellier - elodie.betencourt@supagro.inra.fr

P12/04 Titre : Interactions sol-plantes-pollinisateurs : effets des litières et de la compétition entre plantes sur les nectars

Mathilde Baude - Julie Leloup - Séverine Suchail - Béatrice Allard - Danielle Benest - Jacques Méridet - Naoise Nunan - Isabelle Dajoz - Xavier Raynaud

Les interactions entre compartiments hypogés et épigés s'établissent à partir des plantes qui possèdent des organes aériens et souterrains. Classiquement, seules les communautés végétales sont considérées dans les interactions hypogés-épigés bien que d'autres niveaux trophiques tels que les herbivores ou les pollinisateurs puissent aussi être impliqués. La pollinisation de nombreuses plantes est conditionnée par leur attractivité pour les pollinisateurs. Le nectar, riche en sucre, constitue la principale ressource nutritive pour les pollinisateurs et joue donc un rôle majeur dans l'attractivité des plantes. Or, l'investissement des plantes dans la production de nectar peut dépendre des ressources nutritives dont elles disposent ainsi que des interactions qu'elles entretiennent avec le compartiment hypogé. A l'échelle mono-spécifique, il a été montré que la fertilisation des sols pouvait se répercuter sur la production de fleurs et de nectar. En revanche, à l'échelle pluri-spécifique, le rôle des communautés végétales sur l'attractivité des plantes pour les pollinisateurs, via les interactions qu'elles entretiennent avec le compartiment hypogé n'est pas connu. La composition des communautés végétales pourrait en effet influencer les traits d'attractivité des plantes selon deux voies : (i) via les dépôts de litières dérivant des communautés végétales et, (ii) via les interactions inter-spécifiques qui s'exercent entre plantes de la communauté végétale. Afin de tester ces hypothèses, une expérience en pots a été menée à partir de trois espèces de prairies tempérées présentant une hiérarchie compétitive : *Mimulus guttatus*, *Lamium amplexicaule* et *Medicago sativa*. Deux traitements croisés ont été appliqués : l'association d'espèces en communautés (mono-cultures, bi-cultures et tri-cultures) et l'apport de litières au sol (aucune, litières mono-spécifiques et tri-spécifiques). Les résultats indiquent que les traits liés à l'attractivité des plantes sont fortement affectés chez *L. amplexicaule* par la composition de la communauté végétale. La présence de *M. guttatus*, espèce fortement compétitive, au sein de la communauté végétale réduit drastiquement le nombre de fleurs et le volume de nectar produit par fleur chez *L. amplexicaule*. Ceci suggère que l'attractivité de *L. amplexicaule* pour les pollinisateurs pourrait alors être diminuée au profit de *M. guttatus*. Par ailleurs, l'apport de litière au sol, et ce quelque soit son origine, entraîne aussi une augmentation de la quantité de sucre disponible pour les pollinisateurs dans le nectar de *L. amplexicaule*. Ceci souligne que les interactions épigées entre plantes et pollinisateurs pourraient donc indirectement être influencées par les communautés végétales via les relations qu'elles entretiennent avec le compartiment hypogé.

Mathilde Baude - Université Paris Diderot 7- Bioemco UMR 7618 - Paris - mathilde.baude@ens.fr

P12/05 Titre : Macrofauna communities as a soil quality indicator in cocoa-based agroforests and primary forest patches of Talamanca, Costa Rica

Olivier Deheuvels - Guillaume Xavier-Rousseau - Eduardo Somarriba - Ignacio Rodriguez arias

Soil quality is a concept often considered as non-objective because no absolute reference to an optimal quality can be identified. This is a consequence of the extreme variability of soils and the difficulty to link soil attributes to sustainability. Consequently some authors claim that soil quality cannot be measured but only management practices should be compared to determine which one enhanced some particular soil attribute at stake. Most studies on soil quality use clear factors or typologies to select the indicators that best explain the differences between soils. Our strategy was different : i) we defined an "objective" data set of soil quality indicators, based on literature. This first step was achieved by selecting "objective" non biotic soil indicators from recent reviews. The most actualized set of indicators available was selected out of 53 publications that provided 95 indicators. These indicators were listed, pooled when closely related and classified according to their frequency, reducing their number to 86; ii) we compared this set to the 25 soil attributes available from 36 cocoa-based AFS sampled in the Bribri indigenous reserve of Talamanca (Costa Rica), in order to select a minimum "objective" data set (MDS); and iii) we assessed correlations between soil macrofauna functional groups and the MDS. We selected 36 cocoa fields maximizing diversity based on landscape topography and fragmentation, on-plot vegetation and management intensity. Plots of 50x20m were installed at the centre of each field. Soil and litter were sampled separately on 5 locations in each plot. Macrofauna was hand-sorted immediately after sampling. Functional groups were sorted, identified and counted in laboratory. Soil was sampled within 2m from the macrofauna sampling point at depths of 0-10 and 10-20 cm and analyzed for: Bulk Density (BD), Water Content, Texture, pH, P, K, Mn, Cu, Zn, Fe, Acidity, Total C and N. WFPS, Porosity, CEC and Sum of Bases were calculated. The MDS was: BD, pH, Sum of Bases and C, and explained 62.5% of the variability of the other 21 indicators. The MDS separated cocoa plots into five soil quality groups. Forest fragments entered the first two groups indicating that cocoa AFS can conserve forest soil quality. Twelve macrofauna functional groups explained 71% of the MDS thus confirming the importance of macrofauna in soil formation and conservation. This suggests that a small number of selected indicators could be retained for monitoring purposes in Talamanca cocoa AFS.

Olivier Deheuvels - CIRAD / UMR System (66) - Montpellier / costa rica - deheuvel@catie.ac.cr

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

P13/01 Titre : Functional community traits and ecosystem productivity along field resource gradients. Concordance between the above-ground and the below-ground components

Ignacio manuel Pérez-Ramos - Catherine Roumet - Eric Garnier - Pablo Cruz

Species composition and community functioning results of a hierarchy of environmental filters that select, from all the available pool, which species and traits can persist at that specific site. We present the results of a field study conducted in a Mediterranean rangeland in order to identify which abiotic factors determine the variability in multiple community traits, and how these functional attributes drive both above- and below-ground primary productivity. Links among community traits, ecosystem productivity and abiotic factors were explored by calibrating maximum likelihood models. Nitrogen fertility, soil water availability and soil depth were the main ecological factors driving functional response at the community level. We detected a higher number of morphological adaptations to nutrient content than to the other two factors, most of them related to the 'acquisition – conservation' trade-off as well as to the root foraging ability. Above-ground and below-ground parameters showed a high level of concordance along the explored resource gradients. Specifically, tissue dry matter content - both in leaves (LDMC_{cwm}) and roots (RDMC) - constituted a consistent leaf and root trait in response to soil N fertility. Our modeling approach also enabled us to predict satisfactorily above-ground net primary productivity using only the soil environment variability (particularly soil fertility and depth). On the contrary, the below-ground component was independent on the explored resource factors. The main community traits that affected above-ground primary productivity strongly overlapped with those associating with response to soil resource gradients. Based on these 'response-effect' traits, it could be expected that the poorer soil conditions predicted by climate change models promote the predominance of species with a conservative resource use strategy, leading to a drastic reduction of above-ground primary productivity.

Ignacio manuel Pérez-Ramos - CSIC (IRNASE) - Seville (Espagne) - nashonasho@hotmail.com

P13/02 Titre : Effets des litières et des racines de hêtres (*Fagus sylvatica*) sur la minéralisation de l'azote

Jean Trap - Marthe Akpa - Philippe Delporte - Thibaud Decaens - Michaël Aubert

La minéralisation de l'azote (N) dans les sols forestiers varie fortement au cours de la maturation des peuplements purs de hêtre. Ces résultats suggèrent l'existence d'étroites relations dynamiques entre les plantes et le cycle de l'N. Au cours de sa maturation, le peuplement de hêtre peut influencer la minéralisation de l'azote soit par sa litière soit par ses racines. Dans le premier cas, la modification de la composition chimique des litières sélectionne les chaînes de détritivores basées soit sur les décomposeurs bactériens soit celles basées sur les décomposeurs fongiques. Dans le deuxième cas, l'augmentation de la colonisation fongique des racines (i.e. les ectomycorhizes) facilite (1) le prélèvement racinaire des cations basiques et de l'azote, (2) l'exsudation racinaire et (3) l'inhibition des décomposeurs bactériens. L'objectif de cette étude est donc de déterminer l'influence des racines et des litières de hêtre sur la minéralisation de l'N. Pour cela, une expérimentation en mésocosmes de 6 mois basée sur la présence/absence de litière et de racines de hêtre a été mise en place. Deux types de litières ont été testés, issues de peuplements de 20 ou de 90 ans. Aussi, deux types de plants ont été testés, issus de régénération naturelle (fortement ectomycorhizés) ou de culture (pas ectomycorhizés). La nitrification potentielle, exclusivement autotrophe, est inhibée de plus de 40% par les litières et par les racines ectomycorhizés. La minéralisation potentielle anaérobie de l'N augmente d'environ 20% en présence de racines. En revanche, la présence de litière semble freiner cette augmentation. Les teneurs en N minéral à l'issue des six mois chutent en présence de racines (prélèvement racinaire) mais l'ajout de litière semble compenser le prélèvement racinaire (effet synergique). Nous avons émis 2 hypothèses : (1) les litières en présence de racines favorisent la minéralisation de l'N des litières, (2) le prélèvement racinaire de l'N minéral s'opère au sein des litières (migration des mycéliums ectomycorhiziens dans les litières). Les effets des litières sur la minéralisation de l'azote ne sont pas différents significativement entre les deux types de litières testés. En conclusion, le peuplement de hêtre favorise donc la production d'ammoniums par les racines et limite les pertes ammoniacales en inhibant la nitrification par les litières et les racines.

Jean Trap - Laboratoire d'Ecologie-UPRES EA 1293 ECODIV - Rouen - Mont Saint Aignan - jean.trap@etu.univ-rouen.fr

P13/03 Titre : Dynamiques de croissance des organes aériens et souterrains en verger de pêchers. Influence de la disponibilité hydrique du sol et en assimilats carbonés.

Carole Becel - Loïc Pages - Gilles Vercambre

Les dynamiques de croissance de la partie aérienne et de la partie souterraine ont été étudiées chez le pêcher (*Prunus persica* L. cultivar Magique) greffé sur le porte-greffe « GF 677 ». Les arbres ont été soumis ou non à une restriction hydrique visant à apporter respectivement 30% de l'évapotranspiration potentielle (ETp) ou 100% de l'ETp (I+/I-). Pour chaque modalité d'irrigation, la charge en fruits a été contrôlée de façon à laisser 150 ou 350 fruits par arbres (C-/C+). La dynamique de croissance des parties aériennes a été approchée en mesurant les longueurs de rameaux, la surface foliaire et les diamètres de fruits. La dynamique de croissance des racines a été mesurée à l'aide de filets de recolonisation et les variations saisonnières des caractéristiques architecturales des racines ont également été étudiées. La disponibilité en assimilats carbonés dans les racines a été caractérisée à travers des dosages de sucres solubles (fructose, glucose, saccharose, sorbitol) et d'amidon en partie proximal et distal des racines, tout au long de la saison. Les différents organes (feuilles, fruits, rameaux, racines) ont des dynamiques de croissances spécifiques et leur vitesse de croissance peut être modulée par l'irrigation et la charge en fruits. Une première période de croissance racinaire intense intervient tôt dans la saison, après une période de forte croissance des organes aériens, et précisément pendant la phase de durcissement du noyau des fruits. L'amidon des tissus corticaux de racines est fortement mobilisé en début de saison. La restriction hydrique diminue la croissance des parties aériennes tandis que la charge affecte les racines et les fruits. La croissance des racines est plus forte pour les arbres fortement chargés que pour les arbres faiblement chargés en fruits. Après la récolte, une seconde période de croissance racinaire intense est observée, tandis que les rameaux et les feuilles ont fini leur croissance, et l'amidon est accumulé. Cette accumulation indique une plus grande sensibilité de la croissance que de la photosynthèse à la restriction hydrique. Les variations de la vitesse d'élongation des racines et de leur diamètre apical, ainsi que les variations des teneurs en sucres solubles dans les pointes racinaires sont de bons indicateurs de la dynamique de croissance des racines.

Carole Becel - INRA - Avignon - carole.becel@avignon.inra.fr

P13/04 Titre : Les éléments grossiers des sols ont des fonctions écologiques - Soil rock fragments have ecological functions

Nathalie Korboulewsky - Marion Tétégan - Isabelle Cousin

Rock fragments modify soil properties, and can be a potential reservoir of water. Besides, recent studies showed that this coarse soil fraction is chemically active, release nutrients, and could therefore be involved in biogeochemical nutrient cycles. However, these studies do not answer the question whether the coarse soil fraction has significant nutritive functions. This present work attempted to assess if rock fragments may act as water and nutrient sources for poplar saplings, a deciduous species. A green house experiment was conducted using remoulded soils built by mixing fine earth and pebbles (2 cm < diameter of the rock fragments < 5 cm) at three percentages: 0 (control), 20, and 40% in volume, and either with calcareous or inert pebbles (quartz). Both fine earth and calcareous pebbles were collected from the Ap horizon of a calcareous lacustrine limestone silty soil. One cutting of *Populus robusta* was planted in each pot (10 replicates per modality), saturated once then irrigated to maintain a moderate water stress. Growth and evapotranspiration were followed, while water stress status was measured by stomatal conductivity every day during two drying periods of 10 days. After three months, biomass and cations (Ca, Mg, K) were measured. Results showed that pebbles can participate to plant nutrition, and reduced water stress, though the dilution effect was the main effect on plant development: the presence of pebbles reduced the growth. Nevertheless, plants suffered less from water stress when grown with calcareous pebbles, especially at 40% pebbles, compared to modalities with quartz pebbles. In addition, mineralomass of plants grown with 20% calcareous pebbles were similar to the control, and higher than that of modalities with quartz pebbles. In addition, plants had a biomass 26% higher when grown with calcareous than with quartz pebbles. These results indicate that plants access nutrients from pebbles and that growth conditions were significantly better in pots with calcareous compared to quartz pebbles at moderate proportion (20%). For modalities with 40% pebbles, no difference between the types of pebbles was found most probably because of the detrimental effects of rock fragments limiting root development. This study strengthen the hypothesis that coarse soil fraction may act as water and nutrient sources. The concept of an inert stone matrix that, from the plant point of view, only dilutes ecological functions of the soil, must be revised.

Nathalie Korboulewsky - Aix Marseille Université IMEP UMR CNRS 6116 - INRA UR272 Science du sol - Marseille - nathalie.korboulewsky@univ-provence.fr

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

P14/01 Titre : Modélisation de la dispersion des oeufs et larves de merlu du Cap

Lysel Garavelli - Arnaud Grüss - Britta Grote - Nicolette Chang - Melanie Smith - Erling kare Stenevik - David Kaplan - Christophe Lett

Dans l'écosystème de l'upwelling du Benguela au large de l'Afrique du Sud et de la Namibie, les premiers stades de vie des espèces commerciales de poissons démersaux, comme les merlus *Merluccius paradoxus* et *M. capensis*, sont traditionnellement moins documentés que pour les espèces de petits pélagiques comme les anchois et les sardines. Cependant, de récentes campagnes en mer ont permis de récolter des informations sur la distribution spatiale et saisonnière des œufs et larves des merlus du Cap dans cette région. Ces résultats nouveaux suggèrent des différences fondamentales entre les stratégies de ponte des merlus et des anchois et sardines. Ainsi, les merlus pondent principalement entre juillet et septembre, alors que les anchois et les sardines ont un pic de ponte d'octobre à décembre. De plus, les merlus pondent plus au large et plus en profondeur. Afin de comprendre les raisons de ces différences, nous avons développé un modèle spatial de la dispersion des œufs et larves de merlus, en couplant un modèle régional de circulation océanique (ROMS) à un modèle individu-centré simulant la dynamique de l'ichthyoplancton (Ichthyop). Les résultats de nos simulations suggèrent que les différences entre les trajectoires suivies par les œufs et larves depuis les zones de ponte jusqu'aux zones de recrutement entre les merlus du Cap et les petits pélagiques, pourraient expliquer en partie leurs différences de saisonnalité des pontes. En effet, les œufs et larves des merlus du Cap suivent plutôt une trajectoire du large vers la côte alors que ceux des anchois et sardines se déplacent principalement le long de la côte. Par ailleurs, nos résultats confirment les études de terrain suggérant que les deux espèces de merlus suivent des trajectoires en partie distinctes, plus proches de la côte pour *M. Capensis* et plus au large pour *M. Paradoxus*. Nous incorporons ensuite les valeurs simulées de connectivité des œufs et larves entre les zones de ponte et de nourricerie dans un modèle spatial de dynamique de population structurée en âge. L'objectif final de ce modèle est d'aider dans l'évaluation des ressources et la mise en place d'aires marines protégées pour les merlus du Cap.

Lysel Garavelli - Centre de Ressources Halieutiques, IRD - Sète - lyselgaravelli@hotmail.fr

P14/02 Titre : Connectivité dans les réseaux de réserves marines: Impacts du mouvement d'adultes relativement à ceux de la dispersion larvaire

Arnaud Grüss - David Kaplan

Les effets de la gestion spatiale des ressources marines dépendent fortement de la connectivité entre populations lors de la phase larvaire et/ou durant les phases adultes. Les impacts relatifs de ces deux processus sur les effets des réserves marines en termes de persistance des populations et de captures des pêcheries n'ont pas été clairement déterminés. Nous avons développé un modèle conceptuel simple de deux espèces avec des niveaux comparables de mouvement, mais se déplaçant pour la première exclusivement lors de la phase larvaire et pour la seconde exclusivement durant les phases adultes. Nous démontrons que le mouvement des adultes est plus préjudiciable à la persistance d'une population que la dispersion larvaire mais conduit à des niveaux de capture plus élevés. Nous considérons également le mouvement des pêcheurs qui orientent préférentiellement leur effort dans les zones à fort potentiel de capture, et montrons que la concentration des pêcheurs sur le bord des réserves marines constitue généralement une stratégie optimale excepté dans le cas de la dispersion larvaire quand une faible fraction du système est fermée à la pêche. Une redistribution totale de l'effort de pêche suite à la mise en place de réserves altère nos résultats, tout particulièrement dans le cas du mouvement d'adultes pour lequel les chances d'extinction d'une population peuvent paradoxalement augmenter avec la fraction du système fermée à la pêche.

Arnaud Grüss - CRH UMR 212 EME - Sète - agruss@ifremer.fr

P14/03 Titre : Stratégies de croissance et expansion du dinoflagellé *Alexandrium tamarense*

Imene Hadjadji - Yves Collos - Benoît Plisson - Philippe Cecchi - Mohamed Laabir - Fabien Rieuvilleneuve - Béatrice Bec - Estelle Masseret

Actuellement, il est reconnu qu'au sein d'une même espèce microalgale existe une diversité génétique considérable. Morphologiquement toutes les cellules peuvent apparaître similaires, mais les différences génétiques et la sélection environnementale agissent sur leurs différences et sélectionnent un génotype parmi d'autres. La recherche sur le phytoplancton se base généralement sur des mesures de paramètres tels que la concentration en chlorophylle a ou l'assimilation du carbone minéral d'une espèce. Cependant ces mesures globales masquent la variabilité qui peut exister entre les souches au sein de cette même espèce. Par conséquent les paramètres physiologiques d'une seule culture monoclonale ont souvent été extrapolés à tous les autres représentants de l'espèce afin de pouvoir identifier des différences interspécifiques sans estimer la magnitude de la variabilité intraspécifique. L'existence de variations intra-espèce et intra-populationnelle est un concept important pour l'interprétation écologique des interactions entre les espèces telles que la compétition, l'allélopathie, la prédation ainsi que les dynamiques des populations. Sur 20 souches monoclonales d'*A. tamarense* isolées à Thau, plusieurs phénotypes associés aux paramètres suivant, taux de croissance, absorption des nitrates, ont été mis en évidence. De plus, il a été établi pour la première fois une relation linéaire de proportionnalité négative entre le taux de croissance et la durée de la phase de latence, suggérant une variabilité des vitesses d'adaptation. Ceci indique l'existence d'un large réservoir génétique procurant une flexibilité de réponse des populations aux changements biotiques et abiotiques à court et à long terme.

Imene Hadjadji - UMR 5119 - Montpellier - imenbiomar@hotmail.fr

P14/04 Titre : Application des isotopes stables à l'étude des réseaux trophiques associés à des récifs artificiels.

Michel Potier - Cécile Mablouké - Alexis Cuvillier - Sébastien Jaquemet - Joanna Kolasinski - Lionel Bigot - Patrick Frouin

Les pratiques d'exploitation des ressources marines génèrent des perturbations qui aboutissent souvent à la dégradation des habitats, à la perte de biodiversité, et plus généralement à la fragilisation des écosystèmes. Afin de garantir le maintien des stocks exploitables et de réduire l'altération des milieux, une approche écosystémique de l'impact des pêcheries est à présent préconisée. À La Réunion (océan Indien occidental), le secteur de la pêche artisanale est aujourd'hui en difficulté du fait de la faible disponibilité des ressources exploitables. Dans le but de concentrer des espèces de poissons démersales et pélagiques et /ou d'accroître la biomasse en espèces cibles, des récifs artificiels ont été immergés sur les fonds meubles de zones naturellement peu productives. Cette étude s'attache à décrire la structure et le fonctionnement des réseaux trophiques associés à ces structures afin de mieux comprendre le processus de production de biomasse. Pour cela un suivi spatial et temporel des communautés pélagiques et démersales et de leurs ressources potentielles (zooplancton, macrofaune benthique) a été effectué. L'analyse conjointe des contenus stomacaux et de la composition isotopique ($\delta^{13}C$, $\delta^{15}N$) du tissu musculaire des poissons et de leurs proies nous a permis de décrire le régime alimentaire et d'identifier les niches trophiques des différentes espèces d'intérêt commercial. L'existence de relations de compétitions et de variations ontogéniques au sein de certaines espèces a également été étudiée. Enfin, la détermination de l'origine de la matière organique à la base des réseaux trophiques (matière organique sédimentaire et particulaire en suspension dans la colonne d'eau) nous a permis de qualifier les sources de matière dont dépendent les espèces de poissons et de caractériser d'éventuels couplages benthos-pelagos favorisés par la présence des structures artificielles. Les premiers résultats suggèrent que les sources principales d'alimentation des poissons sont les organismes du macrozooplancton à migration nyctémérale. Il existe cependant des ségrégations trophiques entre les principales espèces, avec les petits pélagiques occupant des positions trophiques plus basses que les espèces démersales, qui s'alimentent en partie sur la macrofaune des sédiments.

Cécile Mablouké - Laboratoire ECOMAR, Université de la Réunion, Saint-Denis - mablouke.cec@gmail.com

P14/05 Titre : A cohort monitoring to study the dynamics of cockle bacterial communities with respect to temporal variations and *Bucephalus minimus* infestation.

Guillaume Meisterhans - Solène Lebreton - Florence Jude - Natalie Raymond - Franck Salin - Xavier De montaudouin - Frédéric Garabetian

The impacts of seasonal variation and infestation by the parasite *Bucephalus minimus* (Bm) on cockle bacterial communities (CBC) were investigated through a 10 months monitoring of a *Cerastoderma edule* cohort sampled in 2006-2007 in the Arcachon bay (France). In this study, CBC refers to the bacteria that are associated with flesh and intervalval liquid of a freshly sampled cockle without any depuration period. CBC densities (CBCD) and composition (CBCC) were respectively estimated by fluorescence microscopy counts and ARISA (Automatised Ribosomal Intergenic Spacer Analysis). Cohort monitoring targeted the individuals of a given cockle population that shared the same life history traits. This intended to reduce the inter-individual variability (mean variation coefficients obtained were 20 +/- 12% for CBCD and 47 +/- 13% for CBCC) and, hence to emphasize the influence of other sources of variation, namely, seasonal variation and parasite infestation. Our results showed on one hand a temporal variation of CBCD peaking at 2.96 10⁷ cell g⁻¹ of FIL during the spring - summer period and on the other hand a significant 1.8 fold increase of CBCD due to a presumed extended Bm presence. Considering only cockles free from Bm, 94 ITS (16S-23S rRNA Intergenic Transcribed Spacer) were recovered from the analysis of 24 individuals over the 10 months monitoring. Globally, 4 ITS were detected throughout the 10 months survey and 3 ITS (ITS#61, 123 and 146) were dominant in the fingerprints. Conversely 30 ITS were only detected once explaining monthly CBCC changes. Nevertheless, neither season linked CBCD variations nor parasite linked CBCD variations have been related to marked changes in CBCC suggesting that CBCD increases were not due to the infection of the cockles by opportunistic bacterial populations. The original approach of this study considered the total bacterial communities associated with cockles and did not focussed on peculiar bacteria such as human health risk indicators or cockle pathogens such as *Vibrio* species. Although improved methodological settings would allow to more accurately describe the actual diversity of CBC, this first application suggested that cockles might shelter a differentiated bacterial community exhibiting an original dynamics.

Guillaume Meisterhans - Université Bordeaux 1; UMR 5805 EPOC - Arcachon - g.meisterhans@epoc.u-bordeaux1.fr

P14/06 Titre : Construction de priors informatifs pour les paramètres d'un modèle de production de biomasse excédentaire à partir des connaissances sur la biologie des espèces : application au thon rouge de l'Atlantique

Maximilien Simon - Jean-Marc Fromentin - Sylvain Bonhommeau - Daniel Gaertner - Marie-Pierre Etienne

L'analyse de séries temporelles de prises par unité d'effort limitée aux palangriers japonais dans les océans Pacifique et Atlantique avait permis d'annoncer que la biomasse des grands prédateurs pélagiques, comme le thon rouge, n'était plus qu'à 10% de son niveau initial (Myers et Worm, 2003). Cette diminution d'abondance est pourtant totalement incompatible avec les niveaux de captures observées au cours des dernières années. L'utilisation de ces seuls jeux de données a donc été fortement remise en cause depuis, mais la quantification de l'évolution de la capturabilité des grands pélagiques reste d'actualité. Le thon rouge est une espèce hautement migratrice, dont le stock est actuellement exploité sur la totalité de son aire de répartition qui couvre l'ensemble de l'Atlantique Nord et la Méditerranée. Nous proposons d'utiliser un modèle de production excédentaire de biomasse sous la forme d'un modèle hiérarchique bayésien dans le but d'explorer la relation entre l'abondance de ce stock et les captures par unité d'effort. L'estimation des paramètres de ce type de modèle peut s'avérer peu précise si l'on considère des séries temporelles d'indice d'abondance courtes et peu contrastées dans le temps. L'utilisation de distributions de probabilité a priori informatives (« priors ») pour certains paramètres permet d'en faciliter l'estimation en intégrant des informations sur la biologie et l'écologie de l'espèce étudiée. Une loi a priori du taux potentiel de croissance intrinsèque du stock « Est » de thon rouge est établie à partir d'un modèle matriciel de dynamique de population qui intègre des distributions des fécondités et des taux de mortalité naturelle aux âges. Nous examinons les hypothèses d'une reproduction annuelle, bisannuelle ou tri-annuelle et leurs conséquences sur le taux de croissance du stock. La distribution de ce paramètre apparaît fortement sensible aux survies des premiers stades larvaires. Une distribution de probabilité a priori de la capacité biotique de l'habitat pour cette espèce est établie en examinant notamment les dynamiques d'expansion des pêcheries. Le modèle est alors appliqué sur des indices d'abondance issus de pêche de madragues en Méditerranée. Nous montrons les intérêts et les limites de ces méthodes d'élicitation de priors pour ce type de modèle, avec l'objectif à terme de comprendre et de quantifier l'évolution temporelle de la capturabilité des principales flottilles ciblant le thon rouge.

Maximilien Simon - IFREMER UMR 212 EME (Exploited Marine Ecosystems), Centre de Recherche Halieutique Méditerranéen et Tropical - Sète - maximilien.simon@ifremer.fr

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

P15/01 Titre : Impact de l'augmentation de la température sur le paysage et la génétique des populations d'altitude.

Il est avéré que la Terre connaît aujourd'hui une période de réchauffement climatique. Comme toutes les autres transitions climatiques majeures de l'histoire de la Terre, ce changement global soudain est considéré comme une menace pour la biodiversité. En effet, l'augmentation de la température modifie la distribution des biomes obligeant ainsi les espèces adaptées au froid à trouver de nouveaux habitats favorables à leurs exigences écologiques. Dans les latitudes tempérées, les espèces adaptées au froid ont trouvé ces habitats dans des latitudes plus nordiques ou dans des refuges d'altitude. Cependant, ces refuges d'altitude subissent l'augmentation de température à travers un relèvement altitudinal des étages de végétation. Ainsi, la forêt de l'étage sub-alpin vient empiéter et réduire les pelouses d'altitude réduisant donc l'habitat disponible des espèces ayant trouvé refuge dans ces espaces. Ces espèces se retrouvent donc piégées dans les sommets des montagnes appelés alors 'sky island'. Même si ce phénomène est maintenant connu, peu d'études parviennent à connecter directement l'évolution de l'habitat et l'évolution des espèces. Dans cette étude, nous proposons d'utiliser des données climatiques, des données de paysage et des données de génétique afin de proposer un scénario ayant conduit à la fragmentation des milieux et à un effondrement des populations de lagopède alpin.

Nicolas Bech - BETM - Perpignan - bechnicolas@hotmail.fr

P15/02 Titre : Phénologie des arbres et arbustes dans les Alpes : effet de la température de l'air, de l'altitude et de la topographie locale

Anne Delestrade - Nigel G. Yoccoz - Maryline Pellerin

Phénoclim est un réseau participatif mis en place pour étudier la phénologie des arbres et arbustes dans les Alpes occidentales. Nous utilisons les données collectées depuis 2005 par le public sur le bouleau, le frêne, le noisetier, l'épicéa et le mélèze pour analyser les relations entre température, altitude et topographie d'une part et dates de débourrement et de feuillaison d'autre part. La topographie, et tout particulièrement l'altitude avec des délais de 1.5 à 3.3 jours par 100 m, a d'importants effets sur la phénologie même après avoir contrôlé pour la somme des températures observée au moment de l'évènement phénologique. Nous avons aussi identifié un gradient latitudinal pour le débourrement de l'espèce feuillue tardive, le frêne, et pour le mélèze, et uniquement pour le mélèze et la feuillaison. Enfin certaines espèces ont une phénologie retardée dans les fonds de vallée comparée à des sites plats ou convexes. La topographie et l'altitude en plus de la température ont donc des effets importants et devraient être incluses dans les modèles prédictifs de la phénologie en région de montagne.

Nigel G. Yoccoz - Université de Tromsø, Norvège - Tromsø- nigel.yoccoz@uit.no

P15/03 Titre : Genetic and historic evidence for climate-driven population fragmentation in a top cetacean predator: the harbour porpoises in European water

Michael Fontaine - Krystall Tolley - Johan Michaux - Stuart je Baird

Recent climate change has triggered profound reorganization in northeast Atlantic ecosystems, with substantial impact on the distribution of marine assemblages from plankton to fishes. However, assessing the repercussions on apex marine predators remains a challenging issue, especially for pelagic species. In this study, we use Bayesian coalescent modelling of microsatellite variation to track the population demographic history of one of the smallest temperate cetaceans, the harbour porpoise (*Phocoena phocoena*) in European waters. Combining genetic inferences with palaeo-oceanographic and historical records provides strong evidence that populations of harbour porpoises have responded markedly to the recent climate-driven reorganization in the eastern North Atlantic food web. This response includes the isolation of porpoises in Iberian waters from those further north only approximately 300 years ago with a predominant northward migration, contemporaneous with the warming trend underway since the 'Little Ice Age' period and with the ongoing retreat of cold-water fishes from the Bay of Biscay. The extinction or exodus of harbour porpoises from the Mediterranean Sea (leaving an isolated relict population in the Black Sea) has lacked a coherent explanation. The present results suggest that the fragmentation of harbour distribution range in the Mediterranean Sea was triggered during the warm 'Mid-Holocene Optimum' period (approx. 5000 years ago), by the end of the post-glacial nutrient-rich 'Sapropel' conditions that prevailed before that time.

Michael Fontaine - Université Paris-Sud, Laboratoire Ecologie, Systématique et Evolution, UMR8079, Orsay cedex, F-91405; CNRS, UMR 8079, Orsay cedex, F-91405 - orsay - michael.fontaine@u-psud.fr

P15/04 Titre : The graphical user interface of GMETATOP, a software for simulating the evolution of diversity in subdivided populations of species with complex demographic features

Frédéric Raspail - Pauline Garnier-Géré - Antoine Kremer - Frédéric Austerlitz

Natural selection is one of the main evolutionary forces shaping species' adaptive genetic variation within and among natural populations. Its interactions with other factors like drift, migration, demographic history and life-history features are recurrent themes in evolutionary genetics. Multilocus analytical derivations being usually intractable or very complex in realistic cases, flexible simulation tools are needed to model and follow the evolution in the long-term of polygenic traits and their underlying quantitative traits loci (QTLs), under various scenarios of selection at the within- and among-population levels. A few programs are currently available. None is however user-friendly, as they need complex input files with large numbers of population genetics parameters. We first combined two previous complementary versions of one of these programs (METAPOP): i) one with simple demographic models and features, but the possibility of modeling phenotypic values and selection, and ii) one allowing a far more complex demographic model with overlapping generations. We then developed a new version named gMETAPOP, which includes a Graphical User Interface (GUI) that greatly simplifies the use of the software, avoiding the user to fill tedious input files, and thus allowing population geneticists to focus on their own biological model. Practically, the GUI is organised in different tabs (genome, phenotype-genotype modelling, demography, selection...), where the user can simply choose from available options for the different parameters. Users are also led by the GUI in the sense that 1) they are being proposed default parameter values, 2) these parameters can only be set to valid values within possible ranges, thus avoiding trivial errors, and 3) although a detailed helpfile is available, we have also summarized important parameter meanings and uses with short statements (Tooltips).

Frédéric Raspail - INRA UMR Biodiversité, Gènes & Communautés INRA Université Bordeaux I - Cestas - Frederic.Raspail@pierroton.inra.fr

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

P16/01 Titre : Enregistrer la structure des savanes à l'aide d'indicateurs biologiques.

Julie Aleman - Bérange Leys - Ilhem Bentaleb - Alfred Ngomanda - Laurent Bremond - Charly Favier

Utiliser une combinaison de plusieurs indicateurs biologiques afin d'enregistrer quantitativement le couvert arboré, composante servant à décrire la structure des savanes, et obtenir une précision supérieure à une calibration avec un seul indicateur. En effet, les savanes peuvent être décrites en utilisant deux critères, la composition floristique, déjà bien décrite grâce aux pollens, et la composante structurale, encore assez peu étudiée. Lieu d'étude : En République Centrafricaine, trois transects allant de la savane jusqu'à la forêt. Méthodes : Le long des transects, des mesures de la structure de la végétation ont été réalisées en utilisant le LAI (Leaf Area Index, mesure d'indice foliaire). Des échantillons de sol y ont été prélevés afin d'y étudier les trois indicateurs biologiques : les isotopes du carbone ($\delta^{13}C$), les phytolithes (D/P, représentant le ratio du nombre de phytolithes de Dicotylédones ligneuses sur le nombre de phytolithes de Poacées) et les pollens (AP/NAP, représentant le ratio du nombre de pollens d'Arbres sur le nombre de pollens de Non-Arbres) afin d'estimer le ratio de la végétation arborée par rapport aux herbacées. Résultats : A partir de ce jeu de données, il apparait clairement une relation linéaire entre phytolithes (D/P) et pollen (AP/NAP) d'une part, et végétation en place (LAI) d'autre part. Le $\delta^{13}C$, quant à lui, n'est pas significatif dans la relation. Principales conclusions : Grâce à la relation quantitative trouvée, il est désormais possible d'estimer la structure de la végétation de savane à partir de la combinaison des deux indicateurs biologiques : phytolithes (D/P) et pollens (AP/NAP). Ce travail représente une calibration nécessaire pour une utilisation dans le passé afin de retracer l'histoire de la végétation sur le temps long. Mots clés : Couvert arboré, LAI, bio-indicateurs, phytolithes, pollens, $\delta^{13}C$.

Julie Aleman - CBAE UMR 5059 - Montpellier - julie.aleman@univ-montp2.fr

P16/02 Titre : Les forêts tropicales humides et changements globaux au cours de l'Holocène

Ilham Bentaleb - Coforchange members - Regab members

Nous nous intéressons à l'histoire des forêts tropicales humides d'Afrique Centrale occidentale. Quels sont les rôles respectifs des changements globaux passés et le rôle de l'Homme dans la physionomie des forêts actuelles. Que nous apportent les reconstructions paléoenvironnementales et les études des impacts des changements globaux sur ces écosystèmes tropicaux ? Plusieurs sites étudiés en Afrique Centrale dans le cadre des programmes REGAB et Biodiversa CoForChange tentent d'apporter des réponses sur ces interactions Homme-Climat-Milieu au cours des derniers millénaires notamment sur la question de la résilience de ces forêts tropicales?

Ilham Bentaleb - UMR 5554 ISEM UM2 - Montpellier - ilham.bentaleb@univ-montp2.fr

P16/03 Titre : Reconstruction paléolimnologique de l'impact des perturbations anthropiques sur les communautés de diatomées et de rotifères dans les lacs sub-alpins au cours des 150 dernières années.

Vincent Berthon - Frédéric Rimet - Marie-Elodie Perga

Dans les études paléolimniques, les restes fossiles de diatomées et de rotifères sont utilisés pour reconstruire l'évolution du statut trophique des écosystèmes lacustres, sous l'hypothèse que certains assemblages taxonomiques sont typiques de conditions trophiques passées. Les relations entre assemblages taxonomiques sédimentaires et conditions trophiques sont déterminées par des fonctions de transferts établies sur des environnements lacustres contemporains. Toutefois, si les communautés de diatomées et de rotifères peuvent effectivement répondre aux changements de concentrations en nutriments dans les lacs (contrôle « bottom-up »), elles sont aussi régies par d'autres paramètres environnementaux tels que la température ou les effets « top-down » de contrôle par les consommateurs. Par exemple, la structure de la chaîne trophique, et notamment la présence d'espèces de poissons zooplanctivores telles que le Corégone dans les lacs alpins, peut, par le jeu des cascades trophiques, modifier le compartiment des brouteurs zooplanctoniques (dont les rotifères) et ainsi celui des producteurs primaires (dont les diatomées). De plus, les conditions climatiques déterminent notamment à la fois le « timing » et la composition des pics printaniers et automnaux de diatomées dans les lacs alpins. Notre but ici est donc d'étudier l'évolution des communautés de diatomées et de rotifères dans les grands lacs péri-alpins, au travers de leurs assemblages fossiles, et d'estimer l'impact, au cours des 150 dernières années, de 3 perturbations d'origine anthropique : une modification profonde de la concentration en nutriments, le réchauffement climatique et l'introduction d'un poisson zooplanctonophage, le corégone. A terme, ce travail vise à évaluer dans quelle mesure changement climatique et modifications des communautés de prédateurs pourraient avoir un impact sur les assemblages fossiles de diatomées et de rotifères et, par conséquent, sur les indices paléolimniques d'eutrophisation – réoligotrophisation.

Vincent Berthon - INRA - UMR CARTELE - Thonon-les-bains - vincent.berthon@thonon.inra.fr

P16/04 Titre : Distribution des graminées C₄ passée, présente et futur

Laurent Bremond - Charly Favier - Arnoud Boom

Les facteurs environnementaux qui conditionnent la distribution des types photosynthétiques graminéens C₃ et C₄, en domaine intertropical, sont assez mal connus. Des modèles de compétition C₃/C₄ s'appuyant sur des données physiologiques ont été proposés mais difficilement vérifiés avec des données de terrain. Ces modèles sont d'autant plus intéressants qu'ils permettent d'envisager la réponse de ces formations herbacées face aux changements de concentration en CO₂ atmosphérique passés et futurs. De plus, des études phylogénétiques récentes combinant distributions actuelles, mais sans donc pouvoir tenir compte du rôle du CO₂, et séquençages moléculaires apportent de nouvelles hypothèses sur l'origine des C₄ et de la raison de leur distribution actuelle. Le but de cette étude est d'établir le schéma de la distribution altitudinale actuelle des graminées C₃/C₄ dans les Andes intertropicales et de confronter cette distribution observée à celle prédite par un Modèle Dynamique de Végétation pour des données climatiques actuelles, passées et futures. Des relevés botaniques tirés de la littérature disponible pour quatre pays des Andes intertropicales (Colombie, Equateur, Pérou, Bolivie) ont été interprétés en terme de distribution altitudinale d'espèces graminéennes puis en proportion C₃/C₄. Plusieurs paramètres climatiques interpolés sur ces gradients ont été mis en relation avec ces distributions. Le paramètre «température» apparaît être le mieux corrélé. Une relation simple entre la proportion des graminées C₄ et la température est proposée. Cette relation est ensuite confrontée aux simulations du modèle LPJ-GUESS pour les données climatologiques actuelles de la zone d'étude, celles prédites par les modèles climatiques de l'IPCC à l'horizon 2100 et les simulations des modèles de PMIP2 à 6000 BP et 18000 BP.

Laurent Bremond - EPHE UMR5059 - Montpellier - laurent.bremond@univ-montp2.fr

P16/05 Titre : Earthworm biodiversity and paleogeography in Hainan Island, China

Qi Zhao - Charlene Briard - Jiang J. - Sun J. - Qiu J-P. - Muriel Guernion - Guenola Peres - Daniel Cluzeau

Earthworms can not readily cross seas, rivers, or mountains; therefore, the modes which make their distribution restricted can be very valuable in testifying the geographical history of the world. For example, the paleogeography of Europe can be dovetailed well with the phylogeny of Lumbricidae (Qiu and Bouche, 1998). However, there is no similar research on Megascolecidae which has a worldwide distribution, especially in Asia and Australia. Hainan Island is the second largest island off the coast of China. According to the geological history, ingression and regression occurred several times in this island, followed by a large coastal plain which enabled flora and fauna to migrate back and forth from the mainland to Hainan Island (Su 2004). Finally, Hainan Island was separated from the mainland again in Holocene and became the form as present (Xing, 1995). In 1938, Chen firstly investigated earthworms in Hainan Island and reported 32 new species (Chen, 1938), followed by Zhong and Quan who reported another 3 new species (Zhong, 1989; Quan, 1985). However, after that, no research continued in Hainan. In light of these, we supposed that there maybe more new species in Hainan Island. Moreover we hypothesized that the phylogeny of Hainan earthworms might supported the paleogeography of Hainan Island, even of China and Asia. In order to confirm our hypothesis, the principle methods following were applied in our study: (1) We investigated earthworm biodiversity in Hainan in 2006 and 2009 separately and identified them by morphological and anatomical characteristics; (2) Molecular and methods were used to study the phylogeny of earthworms. We choose COI, AFLP, RAPD as makers; (3) Correspondence factor analysis, Neighbour-joining and Bayesian inference methods were then applied to analyze the data gained in step 2. So far, the earthworm biodiversity in Hainan Island was clarified, and there are 42 species, including 10 species which we discovered, and also including 38 species which belong to Megascolecidae. Meanwhile, the database of Hainan earthworms had been set up, and several molecular experiments were tried. To our aim, we will continue to analyze these data. Results obtained by morphological approach will be compared to those from molecular approaches and discussed; the next step will be to use those results to explain the phylogeny of Megascolecidae in Hainan Island and dovetail the paleogeography of Hainan Island, even with that of Asia.

Qi Zhao - Shanghai Jiao Tong University - Shanghai - annaqiqi@sjtu.edu.cn

Session 17 : Ecoinformatique et ontologie en écologie

P17/01 Titre : L'INIST au service de l'écologie scientifique

Marie-Laure Masquillier

L'institut de l'information scientifique et technique (INIST) est une unité propre de service du CNRS. Il réalise la collecte, le stockage et la diffusion de la littérature dans les différents domaines scientifiques, avec une large place consacrée à l'écologie. L'Institut facilite le travail des chercheurs au moyen d'outils de recherche et d'accès au document : Bibliovie, portail de revues scientifiques et de bases de données en sciences de la vie pour le CNRS, offre un accès au texte intégral de plus de 190 revues en écologie. RefDoc, permet de rechercher et commander les documents dans un réservoir de plus de 35 millions d'articles, d'ouvrages, de rapports et d'actes de congrès et couvre l'ensemble des revues cœur en écologie, à fort facteur d'impact. Pour la recherche d'informations, l'Inist met à disposition gratuitement son fonds bibliographique (300 revues relatives à l'écologie) interrogeable sur Google, ainsi que ses ressources terminologiques ; la base terminologique du portail TermSciences comprend 190 000 concepts multilingues issus de l'intégration de différentes terminologies parmi lesquelles celles de l'Inist, mais aussi de l'Inra (lexique en pédologie) ou encore du Cemagref (lexique en hydrologie). La recherche d'un concept dans l'espace documentaire du portail peut être automatiquement complétée en fonction du contenu de la base terminologique et lancée dans Google, Google Scholar, le Sudoc, Scirus ou ProdINRA. L'Inist diffuse et valorise les travaux des chercheurs en les recensant et les numérisant. Il produit les bases de données bibliographiques multidisciplinaires et multilingues Pascal et Francis (20 millions de références) qui recensent l'essentiel de la littérature notamment pour les sciences biologiques. La plateforme I-Revues offre une approche adaptée pour la numérisation et la diffusion des revues, actes de colloque et livres électroniques. En écologie et environnement, la numérisation a été réalisée pour la Revue forestière française et les actes de colloque de Novatech. Dans un contexte d'accroissement des données scientifiques, l'Inist développe également des prestations innovantes de veille afin d'extraire et d'exploiter l'information. Une gamme étendue de services réalisés par des ingénieurs documentalistes, propose recherches bibliographiques multibases, dossiers de synthèse, identifications d'experts, cartes thématiques, indicateurs bibliométriques, et alimentation de sites multidisciplinaires d'actualité scientifique tel que Recherches Polaires.

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

P17/02 Titre : e-FLORA-sys, un outil internet pour évaluer la valeur agronomique et écologique des prairies

Sylvain Plantureux - Bernard Amiaud

Pe-FLORA-sys est un outil collaborative gratuit disponible via internet (<http://eflorasys.inpl-nancy.fr/>), développé par Nancy Université et l'INRA, afin de fournir un outil de recherche et décision. Le système est basé sur des bases de données décrivant les caractéristiques de la plupart des espèces des prairies européennes (indices écologiques, caractéristiques biologiques des végétaux, productivité et qualité du fourrage), la composition floristique, les pratiques agricoles, le sol et les caractéristiques du climat, les associations végétales. A partir de cette information, le système calcule des indices d'évaluation de la valeur agronomique et écologique et de gestion des prairies. Par exemple, les indices de valeur fourragère et de valeur pollinisatrice des prairies sont calculés par e-FLORA-sys. Les utilisateurs peuvent enregistrer librement leurs propres observations (relevés botaniques, les pratiques agricoles, ...), qui sont protégés par un dispositif de droits. L'un des objectifs clés d'e-FLORA-sys est de produire en temps réel des informations utiles pour les décideurs et les scientifiques concernés par la gestion ou la compréhension du fonctionnement des prairies.

Sylvain Plantureux - UMR Nancy-Université - INRA Agronomie et Environnement Nancy-Colmar - Sylvain@ensaia.inpl-nancy.fr

Session 19 : Adaptations aux changements globaux

P19/01 Titre : Plasticité physiologique, économies d'énergie et résilience aux accidents environnementaux

Cindy Canale

Les études longitudinales de vertébrés suggèrent que les réponses aux changements globaux sont en grande partie due à la plasticité phénotypique. Mais les mécanismes permettant la plasticité du phénotype sont rarement identifiés. Nous présenterons l'état de nos réflexions et expériences sur le rôle de la torpeur (plasticité de la température corporelle - mécanisme d'économie d'énergie) dans la réponse adaptative aux changements environnementaux. Pour les niveaux supérieurs des chaînes trophiques, les changements globaux (modifications d'habitat, événements climatiques extrêmes) se traduisent par des modifications non-prédictibles de disponibilité alimentaire. Or les organismes ayant évolué dans des environnements contraignants en ressources ont développé des mécanismes d'économie d'énergie (hypothermie, hypométabolisme, réserves adipeuses) leur permettant d'ajuster leurs dépenses énergétiques aux conditions environnementales. En milieu tropical sec, ces mécanismes sont utilisés pour surmonter la disette imposée par la saison sèche. Nous utilisons le Microcèbe gris – petit lémurien – comme modèle pour l'étude de la flexibilité de ces mécanismes d'économie d'énergie. A Madagascar, le changement climatique global se traduit par une augmentation de la fréquence et de l'intensité des événements climatiques extrêmes (sécheresses, cyclones). Les vertébrés hétérothermes facultatifs, tels que les microcèbes, pourraient-ils compenser une augmentation des 'accidents énergétiques' par des ajustements plastiques de leur balance énergétique? Nous présenterons des résultats sur les ajustements plastiques de la torpeur exprimés en réponse à différents régimes de restriction calorique croisés avec des challenges immunitaires, en conditions de laboratoire. La partie passive de la torpeur (entrée en hypothermie par arrêt de la thermogénèse) s'avère très flexible, étant ajustée en quelques jours à une baisse de disponibilité alimentaire. Cette flexibilité est renforcée lors de « mauvaises années » (effet d'acclimatation à la restriction alimentaire). En cas d'agression parasitaire, la 1ère phase de la réponse immunitaire innée (fièvre) n'est pas affectée par la disponibilité alimentaire. Toutefois, la restriction alimentaire induit un retour rapide à l'hypométabolisme de repos, alors que les individus ad libitum maintiennent une température corporelle élevée. Le coût en terme d'immunocompétence de ce rapide retour à l'hypothermie de repos n'est pas encore connu. Nous développerons les implications de nos résultats en terme de le rôle potentiel de la plasticité de la température corporelle dans la réponse adaptative aux changements environnementaux globaux.

Cindy Canale - Université Pierre et Marie Curie - UMR 7179 CNRS MNHN CF - Brunoy - canale@mnhn.fr

P19/02 Titre : Plasticité phénotypique face aux modifications de l'environnement : comparaison des performances larvaires de têtards *P. esculentus* (*Amphibia, Ranidae*) venant de deux habitats différents

Audrey Chaput-Bardy - Alain Pagano

La plasticité phénotypique est la capacité d'un génotype d'exprimer des phénotypes alternatifs pour correspondre à l'environnement auquel il est soumis. Elle peut induire des réponses réversibles ou irréversibles, et peut avoir des effets importants sur la fitness individuelle et la dynamique des populations. Les amphibiens ayant un cycle de vie complexe et utilisant plusieurs habitats, leurs traits d'histoire de vie sont très flexibles, permettant aux individus de s'acclimater à l'environnement. Dans un contexte de déclin mondial des amphibiens, comprendre leur capacité d'accommodation à l'échelle de la population est un enjeu majeur. Nous avons étudié la relation potentielle entre l'habitat d'origine des grenouilles vertes et leur capacité d'acclimatation. Six croisements expérimentaux de grenouilles vertes du complexe *P. esculentus* ont été réalisés, provenant de mares forestières et/ou prairiales. Les têtards issus de ces croisements ont été élevés à 20°C ou 26°C, ces températures étant choisies afin d'imiter les deux habitats parentaux. La réponse des têtards élevés à ces deux températures a été mesurée par le biais de trois traits, le taux de survie, le temps de développement et la taille à la métamorphose. Les résultats montrent que les têtards élevés à 26 °C ont un meilleur taux de survie, une plus petite taille et se sont métamorphosés plus tôt que ceux élevés à 20 °C. Les têtards forestiers ont un meilleur taux de survie que les prairiaux, quel que soit la température à laquelle ils ont été élevés. Les têtards d'origine prairiale et mixte ont un taux de survie significativement meilleur à 26 °C qu'à 20°C. Les résultats montrent que les têtards *P. esculentus* ont des performances larvaires différentes en fonction de l'habitat d'origine des parents. Du fait de leur fort taux de survie face aux deux températures, les têtards forestiers ont une plus grande plasticité phénotypique que ceux de prairie, ce qui suggérerait une adaptation locale des têtards prairiaux à leur habitat. Ainsi, identifier les facteurs biotiques et abiotiques considérés comme limitants, et comprendre les réactions des amphibiens et l'amplitude de leurs réponses est un challenge important en biologie de la conservation.

Audrey Chaput-Bardy - MNHN - Brunoy

P19/03 Titre : Perturbation du milieu et expansion d'*Aedes albopictus* à Mayotte

Leïla Bagny beilhe - Stéphane Arnoux - Gilles Lajoie - Didier Fontenille

L'établissement de l'espèce invasive *Ae. albopictus* vecteurs de nombreuses arboviroses à Mayotte s'est faite en moins de 10 ans après son introduction. Sur cette île en cours d'urbanisation, les perturbations du milieu ont probablement créé des niches écologiques particulières, favorables à l'installation de cette espèce. L'expansion d'*Ae. albopictus* sur le territoire mahorais est toujours en cours et semble avoir un impact sur les populations résidentes d'*Aedes aegypti* qui sont déplacées vers les zones les plus rurales. Un suivi des populations larvaires de ces 2 espèces a été effectué dans l'île durant les étés 2007 et 2010 afin de suivre la dynamique de l'expansion d'*Ae. albopictus*. Il a également été possible d'établir l'influence des caractéristiques du paysage urbain de cette île sur l'abondance relative des 2 espèces au stade larvaire en partitionnant l'espace à l'aide d'un carroyage adapté à l'échelle d'une maison individuelle (pas de 25m). Chaque partition de l'espace renferme des informations propres à l'environnement abiotique (occupation du sol, climat...) et aussi sur l'environnement biotique ciblé : culicidiens et humains (enquête sociologique menée pour mieux définir l'interaction entre l'humain et l'abondance relative de ces moustiques). Les populations d'*Ae. albopictus* étaient en expansion sur l'ensemble du territoire entre les deux phases de prospection notamment dans les zones urbaines différant du pattern d'invasion communément admis par ailleurs. Les résultats obtenus montrent l'importance de la morphologie urbaine (proportion de la surface bâtie de la zone, distance à la zone naturelle la plus proche et taille de la ville) comme facteurs explicatifs de l'abondance relative des 2 espèces de moustiques. La prédominance de l'espèce invasive est favorisée par de fortes densités de populations humaines ainsi que par certaines de leurs pratiques. Il a été mis en évidence qu'à Mayotte, les modifications du paysage urbain ont davantage favorisé l'invasion d'*Ae. albopictus* que les éventuels changements climatiques survenus ces dernières années. Le carroyage mis en place dans cette étude permet une intégration et un traitement des informations collectées à diverses échelles. In fine, l'outil développé devrait permettre un meilleur contrôle des populations de vecteurs ainsi qu'une meilleure gestion des risques sanitaires liés à la circulation des arboviroses sur ce territoire.

Leïla Bagny beilhe - Saint-Pierre (île de la Réunion) - leila.bagny@cirad.fr

P19/04 Titre : Interactions multi-strates en forêt : conséquences pour la conception de sylvicultures adaptées aux changements climatiques

Philippe Balandier

Les forêts sont caractérisées par la présence de plusieurs strates végétales au sein de l'écosystème ; la canopée des arbres adultes est la plus flagrante mais plusieurs strates dans le sous-bois interagissent avec cette dernière. Elles sont composées d'espèces arborées mais aussi muscinales, herbacées ou arbustives. Pendant longtemps la gestion forestière ne s'est intéressée qu'aux arbres adultes et souvent même, qu'aux espèces présentant un intérêt économique. Cependant, les strates du sous-bois jouent aussi un rôle fondamental dans le fonctionnement et la santé de l'écosystème. De nouvelles sylvicultures sont actuellement recommandées ou expérimentées pour faire face aux changements climatiques et en particulier une augmentation de la contrainte hydrique et/ou des températures extrêmes dans de nombreuses régions de la zone tempérée. Modifier la composition en espèces arborées, leur densité, leur structure spatiale, a aussi des répercussions sur la composition spécifique des strates du sous-bois, leur fonctionnement, qui influent à leur tour sur la strate arborée. Ces interactions modifient le fonctionnement de l'ensemble de l'écosystème, par exemple en termes de biodiversité, de régénération des arbres, d'habitat pour la faune sauvage, de maladies, etc. Ces interactions doivent être prises en compte pour concevoir des itinéraires techniques innovants répondant aux changements climatiques et prenant en compte des objectifs autres que la production de bois seule.

Philippe Balandier - INRA - UMR PIAF / Cemagref UR Ecosystèmes forestiers - clermont-ferrand - philippe.balandier@cemagref.fr

P19/05 Titre : Variations saisonnières d'humidité et de température et dynamiques de la microflore édaphique, interactions avec les impacts d'apport de compost sur un sol méditerranéen

Annette Berard - Meriem Ben sassi - Pierre Renault

Le changement climatique que subit la terre semble être accompagné par l'apparition plus fréquente d'événements extrêmes de type pluie torrentielle, canicule et sécheresse. Ces événements, leur intensité et la soudaineté avec laquelle ils arrivent semblent affecter directement la microflore du sol en diversité et en fonctionnalités. Parallèlement, la gestion des déchets devient plus cruciale et l'épandage de composts sur les sols s'accroît. Dans ce contexte de changement climatique, peu d'informations existent sur les conséquences à long-terme de ces amendements sur les communautés microbiennes. L'objectif de ce travail est d'étudier l'interaction entre les variations climatiques et l'apport d'amendement organique dans le sol sur la dynamique des communautés microbiennes. Ce travail est réalisé sur un sol nu avec ou sans apport de compost de déchets urbains. La température, l'humidité des sols (sol contrôle et sol avec compost) ainsi que la biomasse et la diversité fonctionnelle des communautés microbiennes sont suivis au cours d'une période de 9 mois. L'étude des profils d'activité métabolique potentielle a été réalisée en utilisant la technique MicroResp™. Les premiers résultats ont montré que le compost affecte l'activité des communautés microbiennes du sol. En outre, ce changement dans la diversité fonctionnelle des communautés microbiennes est aussi affecté par les variations saisonnières de température et d'humidité.

Meriem Ben sassi - INRA-EMMAH - Avignon - mbensassi@avignon.inra.fr

P19/06 Titre : Etude à long terme de l'impact des changements climatiques sur un écosystème prairial de moyenne montagne.

Amélie Cantarel - Juliette Bloor - Jean-François Soussana

L'impact des changements climatiques sur les communautés végétales fait l'objet de préoccupations importantes, du fait de ses conséquences pour la biodiversité et les cycles biogéochimiques. En prenant comme modèle des prairies de moyenne montagne, nous avons étudié les impacts des principales composantes (température, pluviométrie, CO₂) du changement climatique prévu en France (IPCC scénario A2, horizon 2080). Un dispositif expérimental additif a été mis en place en mai 2005 afin de déterminer in situ et à long terme les effets d'un réchauffement (+ 3.5°C), d'une diminution de la pluviométrie estivale (- 20%), et d'un accroissement de la teneur en CO₂ atmosphérique (+ 200ppm) sur la communauté végétale. La dynamique de la communauté herbacée a été suivie sur la période 2006-2009 en termes de production aérienne, de composition botanique, de traits foliaires et de la qualité fourragère (digestibilité du couvert). En dépit d'une forte variabilité interannuelle, nous avons montré des effets significatifs des traitements environnementaux sur la production aérienne nette de la strate herbacée. Une année après la mise en place des traitements climatiques, le réchauffement a eu un impact significatif et positif sur la production annuelle du couvert. Cependant cet effet est devenu négatif en 2008 et 2009, les traitements réchauffés produisant moins de biomasse aérienne que le traitement témoin. En 2009 nous avons également mis en évidence un effet négatif de la réduction de pluviométrie estivale et un effet positif du CO₂ élevé sur la production annuelle. L'indice de diversité spécifique de Shannon-Weaver et la proportion de dicotylédones dans le couvert n'ont pas indiqué de modification significative de la diversité végétale en réponse aux traitements durant la période étudiée. De plus, la surface foliaire spécifique (SLA), la teneur en matière sèche foliaire (LDMC), et la digestibilité n'ont pas montré de patterns clairs en réponse aux traitements climatiques. Par contre, la teneur en azote des feuilles (LNC) a montré une diminution significative dans le traitement enrichi en CO₂ pour trois années sur quatre, en accord avec des observations antérieures. Nos résultats indiquent qu'à long terme le réchauffement peut avoir des effets néfastes sur la production annuelle du couvert végétal, en diminuant le rendement fourrager. Ils montrent aussi que les variables de structure et de fonctionnement de l'écosystème peuvent avoir différentes sensibilités aux changements climatiques, certaines répondant rapidement (production aérienne, traits), et d'autres indiquant une plus forte inertie du système (diversité végétale).

Amélie Cantarel - INRA - UREP - Clermont-Ferrand - amelie.cantarel@clermont.inra.fr

P19/07 Titre : Adaptation aux changements globaux : le cas des embryons de saumon atlantique face à un stress hypoxique

Jessica Cote - Guillaume Evanno - Jean-Marc Roussel

L'étude de la capacité d'adaptation des organismes face aux changements climatiques est actuellement un enjeu majeur en biologie de la conservation. Une telle adaptation des populations est possible via deux mécanismes non exclusifs : la plasticité phénotypique ou la microévolution de traits héréditaires. Une approche de type « common garden experiment » permet d'étudier ces deux aspects en comparant les réponses d'individus de différentes populations dans un environnement commun. Le saumon atlantique (*Salmo salar*) constitue un modèle de choix pour l'étude de l'adaptation aux changements globaux car c'est un organisme poïkilotherme d'eau froide dont le succès du développement embryonnaire dépend fortement des conditions environnementales locales. Les œufs sont enfouis dans le gravier et un facteur majeur de survie des embryons est le degré d'oxygénation de l'eau interstitielle. Le colmatage du gravier par des matières en suspension est de plus en plus fréquent suite à divers facteurs d'origine anthropique, et peut occasionner la mort des embryons par hypoxie. Le degré d'hypoxie est variable au sein des cours d'eau et également entre les rivières. En outre on observe une différenciation génétique des populations de saumon ce qui rend possible l'hypothèse d'une adaptation locale au stress hypoxique. L'objectif de cette étude est de tester cette hypothèse sur quatre populations françaises génétiquement différenciées et évoluant dans des environnements contrastés. Des croisements intra- et inter-populations ont été réalisés et 7000 embryons ont été incubés en conditions contrôlées de normoxie et d'hypoxie. Nous avons mesuré plusieurs traits d'histoire de vie sur ces embryons : la survie, la date et la taille à l'éclosion et la date et la taille à l'émergence. Les normes de réaction au stress hypoxique des quatre populations ont été mesurées ainsi que l'héritabilité des différents traits dans les deux traitements.

Jessica Cote - INRA Rennes UMR 985 ESE - Ecologie et Santé des Ecosystèmes - Rennes - jessica.cote@rennes.inra.fr

P19/08 Titre : Effects of urbanization and latitude on flight and thermoregulation performances in the butterfly *Pieris brassicae*

Simon Ducatez - Marielle Peroz - Sandrine Chertouk - Audrey Chaput-Bardy - Delphine Legrand - Virginie Stevens - Michel Baguette

Habitat fragmentation associated to urbanization modify the selective pressures acting on individuals, which may have consequences on metapopulation dynamics and species distribution. In order to assess potential adaptive response to human-induced environmental change, we investigated in laboratory conditions inter-individual differences in flight and thermoregulation performances in the butterfly *Pieris brassicae*, in relation with latitude and degree of habitat fragmentation. To that aim, larvae were collected in 26 sites located in France and Belgium in the frame of a participative project led by the "Observatoire des Papillons des Jardins" (www.noeconservation.org) and then reared in controlled conditions. We used the binary variable rural/urban to subsume habitat fragmentation, urban areas being much more fragmented for *Pieris brassicae* than rural ones. After correcting for among-individuals differences in wing aspect-ratio and wing length, we found that (1) butterflies displayed better flight performance when originating from urban sites and high latitudes, both effects being additive, (2) urban butterflies had lower thermoregulation efficiency than rural ones. These results suggest that local adaptation has occurred in response to increased habitat fragmentation and higher temperatures in urban zones.

Simon Ducatez - MNHN UMR 7179 - Brunoy - ducatez@mnhn.fr

P19/09 Titre : Impacts des changements climatiques sur une espèce alpine, *Scilla lilio-hyacinthus*, dans la limite chaude de son aire de répartition

Sandrine Fontaine - Paul Leadley

Le climat est un des facteurs principaux expliquant la distribution des espèces végétales. Face aux changements climatiques on peut donc s'attendre à une modification de la répartition de ces dernières. On a ainsi constaté une progression en altitude de nombreuses espèces montagnardes. D'autres études effectuées au cœur des aires de distributions d'espèces alpines ont montré que face à des élévations de la température ambiante de 0,5 à 2°C il y avait stimulation de la croissance et de la reproduction sexuée. Peu de recherches se sont intéressées aux impacts d'une augmentation de la température ambiante dans les zones où une espèce était en limite d'aire. Dans le présent travail nous avons donc tester les conséquences (sur la densité, la reproduction sexuée, la morphologie et la phénologie) d'une augmentation de la température ambiante sur une espèce alpine, *Scilla lilio-hyacinthus*, dans le secteur géographique où elle est en limite chaude. Pour ce faire, nous avons conduit une expérimentation in situ dans le département de l'Indre où cette espèce est en plaine et non en altitude comme dans le reste de son aire de distribution. Afin de créer une élévation passive de la température de l'air nous avons utilisé des open top chambers qui nous ont permis la première année (2008) d'avoir une élévation moyenne de 0,5 °C, la deuxième année (2009) de 1 °C et la troisième et dernière année (2010) de 2,5 °C. Les résultats obtenus montrent que face à des élévations de températures il y a d'une part stimulation de la croissance et d'autre part une forte baisse de la densité et notamment de la proportion d'individus présentant une hampe florale ainsi qu'une diminution d'apparition (soit par germination, soit par voie asexuée) de nouveaux individus. Une hausse des températures entraîne également une réduction du nombre de fleurs présentes sur une inflorescence et dans le cas d'une augmentation de 2,5°C une diminution du nombre de feuille par rosette. Tous ces résultats sont amplifiés lorsque l'élévation de température augmente. En conclusion cette étude nous permet d'affirmer que face à une augmentation de la température ambiante correspondant aux prévisions moyennes du GIEC (soit + 3 °C), *Scilla lilio-hyacinthus* ne pourra plus dans un premier temps se reproduire et dans un second temps se maintenir dans l'Indre donc aura son aire de répartition qui régressera. Remarque: le poster sera écrit en anglais.

Sandrine Fontaine - Université Paris sud 11 -Orsay - sandrine.fontaine@u-psud.fr

P19/10 Titre : La cigogne blanche *Ciconia ciconia* dans la zone humide du Nord-Est algérien

Aicha beya Mammeria

Après une phase de déclin dans les années 1970-80, la population de cigogne blanche (*Ciconia ciconia* Linnaeus 1758) augmente à nouveau, plusieurs travaux scientifiques en Europe ont montré un déclin de l'espèce voir son extinction dans les parties occidentales dans certains pays comme la Suisse, la Belgique, la Suède et les Pays Bas, ce qui est en partie lié à de mauvaises conditions d'hivernages. En Algérie l'espèce a connu une augmentation importante de son effectif par rapport aux années précédentes, dans cette étude nous avons choisie la zone humide d'El Tarf, reconnu par le nombre remarquable des couples nicheurs par rapport aux autres régions du pays. Depuis 2007 jusqu'à 2010, on a signalé des différences dans cette zone d'étude mettant en corrélation la répartition et l'abondance de la cigogne blanche dans l'espace et les conditions environnementaux. Les changements liés aux conditions climatiques locales pourraient soumettre l'espèce aux conditions contraignantes pour leurs développements. Mots-clés : Cigogne blanche, *Ciconia ciconia*, Algérie, Zone humide, conditions climatiques

Aicha beya Mammeria - algérie - beyao23@yahoo.fr

P19/11 Titre : Effet de la gestion des pailles de riz sur l'hydromorphie et les alternances d'aérobiose anaérobiose

Muhammad Farrakh Nawaz - Guilhem Bourrié - Fabienne Trolard - Jean Claude Mouret

Le brûlis traditionnel des pailles de riz contribue à l'émission de gaz à effet de serre et de polluants atmosphériques (PAH, dioxines...); cette pratique est aujourd'hui déconseillée ou interdite (PAC). L'enfouissement est a priori plus favorable à l'activité biologique, mais peut conduire à l'apparition de conditions réductrices défavorables à la levée des semences, donc au rendement, et déstabilisant la structure du sol, surtout au-dessus de la semelle de labour, constituée volontairement en rizière pour limiter les pertes d'eau d'irrigation. Une expérimentation a été conduite en Camargue dans des parcelles voisines où les pailles de riz ont été soit brûlées soit enfouies depuis 20 ans. Les conditions abiotiques ont été suivies en mesurant en continu le pH, le potentiel d'oxydo-réduction, la température et la conductivité électrique de la solution du sol dans l'horizon cultivé à 5-10 cm, au contact des racines, pendant toute la période de culture. Des analyses de la solution du sol, de l'eau de la lame de submersion, des sols et le suivi agronomique ont été effectués en complément. Les résultats montrent que l'enfouissement de la paille conduit à une température plus élevée, un potentiel d'oxydo-réduction légèrement inférieur, surtout au début et à la fin de la culture, sans différence significative de pH, par rapport au brûlis. Les variations de température et les conditions réductrices modifient les cycles de Fe, C et N. Lors de la mise en eau, dans les deux cas, le potentiel d'oxydo-réduction diminue à pH constant (environ 7,5), puis se stabilise ($p_e = -4$). Le fer(II) est libéré en solution, ce qui implique que Fe(III) des minéraux du sol sert d'accepteur d'électrons pour la respiration anaérobie; Fe(II) est légèrement plus libéré dans le cas de l'enfouissement que dans le cas du brûlis. La pCO_2 calculée est environ 10 fois supérieure à la pCO_2 atmosphérique. Les solutions sont nettement sursaturées par rapport à la calcite. Le COD est plus élevé dans le cas de l'enfouissement, puis diminue avec le temps. Les concentrations en nitrate et ammonium dans la solution du sol ne montrent pas de différence significative entre les deux traitements, et la concentration en ammonium est environ deux fois plus élevée que celle du nitrate. L'enfouissement des pailles entraîne donc des conditions seulement légèrement plus réductrices que le brûlis, mais le pH doit être considéré et ceci met en jeu les équilibres des carbonates, pour apprécier globalement l'influence du mode de gestion des pailles.

Muhammad Farrakh Nawaz - INRA, UR 1119, Géochimie des Sols et des Eaux - Aix en Provence - mfnawaz@aix.inra.fr

P19/12 Titre : Ecologie fonctionnelle de la biomasse microbienne et cycles du carbone et de l'azote (modèle MOMOS)

Marc Pansu - Lina Sarmiento

La maîtrise de la sécurité alimentaire, la durabilité des systèmes, la régulation des transferts entre sol, atmosphère et hydrosphère sont étroitement liés au fragile équilibre régissant (i) les entrées de carbone (C) et azote (N) depuis l'atmosphère vers les stomates foliaires et les associations symbiotiques fixatrices de N atmosphérique, (ii) la transmission de ces entrées vers le sol par exsudation racinaire et mortalité végétale, (iii) les sorties C et N vers l'environnement et la biomasse par décomposition végétale. La modélisation précise de ces processus apparaît étroitement liée au progrès des connaissances à la fois en écophysiologie végétale et en écologie microbienne. Durant les dernières décennies, plus de 200 modèles de décomposition ont été proposés pour gérer les transferts de matières entre compartiments labiles et stables de la matière organique du sol en échange avec l'atmosphère (Manzoni et Porporato, *Soil Biol. Biochem.* 2009). Les études comparatives, analyses structurales et de sensibilité ont montré les limites de ces modèles en termes d'écologie fonctionnelle et leur faible pouvoir prédictif du changement climatique. MOMOS (Micro-Organismes et Matière Organique du Sol) émerge comme le premier modèle régi par seulement 7 paramètres de dimension homogène et tous liés aux conditions de température et d'humidité, ce qui le rend probablement le plus sensible au changement climatique (Pansu et al., *Global Biogeochem. Cycle* 2004). C'est aussi le premier modèle définissant une écologie fonctionnelle de la biomasse microbienne, en la munissant de lois de respiration, de mortalité, et d'assimilation des autres compartiments organiques. Cette particularité permet d'apprécier au plus près la séquestration de C et N dans les compartiments labile et stable d'origine microbienne, et la durabilité des systèmes. Parallèlement aux liens entre climats et fonctions microbiennes, des liaisons MOMOS ont aussi été proposées avec la qualité (Thuriès et al., *Soil Biol. Biochem.* 2002 ; Bottner et al., *Soil Biol. Biochem.* 2006) et la forme (Pansu et al., *Plant Soil* 2008) des apports, et les propriétés des sols (Pansu et al. *Eur. J. Soil Sci.* 2007 ; *Et. Gest. Sols* 2009 ; *Global Biogeochem. Cycle* 2010). L'outil est maintenant disponible tant pour des études mécanistiques précises à l'échelle de la parcelle que pour une intégration à l'échelle régionale et au changement global.

Marc Pansu - France - Montpellier - marc.pansu@ird.fr

P19/13 Titre : Génomique de la conservation de la truite de mer : Anadromie, dynamique et potentiel adaptatif

Erwan Quéméré - Jean-Luc Baglinière - Sophie Launey

Définir des populations et identifier les caractéristiques écologiques et les traits d'histoire de vie à l'origine de leur structure génétique est fondamental pour mieux comprendre la biologie d'une espèce et améliorer les prises de décision pour sa gestion. Les Salmonidés, et notamment la truite commune (*Salmo trutta*), démontrent une grande variabilité de stratégies d'histoire de vie. Des formes anadromes marines et sédentaires de truites peuvent ainsi être présentes en sympatrie dans une même rivière. Cependant, le déterminisme (bases génétiques et environnementales) de l'anadromie et son rôle dans la dynamique des populations entre et au sein des bassins, ainsi que dans le maintien de leur potentiel adaptatif, restent peu connus. Nous avons démarré récemment un projet de génomique de la conservation de la truite de mer. En combinant des analyses spatiales et de génétique des populations, notre premier objectif est de délimiter les différentes populations du Nord-Ouest de la France, évaluer leur niveau de diversité génétique, mais également identifier les traits biologiques et écologiques ainsi que les facteurs environnementaux d'origine anthropiques ou naturels, historiques ou contemporains, qui favorisent ou entravent les mouvements de dispersion des truites entre les différents bassins. Notre second objectif est d'analyser la structuration spatiale et temporelle de la truite commune au sein des bassins. Grâce à l'analyse de séries temporelles d'échantillons, nous cherchons à évaluer l'impact des déversements domestiques sur l'intégrité génétique des populations et connaître le rôle joué par l'anadromie quant à l'intensité de cet impact. Grâce à l'échantillonnage de truites selon un gradient amont-aval, nous souhaitons également étudier la structuration longitudinale de la diversité génétique en lien avec la fragmentation et la présence/absence de forme anadrome. Enfin, nous tenterons d'apporter de nouveaux éléments sur les bases génétiques du déterminisme de la tactique de migration en mer. Des auteurs ont récemment mis en évidence que les profils d'expression de certains gènes varient fortement entre les formes sédentaire et anadrome, et cela à des stades précoces (avant la période de dévalaison). Une banque de marqueurs SNPs sera prochainement créée afin d'identifier, à l'aide de méthodes de balayage génomique, d'éventuels loci dont le polymorphisme est associé à la tactique de migration ou à des traits corrélés comme le taux de croissance. Nous présentons ici les résultats préliminaires de cette étude.

Erwan Quéméré - Laboratoire INRA Ecologie et Santé des Ecosystèmes - Rennes - erwan.quemere@rennes.inra.fr

P19/14 Titre : Impact d'un événement extrême (sécheresse, canicule) sur une prairie permanente de moyenne montagne dans un contexte de changement global

Marine Zwicke - Giorgio Alessio - Robert Falcimagne - Jean-François Soussana - Catherine Picon-Cochard - Yannick Palassio

Les rapports d'expertises sur le climat annoncent, pour le XXI^{ème} siècle, un réchauffement global avec une augmentation de la variabilité des précipitations, incluant des épisodes de sécheresse. Ces modifications environnementales affectent les processus des écosystèmes soit de manière ponctuelle via des mécanismes de résistance, soit de manière durable via des mécanismes de résilience. De plus, suivant les stratégies fonctionnelles au sein d'une communauté végétale, les réponses individuelles (tolérance, acclimatation) et les effets en retour de la communauté sur les processus de l'écosystème pourraient être variables. Pour les prairies permanentes, il existe peu d'études qui ont étudié ce cadre théorique réponse-effet pour une modification ponctuelle et/ou moyenne du climat. Une expérimentation est conduite pendant trois ans (2009-2011) en prairie permanente (Massif central). Un premier équipement de réchauffement passif permet d'augmenter la température de surface du couvert la nuit, et modifie les conditions du sol. Un autre système de réchauffement infrarouge actif permet de simuler une canicule de +6°C parallèlement à une sécheresse prolongée. Grâce à ce dispositif expérimental permettant de manipuler le microclimat de la végétation, quatre scénarios climatiques régionalisés sont appliqués avec ou sans extrême (canicule, sécheresse) la première année (CN: Control Non extrême; CX: Control avec extrême; TN: Température Non extrême; TX: Température avec extrême). De plus, deux régimes de coupes sont mis en œuvre afin de comparer leurs effets combinés à celui des scénarios. Les communautés végétales sont initialement caractérisées par 25 espèces dont 4 (*Lolium perenne*, *Poa trivialis*, *Taraxacum officinalis*, et *Trifolium repens*) représentent 80% du couvert. L'impact de l'extrême climatique sur ces communautés montre une meilleure résistance de *D. glomerata* et *T. officinalis*. Bien que nettement réduits, le potentiel hydrique et la conductance stomatique de *T. officinalis* ne semblent pas atteindre des seuils critiques. L'enracinement en profondeur et la présence en grande quantité de réserves carbonées dans le pivot réduiraient l'effet du stress hydrique pour cette espèce. D'autre part, des mesures de stabilité membranaire montrent une dégradation partielle des méristèmes de *D. glomerata* et suggère une diminution du potentiel de reprise de croissance. En plus de l'importante sénescence aérienne, la respiration du sol a diminué de 40% pendant l'extrême et confirme une baisse des activités végétales et microbiennes pour cette période. A l'automne, une repousse variable selon les scénarios indique l'existence d'un potentiel de récupération. Enfin, la résilience sera caractérisée après récolte de la repousse de printemps en 2010 et par analyse de la composition botanique.

Marine Zwicke - INRA-UREP -Clermont - Ferrand - marine.zwicke@clermont.inra.fr

Session 20 : Physiologie des écosystèmes et changements globaux

P20/01 Titre : Impacts du changement climatique combiné à un extrême climatique sur la prairie permanente

Angela Augusti - Catherine Picon-Cochard - Jacques Roy - Jean-Francois Soussana

La température moyenne de la surface du globe a augmenté de 0,6°C (avec une incertitude en plus ou en moins de 0,2°C) depuis 1860. Le XXème siècle a probablement été le siècle le plus chaud depuis 1 000 ans tandis que la décennie 1990 a connu le réchauffement le plus important de ce siècle. Par ailleurs, des influences discernables de l'homme interviennent maintenant pour d'autres aspects du climat, incluant le réchauffement de l'océan, les températures moyennes des continents, les températures extrêmes et la distribution des vents, la fonte des glaces. Les projections climatiques pour 2100 indiquent un réchauffement entre 1,1 et 6,4°C et une réduction de la pluviométrie estivale de l'ordre de 10 à 30%, avec une augmentation de la fréquence et de l'intensité des sécheresses (IPCC, 2007). Lors de la canicule 2003, la production fourragère des prairies françaises a baissé en moyenne de 40%, la végétation a été dégradée et les sols ont perdu du C (Ciais et al 2005). Dans ce contexte, l'identification d'espèces ou d'écotypes d'espèces prairiales plus résistantes aux événements climatiques extrêmes est un enjeu majeur pour maintenir les services écologiques rendus par la prairie. L'INRA de Clermont-Ferrand (UREP) démarre une expérimentation dans les macrocosmes de l'Ecotron de Montpellier pour étudier la réponse des prairies permanentes de moyenne montagne au changement climatique combiné à un extrême climatique estival (ANR VALIDATE). Les principaux processus de l'écosystème seront mesurés chaque jour grâce aux mesures en continu des échanges gazeux. Sous scénario réchauffé à l'horizon 2050 (+2°C par rapport au climat actuel), est-ce que la concentration en CO₂ de 530ppm pourra réduire les effets néfastes d'une sécheresse édaphique combinée à un réchauffement de l'air ? Est-ce que la composition botanique de la prairie va changer suite à cet événement extrême ? Est-ce que la prairie sera capable de récupérer ses principaux services tels que fournir de l'herbe en quantité et en qualité pour les herbivores ?

Angela Augusti - INRA, UREP - Clermont-Ferrand - angela.augusti@clermont.inra.fr

P20/02 Titre : Estimating ozone impacts on wheat physiology and yield

Jean-François Castell - Romain Roche - Daniel Laffray - Olivier Bethenod - Anne Repellin

Ozone is a phytotoxic air pollutant, due to strong oxidizing properties. In a changing climate perspective, the increase of surface-level ozone concentrations observed in the industrialized countries may reduce the carbon sink strength of vegetation under the increasing atmospheric CO₂ level. In the frame of the VULNOZ ANR project, field experiments of ozone fumigation were carried out in 2009 on two wheat cultivars (Soissons and Premio). The impacts of ozone were measured on photosynthesis and stomatal conductance, a key parameter controlling ozone uptake at the leaf level. Estimations of leaf ozone uptake were calculated from stomatal conductance measurements and ozone concentration at the top of the canopy. The results indicate that both stomatal conductance and photosynthesis were affected by ozone, with some differences between the two genotypes. We noticed a significant relationship between cumulative ozone uptake and yield. This study confirms the interest of the use of the cumulative uptake of ozone for establishing dose-response relationships. The results show clearly that the characterization and modelling of the detoxifying properties of leaves could improve the existing models.

Jean-François Castell - AgroParistech - UMR EGC - thivalval grignon - castell@grignon.inra.fr

P20/03 Titre : Vulnerability to ozone in anthropized ecosystems. Improvement of the threshold for risk assessment (VULNOZ project)

Pierre Dizengremel - Yves Jolivet - Didier Le thiec - Olivier Bethenod - Jean-François Castell - Benjamin Loubet - Romain Roche - Anne Repellin - Graham Noctor - Eric Lamaud

Ozone (O₃) is a phytotoxic air pollutant with strong oxidizing properties, impairing photosynthesis and reducing plant growth. The predicted increase in high surface-level ozone concentrations could thus lead to an increased vulnerability of agrosystems as well as forest ecosystems. As a consequence, this could mitigate the higher efficiency of carbon sink strength attributed to vegetation under increasing CO₂ levels. The VULNOZ project aims to improve the european risk indicators currently proposed which are based on atmospheric concentrations measurements or exposure indexes. It is thus necessary to estimate the "effective ozone flux" into plants, which is a balance between the stomatal ozone uptake and the detoxification capacity of foliar cells. The improvement of knowledge on these basic plant response mechanisms must allow to propose a sub-model to be ultimately integrated in global ozone impact prediction models (at regional scale) suitable for risk assessment. First results were obtained about: - impact of ozone on cell and leaf functioning and on detoxification capacity (phytotronic studies on wheat and poplar) - quantification of ozone fluxes between the atmosphere and the canopy and partitioning between stomatal and non-stomatal parts (maize in the field) - development and evaluation of ozone-impact models integrated in photosynthesis and plant growth models (fumigation of wheat in the field)

Pierre Dizengremel - Nancy-Université, UMR 1137 EEF INRA/UHP Nancy 1 - Vandoeuvre - dizengre@sbiol.uhp-nancy.fr

P20/04 Titre : Ajustements de la physiologie foliaire à la contrainte hydrique: couplage entre études de gradient et exclusions de précipitations

Nicolas Martin - Jean-Marc Limousin - Laurent Misson

En milieu méditerranéen la fréquence et l'intensité des épisodes de sécheresse risquent d'augmenter sous l'effet des changements climatiques. La disponibilité en eau étant un des principaux facteurs limitant la productivité des écosystèmes, il est important d'étudier les différentes limitations imposées par cette contrainte sur la photosynthèse. Ces limitations sont de trois ordres : stomatique, mésophyllienne et biochimique. Ces limitations ont surtout été étudiées en milieux contrôlés et sur des plantes en pot, sans prendre en compte les contraintes naturelles que peut subir un écosystème, comme un changement de moyenne à long terme ou un événement extrême. Ici, nous avons testé l'hypothèse que les relations fonctionnelles entre la sécheresse et les paramètres physiologiques de la feuille peuvent changer sous l'influence de l'échelle temporelle à laquelle la contrainte hydrique est appliquée. Deux dispositifs expérimentaux différents ont été utilisés pour tester cette hypothèse : 1/ Une exclusion totale des précipitations sur une placette de chêne vert (*Quercus ilex*) nous a permis d'étudier l'effet d'une contrainte hydrique forte et rapide. 2/ Trois placettes de forêt de chêne vert de même âge formant un gradient de précipitation (650 mm/an, 900mm/an et 1200 mm/an) ont permis d'étudier l'effet d'une acclimatation à la sécheresse à long terme. Dans ces deux dispositifs, à cinq dates au cours de la saison de végétation de l'année 2009, les limitations de la photosynthèse (stomatique G_s ; mésophyllienne G_m et Biochimique V_{cmax} et J_{max}) ont été mesurées à l'aide d'un système d'échange gazeux équipé d'un fluorimètre. Ces mesures ont été mises en relation avec le potentiel hydrique de la feuille mesuré avant l'aube (potentiel de base). Nous montrons que les relations fonctionnelles pour tous les paramètres physiologiques restent inchangées dans l'exclusion de précipitation par rapport au contrôle. Cependant, dans le gradient, nous observons un changement des relations fonctionnelles entre le potentiel de base et G_s , G_m et V_{cmax} . Dans le site le plus humide les arbres montrent une diminution plus rapide de ces paramètres avec l'intensification de la sécheresse. Ces ajustements de la physiologie foliaire peuvent être la conséquence d'ajustements structuraux à l'échelle de l'arbre ou de l'écosystème comme par exemple un changement des propriétés hydraulique ou des patrons d'allocation. La prise en compte de ce type d'effet dans les modèles de flux d'eau et de carbone pourrait considérablement améliorer les prédictions faites sur la séquestration du CO_2 par les forêts en milieu méditerranéen.

Nicolas Martin - Montpellier - nmartin@cefe.cnrs.fr

P20/05 Titre : Variabilité du comportement hydrique du sapin pectiné (*Abies alba* Mill.) selon les conditions micro-stationnelles

Marie Nourtier - Maxime Cailleret - Yingge Xie - Hendrik Davi - Christophe Emblanch - André Chanzy

Suite à la récente succession de sécheresses estivales (2003-2006), de forts dépérissements ont déjà été observés et plus particulièrement pour les populations situées en leur limite sud de répartition telles que les sapinières en région méditerranéenne. Dans le contexte des changements climatiques et de l'augmentation attendue de l'intensité, de la fréquence et de la durée des sécheresses estivales, il s'avère nécessaire de mieux évaluer l'impact du stress hydrique sur le fonctionnement des arbres afin de déterminer leur vulnérabilité au dépérissement. Les relations hydriques entre les arbres et leur environnement ont été étudiées à l'échelle de l'arbre chez le Sapin pectiné sur le Mont Ventoux. Différents arbres ont été sélectionnés en fonction de l'épaisseur du substrat au dessus de la roche, cette épaisseur étant très hétérogène (de 0 à 10 m environ). La stratégie d'enracinement, via la profondeur de prélèvement de l'eau par l'arbre, a été étudiée par comparaison de la proportion d'isotope ^{18}O extraite de l'eau des branches à celle de la pluie (eau contenue dans la couche superficielle de sol ; $\delta^{18}O$ variable dans le temps) et de la source (eau en profondeur ; $\delta^{18}O$ relativement constant). En complément, des mesures de flux de sève, de potentiels foliaires et d'humidité dans le premier mètre de sol ont été réalisées afin d'estimer si la quantité d'eau transpirée est supérieure à celle disponible dans le premier mètre et d'évaluer les différentes stratégies d'enracinement. Différents comportements se distinguent en fonction des propriétés du sol et du sous sol et expliqueraient en partie la variabilité de la vulnérabilité des arbres au stress hydrique. Ces différences de sensibilité à la sécheresse sont généralement confirmées puisqu'elles se retrouvent aussi lors l'analyse des patrons de croissance inter- et intra-annuelle.

Marie Nourtier - UMR EMMAH - Avignon - marie.nourtier@avignon.inra.fr

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

P21/01 Titre : Modelling inter-annual variability of stand growth of european beech (*Fagus Sylvatica*) and sessile oak (*Quercus petraea*): growth as dependent on non-structural carbohydrate pools.

Alissar Cheaib - Christophe Francois - Eric Dufrêne

During the last two decades, several process-based models coupling water and carbon exchange between ecosystems and atmosphere have been developed to simulate daily, seasonally and inter-annually dynamics of water and carbon fluxes, and have been evaluated by measures of fluxes. However, modelling seasonal and inter-annual variability of wood growth is scarcer, less mechanistic, and rare are the process-based models which evaluated the growth dynamic simulations against long time series of measurements. Yet, tree radial growth rates represent a tree's integrated response to current and past stresses and are an indicator of a tree's vigor and ability to survive. Experimental studies made in order to understand the mechanisms of carbon allocation in trees were explored the dynamics of carbon pools, and showed the importance of non structural carbohydrate reserves on driving carbon allocation depending on environmental factors and phenological phases of tree's life cycle. A mechanist modelling of interactions between microclimate, tree water relations and carbon balance is needed to understand and reproduce the seasonal and inter-annual variability of C allocation to storage, as well as feed-back effects on growth. Here, we develop a carbon allocation sub-model in the stand-level model based on ecophysiological processes CASTANEA. This module is based on growth rules and source-sink relationships with hierarchical priority in assimilate allocation to different organs depending on phenological stages, physiological and functional rule that we assigned to each organ, and environmental constraints. We aim to correctly capture the relevant processes involved in tree growth, to have the potential to be applied under a large range of environmental and climatic conditions. This module was parameterized and tested against 30 years observations of inter-annual variability of trees growth and 6 years of stand leaf area index from 11 stands dominated by two different deciduous species (*Fagus sylvatica* and *Quercus petraea*) in the Fontainebleau and Hesse forests in France. The model reproduced well (i) the seasonality of carbon reserve and wood growth and (ii) the inter-annual pattern of wood biomass as dependent as inter-annual variations of reserves level and drought intensity and duration. However, discrepancies were detected between simulations and observations because some processes are not taken into account in the model, like fructification, age-related changes in nutriments availability and another age-related structural or physiological adjustments processes. Improving CASTANEA by integration of these processes is crucial to test model reliability to reproduce the inter-annual wood growth variability for long series and across the whole France.

Alissar Cheaib - Laboratoire Ecologie Systématique et Evolution (ESE) (UMR 8079 : Univ. Paris-Sud Orsay & CNRS & AgroParitech) Département Ecophysiologie Végétale Université Paris-Sud XI - Orsay - alissar.cheaib@u-psud.fr

P21/02 Titre : Carte phytogéographique des forêts françaises et modélisation de l'impact du changement climatique

Jean-Luc Dupouey - Jacques Drapier - Maud Wallerich

A la suite de nos travaux portant sur la modélisation de la niche bioclimatique des grandes essences forestières françaises et de son évolution prévue au cours du XXI^e siècle sous l'effet des changements climatiques (projet Carbofor), nous présentons les premiers résultats obtenus sur la caractérisation et l'évolution de la niche des espèces herbacées des forêts françaises (projet ANR QDiv). Nous utilisons une approche biogéographique reposant sur trois étapes : (1) délimitation cartographique et caractérisation de la végétation des principales zones phytogéographiques françaises, (2) recherche des caractères édaphiques et climatiques discriminants ces régions phytogéographiques et (3) projection de ces aires phytogéographiques dans les scénarios climatiques futurs. La première étape est basée sur une analyse des 10000 relevés de végétation forestière effectués par l'Inventaire forestier national entre 1992 et 2009. Les relevés sont regroupés en 308 petites régions forestières avant analyse. La seconde étape repose sur la spatialisation des données climatiques mensuelles au pas de 8 km sur la France entière (données SAFRAN, Météo-France), sur les données pédologiques issues de la carte des sols de France au 1:1000000 (INRA) ou relevées par l'IFN. Pour les projections de déplacement des zones phytogéographiques au cours du XXI^e siècle, nous utilisons le scénario Arpège A1B de Météo-France. Les données sont analysées par analyse canonique des correspondances, qui prend en compte de façon conjointe dans l'analyse relevés de végétation et les données climatiques ou édaphiques, ou par analyse factorielle des correspondances classique, dans laquelle le couplage entre données floristiques et environnementales est fait a posteriori. Pour la première fois, nous pouvons identifier et ordonner sur des bases objectives les principaux facteurs de structuration de la végétation forestière à l'échelle nationale. Le caractère plus ou moins méditerranéen de la végétation est le principal facteur de variation de la végétation forestière sur notre territoire, le caractère montagnard de la végétation est le second et le degré d'acidité des sols impose le troisième gradient de variation. Le caractère atlantique de la végétation ne s'individualise pas comme un facteur de variation à part entière, car le nombre d'espèces qui lui sont liées est probablement trop faible, mais il apparaît de façon combinée, en un gradient unique, avec le caractère montagnard. Les scénarios climatiques permettent de localiser ces zones phytogéographiques dans la France de 2100. Nous discutons la signification exacte de ces cartes en termes de prévision de déplacement de la végétation.

P21/03 Titre : Comparaison de modèles de répartition d'espèces végétales à l'échelle européenne.

Emmanuel S. Gritti - Maria Veronica Crespo-Perez - Cedric Gaucherel - Isabelle Chuine

L'accélération du changement climatique attendu pour la fin de ce siècle entrainera des déplacements d'aires de répartition des espèces végétales. De tels déplacements ont d'ailleurs déjà été largement observés et recensés ces deux dernières décennies. Il est désormais urgent pour une gestion raisonnée de nos écosystèmes de fournir aux décideurs des outils capables d'évaluer la distribution et la composition des communautés végétales sur le long terme, et de manière réaliste. Dans ce contexte, la modélisation numérique est très certainement la manière la plus efficace d'élaborer de telles évaluations. De nombreux modèles de végétation sont déjà disponibles pour de telles études. Cependant, ceux-ci sont basés sur de larges gammes d'hypothèses différentes rendant ainsi le choix d'un modèle « optimal » difficile. L'intercomparaison de modèles peut mettre en avant leurs forces et points faibles et aider à affiner les prédictions en réduisant leurs incertitudes. Cette étude présente l'intercomparaison de trois modèles d'aire de répartition d'espèces végétales. Le premier « StaSh » basé sur la description bioclimatique de la niche; le second « Phenofit » basé sur la description de la valeur sélective et le dernier « LPJ » basé sur la description des processus écophysologiques en jeux dans la croissance. Les simulations ont été effectuées à l'échelle Européenne pour 3 essences arborées principales : *Quercus robur*, *Fagus sylvatica* et *Pinus sylvestris*. En dépit de bonnes concordances entre les simulations et les distributions actuelles observées pour ces trois espèces, qui souligne qu'il n'est pas nécessaire de modéliser de façon complète la niche d'une espèce pour accéder à sa répartition géographique, la méthode d'analyse spatiale utilisée nous permet de mettre en évidence des zones de divergences dans les prédictions des trois modèles permettant de mettre en évidence les points forts et faibles de chacun d'eux et d'identifier les processus clés dans la détermination de l'aire de répartition des espèces végétales.

Emmanuel Gritti - CEFE/CNRS - Montpellier - Emmanuel.Gritti@cefe.cnrs.fr

P21/04 Titre : Modélisation de l'effet de la contrainte hydrique sur la croissance de plantations d'Eucalyptus

Claire Marsden - Guerric Le maire - Jean-Paul Laclau - Daniel Epron - Marc Corbeels - Danny Loseen - Yann Nouvellon

Les plantations tropicales à croissance rapide sont en plein essor, pour répondre aux besoins croissants de bois tout en limitant les pressions sur les écosystèmes naturels. Au Brésil, environ 4.106 ha d'Eucalyptus menés sur des rotations de 5 à 8 ans produisent quelque 150.106 m³an⁻¹ de bois, mais l'impact environnemental de ces systèmes intensifs suscite des questions. Les flux de carbone, d'eau et de nutriments sont étudiés afin d'évaluer la durabilité de ces filières de production. Le bilan de carbone est dominé par la croissance des troncs, qui peut représenter jusqu'à 19 tC ha⁻¹ an⁻¹ sur une rotation. Or la croissance est variable spatialement et peut être fortement affectée par la variabilité climatique interannuelle, et notamment par l'amplitude et la distribution des précipitations. Sur un ensemble de 16 parcelles industrielles âgées de 1 à 5 ans de l'état de São Paulo, nous avons testé l'hypothèse que la disponibilité en eau explique partiellement les différences spatiales de productivité (30 à 55 m³ ha⁻¹ an⁻¹). Nous avons utilisé G'Day, un modèle biophysique C-N-H₂O représentant les processus d'assimilation du carbone et de croissance ainsi que d'évolution de la matière organique du sol au pas de temps journalier, que nous avons couplé à un modèle multicouches simulant le bilan hydrique du sol jusqu'à 5m de profondeur. Des mesures d'évolution des différents compartiments de biomasse, de chutes de litières et d'humidité du sol pendant une rotation complète (6 ans) dans une parcelle expérimentale ont permis l'adaptation et la calibration du modèle. Les paramètres du modèle de conductance stomatique ont été ajustés à partir de mesures de flux de chaleur latente par eddy-covariance et d'humidité du sol jusqu'à 10 m de profondeur dans une plantation d'E. grandis de la région. Le développement dans le temps du système racinaire a été simulé depuis la plantation dans les 16 parcelles étudiées. L'indice foliaire a été estimé grâce à l'analyse de séries temporelles d'indices de végétation du programme MODIS et a été utilisé pour contraindre le modèle. La capacité de rétention des sols des sites étudiés est corrélée avec leur productivité avec un r² de 0.69. Le modèle est parvenu à expliquer plus de 90% de la variabilité de production de bois dans le réseau de 16 parcelles, mais la gamme de variation est sous estimée. L'évapotranspiration simulée varie entre 40% et 130 % des précipitations annuelles suivant l'âge de la plantation et la capacité de rétention du sol.

Claire Marsden - CIRAD UPR80 - Montpellier - claire.marsden@cirad.fr

P21/05 Titre : Inclusion de la variabilité environnementale dans les prédictions de la dynamique d'une forêt tropicale riche en espèces en combinant un modèle matriciel et un modèle de mélange

Dakis-Yaoba Ouedraogo - Nicolas Picard - Frédéric Mortier

En Afrique Centrale, l'exploitation de la forêt tropicale humide représente un secteur économique important pour les pays de la région, autant par les devises qu'elle rapporte que par les emplois qu'elle génère. Ces forêts sont également pour les populations locales une réserve essentielle de ressources (produits forestiers non ligneux, protéines par l'intermédiaire de la chasse). La gestion durable de ces forêts repose souvent sur des modèles de dynamique de population structurée en taille appelés aussi modèle matriciel, qui décrivent la dynamique forestière et permettent de prédire l'évolution temporelle du stock de bois. La précision des prédictions du modèle est directement liée à la précision des estimations des paramètres du modèle. Ces paramètres, appelés aussi taux vitaux, incluent les taux de croissance, de recrutement et de mortalité. Il existe deux principales sources de variabilité dans l'estimation des paramètres : la variabilité d'échantillonnage, et la variabilité environnementale. La variabilité d'échantillonnage dépend de la quantité de données disponibles pour estimer les paramètres. Comme les forêts tropicales humides ont une richesse spécifique élevée avec beaucoup d'espèces rares, la plupart des paramètres estimés pour chaque espèce ont une erreur forte. Une manière de résoudre ce problème est de regrouper les espèces ayant un comportement démographique similaire afin d'augmenter le nombre d'observations disponibles. La variabilité due à l'environnement est liée aux variations spatiales et temporelles des paramètres de transition en raison des fluctuations de l'environnement (comme le climat ou le sol). Ce type de variabilité n'est pas encore pris en compte dans les modèles utilisés par les gestionnaires forestiers. L'objectif de l'étude est d'intégrer la variabilité liée au climat (pluviosité) dans les prédictions de la dynamique forestière et de regrouper les espèces en fonction de leur réponse à la pluviosité. Dans un premier temps, nous regroupons les espèces et déterminons simultanément la relation entre les taux vitaux et les variables climatiques pour chacun des groupes d'espèces à l'aide d'un modèle de mélange de régressions. Les données sur lesquelles le modèle est ajusté proviennent de placettes permanentes (25 ans de suivi) situées à M'Baïki, en République Centrafricaine. Ensuite, nous prédisons la dynamique du peuplement qui intègre la variabilité des précipitations puis nous comparons les prédictions avec et sans la prise en compte de la variabilité climatique.

Dakis-Yaoba Ouedraogo - CIRAD UPR105 - Montpellier - dakis-yaoba.ouedraogo@cirad.fr

Session 24 : Ecologie microbienne des sols

P24/01 Titre : La variation des rhizobia augmenterait elle l'efficacité d'utilisation du phosphore pour la fixation d'azote chez les lignées de haricot contrastantes ?

Fadila Bacha - H elene Vailh e - Catherine Pernot - Sidi mohamed Ounane - Jean-Jacques drevon Drevon

Posters Session 24

La plupart des terres agricoles sont riches en phosphore dont une partie provient des applications annuelles et r eguli eres des fertilisants chimiques. Cependant, 80  a 90% du phosphore inorganique apport e au sol est rapidement fix e sous formes insolubles et devient non disponible pour les plantes. La faible disponibilit e du phosphore est l'un des facteurs limitant la production des l egumineuses fixatrices d'azote, en particulier dans les sols des zones m editerran eennes. En plus de leur effet b en efique sur l'activit e fixatrice d'azote avec les l egumineuses, les rhizobia peuvent am eliorer la nutrition phosphat ee des plantes par la mobilisation du phosphore inorganique du sol. Dans le but de s electionner des rhizobia efficaces sous des conditions de d eficience en phosphore, l'approche adopt ee dans ce travail, consiste  a tester l'effet de l'inoculation avec des suspensions de trois diff erents sols provenant d'une zone de r ef erence de Kabylie (Alg erie) avec six lign ees de haricot contrastantes en efficacit e d'utilisation du phosphore sur les param etres de biomasse. L'inoculum t emoin utilis e est *Rhizobium tropici* CIAT 899. Les r esultats r ev elent une diff erence significative entre les inoculums des diff erents sols utilis es, avec un nombre de nodules le plus important avec le sol 1 et le plus faible au niveau du sol 13 pour les diff erentes lign ees. Les rhizobia du sol 1 ont une efficacit e comparable  a CIAT 899 s et sup erieur  a ceux des sols 12 et 13 quel que soit la lign ee sous P suffixant. Surtout avec la lign ee 83 sous d eficience P les rhizobia du sol 1 am eliorent significativement la croissance  a l'inverse des autres rhizobias. Ce r esultat original sugg ererait l'existence de rhizobia au niveau du sol 1 qui pourraient am eliorer l'efficacit e d'utilisation du phosphore pour la fixation d'azote atmosph erique chez le haricot sous des conditions de P limitant.

Fadila Bacha - INRAA/ENSA. Alger. laboratoire Science du sol/D epartement de Physiologie V eg etale - Alger - fbachadz@yahoo.fr

P24/02 Titre : Effets d' ev enements climatiques extr emes de type canicule/s echeresse sur les communaut es microbiennes des sols agricoles m editerran eens,  tude exp erimentale

Annette B erard - Thomas Bouchet - Ursula Dorigo - Ghislain Sevenier - Anne-Laure Pablo - Raphael Gros - Meriem Ben sassi - Pierre Renault

Cette  tude s'int egre dans un contexte g en eral de changements climatiques ( ev enements extr emes s echeresse/canicule) et de leurs impacts sur le fonctionnement  daphique des agro  cosyst emes m editerran eens   les communaut es microbiennes. Nous avons caract eris e en nanocosmes sur un sol agricole m editerran een, l'impact d' episodes de canicule, de dur ee variable sur les communaut es microbiennes  daphiques (structure  valu ee au moyen d'analyses d'acides gras membranaires et fonctions abord ees par des mesures de microrespirom etrie sur substrats carbon es) et sur leur r esilience. Nos r esultats obtenus ont montr e que les effets d'une « canicule » (s echeresse de 10 MPa et temp erature de 50 C)  taient beaucoup plus importants en termes de r esistance et de r esilience sur les communaut es microbiennes (respiration, biomasse, qCO₂, diversit e catabolique, taxonomique, COD) que les effets d'une « s echeresse » seule (10 MPa et temp erature de 25 C). Peu de temps apr es le retour aux conditions de temp erature et d'humidit e des t emoins (r esistance), nous avons mis en  vidence un « effet flush » de respiration d ecrit dans la litt erature. Les valeurs  lev ees de qCO₂ mesur ees au cours de la p eriod e de restauration des conditions physiques des sols (r esilience), sont r ev elatrices d'un changement d'allocation d' nergie des microorganismes vers la survie et l'adaptation aux conditions de stress. Les mesures de diversit e catabolique et taxonomique, ont aussi montr e un effet plus important et sans r esilience des stress « canicule » en comparaison aux stress « s echeresse » (disparition de certains taxons, augmentation de la dissimilarit e entre t emoins et sols impact es en fin d'exp erimentation). Ces diff erents stress ont restructur e de mani ere durable les communaut es microbiennes  daphiques et ceci malgr e la restauration des conditions initiales en inhibant certains groupes plus que d'autres. L'effet « flush » augmente avec la dur ee du stress appliqu e, sugg erant que celle-ci influencerait la quantit e de pool de carbone utilisable par les microorganismes apr es restauration des conditions initiales. La r esilience des param etres microbiens est de plus en plus tardive, en fonction de la dur ee du stress, on constate m eme un effet-retard du stress re cu. Enfin, nos r esultats, sur tous les param etres microbiens test es, ont montr e que les communaut es microbiennes pr eexpos ees   une s echeresse prolong ee de 73 jours  taient moins impact ees par un stress suppl ementaire de type « canicule » que les m emes communaut es non pr eexpos ees. Ceci sugg ere une adaptation des communaut es au stress « canicule », pr es electionn ees par leur pr eexposition   une s echeresse prolong ee (concept de "stress-induced community tolerance").

Annette B erard - INRA UMR EMMAH 114 - Avignon - annette.berard@avignon.inra.fr

P24/03 Titre : Determinants of the distribution of nitrogen-cycling microbial communities at the landscape-scale

David Bru - Alban Ramette - N.p.a. Saby - Samuel Dequiedt - Lionel Ranjard - Claudy Jolivet - Dominique Arrouays - Laurent Philippot

Little information is available regarding the landscape-scale distribution of microbial communities and its environmental determinants. However, a landscape perspective is needed to understand the relative importance of local and regional factors and land management for the microbial communities and the ecosystem services they provide. In the most comprehensive analysis of spatial patterns of microbial communities to date, we investigated the distribution of functional microbial communities involved in N-cycling and of the total bacterial and crenarchaeal communities over 107 sites using a grid with a 16 km lag distance within Burgundy, a 31 500 km² region in France. At each sampling site, the abundance of total bacteria, crenarchaea, nitrate-reducers, denitrifiers and ammonia-oxidizers was estimated by quantitative PCR and 42 soil physico-chemical properties were measured. The relative contributions of land use, spatial distance, climatic conditions, time and soil physico-chemical properties to the spatial distribution of the different communities were analyzed by canonical variation partitioning. Although many environmental variables were significant predictors, only a few accounted to a large amount of the total variance in the distribution of the studied microbial guilds. Altogether we could explain up to 85 % of the spatial variation in community abundances with soil chemical properties as the main driver. We found spatial correlation up to 140 km and geostatistical modelling was used to generate predictive maps of the distribution of microbial communities across the 31 500 km² Burgundy region. The present study highlights the potential of spatially-explicit approaches for microbial ecology to identify the overarching factors driving the spatial heterogeneity of microbial communities even at the landscape scale. It also provides the first maps of the distribution of microbial guilds at a scale which is of relevance for policy makers and stakeholders for ecosystem management.

David Bru - INRA, UMR soil and Environmental Microbiology - Dijon : david.bru@dijon.inra.fr

P24/04 Titre : Suivi in situ et à long terme de l'abondance et de la diversité fongiques dans un sol multipollué aux HAP et métaux lourds, dans un contexte d'atténuation naturelle phyto-assistée

Cécile Caupert - Aurélie Cébron - Thierry Beguiristain - Corinne Leyval

L'évolution au long terme des communautés fongiques dans les environnements pollués est très mal connue. La présente étude s'est intéressée à l'abondance et à la diversité de la microflore fongique in situ d'un sol historiquement pollué aux hydrocarbures aromatiques polycycliques (HAP) et métaux lourds dans le cadre d'une expérience d'atténuation naturelle phyto-assistée. Des parcelles lysimétriques contenant un sol contaminé issu de friche industrielle (ancienne cokerie de Neuves-Maisons, Lorraine) ont été installées en 2005 sur le site expérimental du Groupement d'Intérêt Scientifique sur les Friches Industrielles (www.gisfi.fr). Afin d'évaluer l'influence du couvert végétal, différentes parcelles ont été mises en place: terre nue, luzerne (*Medicago sativa*) mycorhizée ou non (*Glomus mosseae* et intraradices), végétation spontanée. La moitié des parcelles plantées avec la luzerne mycorhizée contiennent le même sol ayant subi un traitement par désorption thermique et présentant des concentrations en HAP très inférieures au sol non traité. Les gènes codant l'ARNr 18S fongique ont été quantifiés par PCR en temps réel et la structure des communautés appréhendée par TTGE (Temporal Temperature Gradient Electrophoresis) dans les échantillons de terre des parcelles prélevés deux fois par an depuis 4 ans. Le nombre de copies de gènes 18S a augmenté au cours du temps, tous traitements de végétation confondus et était plus élevé dans les parcelles contenant le sol thermodésorbé planté avec la luzerne. L'analyse TTGE a révélé une diminution de l'indice de diversité de Shannon (H'), sensible aux espèces rares, notamment dans les parcelles de terre nue et à végétation spontanée. Les espèces majoritaires ont pu être identifiées par séquençage de bandes TTGE. Excepté dans les parcelles thermodésorbées ou un basidiomycète du genre *Clitopilus* était souvent majoritaire, les 2 phylla les plus abondants appartenaient aux genres *Geomyces* et *Phoma*, ascomycètes dont des représentants ont souvent été retrouvés dans des environnements extrêmes (contaminés aux HAP ou aux métaux lourds, notamment). Les communautés fongiques diffèrent par leur abondance et/ou leur diversité, et se discriminent en trois groupes correspondant au sol nu, au sol planté et au sol planté traité par thermodésorption, le premier et le dernier étant les plus divergents. Ceci concorde avec les autres données biologiques recueillies sur ce site (microflore bactérienne, micro- et mésofaune notamment ; programme ANR MULTIPOLSITE), soulignant l'impact du niveau de pollution et de la couverture végétale.

Cécile Caupert - LIMOS UMR CNRS-UHP 7137 - Nancy - cecile.caupert@limos.uhp-nancy.fr

P24/05 Titre : 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 apparait 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 apparait 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 - CNRS -Lyon - maxime.f.dumont@gmail.com

P24/06 Titre : Les champs de buttes précolombiens dans les paysages de savanes guyanaises : impact sur le fonctionnement microbien actuel du sol

Nathalie Fromin - Laure-Emmanuelle Lecoq - Richard Joffre - Delphine Renard - Doyle Mckey

Les pratiques agricoles ont des conséquences importantes et durables sur les paysages et le fonctionnement des écosystèmes. Ainsi, les savanes côtières guyanaises sont parsemées de champs de buttes construits et utilisés entre le 7^{ème} et le 13^{ème} siècle par les Amérindiens précolombiens afin de pouvoir mettre en culture ces zones soumises à des inondations saisonnières (McKey et al. 2010). Dans le cadre de ce travail, nous cherchons à comprendre comment ces pratiques passées influencent le fonctionnement actuel du sol. Pour cela, nous avons étudié la composition des sols et les processus microbiens de respiration aérobie (par respiration substrat-induite) et anaérobie (par mesure de l'activité enzymatique de dénitrification) sur 3 sites de champs de buttes, à différentes dates, en comparant le fonctionnement du sol des buttes, des interbuttes et d'un sol « de référence » non structuré en buttes sur le même site. Les résultats montrent que, plus de 8 siècles après l'abandon de leur utilisation, la structuration en buttes se traduit encore par des différences marquées de composition et de fonctionnement des sols. En particulier durant la saison humide, les potentiels microbiens de respiration et de dénitrification sont plus élevés dans le sol des buttes que dans le sol des interbuttes, traduisant un meilleur fonctionnement des cycles du carbone et de l'azote. Au contraire, durant la saison sèche, le sol des buttes deviendrait trop sec, et donc défavorable aux processus microbiens. Dans tous les cas, ces potentiels microbiens étaient bien corrélés aux teneurs en C et N des sols. Nos résultats suggèrent que, dans ces systèmes de buttes, la disponibilité en C et N serait plus importante que l'oxygénation pour le fonctionnement microbien du sol. Les relations entre les processus microbiens et les composantes floristique et faunistique des buttes sont également discutées. D. McKey, S. Rostain, J. Iriarte, B. Glaser, J. J. Birk and I. Holst & D. Renard (2010) Pre-Columbian agricultural landscapes, ecosystem engineers, and self-organized patchiness in Amazonia. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 107: 7823-7828.

Nathalie Fromin - CNRS UMR 5175 - Montpellier - nathalie.fromin@cefe.cnrs.fr

P24/07 Titre : Adaptation of bean-Rhizobia symbiosis to low phosphorus (P) availability: Genotypic contrast in common bean lines (*Phaseolus vulgaris* L.) and influence of rhizobia

Mamadou Mansour Gning - Jean Jacques Drevon - Mamadou Gueye

Phosphorus (P) is, after nitrogen (N), the most important constrain that limits bean production under irrigation in Senegal. The use of bean lines that tolerate low P availability in association with efficient rhizobia can enhance yields, decrease inputs and preserve the environment. Thus, the objective of this work is to assess whether rhizobia have an influence on the bean tolerance to low P availability in interaction with symbiotic nitrogen fixation. We compared in glasshouse, in a hydroaeronic culture, the efficiency of a *Rhizobium tropici* isolated from Senegalese soil, namely ISRA554, with the reference CIAT899, for six Recombined Inbred Lines (RILs) of the cross of Dor 364 and Bat 477, under sufficient or deficient P supply (250 vs. 75 $\mu\text{mol plant}^{-1} \text{ week}^{-1}$). Results showed significant differences between RILs with each rhizobia related to their Phosphorus Use Efficiency. Except lines 34 and 115 which were tolerant to low phosphorus availability, i.e. presenting non significant differences, concerning Shoot and Nodule Dry Weight, all lines were sensitive with CIAT899. Both tolerant and sensitive lines with CIAT899 seemed to be all tolerant with ISRA554. Therefore, we noted that losses of biomass were lower under ISRA 554 than under CIAT 899. By contrast, the SDW obtained with CIAT 899 were higher than those obtained with ISRA 554, whatever the level of phosphorus. Nodules biomass (NDW) confirmed that RILs were less affected with ISRA554 than with CIAT899. It is concluded that rhizobia can influence the Phosphorus use efficiency of RILs but further studies about the functionally mechanisms of the adaptation to low phosphorus supply should be done to confirm this conclusion.

Mamadou mansour Gning - LCM DAKAR/ ECO & SOL MONTPELLIER - Aakar - gningmansour@yahoo.fr

P24/08 Titre : Impact des vers de terre sur les communautés microbiennes du sol : la notion « d'épargne microbienne »

Roll Goma - Virginie Roy - Edouard Miambi - Stéphanie Giusti-Miller - Philippe Mora

Les vers de terre constituent une composante biologique importante dans le fonctionnement du sol (Lee, 1985). A ce titre ils sont considérés comme des « ingénieurs écologiques » du sol (Lavelle et al., 1997). En particulier, de par leur activité, les vers de terre impactent les microorganismes du sol (Barrois et Lavelle, 1986 ; Scheu, 1987). Cet impact se traduit par une activation des microorganismes notamment au niveau des turricules. Cependant, les modifications des communautés bactériennes et leur évolution séquentielle le long du tube digestif ne sont pas clairement établies. Cette étude réalisée sur trois espèces de vers (*Lombricus terrestris*, *Dendrobaena veneta*, *Aporrectodea caliginosa*) appartenant à trois catégories écologiques différentes (épigé, anécique et endogé) montre que la structure des communautés bactériennes dans le tube digestif apparaît différente selon la portion considérée. L'étude moléculaire des communautés microbiennes révèle la présence d'au moins 7 genres différents de bactéries dominants dans le tube digestif à savoir : *Pseudomonas* (L. terrestris, D. veneta), *Aeromonas* (L. terrestris, D. veneta), *Enterobacter* (L. terrestris, D. veneta), *Flavobacterium* (L. terrestris, D. veneta, A. caliginosa), *Shewanella* (L. terrestris), un genre associé aux Mollicutes (L. terrestris), un genre associé aux Actinobacterium (A. caliginosa). Les parties antérieures du tube digestif (jabot-gésier, intestin antérieur) apparaissent comme les sites d'intensité maximum des perturbations des communautés du sol ingéré. Dans les parties postérieures du tube digestif (intestin moyen, intestin postérieur), le profil des communautés bactériennes se modifie à nouveau et les souches dominantes correspondent à celles observées dans les sols. Au final tout se passe comme si les bactéries dominantes du sol avaient épargné une partie de leur biomasse dans celles des bactéries dominantes du tube digestif et qu'elles « récupèreraient » ensuite dans les parties postérieures. Par rapport au ver, cette évolution lui permettrait d' « économiser » les microorganismes dominants du sol voir même de les activer (donc les « fructifier ») lors de l'expulsion comme cela a été observé dans les turricules. Par conséquent, cette relation entre les microorganismes du sol et le ver de terre pourrait être qualifiée d' « épargne microbienne »

Contact : Philippe Mora - UPEC -UMR 7618 BIOEMCO-ibios - Créteil - mora@u-pec.fr - Tel : 0145171509

P24/09 Titre : Effets de cycles

Anne-Sophie Hesse - Marc Danjean - Rutger De wit - Laurence Volatier

Au sein des écosystèmes aquatiques, l'influence des microalgues et des bactéries sur les flux de nutriments est clairement admise [Buesing et Gessner, 2006 ; Rizzo et al., 1992]. Chaque communauté influe sur le pool commun d'éléments nutritifs et donc indirectement sur le fonctionnement et la dynamique de l'autre communauté. Dans ce contexte, Grossart et Simon (2007) montrent la dépendance des relations entre microalgues et bactéries planctoniques à certains facteurs comme la concentration en nutriments inorganiques N et P. Par ailleurs, il ressort de la littérature que les concentrations en nutriments inorganiques disponibles au sein des écosystèmes aquatiques sont fortement influencées par l'hydrologie du site (Song et al., 2007 ; Pinay et al., 2002). Cette étude portera sur les relations entre microalgues et bactéries au sein de milieux aquatiques temporaires, c'est-à-dire subissant des cycles exondation/inondation. Dans cet objectif, nos travaux ont porté sur l'évolution temporelle des communautés microbiennes des sédiments d'une zone humide artificielle conçue pour l'infiltration des eaux pluviales. Nous faisons ici l'hypothèse que les variables hydrologiques auront une influence sur la disponibilité des nutriments qui influera sur les relations « microalgues/bactéries ». Deux campagnes de prélèvements de dix jours ont été réalisées en été et en automne 2009 de façon à observer des cycles exondation/inondation à deux saisons. Pour quantifier ces cycles, notre site d'étude a été équipé de sondes permettant une mesure en continu de la hauteur de la colonne d'eau surplombant les sédiments. L'effectif des communautés microbiennes a été évalué par un dénombrement des cellules bactériennes, microalgales et des cyanobactéries. Pour soutenir ces variables biologiques, le taux de carbone organique, d'azote et de phosphore total et la teneur en oxygène dissous des sédiments ont été estimés. Les résultats de cette étude montrent une évolution comparable des effectifs algaux et bactériens en été et en automne ; ceci, bien que ces communautés étaient inégalement représentées au début des prélèvements. Nous avons ainsi observé une corrélation positive significative entre les variations de l'effectif microalgal et les variations de siccité et une corrélation négative significative entre les variations de l'effectif bactérien et les variations de siccité. Cette étude tend à démontrer que l'évolution des communautés microalgale et bactérienne est davantage expliquée par les variations de la teneur en eau des sédiments que la fréquence ou la durée des assecs ; ceci indépendamment des deux saisons étudiées.

Anne-Sophie Hesse - Laboratoire des Sciences de l'Environnement - Vaulx en velin

P24/10 Titre : Comment la durée de la sécheresse et l'intensité des événements pluvieux impactent les communautés microbiennes des sols et leurs activités ?

Aurore Kaisermann - Jean-Christophe Lata - Léa Beaumelle

Les communautés microbiennes telluriques naturelles régulent la dynamique des cycles biogéochimiques via, entre autre, la séquestration du carbone et de l'azote et l'émission de gaz à effet de serre (GES). Or, ces communautés présentent des variabilités spatiale et temporelle très importantes qui ont été associées aux variations de quantités de substrat et aux facteurs environnementaux. Des études montrant que l'activité microbienne pouvait varier alors que la biomasse totale restait stable, indiquent que les variations de structure et d'état physiologique de la communauté microbienne peuvent affecter l'importance relative des différents processus du sol. De telles variations influencent probablement le fonctionnement des écosystèmes à une échelle plus grande (zones climatiques). Pourtant, ces communautés sont encore mal connues et toujours considérées comme une boîte noire fonctionnelle dans les modèles climatiques, ce qui réduit la solidité des prédictions. La teneur en eau d'un sol est un des facteurs majeurs responsables des variations de l'activité microbienne. D'une part, elle détermine le volume des zones où l'activité est possible, mais également leur connectivité. D'autre part, les cycles de sécheresse/humectation influencent l'activité microbienne et les paramètres physicochimiques des sols (structure, stocks de nutriments...). Ainsi, la quantité de pluie totale et sa répartition dans le temps sont des facteurs influençant le fonctionnement des sols. Or l'un des aspects prédit du changement climatique est une intensification du cycle hydrologique – i.e. augmentation des périodes de sécheresse couplée à des événements pluvieux plus intenses – conduisant alors à considérer de futures modifications des émissions de GES. Pourtant, peu d'études ont évalué l'impact de ces changements climatiques, à différentes échelles temporelles et spatiales, sur la dynamique et la stabilité des communautés microbiennes telluriques, l'activité correspondante et la rétroaction sur le climat. Des études multidisciplinaires, en conditions contrôlées et in situ, pourraient permettre de mieux appréhender les dysfonctionnements écosystémiques probables consécutifs aux changements des régimes hydriques.

Aurore Kaisermann - BIOEMCO UMR CNRS 7618 - Paris - kaiserma@biologie.ens.fr

P24/11 Titre : Ecologie bactérienne intestinale : quels sont les déterminants de la colonisation initiale ?

Pascale França-Berthon - Christine Hoebler - Catherine Michel

Au-delà de son intérêt cognitif per se, l'identification des déterminants de la colonisation du tube digestif humain par les bactéries ouvrirait la voie à un contrôle de cette colonisation et donc de la composition de l'écosystème bactérien pérenne (aujourd'hui dénommé « microbiote intestinal ») qui en résulte. Un tel contrôle offrirait quant à lui des perspectives en termes de prévention des pathologies puisque ce microbiote intestinal interagit intensément avec la physiologie- et donc la santé- de l'hôte. Les comparaisons de microbiotes effectuées à partir d'individus de proximité génétique variable témoignent de la contribution des caractéristiques génétiques de l'hôte dans ce déterminisme [1-3], sans toutefois identifier les fonctions physiologiques de l'hôte qui sont plus particulièrement impliquées. Sachant que le retard de croissance intra-utérin affecte chez le jeune animal les capacités prolifératives, absorbatives et digestives de l'intestin[4-7], nous avons supposé que ce modèle permettrait d'identifier certains des gènes impliqués dans le contrôle de la colonisation initiale du tube digestif par les bactéries. Nous avons donc effectué une comparaison de la composition du microbiote caeco-colique (ie total bacteria, Clostridium leptum cluster, Clostridium coccoides/Eubacterium rectale cluster, Bacteroides sp., Lactobacillus sp., Bifidobacterium sp. and E. col), chez des rats ayant ou non subi un retard de croissance intra-utérin (RCIU) et analysé en parallèle l'expression, dans la muqueuse colique, de différents gènes impliqués dans le dialogue hôte-microbiote. Le RCIU a affecté la colonisation bactérienne néonatale du tube digestif des rats. En particulier les niveaux de population en Bifidobacterium sp et en bactéries appartenant aux clusters C leptum et C coccoides/Eubacterium rectale étaient diminués, au 12e jour de vie, chez les animaux ayant subi le RCIU comparativement aux animaux contrôles. L'identification des gènes dont l'expression est modifiée à ce même âge, en cours d'exploitation, permettra de cibler les molécules plus probablement impliquées dans le contrôle de la colonisation initiale du tube digestif chez le rat.

Catherine MICHEL - I NRA-Université de Nantes - Nantes - Catherine.Michel@univ-nantes.fr

P24/12 Titre : Caractérisation de la communauté bactérienne impliquée dans la minéralisation du phosphore organique dans la rhizosphère du Haricot (*Phaseolus vulgaris*)

Rim Tinhinen Maougal - Jean Jacques Drevon - Alain Brauman - Claude Plassard

Le remplacement des fertilisants minéraux par des fertilisants organiques pose la question du rôle des bactéries minéralisatrices dans la disponibilité de nutriments pour les végétaux. Cette question est particulièrement pertinente avec le phosphore pour les légumineuses, au vu de la forte demande en P pour leur fixation symbiotique de l'azote atmosphérique. Le P organique, dont le phytate représente une forme majeure, représente 50 à 80% du P total des sols. Il est rendu disponible par des exophosphatases de plantes et surtout de microorganismes, dont les communautés bactériennes capables de dégrader le phytate (phytasiques). L'objectif de cette étude est de caractériser ces dernières au sein de la rhizosphère d'une légumineuse modèle, *Phaseolus vulgaris*, dont la capacité fixatrice d'azote est généralement limitée par la faible teneur en P des sols. Dans une étude sous serre, il apparaît que les communautés phytasiques sont plus denses dans la rhizosphère du haricot après 4 semaines de culture sur un sol pauvre en P comparé à un sol plus riche, provenant tous les deux de la station agronomique de l'INRA à Melgueil (34). Ce résultat valide l'hypothèse que les communautés phytasiques sont d'autant plus importantes que la rhizosphère est limitante en P. La caractérisation en cours de l'affiliation phylogénétique de ces bactéries permettra de statuer sur la diversité de ces communautés au sein de la rhizosphère.

Rim Tinhinen Maougal - INRA Eco et Sol - Montpellier - rym.maougal@gmail.com

P24/13 Titre : Dynamique du soufre dans le système sol/plantes/biomasse microbienne chez six espèces prairiales différant par leurs stratégies d'acquisition des nutriments.

Emmanuelle Personeni - Nicolas Legay - Sophie Slezack - Deschaumes - Severine Piutti - Jean-Bernard Cliquet

Depuis quelques décennies, la disponibilité en soufre (S) des sols diminue et des déficiences en S apparaissent dans les prairies ouest européennes. Cette déficience peut engendrer une diminution de la production de ces écosystèmes et altérer la structure des communautés. Ainsi comme avec l'azote et le phosphore, on observerait dans les prairies pauvres en S, un développement des espèces à stratégies conservatrices au dépend des exploitatives qui fournissent des fourrages de bonne qualité. L'objectif de cette étude est de rechercher si les espèces exploitatives profitent d'avantage que les conservatrices d'une disponibilité en S élevée de par leurs fortes capacités d'absorption du sulfate et leurs capacités à stimuler la microflore rhizosphérique impliquée dans la minéralisation du S. Six espèces de Poacées prairiales différant par leur stratégie ont été cultivées sur des sols fertilisés ou non en S. Les variables morphologiques aériennes et racinaires des plantes, l'activité de l'enzyme arylsulfatase (exoenzyme-clé dans la minéralisation du S organique) et les communautés microbiennes fonctionnelles impliquées dans le cycle du S ont été analysées. Les espèces exploitatives présentent une biomasse sèche, une longueur racinaire, une surface foliaire et une accumulation d'N et de S plus importante que les conservatrices malgré des teneurs en N et S plus faibles. Toutes ces variables varient en fonction de la disponibilité en S du milieu et *Lolium perenne* est l'espèce la plus stimulée par une augmentation de la disponibilité en S dans le sol. La plus forte accumulation de S chez les espèces exploitatives ne s'explique pas par une forte capacité d'absorption du sulfate mais par un fort développement du système racinaire en comparaison à celui des espèces conservatrices. En effet, la plus forte capacité d'absorption du sulfate par linéaire de racine est observée chez une espèce conservatrice, *Agrostis capillaris*. L'activité arylsulfatase est dépendante de la stratégie d'espèces : la plus forte activité arylsulfatase est observée dans la rhizosphère d'une espèce exploitative, *Lolium perenne*. En revanche, aucune différence n'a été observée sur la taille des communautés microbiennes fonctionnelles suggérant que les espèces végétales étudiées n'ont une influence que sur l'activité de de ces communautés mais pas sur leur composition. Mots clés : Poaceae, prairies, stratégies d'espèces, soufre, azote, morphologie racinaire, capacité d'absorption, arylsulfatase et biomasse microbienne.

Nicolas Legay - UMR INRA 950 Ecophysiologie Végétale, Agronomie, Nutrition N, C, S. Université de Caen, 14032 Caen cedex - caen

P24/14 Titre : Utilisation des fonctions microbiennes en tant que bio-indicateurs de la qualité des sols

Caroline Petitjean - Tatiane Reis - Heidy Schimann - Stéphane Guitet - Isabelle Godard - Anne-Marie Domenach - Jean-Christophe Roggy

Nombre des activités humaines indispensables au bien-être des sociétés modernes sont réalisées au dépend de la qualité de notre environnement. Ces activités impactent très fortement la biodiversité du sol et la question de la signification fonctionnelle de ces modifications/pertes de biodiversité en termes de capacité des sols à maintenir les fonctions et services dont l'humanité dépend est aujourd'hui centrale. Dans ce contexte, nos recherches reposent sur l'hypothèse que l'évaluation des services rendus par un socio-système donné peut être appréhendée par une évaluation des fonctions de support nécessaires à leur maintien. Parmi ces fonctions, celles liées aux cycles biogéochimiques du carbone et de l'azote peuvent être considérées comme des fonctions clefs. La mesure de ces fonctions utilisées comme bio-indicateurs dans les systèmes de référence donne une image de leur potentiel écologique dont l'altération peut être évaluée dans des systèmes modifiés. Notre démarche repose sur le développement de concepts d'écologie propres à la notion de communauté microbienne, cette dernière étant définie comme un « assemblage de populations, de potentialités génétiques et d'expression de ces potentialités, à un endroit et à un moment donnés ». Notre étude a porté sur les impacts de l'exploitation aurifère sur le fonctionnement microbien des sols. Les sites d'études, localisés en Guyane, sont cinq sites miniers désactivés et des forêts naturelles adjacentes considérées comme écosystèmes de référence. Notre travail a consisté (1) à dresser un bilan qualitatif de l'exploitation aurifère sur les activités microbiennes du sol et (2) à mesurer les capacités d'évolution naturelle et assistée de ces sols. Pour cela, nous avons effectué les mesures des activités potentielles (mesures en conditions optimales) de deux fonctions microbiennes, la respiration et la dénitrification. Nous avons comparé chaque site dégradé à sa zone de référence (forêt adjacente). Ces fonctions microbiennes, utilisées comme bio-indicateurs, ont mis en évidence (1) l'impact négatif de l'exploitation aurifère sur les activités microbiennes, (2) une évolution de la reprise du fonctionnement du sol en fonction de l'âge de la plantation installée sur le site dégradé et enfin (3) l'importance du type de réhabilitation après exploitation sur les capacités de résilience du sol. Les résultats obtenus tendent à montrer que ces bio-indicateurs sont aptes à traduire l'état d'un sol perturbé et permettent d'émettre des hypothèses quant à son évolution. Ainsi, ces bio-indicateurs d'évaluation de la qualité des sols pourraient aider à la prise de décision en matière de gestion et de restauration de cette ressource.

Caroline Petitjean - UMR ECOFOG - Kourou - caroline.petitjean@ecofog.gf

P24/15 Titre : Réponse adaptative des communautés bactériennes telluriques au stress métallique : un indicateur de la biodisponibilité des métaux dans les sols ?

Jessica Poirel - Catherine Joulian - Corinne Leyval - Patrick Billard

La quantification de la biodisponibilité des éléments en traces métalliques (ETM) dans les sols contaminés est un paramètre essentiel en ce qui concerne l'évaluation de leur impact écotoxicologique. Les effets des polluants métalliques sur des échantillons biologiques tels que les microorganismes, acteurs majeurs du fonctionnement des sols, constitue une approche complémentaire des analyses physico-chimiques. Nous présentons ici une démarche visant à déterminer dans quelle mesure la diversité, l'abondance et l'expression de gènes bactériens de résistance aux métaux et métalloïdes constituent des indicateurs pertinents des concentrations biodisponibles en ETM dans les sols d'une part, et de leur véritable impact sur cet écosystème d'autre part. Les ATPases de type P, présentes chez la plupart des organismes, jouent un rôle clé dans l'homéostasie des métaux puisqu'elles constituent une superfamille de protéines membranaires transportant les ions. Dans notre cas, ces ATPases de type PIB-2 sont spécifiques du zinc, du cadmium et du plomb et leur expression est généralement induite par la présence du métal. Par conséquent, l'expression de gènes de résistance codant pour ces pompes d'efflux a été ciblée ainsi que les gènes codant pour des pompes d'efflux de l'arsenic *arsB/ACR3*. Afin de cibler ces gènes, des amorces oligonucléotidiques dégénérées ont été conçues. En premier lieu, la spécificité de ces amorces a été testée sur l'ADN de souches de référence puis sur une banque d'ADN métagénomique issue d'un sol pollué par le plomb et l'arsenic. Une méthode d'analyse transcriptionnelle in situ des gènes cibles dans des expériences en microcosmes de sol est présentée et elle permet ainsi de mesurer l'impact d'une contamination métallique sur une communauté bactérienne à travers la diversité des bactéries mais aussi à travers l'expression de gènes cibles. Par conséquent, l'extension de cette approche à des échantillons environnementaux a pour but de développer un outil approprié de caractérisation écophysiological et génétique des communautés microbiennes exposées à des polluants métalliques. Quelques objectifs prioritaires de ce projet sont introduits ici tels que ceux concernant la caractérisation de la qualité des sols, le diagnostic de sites et les processus de transfert aux autres compartiments de l'environnement.

Jessica Poirel - LIMOS - UMR 7137 - Vandoeuvre-les-nancy - jessica.poirel@limos.uhp-nancy.fr

P24/16 Titre : Effet des vers de terre sur la décomposition des matières organiques et les communautés microbiennes impliquées

Tantely Razafimbelo - Laetitia Bernard - Lydie Chapuis-Lardy - Anne-Laure Pablo - Elvire Legname - Thomas Bröls - Alain Brauman - Jean-Luc Chotte

Le « priming effect » est défini comme une stimulation de la minéralisation de la matière organique (MO) du sol par un apport de MO fraîche. Ce processus pourrait être basé sur une compétition entre microorganismes pour l'accès au carbone "frais" et dépendre également de la disponibilité du sol en nutriments. Ce processus encore inexpliqué pourrait avoir des conséquences notables sur le devenir de la MO du sol et impliquer de ce fait une attention particulière à la gestion des résidus de récoltes et des amendements organiques, qui font parties des principales sources de fertilité du sol en milieu tropical. Les vers de terres, ingénieurs de l'écosystème, sont connus pour affecter la dynamique de la MO du sol. Les vers géophages endogés ingèrent de grandes quantités de sol et assimilent une fraction de la MO qu'il contient. Pendant la digestion, les microorganismes sont transportés vers de nouveaux substrats et leur activité est stimulée par la production de petites quantités de carbone facilement assimilable (mucus), et la présence éventuelle de résidus organiques frais dans le sol ingéré. L'objectif de notre étude est de voir (i) si les vers de terre pourraient avoir un impact sur l'intensité du priming effect généré par un apport de résidus de culture frais et (ii) si cet impact serait lié à une stimulation/inhibition de différents taxa bactériens. Pour atteindre ce but, un sol ferrallitique de Madagascar a été incubé en laboratoire et amendé avec un résidu de blé finement broyé et fortement enrichi en ^{13}C , en présence ou non d'une espèce tropicale de ver de terre endogé généraliste, *Pontoscolex corethrus*. Les émissions de $^{12}\text{CO}_2$ (respiration du sol) et de $^{13}\text{CO}_2$ (minéralisation du résidu) ont été suivies pendant 24 jours. Le couplage entre la DNA-SIP (Stable Isotope Probing, séparation des ADN ^{12}C et ^{13}C) et le pyroséquençage du gène *16S* a été réalisé sur les fractions ^{12}C et ^{13}C des échantillons avec et sans vers de terre. Les résultats montrent que le « priming effect » peut être un processus important dans les sols tropicaux (près de 400% de la respiration du sol). De plus, l'action de *Pontoscolex corethrus* augmente à la fois la minéralisation du résidu frais ($\times 2,4$) et le priming effect ($\times 1,9$) en favorisant toutefois la minéralisation du résidu. Différents groupes phylogénétiques bactériens, spécifiquement stimulés ou inhibés par le vers ont pu être identifiés, certains consommant le résidu, d'autres la MO du sol.

Laetitia Bernard - UMR Eco&Sols, IRD - Montpellier - Laetitia.Bernard@ird.fr

P24/17 Titre : Impact de la disponibilité en azote sur la dynamique microbienne hétérotrophe et l'activité laccase au cours de la décomposition de feuilles de *Miscanthus giganteus* dans un sol

Sylvie Recous - Norbert Amougou - Isabelle Bertrand

Miscanthus giganteus est une graminée vivace à rhizomes, actuellement étudiée comme culture à vocation énergétique (Heaton et al. 2008). La chute des feuilles sénescentes pendant l'hiver représente 4 à 6 t MS / an et leur décomposition (à la surface du sol et en absence de fertilisation azotée) se réalise en conditions de faible disponibilité en azote. Il a été montré que l'azote pouvait modifier significativement la cinétique de décomposition des matières organiques et le taux d'humification (Keeler et al. 2009). Dans ce contexte, ce travail avait pour objectif d'étudier les effets de la disponibilité en azote sur la décomposition des feuilles en faisant l'hypothèse que la biomasse fongique et les activités enzymatiques lignocellulotiques sont augmentées en conditions de faible disponibilité en azote. La stratégie choisie pour faire varier la disponibilité en N a consisté d'une part à faire varier la quantité d'azote minéral dans le sol, d'autre part la quantité de substrat à décomposer. Les feuilles (particules 3-5mm) ont été apportées à raison de 2, 4 et 8 g C kg⁻¹ dans un sol de limon tamisé à 2mm, contenant initialement 4 mg N minéral kg⁻¹ (N-) et maintenu à une humidité de 20% (potentiel hydrique -80 kPa). Un traitement supplémentaire avec apport N de 60 mg N kg⁻¹ (+N) a été effectué pour le traitement 2 g C kg⁻¹. Les échantillons ont été incubés à 15°C pendant 200 jours. Les cinétiques de minéralisation du carbone et de l'azote dans le sol, de la biomasse microbienne totale par fumigation extraction, d'ergostérol (marqueur des champignons) et de l'activité laccase ont été établies au cours du temps. A même quantité de C apporté dans le sol, le taux de CO₂ minéralisé n'a pas varié significativement avec l'azote minéral disponible : 41% C apporté minéralisé pour 2gCN+ vs. 39% pour 2gCN-. Cependant la biomasse microbienne, la quantité d'ergostérol et l'organisation microbienne de N ont augmenté significativement pour le traitement N+, alors que l'activité laccase a diminué. Le CO₂ minéralisé, la biomasse microbienne, l'ergostérol et l'activité laccase ont augmenté avec les quantités croissantes de C apporté (2, 4 et 8g C, N-) mais le rapport ergosterol/biomasse microbienne et laccase/ergostérol sont restés équivalents pour ces trois traitements.

Norbert Amougou - Inra, UMR FARE - Reims - norbert.amougou@reims.inra.fr

Session 25 : Ecologie microbienne aquatique : les biofilms

P25/01 Titre : Influence de l'intensité lumineuse durant la croissance des biofilms sur la réponse des enzymes antioxydantes lors de l'exposition à différents herbicides.

Irene Gallardo sague - Gemma Urrea - Helena Guasch

Les tests standards en écotoxicologie sont en général réalisés sur une espèce (*Chlamydomonas reinhardtii* ou *Daphnia magna* par exemple) cultivée en conditions optimales, cependant de nombreux paramètres biotiques et abiotiques peuvent influencer la toxicité d'une molécule. Parmi les facteurs biotiques, les interactions entre différentes espèces peuvent fortement influencer la tolérance d'une communauté à un polluant, c'est pourquoi l'utilisation de communautés (biofilms, macro-invertébrés entre autres) s'est développée pour la détermination de l'état écologique d'un cours d'eau. L'approche présentée ici propose l'utilisation de biofilms fluviaux, reconnus comme de pertinents bio-indicateurs des écosystèmes aquatiques, pour évaluer la toxicité de différents herbicides en microcosmes. Dans le milieu naturel, les biofilms fluviaux sont soumis aux variations de divers paramètres abiotiques, l'intensité lumineuse notamment varie au cours du temps et au long de la rivière. Une forte intensité lumineuse mais aussi certains herbicides peuvent augmenter la production d'espèces réactives de l'oxygène (ROS) et induire un stress oxydant important en particulier chez les organismes autotrophes du biofilm. Pour éliminer ces ROS, les cellules disposent d'un système antioxydant composé entre autres des enzymes: catalase (CAT), ascorbate peroxydase (APX), glutathion-S-transférase (GST) et glutathion réductase (GR). Les conditions lumineuses de culture pourraient donc influencer l'état du système antioxydant du biofilm et ainsi conditionner sa réponse au stress oxydant induit par différents herbicides. Pour explorer cette hypothèse, des biofilms cultivés en microcosmes sous différentes intensités lumineuses ont été exposés pendant 6h aux herbicides suivants: cuivre, oxyfluorène, glyphosate et AMPA. Les activités des enzymes CAT, APX, GST et GR ainsi que l'efficacité photosynthétique ont été mesurées. Il apparaît que les conditions lumineuses de culture ont conditionné pour partie l'activité basale des enzymes antioxydantes des biofilms, en effet les biofilms non-exposés présentèrent des activités de CAT et GST stables dans toutes les conditions de culture et des activités de GR et APX en diminution le long du gradient d'intensité lumineuse. Ce pré-conditionnement a également influencé la tolérance des biofilms aux herbicides testés. Les biofilms cultivés sous une forte intensité lumineuse présentèrent une meilleure résistance au glyphosate mais une moins bonne résistance à l'AMPA, son produit de dégradation. Selon l'intensité lumineuse de culture, différentes enzymes furent activées ou inhibées dans les biofilms exposés au cuivre ou à l'oxyfluorène. Ces résultats indiquent que l'intensité lumineuse durant la croissance du biofilm influence la stratégie de réponse au stress oxydant, néanmoins des études sur le long terme sont nécessaires pour connaître l'efficacité de ces différentes stratégies.

Irene Gallardo sague - Institut d'Ecologia Aquàtica, Universitat de Girona - Girona, espanya

P25/02 Titre : Effects of antibiotics on heterotrophic biofilm: monitoring nitrate uptake in river macro-porous sediment by experimental approach

Ophélie Busser - Hélène Budzinski - José miguel Sanchez-Perez - Frédéric Julien - Pierre Parveau - Laurent Cavalié - Philippe Vervier - Florian Mermillod-Blondin - Magali Gerino

In hydrosystems, heterotrophic biofilms that colonize macro-porous aquatic sediments mainly drive organic matter biodegradation processes when water spiralling occurs. Biological communities of this interstitial biofilm and their interactions are major environmental drivers that determine variations of the nutrients biotransformation capacities of a stream riverbed. In the current context of nutrients and pharmaceutical products increase in surface water due to human impact, this work focuses on the impact of antibiotics on heterotrophic biofilm activity. The nutrient (NO_3^-) uptake rate is chosen as a function to quantify the activity of this biofilm. In order to answer this question, an experiment will be run in the laboratory with microcosms reproducing water and sediment interface of stream river-bed colonized with biofilm. When the biofilm reaches a threshold sufficient growth, different antibiotics will be added in order to follow their impact on the nitrate uptake rate. During hundred days, a volume of 15L continuously flows with a recirculation through macro-porous sediment column (20 cm in height, 6.8 cm in diameter manufactured in Plexiglas, Porosity = 0.3). The discharge corresponds to 15L per day. The choice of antibiotics molecules was made according to their occurrence in the environment (Garonne river in this case), their physico-chemical properties (Kow positive and high) and their biological properties (biological uptake length) because they must be fairly persistent in water. According to the first antibiotics screening done on Garonne water and the work of Feitosa-Felizzola et al (2009), Besse & Garric (2007) and Tam-Tam and al. (2008), the chosen antibiotics which correspond to the study criteria and belong to four different families are Clarithromycine (Macrolide), Sulfamethoxazole (Sulfamide), Ofloxacin (Quinolone), and Trimethoprim (Diaminopyrimidines). This study will put in evidence the antibiotics which have an effect on heterotrophic biofilm. Thus, the attention and actions must be focus on those molecules upstream of the natural environment (in WWTP for example).

Ophélie Busser - Ecolab (UMR 5245) - Université de Toulouse; UPS, INP - Toulouse - busser@cict.fr

P25/03 Titre : La température : facteur clef pour l'installation de l'amibie libre pathogène *Naegleria fowleri* dans des biofilms d'eau de rivière

Sébastien Goudot

Les amibes libres sont rencontrées dans les environnements aquatiques naturels (rivières, lacs, sources,...), les réseaux de distribution d'eau de consommation humaine et les circuits de refroidissement industriels (CRF). Certains de ces CRF sont confrontés au développement de l'amibe *Naegleria fowleri* (Nf) responsable chez l'homme de méningo-encéphalite amibienne primitive. L'écologie de cette amibe libre thermotolérante (température optimale de croissance $\approx 43^{\circ}\text{C}$) reste peu documentée, en particulier dans les biofilms. Cette étude vise alors à mieux appréhender les facteurs biotiques et abiotiques influençant le développement de Nf dans des biofilms. Après avoir défini les conditions expérimentales pour l'étude de Nf au sein de biofilms de rivières, avec notamment la conception d'un réacteur, nous avons suivi la population de l'amibe à deux températures. Deux réacteurs plans de 2,7 L, l'un à 32°C et l'autre à 42°C , ont été alimentés en continu par de l'eau de rivière, selon un écoulement laminaire et un débit de $810 \text{ mL}\cdot\text{min}^{-1}$. Vingt-quatre heures après leur mise en service, alors qu'un biofilm constitué par les micro-organismes naturellement présents dans l'eau d'alimentation s'est formé à la surface des supports en verre placés dans les réacteurs, Nf a été introduite en une injection unique ($105\text{-}106 \text{ amibes}\cdot\text{L}^{-1}$) dans l'eau du réacteur. Ce biofilm apporte les ressources nutritives (i.e. les proies bactériennes) nécessaires au développement des amibes libres, y compris à Nf. Les concentrations en amibes libres, Nf et flore bactérienne ont été suivies pendant au moins 30 jours. Deux séries de deux réacteurs ont été réalisées. Trois phases ont été retenues : une première phase caractérisée par l'accroissement de la population bactérienne fixée, une deuxième phase caractérisée par l'augmentation de la population d'amibes concomitamment à l'abattement de la flore bactérienne et enfin une troisième phase caractérisée par un état de pseudo-équilibre des populations bactériennes et amibiennes. À 32°C , Nf ne s'est pas développée dans le biofilm. Toutefois, l'amibe s'est maintenue à une faible concentration ($1 \text{ à } 10 \text{ amibes}\cdot\text{cm}^{-2}$). En revanche, à 42°C , Nf s'est rapidement développée et s'est stabilisée de $100 \text{ à } 1000 \text{ amibes}\cdot\text{cm}^{-2}$ pendant une dizaine de jours. Ces résultats indiquent que le développement de Nf en biofilm est fortement favorisé à 42°C plutôt qu'à 32°C . Toutefois, même à 42°C la population de Nf peut chuter, des paramètres autres que la température, telles que l'abondance de proies bactériennes et/ou la diversité des genres amibiens, interviendraient dans l'occurrence de Nf dans les CRF.

Sébastien Goudot - EDF R&D et LCPME Nancy Université - Chatou - sebastien.goudot@edf.fr

P25/04 Titre : Evaluation du risque des mélanges de substances chimiques : phytoplancton versus periphyton

Vincent Gregorio - Nathalie Chèvre

Evaluation du risque des mélanges de substances chimiques : phytoplancton versus periphyton Vincent Gregorio, Nathalie Chèvre IMG, Faculté des Géosciences et de l'Environnement, Université de Lausanne, Lausanne, Suisse Il est maintenant reconnu que les substances chimiques détectées dans l'environnement peuvent agir ensemble et que les effets des mélanges devraient être pris en compte dans les évaluations de risque écologique. Cependant, jusqu'à aujourd'hui, peu d'approches ont été proposées pour atteindre ce but. En écotoxicologie, la prédiction des effets des mélanges est largement influencée par la théorie toxicologique. Concrètement, deux modèles sont utilisés : l'addition des concentrations et l'indépendance des effets. Les synergies et antagonismes sont généralement négligés, étant difficiles à prédire. Pour l'évaluation écologique du risque des substances, ces deux modèles peuvent être combinés avec soit la méthode des facteurs de sécurité, soit les courbes de distribution de sensibilité des espèces. Ces approches sont cependant peu appliquées pour deux raisons principales : le manque de données (données écotoxicologiques, informations sur les mode d'action des substances, etc.), et le manque de validation de prédictions. Récemment, nous avons proposé une méthode pour estimer le risque des mélanges de substances chimiques. Cette approche a été validée statistiquement pour les herbicides et une validation biologique (microcosme et étude in situ du phytoplancton) est en cours. Cependant, au vu des données à disposition, ces prédictions s'appliquent difficilement au periphyton, qui est également plus complexe en terme de fonctionnement. Dans cette présentation, nous présentons les approches d'analyses de risque écologique que nous avons développées avec quelques exemples d'application. Nous allons également présenter des pistes de réflexion pour une meilleure considération des particularités du périphyton dans cette approche.

Vincent Gregorio - IMG, Faculté des Géosciences et de l'Environnement, Université de Lausanne - Lausanne - vincent.gregorio@unil.ch

P25/05 Titre : Impact de l'arsenic sur la dynamique structurale du biofilm de *Thiomonas sp.* CB2

Marie Marchal - Romain Briandet - Florence Arsène-Ploetze - Philippe Bertin

Dans l'environnement, les bactéries se développent préférentiellement sous forme de biofilms. Ces communautés structurées de micro-organismes permettent aux cellules qui y résident de résister à de nombreux stress environnementaux. La résistance accrue d'un biofilm par rapport à un mode de vie planctonique repose sur deux principes. D'une part, elle est liée à la nature même du biofilm qui isole les cellules des stress environnementaux en séquestrant ou en limitant la diffusion des composés bactéricides. D'autre part, l'importante densité cellulaire de ces communautés favorise les phénomènes de transferts génétiques horizontaux et l'acquisition de nouvelles fonctions. Alors que les biofilms représentent un problème de santé publique majeur en médecine et dans l'industrie alimentaire, ils sont un élément clé de nombreux systèmes de bioremédiation, naturels ou industriels, permettant la persistance des souches d'intérêt. Les bactéries du genre *Thiomonas* sont fréquemment retrouvées dans les sites contaminés par l'arsenic. Plusieurs souches du genre *Thiomonas* ont ainsi été isolées d'un drainage minier acide à Carnoulès (Gard) contenant jusqu'à 350 mg L⁻¹ d'arsenic. Elles jouent un rôle fondamental dans le processus de bioremédiation naturel qui s'y opère grâce à leur capacité à oxyder l'As(III) en As(V), qui est une forme inorganique de l'arsenic peu soluble. Nous avons récemment montré que ces souches présentaient une forte plasticité génomique. Les gènes de biosynthèse des exopolysaccharides, composants principaux de la matrice d'un biofilm, ont été trouvés dans des régions particulièrement mobiles et sujettes aux réarrangements. Nous avons donc supposé que la formation de biofilms jouait un rôle dans l'adaptation de ces souches à leur milieu. Pour comprendre quelle pouvait être l'implication de ce mécanisme dans la résistance des souches à l'arsenic, nous avons suivi par microscopie confocale le développement du biofilm de l'une d'entre elles en présence et en absence d'arsenic. Cette étude a mis en évidence une cinétique de développement du biofilm radicalement modifiée en présence d'arsenic, favorisant la survie de la souche par augmentation de la diversité phénotypique et/ou génétique de la communauté et conduisant à la dispersion de la population. Ces mécanismes biofilms-dépendants sont vraisemblablement à l'origine de la persistance des bactéries du genre *Thiomonas* dans les milieux fortement contaminés par l'arsenic.

Marie Marchal - Université de Strasbourg, UMR7156 - Strasbourg - marie.marchal@gem.u-strasbg.fr

P25/06 Titre : Influence des apports anthropiques sur le couplage entre compartiment autotrophe et compartiment hétérotrophe dans les biofilms microphytobenthiques en milieu tropical

Olivier Pringault - Solveig Bourgeois - Sébastien Hochard

Les biofilms microphytobenthiques (MPB) représentent l'association de microorganismes photosynthétiques, microalgues unicellulaires et cyanobactéries, avec des bactéries hétérotrophes. Le microphytobenthos (MPB) est un important producteur primaire dans les écosystèmes aquatiques. Dans les milieux oligotrophes, son activité peut être contrôlée par la disponibilité des composés organiques ou inorganiques, mais également par sa capacité migratoire. L'objectif de cette étude était de déterminer, les conséquences d'un enrichissement à court terme (quelques heures) en composés organiques (alanine, le glutamate et le glucose) et inorganiques (ammonium, phosphate) sur la migration verticale et les activités métaboliques (production et respiration) dans des biofilms microphytobenthiques. Deux stations contrastées situées dans le lagon sud-ouest de Nouvelle-Calédonie ont été étudiées : l'une sous influence anthropique forte et une seconde sous influence océanique. Dans les deux sites, la production primaire nette était significativement corrélée aux changements de biomasse du MPB à la surface des sédiments, suggérant ainsi le rôle important de la migration du MPB dans le fonctionnement des environnements subtidaux. Cependant, une stimulation ou une inhibition de la migration du MPB n'a pas nécessairement un impact sur l'activité du biofilm, cela dépend fortement des interactions entre le compartiment autotrophe et le compartiment hétérotrophe, interactions contrôlées par les conditions environnementales. Pour la station océanique sous influence anthropique faible, les réponses similaires de la production et de la respiration à des enrichissements organiques et inorganiques suggèrent que le compartiment autotrophe et le compartiment hétérotrophe sont étroitement couplés, les microorganismes photosynthétiques produisant des composés organiques soutenant la demande en carbone des bactéries hétérotrophes qui en retour fournissent au compartiment autotrophe des nutriments issus de la minéralisation de la matière organique. Inversement, dans la station sous forte influence anthropique, les activités de production et de respiration ne sont pas contrôlées par les mêmes composés indiquant ainsi que le couplage entre autotrophes et hétérotrophes est plus faible. Les fortes teneurs en carbone organique dissous et en nutriments observés dans cet environnement permettent au compartiment hétérotrophe et au compartiment autotrophe d'accéder à un large spectre de molécules organiques et inorganiques diminuant ainsi leur interdépendance.

Olivier Pringault - Institut de Recherche pour le Développement, UMR 5119 Ecolag - Sète - olivier.pringault@ird.fr

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

P26/01 Titre : Social costs are linked to melanin-based coloration and urbanization in feral pigeon *Columba livia*

Helene Corbel - Felix Delacroix - Ariane Le gros - Adrien Frantz

Posters Session 26

For group-living animals, the maintenance of a social position through competitive interactions may incur physiological costs such as increased stress and suppressed immune functions. Social stress is expected to increase with increased population density as is the case in urban areas. Because genes coding for the expression of melanin pigmentation have pleiotropic effects on stress responses, we investigated i. whether social costs are influenced by melanin-based coloration and ii. whether the effect of colouration on social costs differs across a rural-urban gradient. Feral pigeons were caught from three locations along a rural-urban gradient and held in aviaries. Stress was assessed by corticosterone levels and immunocompetence was assessed by the production of antibodies after the immunization of birds. Social status position was determined both before and during the immunological challenge. First, social status position was stable throughout the study in melanic (dark) pigeons whereas it was not in light ones suggesting that in the latter, the resources allocated to the maintenance of social position were traded-off against immunity. Second, the occurrence of competitive interactions was higher in urban pigeons relative to rural ones suggesting higher social stress in urban areas. In fact, in urban light pigeons, but not in dark nor in rural ones, dominant birds had higher corticosterone levels and lower antibodies levels relative to subordinates. On the other hand, in dark pigeons, social status position was increased and corticosterone levels were decreased along the rural-urban gradient, whereas no changes were detected in light ones. Results suggest that in stressful environment, the down regulation of corticosterone secretion would be highly advantageous for melanic pigeons by enabling the maintenance of high social position while avoiding deleterious effects on immune functions. Taken together, our results suggest the pleiotropic effects of the melanocortin system on stress responses i. are context dependent and ii. would play a critical role in bird adaptation to urbanization.

Helene Corbel - UMR7625 Ecologie et Evolution - Paris - helene.corbel@snv.jussieu.fr

P26/02 Titre : Une approche multivariée pour la recherche de structures phylogénétiques dans les données biologiques

Thibaut Jombart - Stéphane Dray - Sandrine Pavoine - Sébastien Devillard - Dominique Pontier

Le signal phylogénétique a longtemps été considéré comme une source de biais dans l'analyse des relations entre traits d'histoire de vie: des taxons proches tendent à avoir des traits similaires, et cette autocorrélation viole l'hypothèse d'indépendance des observations supposée par les outils statistiques classiques. En conséquence, les outils développés pour l'analyse des données comparatives ont jusqu'à présent été centrés sur la prise en compte du signal phylogénétique, voire son élimination, dans la modélisation des traits d'histoire de vie. Cependant, le signal phylogénétique est susceptible d'indiquer des structures évolutives dignes d'intérêt, telle que la divergence des stratégies évolutives de groupes de taxons, les compromis évolutifs, ou la conservation de la niche écologique. Dans ce contexte, le signal phylogénétique n'est plus une nuisance, mais au contraire une source d'information utile à l'identification des structures biologiques. Nous avons développé une nouvelle méthode, l'analyse en composantes principales phylogénétique (pPCA, Jombart et al. 2010), pour l'identification des structures phylogénétiques dans un ensemble de traits biologiques (trait d'histoire de vie, descripteurs de la niche écologique, etc.). Cette méthode identifie des combinaisons de traits biologiques correspondant à des structures phylogénétiques. Nous présentons la pPCA et l'illustrons à l'aide de jeux de données simulés et empiriques. Cette nouvelle approche complète les méthodes comparatives classiques et ouvre de nouvelles perspectives pour l'analyse des données de biologie comparative. Référence bibliographique: Jombart T, Pavoine S, Devillard S, et Pontier D. (2010) Putting phylogeny into the analysis of biological traits: a methodological approach. *Journal of Theoretical Biology* 264: 693–701 . doi: 10.1016/j.jtbi.2010.03.038

Thibaut Jombart - Imperial College London - Londres - tjombart@imperial.ac.uk

P26/03 Titre : Trade-offs in plant resistance to mechanical stress

Sara Puijalon - Tjeerd J. Bouma - Christophe J. Douady - Jan van Groenendael - Niels P.R. Anten - Evelyne Martel - Gudrun Bornette

Under natural conditions, terrestrial and aquatic plants are exposed to external mechanical forces resulting from the pressure exerted by wind or water movement. Such forces stress and ultimately disturb plant communities. The capacity of plants to resist relies either on minimization of the forces encountered by the plants (avoidance strategy), or on the maximization of their resistance to breakage (tolerance strategy). Despite their ubiquitous nature and ecological relevance, strategies of resistance to mechanical constraints remain little investigated and there is no evidence that avoidance and tolerance represent alternative mutually exclusive strategies, or on the contrary, vary independently. The objective of the present study was to investigate strategies of resistance of plants to mechanical forces and to test whether avoidance and tolerance are negatively correlated across species. This hypothesis was tested using submerged aquatic vegetation, and its capacity to resist to mechanical forces induced by water current. Avoidance and tolerance were evaluated by measuring plant drag (main hydrodynamic force encountered) and plant resistance to breakage. Species demonstrated contrasting avoidance and tolerance and we identified a significant negative relationship between both strategies. This negative correlation suggests that a trade-off may exist between these two strategies. Their evolution and expression could consequently be constrained by indirect selection due to this trade-off (selection leading to increased avoidance may result in negative selection on tolerance, and reciprocally), leading to 2 mutually exclusive strategies. This trade-off may also constrain the evolution and expression of traits underlying those strategies, i.e. most architectural traits of canopy, leaves and stems.

Sara Puijalon - Université Lyon1, UMR CNRS 5023 Ecologie des Hydrosystèmes Fluviaux - Villeurbanne - sara.puijalon@univ-lyon1.fr

P26/04 Titre : Plasticité de l'expression génique du *tilapia Sarotherodon melanotheron* dans un gradient de salinité

Bruno Guinand - Mbaye Tine - Jean-Dominique Durand

La plasticité phénotypique et physiologique des espèces mesurée à travers des patrons d'expression différentielle de gènes joue un rôle grandissant dans notre compréhension de l'adaptation des espèces à leur environnement. Cependant, les études en populations naturelles sont encore rares et, chez les organismes aquatiques marins, concernent majoritairement la réponse à la température plutôt que d'autres caractéristiques physicochimiques de ces milieux telle que la salinité. Pour six populations sénégalaises du *tilapia Sarotherodon melanotheron* (N = 60) échantillonnées dans un gradient de salinité (0 à 100) nous avons mesuré par RT-PCR les variations d'expression de onze gènes impliqués dans l'osmorégulation chez les poissons, préalablement définis comme différemment exprimés en conditions expérimentales. Les résultats indiquent tout d'abord que les patrons d'expression génique sont très largement similaires pour les individus de laboratoires et les individus sauvages (10 gènes sur 11). Pour les six populations naturelles, une analyse en composantes principales (ACP) permet d'identifier deux groupes de gènes : des gènes 'trade-off' exprimés de manière antagoniste, des gènes de stress surexprimés aux deux extrémités du gradient de salinité. A l'échelle inter-populationnelle, l'ACP et des tests associés permettent également de définir trois groupes de populations dont les patrons globaux d'expression génique sont différents: un groupe 'eau douce' (GL ; salinité 0), un groupe 'eaux saumâtre/marine' (GB, HB, SM, SF; salinités: 20 à 50), et un groupe 'hypersalin' (SK, salinité : 100). La variabilité inter-individuelle d'expression est significativement plus importante entre les individus appartenant à chacune des populations de salinités extrêmes qu'entre individus échantillonnés dans les autres populations. Ces résultats traduisent donc une plasticité de l'expression génique chez ce *tilapia* et, en parallèle avec des résultats préalables sur les traits d'histoire de vie, suggèrent des coûts énergétiques induits par cette plasticité. Par delà des coûts liés aux limites de la niche de toute espèce, nous discutons également nos résultats dans d'autres contextes (par ex. modification récente de la salinité du milieu due au changement climatique global, consanguinité, forte limitation des flux géniques) qui permettent également de les inscrire, par exemple, dans le cadre d'une rupture de la canalisation (sensu Waddington) afin de potentiellement approcher, dans ces populations, un nouvel équilibre adaptatif.

Contact : Bruno Guinand - bruno.guinand@univ-montp2.fr - Tel : 04 67 14 46 87

P26/05 Titre : La plasticité mitochondriale: clé du trade-off entre longévité et croissance ?

Karine Salin - Benjamin Rey - Damien Roussel - Yann Voituron

Bien que les trade-offs occupent une place centrale dans l'évolution des traits d'histoire de vie, les mécanismes précis qui sous-tendent ces compromis sont encore mal compris. De récentes études placent la mitochondrie au cœur des trade-offs principalement à cause de la production de radicaux libres. Paradoxalement, le rôle premier de la mitochondrie (fournir de l'énergie pour la cellule (ATP) à partir des nutriments et de l'oxygène) n'a jamais suscité d'étude dans un cadre écologique. Or l'efficacité de synthèse de l'ATP dépend du rendement énergétique mitochondrial (ATP/O), qui varie lui-même en fonction des espèces et de l'environnement. L'ATP étant le carburant principal, et les ROS à l'origine de la sénescence, il existe donc bien un compromis au sein de la mitochondrie entre synthèse d'énergie favorisant la croissance, la reproduction et la maintenance, et production de ROS au détriment de ces performances. Ce compromis mitochondrial apparaît comme un élément clé, encore rarement pris en compte, entre environnement et conséquences sur les compromis évolutifs. Notre étude s'est focalisée sur la grenouille rousse, *Rana temporaria*, qui montre une variabilité intraspécifique importante en termes de croissance, reproduction et longévité entre populations proche géographiquement. Nos données montrent que les taux de croissance et de reproduction élevés chez une population seraient permis par une mise à disposition élevée d'énergie par les mitochondries via un rendement énergétique 3 fois supérieurs à l'autre population. En revanche, la population à fort taux de croissance, présentant une longévité inférieure, montre moins de dégâts oxydatifs que la population à faible taux de croissance, avec une durée de vie supérieure. Le statut oxydatif ne semble donc pas être impliqué dans les processus de vieillissement. L'ensemble de nos résultats nous conduisent à supporter une théorie du vieillissement datant d'un siècle, la théorie du taux de vie (Rate Of Living theory, Rubner, 1908) soutenant l'hypothèse que les organismes ont une quantité d'énergie fixe, dépensée au cours de la vie par unité de masse. Cette théorie fut substituée par d'autres théories du vieillissement au vu des nombreux résultats contradictoires. Cependant, la notion d'énergie était mesurée par l'oxygène consommé ; nous savons à présent que pour une même quantité d'oxygène consommé, un organisme ne produit pas la même quantité d'ATP. La plasticité mitochondriale détectée ici pour la première fois à l'échelle intraspécifique nous oblige donc à repenser la notion d'allocation d'énergie en terme de production d'ATP et non plus en terme de consommation d'oxygène.

Karine Salin - Laboratoire d'Ecologie des Hydrosystèmes fluviaux (U.M.R. CNRS 5023) - Villeurbanne - karine.salin@univ-lyon1.fr

P26/06 Titre : Croissance et sénescence de la masse corporelle chez un herbivore de taille moyenne

Marion Tafani - Aurélie Cohas - Christophe Bonenfant - Jean michel Gaillard - Dominique Allainé

La diminution de performance individuelle avec l'âge, ou sénescence, qui caractérise l'histoire de vie de la plupart des organismes a le plus souvent été rapportée pour les composantes directes de la valeur sélective que sont la reproduction et la survie. A ce jour, très peu d'études ont mis en évidence une diminution de masse ou de condition corporelle lorsque les individus vieillissent, et l'existence d'une masse asymptotique est généralement supposée pour la plupart des espèces de mammifères. Le manque de données longitudinales permettant de prendre en compte l'hétérogénéité entre individus qui masque souvent la sénescence pourrait expliquer ce constat. A partir d'un suivi à long terme de qualité exceptionnelle (1200 animaux identifiés et d'âge connu suivis au cours de leur vie sur une période de 20 années), nous nous proposons de combler cette lacune et de tester l'existence et les possibles causes de variation d'une sénescence de la qualité phénotypique chez la marmotte alpine (*Marmota marmota*), un mammifère herbivore de taille moyenne, social, et présentant peu de dimorphisme sexuel de taille. Nous avons dans un premier temps modélisé la croissance corporelle en fonction des facteurs biodémographiques et climatiques, puis avons recherché le modèle décrivant le mieux la variation de masse avec l'âge. L'utilisation de modèles mixtes généralisés nous a permis de prendre en compte l'hétérogénéité individuelle et de mesurer la sélection de viabilité. Comme attendu, la masse corporelle des marmottes augmente de façon importante jusqu'à une phase adulte (à 4-5 ans), et un phénomène de sénescence avec une baisse marquée de la masse corporelle est détectable à partir de 8-10 ans. Ceci conduit la relation entre masse et âge sur l'intégralité de la vie à être très complexe, puisqu'aucun modèle continu n'a conduit à un meilleur ajustement que le modèle incluant l'âge en facteur. Ceci pose la question du bien-fondé des modèles classiques de croissance, comme le modèle logistique ou de Gompertz, valables sur des périodes de vie plus courtes, mais non optimaux pour appréhender les variations du poids à partir d'un âge avancé des individus. En accord avec la faible intensité de sélection sexuelle chez la marmotte, aucune différence entre sexes n'a été détectée. Une sélection de viabilité positive a été mise en évidence, avec les individus les plus longévifs montrant une masse corporelle plus élevée à tout âge que les animaux moins longévifs. Ces résultats sont discutés dans le cadre des théories actuelles de biologie évolutive.

Marion Tafani - LBBE UMR CNRS 5558 -Lyon - tafani@biomserv.univ-lyon1.fr

P26/07 Titre : Coûts de la vaccination trans-générationnelle chez un insecte.

Caroline Zanchi - Guillaume Martinaud - Jean-Philippe Troussard - Jérôme Moreau - Yannick Moret

Chez les invertébrés comme chez les vertébrés, les femelles infectées peuvent stimuler le système immunitaire de leur progéniture, leur assurant une meilleure survie en cas de persistance de l'infection maternelle à la génération suivante. Chez les insectes, ce phénomène appelé transfert trans-générationnel d'immunité (TGIP) se manifeste par un transfert facultatif d'activité antimicrobienne aux œufs et par la stimulation de la production d'effecteurs immunitaires chez les descendants. Si les bénéfices du TGIP sont évidents, son caractère facultatif suggère qu'il est aussi coûteux. On s'attend à ce que le TGIP soit coûteux pour la mère en raison du transfert d'une partie de ses effecteurs immunitaires à la descendance. Cependant il est difficile de les différencier du coût de la réponse immunitaire déployée par la mère. Pour la descendance, en raison du coût des défenses immunitaires, l'expression du TGIP devrait imposer des compromis avec d'autres aspects de la fitness des individus. Dans cette étude, nous avons recherché les coûts associés au TGIP à la fois chez la mère et sa descendance. En exposant des femelles du Coléoptère *Tenebrio molitor* à une infection microbienne ponctuelle, nous avons pu mettre en évidence d'une part une corrélation négative entre l'activité antibactérienne de l'hémolymphe de la mère et celle qu'elle transmet à ses œufs, ce qui suggère un compromis entre la défense de la mère et celle de ses œufs. D'autre part, les descendants de mères infectées présentent une charge hémocytaire plus importante au détriment d'un temps de développement larvaire plus long. L'ensemble de ces résultats démontre que le TGIP est très coûteux, ce qui nous donne une indication sur l'importance des pressions de sélection qui ont conduit à son évolution.

Caroline Zanchi - UMR 5561 Biogéosciences équipe Ecologie Evolutive - Dijon - caroline.zanchi@u-bourgogne.fr

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

P27/01 Titre : Adaptation du système de reproduction dans les populations de bleuet

Solène Bellanger - Jean-Philippe Guillemain - Henri Darmency

L'évolution des pratiques culturales depuis les années 50 a provoqué une fragmentation de l'habitat, une diminution des connexions entre les populations et a abouti à une réduction du nombre d'espèces associées aux agro-écosystèmes. Parmi celles-ci, on trouve le groupe des messicoles, définies comme étant les espèces commensales des moissons, dont fait parti le bleuet (*Centaurea cyanus* L.). *C. cyanus* est une Astéragée annuelle, actuellement en déclin dans l'Ouest de l'Europe. C'est une espèce allogame et entomophile possédant un système d'auto-incompatibilité. Elle ne peut donc, a priori, pas produire de semences en autogamie ou par croisement avec des individus ayant les mêmes allèles d'incompatibilité. La fragmentation du paysage peut provoquer un isolement des populations impliquant une diminution du nombre de partenaires possibles au cours du temps qui pourra entraîner une extinction de la population si ces individus ne sont pas capables de produire des semences viables par autofécondation ou croisement avec un apparenté. Dans ce cas, les théories sur l'évolution des systèmes de reproduction chez les plantes prédisent une propagation de l'auto-compatibilité dans les populations auto-incompatibles lorsque le nombre de reproducteurs devient insuffisant (Charlesworth & Charlesworth, 1979 ; Porcher & Lande, 2005 ; Willi, 2009). Les modèles d'auto-incompatibilité prédisent aussi une possible coexistence de plusieurs systèmes de reproduction à l'équilibre dans une population (Goodwillie et al., 2005). Dans notre étude, nous nous sommes intéressés à la capacité du bleuet de produire ou non des semences en condition d'autogamie. Pour cela, des individus ont été isolés dans des cages « pollen proof » avec des mouches comme pollinisateurs. Trois conditions de reproduction ont été testées : l'allogamie (un couple par cage), l'autogamie libre (un individu isolé dans une cage) et l'autogamie forcée (un capitule est isolé sur chaque plante). Les résultats montrent que le bleuet est bien une espèce strictement entomophile qui ne peut produire de semences sans pollinisateurs. Par ailleurs, la distribution du nombre de graines produites par capitule en condition d'autogamie libre est variable. En effet, la majorité des plantes produisent moins de 1% de semences alors que quelques individus en produisent plus de 6%. Ces individus semblent être au moins partiellement auto-compatibles, ce qui pourrait permettre le maintien des populations avec peu de reproducteurs.

Solène Bellanger - INRA, UMR BGA - Dijon - solene.bellanger@dijon.inra.fr

P27/02 Titre : Are clonally propagated algae threatened by reproductive vestigialisation? The example of the haploid-diploid red alga : *Gracilaria chilensis*

Marie-Laure Guillemain - Paula Valenzuela - Juan Correa

The red alga *Gracilaria chilensis* is one of the main algal resources in Chile, which is cultivated for agar production. In the 90's, over-harvesting resulted in the collapse of natural stands and stimulated the implementation of farms through vegetative propagation of thalli. Two different types of populations coexist in Chile, natural populations attached to rocky substratum and cultivated populations associated to soft bottoms. Even if clonally propagated vascular plants are notorious for sterility, no clear reproductive vestigialization has been reported in cultivated algae. In order to test the effect of clonal propagation by cuttings on the investment in sexual reproduction in farmed populations; phase, reproductive state, spores quantity and quality were characterized in 10 populations (6 farms and 4 natural populations) representing the three major region of *Gracilaria* culture in Chile: Caldera-Coquimbo, Concepcion and Puerto Montt. Although our results showed that farmed individuals of *G. chilensis* are able to produce reproductive structures, the recruitment of individuals resulting from sexual reproduction (i.e., settlement of spores) is very infrequent in farmed populations. Moreover, the predominance of diploid individuals in farmed populations suggests that cultivation significantly modified important life-history traits of the alga.

Marie-Laure Guillemain - UACH - Valdivia (chili) - marielaure.guillemain@gmail.com

P27/03 Titre : Comparaison des patrons d'évolution des chromosomes sexuels et des autosomes chez les pucerons

Julie Jaquière - Solenn Stoeckel - Claude Rispe - Lucie Mieuzet - Fabrice Legeai - Morgane Ollivier - Jean-Christophe Simon

Dans les systèmes de détermination du sexe de type XY (par exemple mammifères ou drosophile), l'évolution du chromosome X diffère de celle des autosomes. On observe ainsi en général une diversité génétique plus faible et une évolution accélérée des gènes du chromosome X relativement aux gènes autosomaux. Les principales causes de cette évolution particulière du chromosome X sont 1) sa taille efficace inférieure à celle des autosomes et 2) la présence en une seule copie des gènes du X chez les mâles, ce qui expose fortement ces gènes à la sélection. Chez les pucerons et certains nématodes, le sexe des individus est déterminé par le nombre de copies du chromosome X : les femelles en possèdent deux (XX), alors que les mâles n'en ont qu'une (Xo). En outre, les mâles transmettent systématiquement leur unique chromosome X à leurs descendants, contrairement aux mâles des systèmes XY. Il en résulte la production de femelles parthénogénétiques (XX). Les caractéristiques d'un tel système de reproduction pourraient fortement affecter l'évolution du chromosome X. L'objectif de cette étude est de formaliser et tester les attendus théoriques concernant 1) les tailles efficaces et diversités génétiques et 2) les taux d'évolution des gènes du X et des autosomes dans de tels systèmes. Au moyen de simulations, nous avons démontré que les tailles efficaces du X et des autosomes étaient identiques chez ces espèces. Ensuite, nous avons comparé les diversités génétiques des deux types de chromosomes en génotypant 280 pucerons du pois (*Acyrtosiphon pisum*) au moyen de plus de 150 loci microsatellites d'appartenance chromosomique connue. Enfin, nous avons mesuré les taux d'évolution de plusieurs centaines de gènes situés sur les différents chromosomes. Nos résultats suggèrent une évolution accélérée des gènes du chromosome X chez *A. pisum*. Cette étude démontre l'intérêt de systèmes génétiques alternatifs pour l'étude de l'évolution des chromosomes sexuels.

Julie Jaquière - INRA - BiO3P - le Rheu - julie.jaquiere@rennes.inra.fr

P27/04 Titre : Etude d'un système de reproduction combinant auto-incompatibilité gamétophytique et asexualité

Miguel Navascués - Solenn Stoeckel - Stéphanie Mariette

Le maintien des systèmes d'auto-incompatibilité chez les plantes reste incomplètement compris. Les modèles théoriques prédisent la disparition ou le maintien des systèmes d'auto-incompatibilité en fonction de l'intensité de la dépression de consanguinité et du nombre d'allèles au locus S. Des études antérieures ont exploré le rôle de la reproduction asexuée dans le maintien de l'auto-incompatibilité et ont suggéré une co-évolution possible entre les deux traits. Cependant, la génétique des espèces auto-incompatibles et partiellement asexuées est mal comprise et les études antérieures ont omis d'examiner tous les effets possibles de la reproduction asexuée ou ne pouvaient que spéculer sur ses effets. Dans la présente étude, nous avons étudié comment la reproduction asexuée partielle peut affecter la diversité génétique au locus S et la « fitness » chez les populations auto-incompatibles de petite taille. Un modèle génétique, comprenant notamment un locus S et un locus de viabilité, a été développé pour effectuer des simulations de l'évolution des populations de différentes tailles. Nous avons obtenu les résultats suivants : la dérive génétique combinée avec l'asexualité partielle a entraîné une diminution du nombre d'allèles au locus S. En outre, un excès d'hétérozygotes a été observé dans la population, provoquant une augmentation du fardeau de mutation. Cet excès d'hétérozygotes a été amplifié par le système d'auto-incompatibilité dans les populations de petite taille. Nos résultats suggèrent que les recherches futures sur le rôle de l'asexualité pour le maintien de l'auto-incompatibilité devront prendre en compte la « fitness » à l'échelle du génome entier (fardeau de mutation généré par l'asexualité, l'auto-incompatibilité et la dérive). Enfin les comparaisons de fitness que nous avons effectué suggèrent que le maintien de l'auto-incompatibilité dans ces populations pourrait ne pas être indépendant du maintien du sexe lui-même.

Miguel Navascués - INRA CBGP - Montpellier - navascues@supagro.inra.fr

P27/05 Titre : Sexual selection in a simultaneously hermaphroditic animal : variance in reproductive success and selection gradients

Benjamin Pélessié - Philippe Jarne - Patrice David

Because they share both male and female sexual functions in the same individual and at the same time, simultaneously hermaphroditic animals are very interesting to study gender coevolution. One of the fundamental questions is whether the opportunity for selection for increased mating success (MS) and/or reproductive success (RS) is the same for the two sexual functions and whether male and female success covary at the individual level. Based on theoretical and empirical considerations, we expect male, contrary to female, RS to be limited by the partner availability, and we should expect a higher variance in male than in female RS. We addressed these issues in *Physa acuta* (basommatophoran), a simultaneously hermaphroditic freshwater gastropod. We observed many mating groups of five individually-marked virgin individuals, and recorded copulation behaviours during 3 sessions of 1 hour. For every individual, we estimated mating activity as a male and as a female. We also collected eggs produced after the experiment, checked for early survival of the offspring and established paternities using microsatellites. This protocol allow us to precisely estimate male and female MS and RS, as well as there respective variances and covariances. Our results show that, whereas MS variance is oddly lower for the male than for the female function, RS variance proves to be greater for the male than for the female function. We also show that male, contrary to female, RS increases significantly with MS, which is consistent with our theoretical expectations. Interestingly, we can't detect any effect of copulating (MS) via one function over the fitness output (RS) of the other function. When the variance in male RS is decomposed in several components of sexual selection, post-copulation rather than pre-copulation component proves to be predominant. Finally, whereas male and female MS strongly correlate with each-other, it does not imply a correlation between male and female RS. We conclude that in *P. acuta*, like in many gonochoric species for which sexual selection gradient have been described, obtaining more sexual partners seems to benefit only to the male function. Furthermore, it seems that sperm competition could play a greater role in sexual selection process on male function than competition for acquiring those mates does. To our knowledge, this work represents one of the firsts investigation of sexual selection process in a hermaphroditic animal that involves controlled mating design, selection gradients assessment, success variances comparison and decomposition of RS in selection episodes altogether.

Benjamin Pélessié - CEFE-CNRS - Montpellier - ben_pelissie@yahoo.fr

P27/06 Titre : Locus du sexe et importance de la recombinaison au sein de ce locus chez une algue haploïde-diploïde modèle de la lignée brune

Marine Robuchon - Simon Dittami - Akira Peters - Denis Roze - Christophe Destombe - Mark Cock - John Bothwell - Susana Coelho

Chez beaucoup d'animaux et de plantes, la distinction entre mâles et femelles est maintenue par des gènes dédiés, ou des groupes de gènes, qui ont évolué indépendamment dans différentes espèces. Le déterminisme du sexe peut faire intervenir des chromosomes entiers comme les chromosomes X/Y ou Z/W, ou être limité à des régions plus petites comme chez les levures et les algues vertes d'eau douce. Les systèmes génétiques de détermination du sexe ont évolué de manière indépendante selon les taxons mais ils montrent une convergence évolutive liée à une sélection pour réduire la recombinaison autour des régions déterminant le sexe, et à une dégénérescence des chromosomes Y ou W du fait de l'absence de recombinaison. L'asymétrie existant entre chromosomes X(ou Z) et chromosomes Y(ou W) devrait disparaître chez les organismes à cycles haploïde ou haploïde-diploïde chez qui le sexe est exprimé en phase haploïde, les individus diploïdes possédant à la fois la région mâle et la région femelle. Cependant, le déterminisme du sexe reste relativement peu connu chez ces espèces (notamment chez les pluricellulaires). Aucun locus lié au déterminisme sexuel n'a été identifié jusqu'à présent chez les algues brunes. Notre objectif est d'identifier et de caractériser le locus du sexe chez *Ectocarpus*, algue modèle de la lignée brune dont le génome d'une souche mâle a été entièrement séquencé. L'utilisation de puces à ADN a mis en évidence une région d'environ 0.6 Mbp uniquement présente chez les souches mâles, comme les régions mâle-spécifiques observées sur les chromosomes Y humains ou de certaines plantes ou animaux. A court terme, les enjeux du projet sont de déterminer l'étendue du locus du sexe, de le cartographier et d'étudier la fréquence des recombinaisons au voisinage de ce le locus du sexe. En parallèle, une souche femelle a été envoyée pour séquençage au Génoscope afin de déterminer la région du génome qui serait femelle-spécifique et de la comparer au locus mâle. A plus long terme, il est prévu d'explorer l'étendue de la conservation de cette région liée au sexe chez d'autres *Ectocarpales* d'abord, puis chez d'autres algues de la lignée brune telles que les *Laminaires*.

Marine Robuchon - CNRS UMR 7144 - Roscoff - robuchon@sb-roscoff.fr

P27/07 Titre : Conséquences de la reproduction partiellement asexuée sur la dynamique de la diversité génétique : Modèles vs données ponctuelles.

Solenn Stoeckel - Kevin Druet - Nicolas Parisey - Julie Jaquiéry - Laure Villate - Stéphanie Mariette - Jean-Christophe Simon - Jean-Pierre Masson

Les organismes partiellement asexués composent une grande partie des espèces et de la biomasse. Ces organismes jouent les rôles clés de producteurs primaires ou d'espèces ingénieurs (forêts et mangroves, récifs coralliens, phytoplancton, algues, plantes) dans de nombreux écosystèmes dont certains sont indispensables aux activités humaines. Par ailleurs, le nombre d'espèces propagées par voie asexuée risque d'augmenter rapidement si les industries du vivant utilisent massivement les technologies basées sur l'apomixie. Pourtant, les études de l'écologie et de la génétique évolutive de ces espèces font rarement appel à des modèles de génétique des populations adaptés lorsqu'il s'agit de formuler des prédictions théoriques ou de discuter des valeurs de diversité observées. Nous avons développé des modèles de génétique des populations formulés à un niveau génotypique afin de pouvoir prendre en compte la complexité des systèmes de reproduction et des cycles de vie des organismes. Ces modèles nous permettent de formuler des prédictions quant aux conséquences de la reproduction partiellement asexuée sur la dynamique des valeurs de paramètres de diversité génétique. L'objectif est de mieux comprendre comment la reproduction partiellement asexuée influe sur l'évolution des organismes et de mieux prédire les trajectoires évolutives de ces espèces. Dans le cadre de cette exposé, nous présenterons les modèles utilisés pour formuler les attendus théoriques espérés sous différents modes de mise en œuvre de la reproduction clonale et parlerons brièvement des méthodes théoriques et informatiques (parallélisation, utilisation de GPU, cloud computing) qui nous permettent de mieux prendre en compte la complexité des cycles de vie dans les modèles prédictifs et les outils d'analyses. Ensuite, nous présenterons les prédictions théoriques que nous avons obtenues afin de les comparer aux travaux théoriques précédemment publiés et à des jeux de données récoltés en populations naturelles sur différentes espèces (Insectes, Arbres et Nématodes). Cet exposé permettra de discuter de l'importance de la prise en compte des caractéristiques biologiques spécifiques dans les modèles afin d'interpréter correctement l'histoire évolutive des espèces et de prédire avec justesse leur évolution à venir.

Solenn Stoeckel - INRA, UMR BiO3P - le rheu - solenn.stoeckel@rennes.inra.fr

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

P29/01 Titre : Functional traits in extremophile plant communities: a gradient analysis of steppic savannas on natural copper-rich soil in Katanga (Dem. Rep. Congo)

Teresa Navarro - Maxime Séleck - Julie Lebrun - Grégory Mahy

Plant communities on soil naturally enriched in copper/cobalt are exceptional. In Katanga (Dem. Rep. Congo), natural outcrops of Cu/Co rich bedrocks are colonised by highly specialised, extremophile steppic savanna plant communities, contrasting with the surrounding forested landscapes. More than 30 species are endemic of those sites. In addition to heavy metal toxicity, the long dry season and seasonal disturbance by fire are other key constraints. On such "copper hills", gradients of decreasing copper contamination from the top to the bottom of the hill determine striking patterns of spatial variation in plant community structure. Here, we apply a functional plant community approach to the analysis of those gradients. Specifically, our objectives are: i) to document diversity in plant functional types for the first time in an African steppic savannas ii) to examine which plant functional traits are most responsive to copper gradients iii) to examine how functional diversity varies with Cu concentration in the soil iv) to test if species niches along the gradient are correlated to functional traits v) to test if foliar accumulation of copper is correlated to other functional traits. The first results obtained on the copper hill of Fungurume V will be presented.

Teresa Navarro - Depto. de Biología Vegetal, Universidad de Malaga. - Malaga - tnavarro@uma.es

P29/02 Titre : Plasticité phénotypique face aux modifications de l'environnement : comparaison des performances larvaires de têtards *P. esculentus* (*Amphibia, Ranidae*) venant de deux habitats différents

Cécile PATRELLE

La plasticité phénotypique est la capacité d'un génotype d'exprimer des phénotypes alternatifs pour correspondre à l'environnement auquel il est soumis. Elle peut induire des réponses réversibles ou irréversibles, et peut avoir des effets importants sur la fitness individuelle et la dynamique des populations. Les amphibiens ayant un cycle de vie complexe et utilisant plusieurs habitats, leurs traits d'histoire de vie sont très flexibles, permettant aux individus de s'acclimater à l'environnement. Dans un contexte de déclin mondial des amphibiens, comprendre leur capacité d'accommodation à l'échelle de la population est un enjeu majeur. Nous avons étudié la relation potentielle entre l'habitat d'origine des grenouilles vertes et leur capacité d'acclimatation. Six croisements expérimentaux de grenouilles vertes du complexe *P. esculentus* ont été réalisés, provenant de mares forestières et/ou prairiales. Les têtards issus de ces croisements ont été élevés à 20°C ou 26°C, ces températures étant choisies afin d'imiter les deux habitats parentaux. La réponse des têtards élevés à ces deux températures a été mesurée par le biais de trois traits, le taux de survie, le temps de développement et la taille à la métamorphose. Les résultats montrent que les têtards élevés à 26 ° C ont un meilleur taux de survie, une plus petite taille et se sont métamorphosés plus tôt que ceux élevés à 20 ° C. Les têtards forestiers ont un meilleur taux de survie que les prairiaux, quel que soit la température à laquelle ils ont été élevés. Les têtards d'origine prairiale et mixte ont un taux de survie significativement meilleur à 26 ° C qu'à 20°C. Les résultats montrent que les têtards *P. esculentus* ont des performances larvaires différentes en fonction de l'habitat d'origine des parents. Du fait de leur fort taux de survie face aux deux températures, les têtards forestiers ont une plus grande plasticité phénotypique que ceux de prairie, ce qui suggérerait une adaptation locale des têtards prairiaux à leur habitat. Ainsi, identifier les facteurs biotiques et abiotiques considérés comme limitants, et comprendre les réactions des amphibiens et l'amplitude de leurs réponses est un challenge important en biologie de la conservation.

Cécile PATRELLE - cecile.patrelle@univ-angers.fr

P29/03 Titre : Comment des signaux macroévolutifs et des réponses actuelles des plantes à l'environnement peuvent-ils coexister ? La réponse du métabolome

Françoise Hennion - Marie Hermant - Cynthia Gauthier - Isabelle Litrico - Alain Bouchereau - Andreas Prinzing

L'hypothèse d'un double contrôle des traits fonctionnels des plantes par l'environnement et par l'histoire macroévolutive des espèces est actuellement en plein développement. Cependant, ces traits sont d'abord situés sous le contrôle proximal du métabolome. Chez les plantes, celui-ci est connu à la fois pour sa flexibilité de réponse à l'environnement et pour sa spécificité taxinomique. Comment cette capacité de réponse du phénotype et le background macroévolutif peuvent-ils coexister au sein des métabolomes des espèces ? Peut-on les observer tous les deux à l'intérieur des patterns métabolomiques montrés par les espèces dans leurs environnements présents ? Les caractéristiques et la flexibilité du métabolome sont-elles liées à des traits d'histoire de vie, ou aux histoires d'introduction des espèces ? Enfin, on s'interroge sur l'impact de la proximité phylogénétique de la communauté des plantes environnantes sur les traits de défense d'une espèce, au niveau du métabolome : une variation dans cette proximité phylogénétique de la communauté peut-elle induire une microévolution de la composition en composés de défense ? L'étude interspécifique a eu lieu aux îles subantarctiques de Kerguelen, chez des espèces ayant des histoires de vie et d'introduction diverses et prélevées dans des conditions abiotiques contrastées (altitude, salinité, saturation du sol en eau). Les compositions en amines de toutes les espèces, même présentes dans le même environnement, sont significativement différentes. De plus, ces différences reflètent la position phylogénétique des espèces. Quelle que soit l'espèce, le métabolisme des amines est corrélé avec le type d'environnement abiotique (haute altitude, forte salinité, forte saturation du sol en eau). Il apparaît ainsi qu'un phénotype métabolomique hautement conservé, la composition en amines, a pu évoluer au sein de chaque lignée majeure tout en gardant une flexibilité de réponse commune aux variations actuelles de l'environnement. Pour la question au niveau intraspécifique sur la différenciation microévolutive du métabolisme, on a étudié les variations du phénotype biochimique de l'espèce *Dactylis glomerata* cultivée en communautés contrôlées lors de l'expérience de Jena. La double aptitude d'un trait phénotypique à la fois au conservatisme phylogénétique et à la flexibilité écologique est encore peu connue en écologie. Cette caractéristique du trait de composition en amines est discutée en regard du rôle physiologique et de l'évolution de ces composés.

Françoise Hennion - CNRS - UMR CNRS Ecobio, Université de Rennes 1 - Rennes - francoise.hennion@univ-rennes1.fr

P29/04 Titre : Specific leaf area and other functional traits in the high Mediterranean mountain of the Sierra Nevada (SE Spain)

Teresa Navarro - Pierre Meerts - Rodriguez Carmen - Baltasar Cabezudo

Specific leaf area (SLA) is a key ecological trait proposed as indicators of plant resource use in data base of plant functional traits, but few data are available from cold, high-altitude environments. The aims of this study are to provide valuable eco-indicators for the biodiversity conservation related with the "Programa de Seguimiento de Cambio Global en el Parque Nacional de Sierra Nevada (SE Spain) integrated in the Global Change in Mountain Regions (GLOCHAMORE). We examine variation in SLA, leaf size and plant height in 66 perennial species from Sierra Nevada (SE Spain), at elevation between 1500 and 2600 m. Sierra Nevada provides localities where low temperatures combine with summer drought stress and high altitudes. Significant differences were found for SLA, leaf size and plant height between tree line and thorny cushion communities. Species from thorny cushion community have higher values of SLA, smaller leaves and plant height than the species from the tree line community. Maximum height ranges from 1cm to 1m, two orders of magnitude. Leaf size varies three orders of magnitude (sub-lepto- to nano-microphylls). Plant height was positively associated with leaf size, woody species with large leaves have highest size. Functional groups differ in mean SLA. Thus, SLA was significantly higher in rosette than in leafy herbs and in deciduous shrubs and semi-shrubs than in thorny cushion species. In thorny cushion community SLA was negatively associated with plant height. These findings provide interesting insight into variation in global patterns of vegetation functioning along altitudinal gradients in Mediterranean mountain.

Teresa Navarro - Universidad de Málaga - Málaga - tnavarro@uma.es

P29/05 Titre : Variabilité intra-spécifique du LMA chez le sapin pectiné (*Abies alba* Mill.) sur le Mont Ventoux

Olivier Taugourdeau - Maxime Cailleret - Hendrik Davi - Florence Courdier - Sylvie Sabatier

Les disciplines telles que l'écologie des communautés et la modélisation du fonctionnement des écosystèmes, sont de plus en plus basées sur les traits fonctionnels. Si les variations interspécifiques de ces traits sont très largement étudiées, peu de travaux ont été menés sur sa variabilité intra-spécifique, et intra-individuelle, à l'exception notable de l'environnement lumineux. Il est pourtant indispensable de les évaluer et de les relier à d'autres facteurs. Cela permettra ensuite de réaliser des échantillonnages plus fiables : nombre, position des prélèvements... La variabilité intra-spécifique du LMA (Leaf Mass Area) chez le sapin pectiné a été étudiée sur un gradient altitudinal situé au Mont Ventoux. Cette variable est très importante car elle conditionne notamment les capacités photosynthétiques de l'arbre et son efficacité d'utilisation de l'eau. Pour cette raison, elle est un paramètre clé des modèles écophysologiques simulant la croissance des plantes. De multiples effets ont pu être analysés au niveau intra-individuel: positionnement architectural dans le houppier, âge et date de l'aiguille, âge de la branche, et inter-individuel: effet du développement de l'arbre, de l'altitude, des caractéristiques du sol et de l'environnement lumineux. Les premiers résultats sur des arbres de canopée (hauteur supérieure à 10m) indiquent une augmentation significative du LMA avec le vieillissement des aiguilles et avec la hauteur de prélèvement de la branche au sein du houppier. Sur les arbres de sous-bois (hauteur inférieure à 3m) le LMA augmente avec l'environnement lumineux, le développement de l'arbre et la vigueur de l'axe, et diminue avec l'altitude et l'ordre de ramification. Le lien entre les arbres de canopée et de sous-bois est en cours d'analyse. Cette étude montre que les travaux de modélisation du fonctionnement des écosystèmes doivent prendre en compte cette forte variabilité intra- et inter-individuelle causée par des variations d'ordre endogène (génétique, ontogénie et structure) et environnementale, afin de mieux refléter la complexité naturelle. Ce travail permet également d'avoir un certain recul quant aux mesures interspécifiques des traits fonctionnels foliaires.

Olivier Taugourdeau - Université Montpellier 2, UMR AMAP - Montpellier - olivier.taugourdeau@cirad.fr

P29/06 Titre : Cyto-nuclear discordances reveal plant species circular range migration

Aurélie Khimoun - Monique Burrus - Christophe Andalo - Christophe Thébaud - Benoit Pujol

While hybridization is commonly seen as a potential opportunity to generate new genetic combinations, it also seems to play an important role in the called process "hybridization as a mechanism of dispersal". Recent theoretical advances have shown neutral introgression patterns generated by range expansion can be easily confounded with introgression patterns resulting from selection. We investigated large-scale introgression patterns between two subspecies of *Antirrhinum majus* across their geographic distributions to infer actual range movements. We compared geographic distribution of *A. majus* subspecies, chloroplast haplotypes and ROSEA gene frequencies which is mostly involved in the genetic determinism of flower color. Areas of cyto-nuclear discordance were revealed reflecting range shifts in the geographic distribution of *A. m. pseudomajus* and *A. m. striatum* that occurred in the past and suggests that they probably are still ongoing. We document a case study where *A. m. pseudomajus* and *A. m. striatum* populations expand their range in opposite directions around their zone of contact. As a result, the range shift of both subspecies is circular. *A. m. pseudomajus* expands its range northward on the east side of the contact zone by invading what was previously the habitat of *A. m. striatum* and *A. m. striatum* expands its range southward on the west side within the initial habitat of *A. m. pseudomajus*. Subspecies appear thus to replace each others in a rotation movement at the scale of the species geographic range.

Aurélie Khimoun - Laboratoire Evolution et Diversité Biologique - toulouse - khimoun@cict.fr

Session 30 : Diversité fonctionnelle et assemblage des communautés

P30/01 Titre : Utilisation de traits biologiques et écologiques pour caractériser les effets des pesticides sur les communautés de macroinvertébrés aquatiques et prédire la vitesse de fragmentation de la litière.

Arnaud Auber - Marc Roucaute - Thierry Caquet

L'un des défis actuels pour l'évaluation des risques écotoxicologiques est de parvenir à une meilleure compréhension et à une meilleure prédiction des effets des substances toxiques sur les caractéristiques taxonomiques et fonctionnelles des communautés et sur les processus écologiques associés. Dans une étude expérimentale à long terme, des mésocosmes extérieurs (bassins de 9 m³) ont été utilisés afin d'évaluer les impacts de quatre scénarios d'exposition aux pesticides représentatifs des pratiques agronomiques actuelles et présentant différentes caractéristiques qualitatives (identité des substances) et quantitatives (fréquence des traitements et concentrations utilisées, nombre de produits, etc.) sur les communautés de macroinvertébrés benthiques. Les traitements ont induit des diminutions significatives de l'abondance de la plupart des taxons présents, notamment les consommateurs de débris végétaux grossiers tels que le crustacé isopode *Asellus aquaticus*, le crustacé amphipode *Gammarus pulex* et le gastéropode *Lymnaea stagnalis*. Parallèlement, les pesticides ont induit un ralentissement significatif de la vitesse de fragmentation de feuilles d'aulne (*Alnus glutinosa*), paramètre utilisé pour caractériser la fonctionnalité des systèmes expérimentaux. L'analyse de la réponse des communautés sur la base de la fréquence de divers traits biologiques et écologiques a notamment mis en évidence l'influence importante du mode de respiration sur la réponse des macroinvertébrés aux traitements. Les organismes négativement affectés ont une respiration branchiale tandis que les groupes dont l'abondance était plus élevée dans les mésocosmes traités que dans les systèmes témoins ont une respiration tégumentaire. En complément à cette approche basée sur des valeurs de traits provenant de bases de données de la littérature, un indice combinant les données d'abondance et une mesure expérimentale quantitative d'un trait de performance (efficacité de fragmentation) chez des espèces «clés de voûte» s'est révélé être un bon prédicteur de la vitesse de décomposition des feuilles dans les mésocosmes. Cette approche expérimentale de l'estimation du potentiel fragmenteur des communautés benthiques des mésocosmes a aussi permis la détection de phénomènes de redondance fonctionnelle au sein de ces communautés qui doivent être pris en compte pour la prédiction des performances fonctionnelles à partir de données structurelles (abondances des différents groupes).

Arnaud Auber - INRA UMR 985 ESE -Rennes - Arnaud.Auber@rennes.inra.fr

P30/02 Titre : Communauté Peuplier noir / entomofaune de Loire : réponse des insectes à la diversité génétique de l'hôte

Sylvie Augustin - Marc Villar - Hervé Jactel

Des recherches récentes ont montré que la diversité génétique des arbres peut conditionner l'assemblage des communautés associées et ainsi façonner l'évolution des écosystèmes. Les arbres peuvent héberger une importante communauté d'insectes et certains de leurs traits fonctionnels (débourrement végétatif, surface foliaire...) peuvent avoir une influence majeure sur la consommation des insectes. L'objectif de cette étude est d'évaluer comment l'herbivorie interagit avec la diversité génétique intraspécifique de huit clones de peuplier noir du bassin de la Loire. Nous avons installé en avril 2009 un dispositif expérimental en milieu naturel au sein de la ripisylve à peuplier noir de l'ISS Loire (intensive study site, <http://www.evoltree.eu/>), comprenant 120 parcelles unitaires de 6 plants, en combinaison variable de 1 à 6 géotypes. Des dispositifs similaires ont été installés en Hongrie, Italie et Pologne dans le cadre du réseau d'excellence européen Evoltree. L'herbivorie a été mesurée par estimation visuelle des dommages foliaires de six guildes fonctionnelles d'insectes : brouteurs, squeletteurs, mineuses, enrouleurs, galligènes, piqueurs-suceurs. La réponse des insectes a été analysée en tenant compte du niveau de diversité et de la composition des parcelles. Les premiers résultats du dispositif de Loire montrent un effet positif de la diversité, principalement expliqué par une plus forte sensibilité des parcelles les plus diversifiées génétiquement.

Sylvie Augustin - INRA UR 633 UZF - Orléans - sylvie.augustin@orleans.inra.fr

P30/03 Titre : Reconstruire la niche écologique à partir des contraintes démographiques et physiologiques: une approche stoechiométrique

Tanguy Daufresne

La diversité des niches écologiques et des traits fonctionnels est remarquablement bien documentée dans la littérature écologique. Les mécanismes sous-jacents qui contraignent cette diversité le sont beaucoup moins. Dans cet exposé, je présente un modèle qui reconstruit le "champ des possibles" en matière de niche écologique dans l'espace des ressources fondamentales (énergie et nutriments essentiels) chez les microorganismes, à partir des principes démographiques et physiologiques de base. Ces principes incluent les compromis d'allocation vers les 4 grandes fonctions nécessaires à l'organisme pour être viable (acquisition des ressources, biosynthèse, structure et défense). Le modèle montre comment la stoechiométrie de la biomasse et les traits compétitifs, qui forment les deux composants de la niche, changent et co-varient suivant les stratégies d'allocation, et comment un compromis entre traits compétitifs émerge de ces contraintes. Ces résultats donnent lieu à un certain nombre de prédictions concernant la diversité des niches dans l'espace des ressources. D'une manière générale, ces résultats indiquent que le champ des possibles en matière de niche écologique n'est pas infini, et qu'il doit suivre une structure prévisible si l'on prend correctement en compte les contraintes physiologiques et démographiques de base. Je discute quelques conséquences de ces résultats, et en particulier le fait que la stoechiométrie de l'environnement doit avoir une influence importante sur le champ des possibles en matière de niches, avec des implications importantes pour le fonctionnement de l'écosystème.

Tanguy Daufresne - INRA-CEFS - Toulouse - daufresn@toulouse.inra.fr

P30/04 Titre : Trait convergence dominates over divergence in shaping the functional diversity of species assemblages from global to community scale

Grégoire Freschet - André Dias - David Ackerly - Rien Aerts - Peter Van bodegom - William Cornwell - Hiroko Kurokawa - Vladimir Onipchenko - Sarah Richardson - Hans Cornelissen

Manuscrit soumis à 'Ecology Letters' Abstract: From global to local scale, filtering of functional traits of the major species determines biogeochemical cycling. Leaf nitrogen content and specific leaf area represent terrestrial carbon and nutrient capture, storage and release. In a worldwide balanced, hierarchically structured dataset, 35% of the global variance in these traits was between climatic regions, only 15% between communities within regions and 50% within communities, indicating relatively loose trait filtering between communities within major climate zones. Comparing functional diversity in these traits of regional and community assemblages against random models of species assembly, trait convergence dominated over divergence at both global and regional scale. Large differences in the nature and strength of species assembly drivers seemingly explained the outcome of trait convergence/divergence across sites. Our findings will help tackle the next important challenge: to understand and predict the strengths of these drivers over time in different biomes, each with their own climate change regime. Keywords: Species assembly rules, functional diversity, specific leaf area, leaf nitrogen content, spatial scale, biome, community, variance partitioning, ecosystem function, climate

Grégoire Freschet - Dpt of Systems Ecology, Free University of Amsterdam - Amsterdam - gregoire.freschet@falw.vu.nl

P30/05 Titre : Diversité des traits au sein des genres de végétaux : la proximité aux espèces apparentées rend-elle diversifié ou uniforme ?

Marie Hermant - Françoise Hennion - Igor Bartish - Andreas Prinzing

Les lignées phylogénétiques ne varient pas seulement dans leur diversité spécifique mais aussi dans leur diversité de traits. Cette variation se retrouve au sein d'une même région ou d'un même environnement. Est-ce que cette variation dépend de la proximité évolutive des espèces qui coexistent dans un environnement ou dans une région ? Par exemple, dans certains genres, les espèces occupent des environnements similaires et proches de ceux occupés par leurs espèces apparentées (i.e. appartenant à d'autres genres de la même famille), alors que dans d'autres genres, les espèces occupent des environnements éloignés de ceux occupés par leurs espèces apparentées. Au sein d'une région, certaines espèces représentent des lignés exotiques et sont donc géographiquement éloignées de leurs espèces apparentées, alors que d'autres espèces représentent des lignées locales et sont géographiquement proches de leur espèces apparentées. La proximité des espèces apparentées peut induire une forte diversification de traits, par le biais de déplacement de caractères. Mais elle peut aussi induire une faible diversification par le biais d'une conservation de niche et donc de traits. Nous avons testé comment la diversité de traits d'histoire de vie au sein des genres d'Angiospermes d'Europe Centrale dépend de la proximité environnementale des espèces apparentées. Nous avons trouvé des relations fortes, mais complexes. En fonction des traits d'histoire de vie, des gradients environnementaux et de l'échelle de proximité considérés, on détecte aussi bien une diversité plus importante au sein des genres proches qu'au sein des genres éloignés de leurs espèces apparentées.

Marie Hermant - Université Rennes 1/ Centre National de la Recherche Scientifique; Unité - Rennes - Marie.Hermant@univ-rennes1.fr

P30/06 Titre : De l'utilisation des axes fonctionnels de spécialisation pour expliquer la croissance et la coexistence de 13 graminées de prairie permanente

Vincent Maire - Nicolas Gross - Laise Da Silvera Pontes - Frédérique Louault - Pascal Carrère

Les traits fonctionnels végétaux ont été proposés comme un outil capable d'établir les axes majeurs de spécialisation de l'histoire de vie des plantes et de leur stratégie d'acquisition des ressources, définissant ainsi leur niche et leur stratégie fonctionnelles. Ces axes de spécialisation entre traits, établis selon des lois de 'trade-off', caractérisent ainsi l'adaptation d'une espèce à l'environnement local et expliquent également les différences de performance entre espèces. De plus, différents axes indépendants de spécialisation peuvent être utilisés par les espèces pour se différencier et coexister. Cependant, la manière dont chacun des axes est relativement utilisé pour ces processus est rarement étudiée, particulièrement pour une même diversité dans différentes conditions de gestion. Dans notre étude, 28 traits fonctionnels, reflétant la morphologie, la phénologie, la physiologie et la composition chimique de 13 espèces de graminées ont été mesurés au champ en monoculture dans des conditions de perturbation et de stress en nutriments faibles (3 coupes an⁻¹, 360 kgN ha⁻¹ an⁻¹). Grâce à une analyse en composante principale (ACP), quatre axes majeurs de spécialisation ont été obtenus, réduisant les 28 dimensions issues des traits. Les coordonnées de chacune des espèces sur chacun des quatre axes de l'ACP ont ensuite été utilisées dans des régressions multiples pour expliquer leurs productivités en monoculture et leurs abondances en mélanges. Quatre conditions de gestion et trois mélanges de six espèces tirés au hasard dans le pool des 13 ont ainsi été testés. Les quatre premiers axes de l'ACP expliquent 76% de la variance. Le premier axe est un axe de stature opposant les espèces de haute stature aux espèces avec une forte surface spécifique racinaire. Le second axe est phénologique opposant les espèces précoces aux tardives avec une forte durée de vie des feuilles. Le troisième axe représente un compromis entre les capacités racinaires d'absorption NO₃⁻ / NH₄⁺. Enfin, le quatrième axe représente un compromis entre espèces dispenseuses et conservatrices de l'azote. Ces axes de spécialisation expliquent de manière significative à la fois la productivité des espèces en monoculture et leurs abondances en mélange. La productivité en monoculture est principalement expliquée par l'axe de stature quelque soit la gestion. L'abondance des espèces est expliquée quant à elle par le trade-off NO₃⁻ / NH₄⁺, l'axe stature puis l'axe acquisition / conservation de l'azote. La gestion modifiera la part de variance expliquée par chacun des axes. La part des axes trois et quatre augmentera avec le stress en nutriment.

Vincent Maire - INRA - Clermont-Ferrand - vmaire@clermont.inra.fr

P30/07 Titre : La guerre des clones : Utilisation du modèle Virtual Prairie pour étudier la dynamique d'assemblages de plantes clonales

Cendrine Mony - Yves Pennings - Anne-Kristel Bittebiere - Marc Garbey

La dynamique des assemblages d'espèces végétales dépend largement d'interactions locales entre individus. Ces interactions individu/individu sont influencées par le mode de croissance des espèces et notamment par leur capacité à coloniser l'espace adjacent par le biais de la reproduction végétative. Cette croissance clonale, répertoriée chez la plupart des espèces herbacées de systèmes tempérés se traduit par l'expression de plusieurs propriétés chez les individus (partage des ressources au sein du clone, prospection de l'espace, stockage des ressources...).

Nous avons développé un modèle d'agent individu-centré (modèle Virtual Prairie ; <http://vcsc.cs.uh.edu/virtual-prairie/>), prenant en compte ces propriétés clonales et simulant plusieurs centaines d'individus clonaux en interaction. Son couplage à l'utilisation du Volunteer Computing permet d'accroître les capacités de calcul et d'augmenter le nombre de simulations pouvant être réalisées, permettant ainsi de tester de manière exhaustive et réaliste des théories écologiques sur les règles d'assemblage d'espèces.

Nous développerons un exemple lié à la dynamique spatiale et temporelle d'espèces clonales en système perturbé et non perturbé. La forme de croissance des espèces clonales est classée selon un gradient allant d'une forme phalanx (réseau clonal très ramifié avec des connections de faible longueur) à guerilla (réseau clonal lâche avec des connections longues). Nous démontrons par le biais du modèle Virtual Prairie que plus les individus sont proches d'une forme guerilla, plus leur régression est rapide lorsqu'ils sont en compétition avec des individus phalanx en système non perturbé. Seule une perturbation fréquente favorise le maintien des individus guerilla. La capacité de plasticité au sein d'individus guerilla favorisant leur croissance dans les microsites les moins denses, permet la coexistence des deux types de formes clonales. Certains de ces résultats seront confrontés aux dynamiques observées sur des communautés végétales simplifiées mises en place dans le cadre d'un dispositif expérimental de grande envergure. Ce dispositif comprend 7 types d'assemblages qui diffèrent par la nature et le nombre de stratégies clonales en mélange (cespiteuse, guerilla, phalanx), et ce pour deux niveaux de richesse spécifique par stratégie (140 mésocosmes).

L'utilisation d'une démarche virtuelle permet de tester une large gamme de situations environnementales et d'identifier le ou les traits expliquant au mieux la dynamique observée expérimentalement ou par des observations de terrain. Elle vise également à isoler les situations où une démarche expérimentale complémentaire est nécessaire.

Cendrine Mony - Université de Rennes1 - UMR ECOBIO - Rennes - cendrine.mony@univ-rennes1.fr

P30/08 Titre : Diversité fonctionnelle animale, végétale et gradients d'urbanisation : ce que nous dévoilent les dépendances vertes ferroviaires

Caterina Penone - Nathalie Machon - Romain Julliard - Isabelle Le Viol

Les dépendances vertes ferroviaires représentent des surfaces importantes sur l'ensemble du territoire. Plus ou moins continues, reliant des centres urbains entre eux, elles traversent des paysages variés et en particulier des gradients d'urbanisation. Les communautés vivantes de ces milieux peuvent donc potentiellement contribuer à la compréhension des effets de ces gradients anthropiques. Notre étude, menée sur les dépendances vertes ferroviaires, a pour objectif de comprendre quels sont les effets de l'urbanisation sur les communautés, les assemblages fonctionnels et les interactions biotiques de plusieurs groupes taxonomiques. Notre choix a porté sur les plantes vasculaires, sur des espèces animales à faible mobilité (escargots, limaces) ainsi que sur des espèces sensibles aux variations environnementales (orthoptères). Afin d'explorer les différences de composition floristique, nous avons réalisé 71 relevés standardisés le long de deux lignes ferroviaires radiales en Ile-de-France. Sur ces mêmes sites nous avons effectué des relevés d'escargots et limaces. Enfin, nous avons mesuré la présence et l'abondance d'orthoptères de façon continue le long de différentes lignes ferroviaires. Les espèces inventoriées ont ensuite été caractérisées par leurs traits de vie. Les gradients d'urbanisation ont été évalués à travers le mode d'occupation du sol. Les caractéristiques abiotiques des sites ont également été prises en compte. Nous présenterons et discuterons les résultats obtenus au regard des hypothèses suivantes : (i) les gradients d'urbanisation ont un effet négatif sur la diversité fonctionnelle des communautés. (ii) L'urbanisation agit sur la flore à travers la sélection de traits liés à la reproduction. En revanche elle agit plutôt sur la spécialisation des communautés animales. (iii) En milieux fortement urbanisés, les interactions au sein des communautés d'une part et entre groupes d'autre part, sont fortement altérées. La pression anthropique domine à la fois la pression abiotique et les interactions biotiques. Cette étude nous permet de mieux comprendre le fonctionnement des communautés en milieu anthropisé, reste à comprendre comment les effets de la gestion de ces espaces (nécessaire au fonctionnement de l'infrastructure) se rajoutent aux effets de l'urbanisation.

Caterina Penone - CERSP UMR 7204 - MNHN - Paris - penone@mnhn.fr

P30/09 Titre : Dynamique de la diversité spécifique et fonctionnelle le long d'une succession primaire : communautés végétales d'escarpements anthropiques

Valerie Raevel - François Munoz - Cyrille Violle - John Thompson

La diversité biologique au sein d'une communauté peut être appréhendée en termes de composition spécifique, de structure d'abondances ou encore de traits biologiques. Une approche intégrée de ces composantes permet d'évaluer l'émergence de syndromes appelés stratégies écologiques, qui éclairent la nature des processus d'assemblage dans l'espace et dans le temps. Bien décrites dans le cadre des successions écologiques végétales post-culturelles secondaires, les trajectoires de stratégies écologiques le long de succession primaire sont encore méconnues, en raison d'une carence d'études intégrant les aspects floristiques et fonctionnels. Nous analysons ici la trajectoire spécifique et fonctionnelle d'une succession végétale primaire se déroulant sur des escarpements calcaires mis à nu par les travaux routiers et ferroviaires en région méditerranéenne, au moyen d'une chronoséquence s'étalant de moins de 10 ans à environ 150 ans. Ces habitats sont de plus soumis à de fortes contraintes écologiques : pente, et orientation, faible capacité de rétention de l'eau, quasi-absence de sol, ce qui les rendent originaux. Nous avons compté et identifié tous les individus présents sur 330 quadrats répartis sur 53 sites anthropiques regroupés en cinq classes âge (80 ans) et 13 affleurements naturels, pris comme système de référence. Nous avons également mesuré les traits fonctionnels (encombrement ; matière sèche des feuilles LDMC ; surface spécifique des feuilles SLA) des 100 espèces les fréquemment rencontrées. Au moyen d'une analyse RLQ et d'une approche statistique fourth-corner, nous montrons une trajectoire non linéaire de la diversité végétale convergeant avec l'âge vers l'état des escarpements naturels. Nous soulignons l'importante variation des systèmes de dispersion et des traits d'histoire de vie, ainsi que des traits foliaires de types SLA et LDMC. L'existence d'une « cassure » de la trajectoire successioneuse à un stade intermédiaire suggère un changement dans les compromis habituellement évoqués, et le remplacement des espèces rudérales par des stress-tolérantes spécialisées en passant par des compétitrices. Nous discutons ces résultats à la lumière d'autres études fonctionnelles des successions végétales primaires (moraines...), ainsi que sur la base des récentes études de successions post-culturelles secondaires en milieu méditerranéen.

Valerie Raevel - UMR CEFE - Montpellier - valerie.raevel@cefe.cnrs.fr

P30/10 Titre : Functional responses of a semi-natural grassland community to a combination of environmental, landscape and historical factors

Marie Vandewalle - Francesco De bello - Sandra Lavorel - Honor C. Prentice - Oliver Purschke - Triin Reitalu - Martin T. Sykes

Plant species diversity at a specific site is a consequence of the selection processes acting on individual species traits. The assemblage of dominant species is then expected to fit all the selective environmental forces at that site. Land use change, long term land use, past and current landscape fragmentation, soil conditions and current management have been identified separately as important drivers of species composition, mainly because they involve functional shifts as sets of species with particular traits are replaced by other sets with different traits. However, no studies have explored the combined effect of all these factors on the traits responses. The aim of this study was to explore the filtering effect of combining environmental, landscape and historical factors on plant functional trait composition, within a semi-natural grassland community. Simultaneous Autoregressive models (SARerror) were used to relate the responses of FD and CWM for each 9 traits to a set of 11 explanatory variables. In addition, unlike 80% of ecological studies dealing with spatial data, spatial autocorrelation was accounted for in the data analysis. We found that present-day functional trait composition of vascular plants was both explained by past and current environmental variables. These results suggest that empirical studies should be more integrative in the future in particular measuring wherever possible the effects of past environmental variables. Our study also highlighted the need to take spatial autocorrelation into account in real datasets, leading to more robust and replicable results.

Marie Vandewalle - LECA Grenoble et ENES Lund - Lund, sweden - Marie.Vandewalle@nateko.lu.se

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

P31/01 Titre : *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.

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

P31/02 Titre : Exploring carbon allocation patterns using natural carbon isotope abundance in oil palm in a North Sumatra environment

Emmanuelle Lamade - Chantal Fresneau - Marlène Lamothe - Caroline Mauve - Guillaume Tcherkez - Jaleh Ghashghaie

Oil palm trees (*Elaeis guineensis* Jacq), that are of substantial economical importance, produce oil in fruits bunches of more than 50 kilograms. Such an amount of organic material implies large carbon fluxes to reproductive tissues and high integrated leaf CO_2 assimilation to sustain lipid production. Here, we use $^{12}\text{C}/^{13}\text{C}$ isotopes as natural tracers to identify the origin of carbon atoms remobilized to produce fruit tissues until maturation. In fact, the carbon used for reproductive development may originate from trunk, roots (storage) or leaves. Therefore, in order to understand the patterns of carbon fluxes between autotrophic sources (leaves) and heterotrophic organs (fruits) within oil palm trees, the natural carbon isotope composition ($\delta^{13}\text{C}$) of total organic matter (TOM) and soluble sugars as well as lipids and starch from samples collected in the field (in Sumatra) was investigated. The sampling was carried out on leaves (leaflets, petioles and rachis) at different ages, trunks (along height), roots and fruits at different maturation stages. Floral buds, spikelets and peduncle were sampled too. Our first results on leaves reveal significant difference in $\delta^{13}\text{C}$ of TOM between young, heterotrophic leaves (leaf rank from -6 to 0), mature leaves (from rank 1, which is the first stage of leaf autotrophy) and old leaves (above rank 8): young leaves are significantly ^{13}C -enriched compared to older, autotrophic leaves. There is a gradient of $\delta^{13}\text{C}$ of TOM between leaflets (-29.0‰), rachis (-28.2‰) and petioles (-27.9‰). Heterotrophic organs are ^{13}C -enriched, with a $\delta^{13}\text{C}$ value around -27‰ (trunk meristem: -27.0‰; Roots: from -27.2 to -26.7‰; Terminal bud: -27.2‰; Stall: -27.3‰; Spikelet: -26.5‰; Floral bud before blooming: -27.6‰). Such enrichment has also been found in other plants while poorly explained. Fruit organic matter appears progressively depleted as maturation proceeds, from -26.9‰ after 2 months to -28.8‰ six months after pollination. This effect is related to the conversion of sugars to lipids (oleosynthesis), which are known to be strongly ^{13}C -depleted as compared to other metabolites. Still, our results suggest that the $\delta^{13}\text{C}$ value at the beginning of fruit development is enriched compared to leaf-assimilated carbon, indicating that unless particular isotopic fractionations occur, carbon remobilization from other organs such as roots and trunk sustain fruit initiation. Our current analyses focus on compound-specific isotopic analyses (starch, soluble sugar, lipids) so as to better characterize isotopic fractionations and draw hypotheses on tree-level carbon trafficking pathways between photosynthetic assimilates, carbon reserve pools and fruit/oil carbon.

Emmanuelle Lamade - CIRAD-PERSYST-UPR 80 - Montpellier - lamade@cirad.fr

P31/03 Titre : Utilisation de la méthode de dilution isotopique du soufre pour confronter 6 espèces prairiales sur la base de leurs caractéristiques fonctionnelles

Servane Lemauviel-Lavenant - Raphaël Leloup - Jean-Bernard Cliquet

En réponse à des mesures législatives mises en place afin de limiter les pollutions atmosphériques, les teneurs en soufre (SO_2 et H_2S) de l'atmosphère ont été réduites drastiquement. En conséquence, le soufre atmosphérique ne compense plus les exportations liées à la fauche et au pâturage des prairies. L'oligotrophisation progressive en S des sols qui en résulte aboutit à un déséquilibre, notamment lors d'une fertilisation NPK, qui peut modifier la dynamique des espèces prairiales. Le soufre peut être absorbé sous forme SO_4^{2-} par les racines ou par les feuilles sous forme SO_2 et H_2S . La connaissance des capacités des différentes espèces à absorber le S du sol mais aussi le S atmosphérique est nécessaire pour mieux comprendre la structure des communautés végétales prairiales et leur dynamique future. L'objectif de cette étude est de comparer, sur la base de la fonction d'acquisition du S atmosphérique et pédosphérique, des espèces prairiales appartenant aux trois groupes fonctionnels principaux définis dans les prairies (i) Les Poacées : *Lolium perenne*, *Dactylis glomerata* et *Agrostis stolonifera* (ii) les dicotylédones fixatrices de N_2 : *Trifolium repens* et *Trifolium pratense* (iii) Les dicotylédones non fixatrices *Ranunculus repens*. Les six espèces sont cultivées pendant 8 semaines sur un substrat inerte avec deux solutions nutritives, l'une contenant 0,5 mM de sulfate présentant un excès isotopique en ^{34}S de 1% et l'autre ne contenant pas de trace de sulfate. La contribution relative du S déposé par voie foliaire et celui absorbé par voie racinaire sont estimées par la méthode de dilution isotopique du ^{34}S de la solution nutritive par le S atmosphérique. Les capacités des différentes espèces à absorber le S pédosphérique lorsqu'il est disponible et le S atmosphérique en présence ou en absence d'une source de sulfate sont comparées. Les capacités d'absorption des espèces sont mises en relation avec des traits morpho-anatomiques foliaires (Surface foliaire, SLA, LMR, densité stomatique, épaisseur de la cuticule...) et racinaires (longueur, surface, TMDr...) et avec des traits physiologiques (teneurs en sulfate des limbes, en soufre et azote total). L'expérimentation vise à tester trois hypothèses (i) La capacité d'absorption racinaire n'est pas corrélée à la capacité d'absorption foliaire (ii) Les Fabacées, dont la fixation d'azote atmosphérique est sensible à la nutrition en soufre, sont les espèces les plus affectées par l'oligotrophisation en S (iii) Les Poacées et les dicotylédones ayant des morphologies foliaires contrastées se caractérisent par des capacités d'acquisition du S atmosphérique contrastées.

Raphaël Leloup - UMR INRA / UCBN 950 - Caen - mamielalouve@hotmail.fr

P31/04 Titre : Composition isotopique du CO_2 respiré par le sol : caractérisation du fractionnement durant le transport

Florian Parent - Bernard Longdoz - Caroline Plain - Daniel Epron

Les écosystèmes forestiers constituent un compartiment de stockage de carbone important et contribuent fortement aux échanges du carbone avec l'atmosphère. Le flux de CO_2 émis par le sol représente deux tiers de la respiration totale de l'écosystème et joue un rôle prépondérant dans la séquestration du carbone dans les sols forestiers. L'étude de la composition isotopique du CO_2 est un outil très puissant pour étudier les mécanismes de transfert du carbone à travers l'écosystème même si les processus de fractionnement qui affectent le CO_2 lors de son transport dans le sol sont encore très mal connus. Les profils verticaux des différentes sources et leur contribution au flux de CO_2 en surface sont également peu documentés. L'objectif de cette étude est donc d'estimer la distribution verticale dans le sol des différentes sources de carbone qui contribuent aux flux de CO_2 en surface. Pour cela les différentes sources de CO_2 provenant du sol devront être identifiées ainsi que leur distribution dans le sol et leur composition isotopique. L'étude visera également à déterminer quels sont les facteurs qui influencent les variations des flux de CO_2 provenant du sol en intensité et en composition isotopique. De plus, la différence de vitesse de diffusion entre le ^{12}C et le ^{13}C entraîne un fractionnement lors du transfert du CO_2 entre la source de production et le flux en surface, il existe donc une variabilité entre la composition isotopique de l'air contenu dans les pores du sol et celle du flux en surface. La méthode d'étude est basée sur la diffusion de l'air des pores du sol dans un flux d'air à travers un tube perméable à l'air et hydrophobe. Associés à un spectromètre de masse à diode laser modulable et placés à différentes profondeurs ces tubes permettent d'établir un profil vertical de la signature isotopique de la respiration ce qui constitue une avancée majeure dans la détermination du temps de transfert du CO_2 lors de son trajet dans le sol et dans la compréhension des processus de fractionnement qui ont lieu lors de ce trajet.

Florian Parent - UMR 1137 INRA UHP : Ecologie et Ecophysiologie Forestière - Nancy - florian.parent@nancy.inra.fr

Session 32 : Diversité fonctionnelle : principes et patrons

P32/01 Titre : Etude rhizosphérique de légumineuse voandzou sur rhizotron avec la technique d'analyse isotopique.

Andry Andriamananjara - Lilia Rabeharisoa - Christian Morel

La déficience phosphatée constitue la principale contrainte de la production agricole dans de nombreux sols notamment les sols acides riches en sesquioxides de fer et d'aluminium. Les légumineuses ont été étudiées depuis fort longtemps comme une alternative de redressement de la fertilité du sol. Afin d'étudier la contribution des mécanismes rhizosphériques qui interviennent sur la biodisponibilité du phosphore, notre étude de la légumineuse voandzou (*Vigna subterranea*) inoculé avec le *Bradyrhizobium* sp. Vigna CB756, a commencé par une sélection de lignées contrastantes pour l'efficacité d'utilisation de P pour leur fixation symbiotique de l'azote, puis une culture des deux lignées plus contrastantes en rhizotron pour d'analyser finalement les sols, rhizosphérique et non rhizosphérique, avec la technique de marquage isotopique avec le ^{32}P . La calibration de la dynamique des ions phosphates diffusibles (Pd) de la phase solide vers la solution du sol a révélé que l'activité rhizosphérique a augmenté Pd à court terme par rapport au sol non rhizosphérique. Cette augmentation de Pd a été plus élevée sous apport de 28 mg P kg⁻¹ sol que sous apport maximal de 70mg P kg⁻¹ sol. Bien que la valeur de Pd est faible, son augmentation est significativement plus marquée avec la lignée plus efficace en utilisation de P pour la fixation d'azote. Cet effet rhizosphérique a été observé aussi pour les autres paramètres, notamment l'activité phosphatase étant légèrement supérieure et le pH qui est plus faible. Il est conclu qu'il existe chez le voandzou en symbiose rhizobienne, une variabilité génotypique pour les interactions disponibilité de P et fixation de N₂ atmosphérique.

Andry Andriamananjara - UMR 1222 INRA-IRD - Antananarivo - njaraandry@yahoo.fr

P32/02 Titre : Effet de la carence nutritive à long terme sur les populations bactériennes endosymbiotiques hébergées par 2 bivalves tropicaux et conséquence de la remise dans le sédiment

Audrey Caro - Nathalie Elisabeth - Patrice Got - Olivier Gros

De nombreux bivalves tropicaux tels que *Codakia orbiculata* et *Linga pensylvanica* habitent des milieux riches en H₂S et vivent en association avec des bactéries endosymbiotiques sulfo-oxydantes. Ces 2 bivalves vivent en zone côtière peu profonde, à la limite de la zone oxic-anoxique du sédiment. L'incapacité à cultiver ces bactéries symbiotiques chimioautotrophes rend difficile l'étude de la physiologie du symbiote et la compréhension des interactions hôte-symbiote, en particulier les mécanismes de régulation de la population symbiotique par la cellule hôte. A partir d'individus fraîchement collectés (To), les suspensions purifiées de symbiotes extraites des 2 bivalves ont été analysées, après marquage au Sybr Green I, par cytométrie en flux. Les paramètres d'analyses comprennent le contenu génomique des symbiotes (proportionnel à la quantité de fluorescence réémise : FL1), la granulométrie/taille relative des symbiotes (SSC) et l'hétérogénéité de la population. Les populations symbiotiques des 2 espèces de bivalves présentent des différences importantes; les populations symbiotiques de *C. orbiculata* présentent des niveaux de FL1 et SSC relativement faibles et des populations assez homogènes. Par contre, l'espèce *Linga pensylvanica* présente des niveaux de SSC et de FL1 nettement supérieurs et une hétérogénéité davantage marquée que pour *C. orbiculata*. Les paramètres d'analyse des populations symbiotiques ont été suivis au cours du temps (6 mois) en soumettant les 2 espèces de bivalves à une carence nutritive à long terme. La taille/granulosité des populations symbiotiques de *C. orbiculata* diminue rapidement, accompagné par une diminution du contenu génomique. Par contre, la carence chez *L. pensylvanica* se traduit par une diminution de la taille/granulosité des symbiotes mais surtout par une augmentation du contenu génomique pendant les 5 premiers mois de carence et diminue ensuite à 6 mois. Ces différences d'évolution temporelle des populations symbiotiques de divers hôtes soumis à la carence nutritive suggèrent donc une différence dans la relation hôte-symbiote. Des individus de *C. orbiculata*, purgés de leurs symbiotes après 6 mois de carence, ont été replacés dans le sédiment naturel et leurs populations symbiotiques ont été suivies pendant 21 jours. Ceci se traduit par une augmentation rapide de la taille/granulosité des symbiotes pendant les 14 premiers jours, avec une augmentation tardive du contenu génomique, allant au-delà des valeurs à To. Après 21 jours dans le sédiment, les caractéristiques de la population symbiotique sont comparables à celles du To. Le contrôle de l'hôte sur sa population symbiotique semble être modulable en fonction de son propre état de carence.

Audrey Caro - Université de Montpellier 2 Labo ECOLAG UMR 5119 - Montpellier - audrey.caro@univ-montp2.fr

P32/03 Titre : Dynamique intra-annuelle de la formation du bois de trois espèces de conifères : Epicéa commun, pin sylvestre et sapin pectiné (dans les Vosges)

Henri Cuny - Cyrille Rathgeber - Meriem Fournier

La dynamique intra-annuelle de la formation du bois a été suivie pour trois espèces de conifères (Epicéa commun, Pin sylvestre et Sapin pectiné) dans les Vosges du nord au cours de l'année 2008. Pour cela, des petits échantillons de bois ont été prélevés hebdomadairement sur le tronc de 5 arbres par espèce. A partir des échantillons collectés, des coupes anatomiques ont été réalisées. En microscopie optique, quatre zones cellulaires peuvent être distinguées sur les coupes: les zones (1) cambiale, (2) d'expansion, (3) d'épaississement et lignification et (4) des trachéides matures. Les comptages cellulaires dans chacune des zones pour chaque date de prélèvement ont permis l'élaboration du calendrier de la formation du bois pour les trois espèces. La phénologie foliaire a également été observée hebdomadairement. L'initiation de l'activité cambiale et de la xylogénèse s'est faite fin avril pour les pins et les sapins, début mai pour les épicéas. Pour les trois espèces, elle succédait de quelques jours à la reprise de l'activité des méristèmes apicaux, en accord avec la théorie d'une régulation hormonale de l'initiation de l'activité cambiale. La cessation des divisions cellulaires dans la zone cambiale s'est produite entre fin août et mi-septembre en fonction de l'espèce, alors que la fin de l'activité des méristèmes apicaux est survenue entre mi-juin et début juillet pour les trois espèces. La longue durée entre ces deux phénomènes suggère que la fin de l'activité cambiale n'est pas soumise à un contrôle hormonal par les méristèmes apicaux. En raison d'initiations plus tardives et de fins plus précoces, l'activité cambiale et les phases de la xylogénèse ont été plus courtes chez les épicéas. La poursuite des analyses le long d'un gradient altitudinal pour plusieurs années nous permettra de mieux comprendre l'influence des facteurs écologiques sur la formation du bois en général et sur le comportement des espèces étudiées en particulier.

Henri Cuny - INRA, UMR 1092 (LERFoB) - Nancy - henri.cuny@nancy.inra.fr

P32/04 Titre : La coexistence des espèces végétales peut influencer sur la colonisation des racines d'une espèce cible par un champignon endomycorhizien.

Damien Derelle - Stephan Declerck - Patricia Genet - Isabelle Dajoz - Ingrid Van aarle

Les interactions symbiotiques sont des événements clés pour comprendre les mécanismes de coexistence des plantes. Les champignons mycorhiziens à arbuscules (CMA) forment des relations symbiotiques avec 80% des plantes terrestres. Ils occupent un rôle déterminant dans la structuration des communautés végétales et ce dès les premiers stades de succession via une influence sur la compétition des plantes entre elles (en assurant - ou non - la dominance d'une espèce hôte en fonction des bénéfices issus de la relation avec le champignon). De même, la composition des assemblages de plantes semble influencer la dynamique de colonisation des diverses plantes par le CMA. Dans ce travail, nous avons testé, en conditions contrôlées, les effets de différentes combinaisons de plantes sur la dynamique de développement et de colonisation d'un champignon CMA *Glomus* sp. MUCL 43194. Deux espèces végétales cibles (*Medicago truncatula* espèce mycotrophe, et *Silene vulgaris*, espèce faiblement mycotrophe) ont été insérées en traitements mono ou bispécifique dans un réseau d'hyphes extraracinaires du CMA. Les paramètres du réseau mycélien intra et extraracinaire ainsi que la colonisation intraracinaires ont été évalués sur une période de 12 jours. L'effet des combinaisons de plantes sur la réponse morphologique du système racinaire de chaque espèce à la présence du CMA a été mesuré. Nos résultats montrent un effet positif de la combinaison bispécifique sur le champignon avec une augmentation des longueurs hyphales du réseau extraracinaire, de la colonisation intraracinaire et du pourcentage d'arbuscules. En revanche, les combinaisons de plantes ne semblent pas avoir d'effet sur la réponse morphologique du système racinaire à la colonisation des espèces hôtes par le champignon. Ces résultats suggèrent l'importance de l'identité des espèces végétales voisines dans le fonctionnement d'un couple CMA / plante-hôte champignon. Lors de la mise en place de la symbiose, la présence d'une espèce végétale est susceptible dans certains cas de faciliter indirectement la colonisation d'une espèce hôte.

Damien Derelle - Bioemco CNRS UMR 7618 -Paris - derelle@biologie.ens.fr

P32/05 Titre : Les nématodes du sol, bio-indicateurs de l'impact de l'agriculture de conservation sur le fonctionnement biologique du sol

Djibril Djigal - Eric Blanchart - Cécile Villenave

Les pratiques culturales de l'agriculture de conservation AC fondées sur une perturbation minimale du sol, le maintien d'une couverture végétale en surface et une diversification des rotations et associations de cultures, se développent rapidement dans les Hautes Terres de Madagascar. Pour évaluer les modifications sur le fonctionnement biologique du sol liées à ces pratiques et les raisonner, nous avons étudié et comparé l'impact des systèmes en AC sous différentes rotations culturales (S₂=Riz/maïs+Eleusine; S₃=Riz/maïs+Soja + (radis)) à celui du labour sur les nématodes dans un dispositif agronomique mis en place en 2005. Les nématodes extraits du sol (collecté en mars 2010) par la technique d'éluatriation de Seinhorst, ont été identifiés au niveau du genre ou de la famille, puis regroupés selon leur comportement alimentaire en groupe trophique: bactérivores, fongivore, phytophage, prédateur et omnivore. L'état des réseaux trophiques du sol a été également évalué par le calcul des indices de structure et d'enrichissement (SI et EI), de même que l'indice NRC qui permet de déterminer les voies de décomposition de la matière organique. Les résultats montrent qu'après 5 ans, l'AC sous rotation S₂ n'a pas induit de changements majeurs au niveau de la nématofaune par rapport au labour, contrairement à l'AC sous rotation S₃. En effet, les nématodes phytoparasites constituent la population la plus abondante dans les deux systèmes de culture, mais le nématode des lésions *Pratylenchus* qui domine le peuplement dans les sols des systèmes labourés, diminue fortement dans les sols des systèmes en AC sous la rotation S₃ au profit de *Helicotylenchus* qui est moins pathogène. De plus, les nématodes bactérivores sont plus abondants dans ce système comparé au système labour, ce qui indique que l'activité bactérienne est beaucoup plus forte dans les sols en AC sous rotation S₃. Le diagnostic du réseau trophique indique également que les systèmes en AC apparaissent plus structurés que le labour avec une chaîne trophique plus complexe et une décomposition de la matière organique à dominante bactérienne. Les nématodes du sol constituent de bons bio-indicateur pour évaluer les changements du fonctionnement biologique du sol induit par les pratiques culturales.

Djibril Djigal - IRD, UMR Eco&Sols - Dakar - djigald@yahoo.com

P32/06 Titre : Dynamique à long terme de la végétation dans forêts françaises : l'eutrophisation joue un rôle clef

Jean-Luc Dupouey

La végétation de strates herbacées est un indicateur pertinent de certaines conditions édaphiques et climatiques. Elle a été abondamment utilisée pour caractériser les variations spatiales de l'environnement forestier, par exemple en typologie des stations forestières. Plus récemment, on s'est intéressé à ses variations temporelles, afin d'étudier l'impact éventuel des changements environnementaux globaux en cours. Nous présentons ici les résultats de 20 ans de rééchantillonnage de la végétation forestière dans les forêts françaises. Au cours de 14 études différentes, nous avons rééchantillonné, à des intervalles de 15 à 50 ans, 1625 placettes permanentes. Nous avons aussi étudié les variations de la végétation dans des réseaux non permanents (17565 placettes). Ces études couvraient des régions allant du massif forestier à la France entière. Leur objectif initial était la recherche de l'impact des pluies acides, dans les années 1970, ou des changements climatiques, plus récemment. Les changements de végétation ont été analysés à partir des variations des valeurs indicatrices d'Ellenberg ou de Landolt pour le climat et les conditions édaphiques. Les résultats montrent un déplacement net, sur tout le territoire, des communautés végétales vers des stades plus eutrophes, avec une forte augmentation de la fréquence des espèces nitrophiles. Dans le même temps, les indicateurs climatiques ou d'acidité des sols montrent des réponses variées selon les régions ou les périodes d'observation. Nous en concluons que l'eutrophisation des milieux forestiers a été le principal moteur de la dynamique des communautés végétales au cours de la seconde moitié du XXe siècle dans les forêts françaises.

Jean-Luc Dupouey - INRA, UMR Ecologie et Ecophysiologie - Nancy - dupouey@nancy.inra.fr

P32/07 Titre : Caractérisation fonctionnelle de huit Poaceae - Relations entre traits foliaires et racinaires

Florian Fort - Claire Jouany - Cyprian Stroia - Eric Lecloux - Pablo Cruz

Les théories écologiques établissent les stratégies d'acquisition de ressources chez les plantes grâce à l'étude des traits fonctionnels aériens. Or ce sont les racines qui permettent l'acquisition des ressources minérales et hydriques. Notre objectif est : (i) de caractériser le fonctionnement de huit poaceae à partir de leurs traits racinaires mesurés en condition limitante en azote, (ii) de préciser des relations entre les traits aériens et racinaires. Nous avons mené cette étude sur 8 espèces de Poaceae cultivées en monoculture, depuis cinq ans. En fin d'hiver, nous avons prélevé au centre des parcelles quatre carottes de terre (5cm de diamètre, 80cm de profondeur), dont on a extrait les racines afin de mesurer les traits fonctionnels. Ensuite vingt feuilles de chaque espèce ont été collectées au stade végétatif pour mesurer des traits foliaires. Une analyse en composantes principales à partir des traits racinaires a permis de discriminer deux groupes : (i) *Agrostis capillaris*, *Dactylis glomerata*, *Holcus lanatus* et *Lolium perenne*; (ii) *Brachypodium pinnatum*, *Deschampsia cespitosa* et *Festuca arundinaceae*. Le premier groupe est caractérisé par des longueurs spécifiques racinaires (SRL) et des teneurs en azote (RNC) élevées, mais des faibles biomasses (DM) et longueurs (L). Ces espèces produisent donc une faible quantité de racines avec une durée de vie courte, mais capables d'exploiter efficacement les ressources ; il s'agit d'espèces de milieux riches. A l'inverse les espèces du second groupe possèdent un réseau racinaire dense (forte DM et L) et une faible SRL ; il s'agit d'espèces adaptées à des niveaux de ressources (nutriments et/ou eau) limitants. *Festuca rubra* a une position intermédiaire pour les traits cités précédemment mais se discrimine par une densité de tissus (DENS) plus forte. Nous avons obtenu de bonnes corrélations entre les traits racinaires et aériens. La surface spécifique foliaire est négativement corrélée ($p < 0,05$) aux longueurs et biomasses racinaires et positivement avec la SRL. Cependant ces corrélations sont plus marquées si l'on exclut des régressions les deux espèces adaptées au stress hydrique (*Brachypodium pinnatum*, *Lolium arundinaceum*). Pour ces espèces les valeurs de traits racinaires indiqueraient plus que les traits foliaires l'aptitude à tolérer le stress hydrique. L'étude des traits fonctionnels racinaires tout comme celle des traits foliaires met en évidence des groupes d'espèces aux stratégies écologiques contrastées. De plus les traits racinaires rendent mieux compte que les traits foliaires, de l'aptitude de certaines espèces à tolérer le stress hydrique.

Florian Fort - INRA, UMR 1248 AGIR - Toulouse - fort.florian@gmail.com

P32/08 Titre : Diversité des réponses écophysiological et moléculaires pour un complexe de frênes européen (*Fraxinus angustifolia* L. et *Fraxinus excelsior* Vahl. et leurs hybrides) face à la contrainte hydrique.

Romain Joseph - Christian Raquin - Najat Takvorian - Stephane Bazot - Juan Fernandez-Manjares - Claire Damesin - Nathalie Frascaria-Lacoste

Les derniers scénarios du changement climatique, prévoient une élévation de température (Europe, +2 à +4°C en moyenne en 2099, IPCC, 2007) associée à des épisodes extrêmes, sécheresses sévères par exemple. Ces changements ont déjà un impact observable sur les forêts. Connaître les potentialités d'adaptation des espèces forestières s'avère crucial afin de comprendre leurs réponses et le devenir des services écosystémiques associés. Dans ce cadre, nous allons nous intéresser à un complexe d'espèces du genre *Fraxinus*, (frêne, Oléacées). En France *F. excelsior* L., et *F. angustifolia*, Vahl., sont des espèces autochtones présentant une plasticité phénotypique et écologique remarquable. *F. excelsior* occupe des habitats allant des flancs de montagne jusqu'aux plaines inondables *F. angustifolia* a une aire plus méditerranéenne et se localise le long des cours d'eau. L'hybridation, suspectée depuis longtemps a été prouvée en conditions contrôlées et observée en milieu naturel. Les principales zones documentées sont la vallée de la Saône et de la Loire. Cette hybridation, pourrait favoriser l'apparition d'écotypes plus aptes que les espèces parentales à faire face à un environnement changeant. Une étude récente, a montré en conditions hydriques optimales un fonctionnement physiologique différent entre écotypes parentaux et hybrides ainsi qu'entre les différents hybrides analysés. Notre objectif est de comprendre les potentialités d'adaptations des différents écotypes (espèces parentales et statut hybride) sous une contrainte abiotique (stress hydrique) en caractérisant leurs réponses à la fois de manière fonctionnelle (caractéristiques écophysiological) et moléculaire (expression des gènes et protéomique). Pour répondre à cet objectif, un dispositif expérimental en serre, en conditions semi-contrôlées révélera la variabilité de la réponse des écotypes de frêne. Nous avons choisi 6 populations de frênes (2 *F. excelsior*, 3 hybrides, 1 *F. angustifolia*) qui représentent un gradient « éco-génétique ». Des graines de ces populations ont été cultivées in vitro. Le stress hydrique sera découpé en 3 paliers durant lesquels il sera maintenu à un niveau constant. Durant ces périodes, des mesures écophysiological (photosynthèse, conductance stomatique, efficacité d'utilisation de l'eau) et des prélèvements de feuilles pour les analyses de transcriptomique (cDNA-AFLP) et protéomique seront réalisés. Cette étude devrait permettre de déterminer quels sont les écotypes présentant le plus de potentialités adaptatives face à la sécheresse et quels sont les gènes associés à la réponse fonctionnelle.

Romain Joseph - Laboratoire ESE UMR8079 CNRS-UPS-Agroparistech - 91045 Orsay - romain.joseph@u-psud.fr

P32/09 Titre : La strate arborée est-elle affectée par les brûlages dirigés : Comparaison du métabolisme secondaire chez deux pins méditerranéens.

Anne-Violette Lavoir - Elena Ormeno lafuenta - Stéphane Greff - Vanina Paqualini - Lilas Ferrat - Catherine Fernandez

D'après les scénarios de changements climatiques, la fréquence des incendies de forêt en région méditerranéenne a tendance à s'accroître, augmentant ainsi la vulnérabilité des forêts à valeur économique et/ou patrimoniale. Les organismes gestionnaires des espaces forestiers ont donc développés différentes techniques pour minimiser les risques d'incendie. Parmi ces dernières, les brûlages dirigés permettent l'élimination par combustion des strates arbustives et herbacées, limitant ainsi la présence de combustibles. Cette approche est de plus en plus utilisée mais son impact sur la strate arborée est encore controversé. Le projet GIS Incendie dont est tirée cette étude avait pour but d'analyser les impacts potentiels des brûlages dirigés sur le métabolisme secondaire de deux pins méditerranéens (*Pinus nigra* Arn. ssp. *laricio* (Poir.) *corsicana* (Loud.) Hyl. et *Pinus halepensis* Mill.). Les métabolites secondaires (phénols et terpènes contenus dans les feuilles) ont été comparés selon différentes modalités de brûlage (parcelles ayant subi 0, 1 ou 2 brûlages dirigés) ou d'âge des brûlages (année du brûlage, un an après, plusieurs années après) Chez *P. halepensis*, les individus ayant subi des doubles brûlages présentent une teneur en phénols et en terpènes plus importantes que sur les parcelles témoins. On note également des variations de cette teneur selon l'âge des brûlages : plus le brûlage est récent, plus la teneur en terpènes est élevée. Cette espèce répond donc au stress du brûlage en renforçant son processus de défense. A l'inverse aucun impact significatif des brûlages dirigés n'a été observé sur le métabolisme secondaire de *P. laricio*. Les deux espèces ne présentent donc pas la même sensibilité à ce type de stress : soit *P. laricio* est moins sensible que *P. halepensis* et ne réagit pas aux brûlages, soit sa résilience est plus rapide.

Anne-Violette Lavoir - IMEP -Marseille - avlavoir@gmail.com

P32/10 Titre : Mise en relation de stratégies écologiques de Poacées prairiales avec les caractéristiques de mise en réserve et de mobilisation des glucides

Servane Lemauviel-Lavenant - Nicolas Virlet - Annette Morvan-Bertrand - Marie-Laure Decau - Emmanuelle Personeni

Les prairies sont des formations végétales dominées par des Poacées et maintenues à un stade herbacé grâce à des perturbations récurrentes (fauche ou pâturage). La dynamique végétale au sein des prairies est modulée par un certain nombre de facteurs naturels comme anthropiques parmi lesquels la fertilité du sol joue un rôle majeur. Deux stratégies adaptatives s'opposent ; les espèces conservatives, favorisées dans les prairies pauvres sont caractérisées par un faible taux de croissance alors que les espèces exploitatives, les plus compétitives, sont caractérisées par un fort taux de croissance et dominent les prairies des sols fertiles. D'un point de vue physiologique, la reprise de croissance au printemps et la synthèse de nouveaux tissus foliaires après une fauche sont associées à une mobilisation des réserves glucidiques chez les poacées prairiales. Chez ces espèces, les glucides peuvent s'accumuler dans les tissus végétatifs sous deux formes principales: l'amidon et les fructanes (polymères de fructose synthétisés à partir du saccharose). La prédominance de l'une ou l'autre de ces formes de réserve glucidique est variable selon les espèces de Poacées et les conditions de culture. Outre leur rôle de réserve, les fructanes seraient également impliqués dans la tolérance aux stress hydriques (sécheresse, froid) du fait de leur capacité à protéger les membranes de la déshydratation. Malgré une connaissance très fine des rôles physiologiques et du métabolisme des fructanes chez les Poacées, la question de l'avantage écologique des espèces synthétisant des fructanes reste posée. L'objectif est de tester l'hypothèse selon laquelle les stratégies écologiques de ces espèces prairiales en condition de fauche seraient liées aux caractéristiques de mise en réserves et de mobilisation des glucides. Huit espèces de poacées prairiales (*Agrostis stolonifera* L., *Anthoxanthum odoratum* L., *Cynosorus cristatus* L., *Dactylis glomerata* L., *Festuca pratensis* Hudson, *Holcus lanatus* L., *Lolium perenne* L., *Phleum pratense* L.) ont été choisies de façon à représenter un gradient de stratégies écologiques (conservatives à exploitatives). Des individus mûres ont été prélevés en prairie (Le Pin au Haras, Orne) puis cultivés en conditions contrôlées sur deux substrats contrastés du point de vue de l'alimentation minérale. Dans chacune de ces conditions, les individus ont été prélevés pendant les deux semaines suivant une coupe et sont comparés en termes de : (i) traits fonctionnels aériens et racinaires; (ii) RGR après coupe; (iii) nature des réserves glucidiques, (iv) capacités de mobilisation et de mise en réserve des glucides.

Nicolas Virlet - UMR 950 INRA / Université de Caen Basse Normandie - caen - bouclochardu@hotmail.com

P32/11 Titre : Effets interactifs d'un assèchement et d'une fauche accrue sur les interactions biotiques et le fonctionnement de pelouses calcaires extensives

Jean-Paul Maalouf - Emilie Bâchelier - Lilian Marchand - Baptiste Regnery - Blaise Touzard - Richard Michalet

Des études ont montré que les écosystèmes arides sont sujets à la désertification lorsqu'ils sont soumis à un surpâturage, en particulier en cas de sécheresse accrue. Selon certains modèles, l'effondrement des interactions biotiques positives entre espèces et notamment celles dont bénéficient les espèces intolérantes aux stress serait un des mécanismes responsables de cette dégradation du couvert végétal. Dans ce contexte, l'effet d'une interaction entre une sécheresse printanière (stress sévère) et un surpâturage (forte perturbation) sur les interactions biotiques est testé expérimentalement (2009 et 2010) sur un type de milieu stressé hydriquement et emblématique en Europe : les pelouses calcaires. Deux facteurs (sécheresse induite expérimentalement et augmentation de la fréquence de fauche) ont été croisés dans des parcelles sur deux types de pelouses à xéricité décroissante: le Xerobromion et le Mesobromion. Au sein de ces parcelles, des individus de 4 espèces (*Koeleria vallesiana*, *Seseli montanum*, *Thymus serpyllum* et *Teucrium chamaedrys*) ont été utilisés comme espèces cibles pour mesurer les interactions biotiques. Un disque de 20 cm de diamètre a été désherbé autour de la moitié de ces cibles. De plus, des talles de deux espèces à stratégies différentes (*Bromus erectus*, tolérante au stress, et *Brachypodium rupestre*, intolérante au stress) ont été transplantées dans des conditions contrastées de biomasse environnante de l'espèce dominante de ces pelouses (*Festuca ovina*). La survie et la production de biomasse des cibles et des transplants, ainsi que la richesse spécifique et le fonctionnement des écosystèmes seront suivis jusqu'à la fin de l'été 2010. Les résultats sur le printemps 2009 suggèrent une augmentation de la facilitation, ainsi qu'un ralentissement marqué de la vitesse de décomposition de la litière avec l'assèchement. Les conséquences de ce dérèglement précoce du fonctionnement écosystémique sur les interactions biotiques et la diversité seront abordées durant la saison de végétation 2010.

Jean-Paul Maalouf - Laboratoire BIOGECO - Talence - jean-paul.maalouf@u-bordeaux1.fr

P32/12 Titre : A comparison of the metatranscriptomes of two contrasted soils

Tarfa Mustafa - Jean-Marc Bonneville - Roberto Geremia

We undertook to decipherate the biochemical functions expressed by fungi within two soils by high throughput sequencing of cDNA libraries. Total RNA was extracted from bulk soil of two neighbour alpine meadows differing sharply by their snow cover duration (late snow melt, LSM, and early snow melt, ESM), but also by their floristic content and their edaphic properties. Upon RNA reverse transcription, PCR amplification and Titanium pyrosequencing, initial datasets displayed a bimodal size distribution, with one third of short sequences (frequently containing polyT-tracks); after primer + homopolymer trimming, the libraries contained 58978 and 43472 cDNA reads for LSM and ESM, respectively, with an average length of 346 nucleotides. Despite the use of oligo-dT priming to enrich cDNA in eukaryotic mRNA sequences, a subset of 10-15% of reads matched ribosomal RNA sequences, allowing insights into the structure of the local microbial community. The complementary subset was submitted to the MG-RAST metagenomic server, which identified a coding gene with similarity for about 16% of the reads. The proteins encoded by these annotated genes are proposed to be mostly of eucaryotic origin (fungi, plant, metazoan), yet >25% of them would be of bacterial origin. The overall distribution of cDNA reads into functional categories was largely similar in the two soils. A few categories, though, displayed differences. Transcripts related to heavy metal resistance, for instance, were more represented in ESM- than in LSM soil. Also, among cDNAs related to phenylpropanoid pathways, apigenin biosynthetic cDNAs were more abundant in ESM than LSM, whereas the opposite was true for flavanone biosynthesis. To reduce dataset complexity, overlapping reads were assembled using CAP3. The 50039 LSM non-ribosomal reads were assembled into 5876 putatively coding contigs, leaving 25987 orphan singletons; by contrast, the 8943 rRNA reads assembled into 907 contigs and 1562 singletons. Rarefaction analysis is now used to evaluate the complexity of the soil metatranscriptomes. To overcome the limitations encountered with data analysis using on-line annotation servers like MG-RAST and Blast2GO, we are developing a standalone bioinformatic annotation pipeline. This has allowed to retrieve protein entries similar to a given translated cDNA read, with a frequency of 87% (for E-value=10e-6) for the Trembl database. For the SwissProt knowledgebase, the frequency is lower (26%); further annotation extracting the Gene Ontology terms will allow more refined functional queries on these datasets.

Tarfa Mustafa - LECA -Grenoble - tarfa1975@hotmail.com

P32/13 Titre : Emissions saisonnières de COV (Composés Organiques Volatils) du chêne kermès après épandage de compost de boues de station d'épuration

Romain Olivier - Anne-Violette Lavoir - Virginie Baldy - Catherine Fernandez

La production française de boues urbaines augmente chaque année, saturant les voies de recyclage actuellement disponibles. Dans un tel contexte, l'épandage de ces déchets en milieu naturel constituerait une alternative à leur enfouissement ou incinération. Il est néanmoins indispensable d'étudier l'impacte environnemental de cette pratique aujourd'hui toujours interdite. Cette étude vise à estimer l'effet à court terme d'un épandage de compost de boues de station d'épuration, en garrigue, sur les émissions de COV (Composés Organiques Volatils) du chêne kermès (*Quercus coccifera*), l'espèce arbustive majoritaire. Ces composés favorisent l'accumulation d'ozone troposphérique et donc les épisodes de pollution de l'air. L'étude est réalisée sur le plateau de l'Arbois, près d'Aix-en-Provence. Un compost de boues a été épandu en juillet 2007 sur certaines parcelles du site, à hauteur de 50 ou 100 tonnes par hectare. Les composés émis ont été prélevés avec la technique d'enfermement d'organes en chambres dynamiques. L'échantillonnage a été réalisé pendant les étés 2007 et 2009, ainsi que sur un suivi saisonnier trimestriel en 2008. Le chêne kermès se distingue des espèces émettrices telles que le romarin par le fait qu'il ne stocke pas ces composés dans ses feuilles avant de les émettre : la synthèse des composés fait suite à leur libération quasi immédiate. Du fait de cette absence de réservoir « tampon » entre la synthèse et l'émission, on considère que son taux d'émission est principalement contrôlé par la température et la lumière qui agissent respectivement sur l'activité enzymatique et la synthèse de précurseurs à partir du carbone assimilé. C'est pourquoi, pour s'affranchir de l'effet court terme des conditions environnementales, on normalise les émissions à des températures et rayonnements standard. Cette normalisation n'intègre cependant pas l'effet saisonnier qui affecte fortement ces émissions. Les résultats font état d'une saisonnalité nettement marquée se traduisant par un taux d'émission normalisé globalement 3 fois plus faible en hiver et à la fin du printemps, par rapport à l'automne. Le compost a significativement augmenté les émissions en juin 2008. Cette même tendance se retrouve pendant l'été 2009. La majorité des composés a vu au moins une fois son taux d'émission augmenter significativement avec l'apport de compost entre mai 2007 et juin 2009. L'assimilation accrue des nutriments apportés par l'épandage n'explique pas totalement l'effet positif du compost sur les émissions de COV, via une augmentation des performances photosynthétiques. Les propriétés physiques de cet amendement peuvent avoir eu un effet prépondérant, à court terme.

Romain Olivier - Université de Provence - IMEP -Marseille - rom.olivier@gmail.com

P32/14 Titre : Bioturbation tubulaire de 2 lombriciens anéciques (*Lumbricus terrestris* & *Aporrectodea giardi*) et circulation de l'eau dans les sols

Denis Piron - Pérès - Boubrit - Ablain - Hallaire - Cluzeau

Les lombriciens anéciques modifient les propriétés physiques du sol et en affectent ainsi les propriétés hydrauliques. Ce groupe écologique des anéciques comprend des individus de grande taille construisant un réseau de galeries semi-verticales. Cependant, Jegou & al (2001) ont montré des différences prononcées entre 2 espèces anéciques, *Lumbricus terrestris* L. et *Aporrectodea giardi*, dans la géométrie de leurs réseaux de galeries (longueur et connectivité). L'objectif de ce travail expérimental est d'étudier la conséquence des activités de bioturbation de ces 2 espèces sur la circulation de l'eau. Des colonnes de sol reconstituées ont été inoculées ou non avec 2 individus de ces 2 espèces durant 12 semaines. Les quantités percolées ont été quantifiées chaque semaine tout en suivant plus précisément la cinétique de percolation durant les 36 heures après une simulation de pluie. Comparativement au témoin sans inoculation, la bioporosité tubulaire créée par ces 2 espèces augmente de manière similaire (200%) la quantité d'eau percolée dans ces sols. Concernant la cinétique de la circulation d'eau (associant percolation dans les galeries et diffusion dans la matrice de sol) après une simulation de pluie, seul 1.5% de l'eau infiltrée dans le témoin a percolé 1 heure après. Respectivement avec *Lumbricus terrestris* et *Aporrectodea giardi*, 61 % and 58 % ont percolé durant le même laps de temps. Ainsi, les cinétiques de percolation-diffusion diffèrent significativement entre ces 2 espèces anéciques : pour *Lumbricus terrestris*, nous observons une phase majoritaire de percolation par la bioporosité tubulaire, très rapide (50% 5min après) puis une percolation résiduelle étalée sur les 55 min restantes (11% avec un flux de 3ml/h) ; pour *Aporrectodea giardi*, les 2 phases sont mieux équilibrées avec une percolation rapide (38% 5min après) suivie par un flux soutenu issu de 2 processus de percolation lente et de diffusion (20% avec un flux de 6.5ml/h). En conclusion, une similarité fonctionnelle entre ces 2 espèces lombriciennes anéciques a été montrée pour le conditionnement des volumes d'eau drainée. Par contre, les processus de circulation sollicités sont plus complexes chez *Aporrectodea giardi*, permettant une meilleure répartition de l'eau dans la matrice de sol avant drainage.

Denis Piron - UMR 1069 Sol-Agronomie-Spatialisat -Rennes - denis.piron@univ-rennes1.fr

P32/15 Titre : The stability of intertidal flats in response to small-scale disturbance as macroalgal wrack: the importance of biodiversity and quality of detritus

Francesca Rossi

The macrofauna composition and trophic structure may greatly affect the response of communities to allochthonous inputs of detritus as well as their capacity of recycling this excess organic matter in marine coastal ecosystems. Here I analyse the response of macrofauna assemblages to deliberately added macroalgal wrack over a geographical gradient (Spain, The Netherlands, Australia) and I put in relationship this response to the type of wrack added and the trophic structure of macrofauna. At selected sites, I also analyse sediment biogeochemistry and how the macroalgal detritus is recycled in the food web. I use a meta-analysis over small-scale manipulative experiments done on intertidal mudflats, typical of estuarine areas. Results will be discussed in the framework of the biodiversity-stability relationship.

Francesca Rossi - ECOLAG, UMR 5119 - Montpellier - francesca.rossi@univ-montp2.fr

P32/16 Titre : Allélopathie et biodiversité : Impact de la colonisation du pin d'Alep sur la diversité végétale des zones de déprise agricole

Mathieu Santonja - Anne Bousquet-Mélou - Virginie Baldy - Sylvie Dupouyet - Catherine Fernandez

Le bassin méditerranéen est l'un des principaux centres de biodiversité au Monde. Cependant, on observe actuellement une forte reforestation naturelle qui menace directement ses mosaïques de milieux ouverts. *Pinus halepensis* (Mill.) est une espèce pionnière et expansionniste qui colonise les terres agricoles abandonnées caractérisées par une forte richesse spécifique. L'impact que peut avoir *P. halepensis* sur la diversité végétale via le phénomène d'allélopathie, et ainsi que le rôle que peuvent jouer les microorganismes au niveau de ces interactions sont étudiés grâce à travers des bioessais in vitro. La germination et la croissance de douze espèces cibles ont été testées en fonction de la concentration d'extraits aqueux obtenus à partir de rameaux de jeunes pins (± 5 ans) et/ou de la présence des microorganismes du sol. En absence de la communauté microbienne et à forte concentration d'extrait, dix espèces sont inhibées (sept fortement et trois faiblement), une espèce présente des effets contrastés (croissance de la racine stimulée et celle de l'hypocotyle inhibée) et une espèce est stimulée. Dans des conditions représentant au mieux le milieu naturel, les espèces cibles présentent des réactions plus contrastées aux allélochimiques du pin ; sur les douze espèces testées, six sont inhibées (trois fortement et trois faiblement), une est insensible et cinq sont stimulées (trois faiblement, deux fortement). *P. halepensis* a le potentiel de fortement modifier la composition et la structure des communautés végétales. Cependant les microorganismes jouent un rôle important sur les interactions plantes-plantes en influençant l'expression des allélochimiques libérés dans l'environnement. Mots clés: allélopathie, biodiversité, bioessai, microorganismes du sol, *Pinus halepensis*

Mathieu Santonja - IMEP - UMR CNRS 6116, Equipe DFCV -Marseille - sanma34@hotmail.fr

P32/17 Titre : Vulnérabilité du Douglas en France dans le cadre des changements climatiques : étude du dépérissement après la sécheresse caniculaire de 2003

Anne-Sophie Sergent - Philippe Rozenberg - Nathalie Bréda

Le Douglas est une essence forestière exotique, qui couvre une surface de près de 385 000 ha en France. Bien que cette essence soit largement utilisée actuellement pour le renouvellement des peuplements résineux arrivés à termes, de nombreuses questions se posent sur son avenir. En effet suite à la sécheresse Caniculaire de 2003, plusieurs régions ont connues d'important dépérissements et des mortalités qui sont traduits par des exploitations anticipées et des pertes de production. Cette étude vise donc à comprendre les causes de ce dépérissement mais aussi son historique. Nous avons analysé la base de données du Département Santé des Forêts pour retracer la chronologie du dépérissement en France depuis 1989 et déterminer les facteurs de vulnérabilité à l'échelle nationale. Parallèlement à cette étude nous avons réalisé une étude dendroécologique à l'échelle régionale. Nous avons sélectionné 60 sites dans deux régions particulièrement touchées en 2003, 1768 arbres ont été observés et 925 arbres sains ou dépérissants ont été carottés à cœur. Ces prélèvements ont été complétés par des descriptions stationnelles, floristiques, pédologiques, dendrométriques et biotiques. Les profils microdensitométriques ont été obtenus, une analyse de la croissance radiale a été réalisée et un bilan hydrique journalier a été calculé, dans le but de quantifier l'impact des événements climatiques extrêmes de type sécheresse sur la croissance radiale, les caractéristiques densitométriques du bois et sur l'état sanitaire des arbres. Les conditions stationnelles, la sylviculture et les interactions biotiques ont été testées en tant que sources de vulnérabilité. L'état sanitaire du houppier, la largeur de cerne et les caractéristiques du bois ont été analysés simultanément pour dater et quantifier la perte de croissance et le dépérissement. Les principaux facteurs de vulnérabilité et les seuils de dépérissements seront présentés et discutés.

Anne-Sophie Sergent - INRA Orléans, Unité Amélioration, Génétique et Physiologie Forestières et INRA Nancy, Unité Ecologie et Ecophysiologie Forestières - Orléans - sergent@nancy.inra.fr

P32/18 Titre : Effects of shade, competition and altitude on the survival of transplanted *Abies alba* Mill. and *Fagus sylvatica* L. seedlings at the southern limit of their distribution range

Olivier Taugourdeau - Marwan Cheikh al bassatneh - Thierry Taton - Sylvie Sabatier - Bruno Fady

Climate change scenarios of range movements are based on the hypothesis that the realized niche of species is a good approximation of the potential niche at equilibrium and that ecological processes at the community level (competition, facilitation) are responsible for range limitation. In this paper, we show that the recruitment dynamics of two major European forest tree species, silver fir (*Abies alba* Mill.) and European beech (*Fagus sylvatica* L.) at their southern margin in the Lure mountain (southern France) is not as predicted by the realized niche. We used an in situ experiment where the two species were planted under 3 elevation conditions (800, 1200 and 1600 m), 2 light conditions (open and closed canopy) and 2 competition conditions (single species and both species together). Seedling survival and recruitment monitoring before and after the summer drought period over a 5 year period showed that ecological factors interacted to explain survival. Survival decreased sharply during the first year for all treatments. Silver fir and European beech demonstrated slightly different ecological requirements. Competition was always significantly detrimental to silver fir although it did not affect (high elevation) or was positively correlated to survival (low and mid-elevation) in European beech. Optimum survival for both species was at low-elevation under closed canopy and also at mid-elevation for silver fir. At high elevation, cold winter conditions limited beech range. At low elevation, where no adult European beech and silver fir trees can be found, seedling survival was null in open canopy habitats but comparable to mid-elevation, where adults exist, survival in closed-canopy habitats. Although water availability limits range expansion at low elevation, facilitation by black pines (*Pinus nigra* Arn.) closed-canopy compensates drought. The current distribution of European beech and silver fir at low elevation does not represent their potential niche. Further investigations are needed after the recruitment phase to assess the ability of 5 year seedlings to become reproductive.

Olivier Taugourdeau - Université Montpellier 2, UMR AMAP - Montpellier - olivier.taugourdeau@cirad.fr

P32/19 L'Ecotron Européen de Montpellier : une nouvelle infrastructure expérimentale dédiée à des programmes de recherche internationaux en écologie et agronomie

Roy Jacques, Ravel Olivier, Escape Christophe, Piel Clément, Landais Damien, Devidal Sébastien, Jacquier Gilbert, Lemoine Héléne, Didier Philippe, Adrien Royer

Les problèmes environnementaux actuels incitent au développement de différents types d'infrastructures en écologie, agronomie et environnement. L'un d'entre eux, les Ecotrons, sont constituées d'enceintes de confinements permettant la manipulation et la mesure en temps réel de processus écologiques complexes dans des conditions contrôlées et répétées. Les Ecotrons permettent l'étude d'une large gamme de questions, depuis des analyses intensives des flux dans des conditions environnementales réalistes à des tests de modèles et théories dans des écosystèmes simplifiés et des conditions de milieu artificialisées. L'Ecotron de Montpellier est plutôt destiné aux premières et celui de l'Île de France, en développement, aux seconds.

Trois idées ont présidé à la conception de l'Ecotron de Montpellier :

- 1) la réalisation de conditions de confinement réalistes (utilisation de la lumière naturelle avec un film transparent perméable aux UV, possibilités de températures négatives, recréation du profil de température du sol) avec une manipulation des paramètres associés aux changements globaux (CO₂, température, humidité)
- 2) un fort développement de mesures en ligne (évapotranspiration, échanges de CO₂, flux de NH₄ et N₂O, mesure des isotopes ¹³C and ¹⁸O, marquage de la matière organique par remplacement du CO₂ atmosphérique par du CO₂ industriel)
- 3) la mise en place de 3 plateaux expérimentaux à différentes échelles (12 enceintes de 30 m³, 24 enceintes de 3 m³ et 24 à 400 (suivant le type de micro-système étudié) enceintes de 0,3 à 3 dm³).

Construit grâce au soutien de l'INEE et de la Région Languedoc Roussillon, son fonctionnement et développement futurs vont être financés dans le cadre des Très Grandes Infrastructures du CNRS. Cela va donner la possibilité à la communauté scientifique de configurer cet équipement pour franchir des barrières technologiques spécifiques (instruments, capteurs, ...) limitant ses investigations.

Après des expérimentations tests dans chacun des plateaux expérimentaux, les Ecotrons seront ouverts à la communauté française et internationale par le biais d'appel à propositions de recherche qui seront analysées par un comité scientifique international. Pour l'Ecotron de Montpellier, cet appel paraîtra cet hiver pour des expérimentations à partir de 2011 ou 2012 suivant les plateaux.

Jacques Roy - Ecotron - UPS 3248 CNRS - Campus de Baillarguet - Montferrier-sur-Lez - jacques.roy@ecotron.cnrs.fr

32/20 Effet de la carence nutritive sur la branchie du bivalve symbiotique côtier *Codakia orbiculata*

N.H Elisabeth - M-N Sylvestre - P. Jean-Louis - T. Césaire - A. Caro - S.D.D Gustave - J-L Mansot - O. Gros

Codakia orbiculata est un bivalve côtier tropical de la famille des Lucinidae qui vit dans les herbiers à *Thalassia testudinum*. Comme toutes les espèces de cette famille, il héberge des bactéries symbiotiques sulfo-oxydantes dans des cellules spécialisées de sa branchie appelées bactériocytes. Chez les individus observés immédiatement après prélèvement dans les herbiers, les bactériocytes occupent environ les deux tiers supérieurs de la zone latérale des filaments branchiaux. Dans le tiers inférieur se trouve le second type cellulaire majoritaire de la branchie : les cellules à grains. Ces cellules sont non symbiotiques et ont la particularité d'être riches en protéines soufrées. Des expériences de carence nutritive, menées en laboratoire, ont montré qu'il existait une véritable plasticité tant cellulaire que tissulaire, des filaments branchiaux. En effet, au bout de 6 mois de carence il y a décolonisation bactérienne des cellules hôtes et inversion de l'équilibre tissulaire. Cette plasticité est à nouveau remarquée lors d'expérience de ré-infection où l'équilibre initial, qui passe par une dominance des bactériocytes, tend à se remettre en place. Le but de notre étude est de mettre en évidence les mécanismes qui sous-tendent ces processus. Pour ce faire, des individus fraîchement récupérés de l'herbier ont été maintenus en carence nutritive au laboratoire. A intervalles réguliers (4, 6, 9 et 15 mois), 3 individus ont été prélevés aléatoirement et l'organisation tissulaire de la branchie a été étudiée après coloration histologique trichrome. L'évolution de la population bactérienne a été également suivie par hybridation moléculaire (CARD-FISH). Parallèlement à cela, la quantité de soufre élémentaire (essentiellement contenu dans le cytoplasme des bactéries) a été suivie par fluorescence X. Les concentrations en protéines totales ont été déterminées par la méthode de Bradford (1976) afin de savoir entre autre, si l'augmentation en cellules à grains conduirait à une augmentation des protéines totales. Nous remarquons que sur les 4 premiers mois de carence, il y a à la fois diminution des bactériocytes visibles en histologie et diminution des bactéries détectables au CARD-FISH. Ces diminutions s'accompagnent d'une perte en soufre élémentaire, sans doute due à la disparition des bactéries. L'analyse des protéines montre également une diminution indiquant que la perte en protéines, liée à la disparition des bactéries et de leurs cellules hôtes, n'est pas compensée par l'augmentation des cellules à grains. L'analyse des concentrations en protéines soufrées devrait permettre une meilleure compréhension de ces processus. Toutefois, la perte protéique pourrait être mise en relation avec un amaigrissement de la branchie visible à l'œil nu. Des analyses similaires sont en cours chez des individus remis dans l'herbier après plusieurs mois de carence.

Nathalie.H Elisabeth - UMR-CNRS 7138 Systématique-Adaptation-Evolution, Equipe Biologie de la mangrove. Université des Antilles et de la Guyane, UFR des Sciences Exactes et Naturelles, Département de Biologie BP 592, 97159 Pointe-à-Pitre Cedex, Guadeloupe; nathalie.elisabeth@univ-ag.fr

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

P33/01 Titre : Dynamique en métapopulation chez une plante annuelle en milieu urbain

Antoine Dornier - Pierre-Olivier Cheptou

L'approche en métapopulation propose que la dynamique spatio-temporelle des organismes résulte d'un équilibre entre colonisation et extinction au sein de patch d'habitat favorable. Des modèles récents considérant l'espace de manière explicite permettent de décrire finement la dynamique des patchs mais ces modèles ne furent que très peu appliqués chez les plantes. La faible utilisation de ces modèles chez les plantes repose en partie sur la difficulté d'obtenir les zones d'habitat favorable pour de nombreux habitats et par la présence d'une banque de graines qui peut fortement influer sur la dynamique spatio-temporelle des plantes. Dans cette étude, nous décrivons la dynamique en métapopulation d'une plante annuelle, *Crepis sancta* (Asteraceae), au sein de l'habitat urbain où le milieu favorable est facilement cartographiable a priori. Par l'utilisation de modèles stochastiques d'occupation des patchs (SPOMs) et un suivi multi-annuel, nous fournissons un patron fin des événements de colonisation et d'extinction de cette espèce dans deux zones au sein de la ville de Montpellier. L'influence de la présence d'une banque de graine sera également évaluée à partir de tests de germination issus de prélèvements de sol au sein d'un des réseaux de patchs. De manière intéressante, deux dynamiques de métapopulations furent trouvées : une dynamique de type pluie de propagule où la colonisation ne dépend pas de l'état de la métapopulation et une dynamique de métapopulation type Levins avec un rescue effect où à la fois la colonisation et l'extinction varient en fonction de l'occupation de la métapopulation. Le scénario pluie de propagule structure la dynamique des patchs au sein de la zone d'étude la plus périphérique soulignant ainsi que toutes les populations urbaines ne fonctionnent pas de manière isolée. Nos résultats permettent également d'exclure la présence d'une banque de graine suggérant que l'approche en métapopulation fournit une représentation satisfaisante de la dynamique spatiotemporelle de cette espèce. Ainsi notre étude montre que la dynamique des populations urbaines de *C. sancta* n'est pas uniquement structurée par la conformation de l'habitat favorable mais aussi par les processus de métapopulation et une dispersion limitée. Plus généralement, cette étude ouvre des perspectives intéressantes aussi bien en biologie de la conservation (gestion des plantes envahissantes), en écologie mais aussi en biologie évolutive.

Antoine Dornier - UMR 7204 CERSP - Paris - antoinedornier@gmail.com

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

P34/01 Titre : Résilience des plantules de *Tapia (Uapaca bojeri)* et de quelques espèces ligneuse associées face au feu, en vue de leur réintroduction et du renforcement des populations menacées dans le massif d'Ibit

Swanni T. Alvarado - Elise Buisson - Harison Rabarison - Charlotte Rajeriarison - Chris Birkinshaw - Pete P Lowry II

Après des années de dégradation environnementale et d'impacts anthropiques, la végétation autochtone de Madagascar est actuellement très fragmentée et fortement menacée, avec un nombre de plus en plus réduit de fragments relativement intacts, non connectés de la végétation naturelle et entourés par des prairies anthropiques. Cette situation a des implications importantes sur la capacité des écosystèmes malgaches à l'adaptation face aux changements climatiques. Les modèles prévoient une augmentation de la température dans la région des hauts plateaux malgaches, ce qui conduirait à l'augmentation de l'intensité et de la fréquence du feu. Le feu de brousse est le principal facteur de dégradation du bois de *Tapia* : qui est un type de savane arbustive dominé par *Uapaca bojeri*, Euphorbiacée, sur le massif d'Ibit. Une étude ex-situ sur la résistance et résilience au feu des plantules des principales espèces ligneuses associées au *Tapia* a été mise en place depuis le mois de mars 2010. Au total, six espèces ligneuses dont cinq endémiques de Madagascar (*Uapaca bojeri*, *Pachypodium brevicaule*, *P. densiflorum*, *Leptolaena bojeriana*, *Sarcolaena oblongifolia* et *Aphloia theaeformis*) sont étudiées en utilisant deux types de sol différents (du sol standard et du sol local du massif d'Ibit avec la présence des mycorhizes associées au *Tapia*). Les plantules d'âges variés sont brûlées de façon contrôlée dans des boîtes pour déterminer l'impact du feu sur leur survie. Les brûlis contrôlés ont commencé en Juillet 2010 (avec des plantules de 3 mois) et des plantules de 6, 9, 12, 16, 20 et 24 mois seront brûlées et suivies pendant les années 2010 et 2011. Les plantules sont brûlées en utilisant deux densités différentes de paille de *Loudetia simplex*, qui est la Poaceae dominante dans la strate herbacée et qui est le principal combustible naturel lors du passage de feux de brousse sur le massif. Cette étude sur la survie de ces espèces ligneuses en réponse aux différents scénarios de feu sera la base pour les futurs protocoles de restauration et renforcement des populations de ces espèces menacées. Les premiers résultats seront discutés.

Harison Rabarison - Département de biologie et écologie Végétales, Université d'Antananarivo, Madagascar - Antananarivo - rabarisonhr@yahoo.fr

P34/02 Titre : Résultats préliminaires de plusieurs essais de restauration d'une communauté végétale steppique dans la plaine de la Crau (Bouches-du-Rhône, France)

Renaud Jaunatre - Elise Buisson - Thierry Dutoit

Les changements d'usage contribuent aujourd'hui à la formation au niveau paysager d'une mosaïque d'écosystèmes dit de référence, dégradés et/ou plus ou moins en cours de résilience. Cela est particulièrement vrai là où les communautés végétales ont des vitesses d'évolution très lentes comme les pelouses sèches semi-naturelles du bassin méditerranéen. Bien que les usages agricoles passés aient influencés leurs dynamiques, les pratiques récentes modifient radicalement la végétation. Ces communautés de pelouse sèche sont très peu résilientes, de part (i) une faible production de graines, (ii) une dispersion limitée et (iii) la faible compétitivité face à la couverture dense d'espèces plus opportunistes. La plaine de Crau, dernière pseudosteppe sèche du Sud-Est de la France, est née de l'interaction multi-millénaire entre des conditions pédo-climatiques particulières et un pâturage ancestral. La surface de steppe originelle a diminuée de plus de 80%, il semble donc important de mesurer l'efficacité de la mise en place de techniques de restauration de la communauté végétale à une échelle opérationnelle. L'objectif en est à court terme de diminuer la couverture des espèces non désirées et d'augmenter la présence des espèces typiques de la communauté, à moyen terme de réorienter la trajectoire successionale vers une formation végétale de pelouse sèche et à très long terme de restaurer en terme de richesse, composition et structure la communauté végétale de la steppe. Après réhabilitation d'un ancien verger en une formation végétale herbacée, nous avons testé 5 techniques de restauration. Ces techniques sont : (i) le retour du pâturage ovin qui vise à limiter l'expansion des espèces non désirées, (ii) l'étrépage du sol qui vise la suppression de la banque de graines des espèces rudérales et la diminution de la fertilité du substrat, (iii) le semis d'espèces nurses qui vise l'occupation rapide des niches trophiques et spatiales pour ensuite libérer des sites favorables (safe sites) à l'installation d'espèces moins compétitrices une fois le pâturage pérennisé, (iv) le transfert de foin qui vise à réintroduire un pool de graines d'espèces locales provenant de la steppe et (v) le transfert de sol qui vise la réintroduction d'un pool de propagules d'espèces ainsi que leurs microorganismes associés. Nous présenterons les premiers résultats de ces essais, notamment la réduction de la couverture végétale d'espèces non désirées avec le semis d'espèce nurses, l'étrépage de sol et la reconstitution surprenante d'une communauté végétale plus riche que l'écosystème de référence dès la première année après le transfert de sol.

Renaud Jaunatre - renaud.jaunatre@yahoo.fr

P34/03 Titre : Evaluation du potentiel de régénération de la forêt de transition du Parc National d'Andohahela à partir de la banque et de la pluie de graines

Elise Buisson - Harijaona Ramanoelina - Noromiarylanto Fanambinantsoa - Edmond Roger - Fidisoa Ratovoson - Jimmy Randrianaivo - Pete P Lowry II - Harison Rabarison

La présente étude évalue le potentiel de régénération de la végétation d'une forêt de transition après la pratique de culture sur brûlis ainsi que le passage de feu. Les sites d'études se trouvent dans une zone de transition entre deux sous unités de végétation du Parc National d'Andohahela (Madagascar), le long d'un gradient altitudinal et de précipitations entre une forêt tropicale sèche et une forêt tropicale humide. La banque et la pluie de graines ont été récoltées à la fin de la saison sèche (novembre 2009) et à la fin de la saison humide (mars 2010) dans six sites d'étude : trois forêts et en trois friches adjacentes. Les graines obtenues ont été soumises à des conditions contrôlées pour la germination. L'étude de la banque et pluie de graines peut fournir des informations pertinentes pour prendre des décisions sur les actions appropriées en matière de restauration écologique. Les résultats de ces deux récoltes seront discutés en vue d'une éventuelle prise de décision pour la restauration écologique.

Harijaona Ramanoelina - Département de Biologie et Ecologie Végétales, Faculté des Sciences, Université d'Antananarivo - Antananarivo, madagascar - intelligentjax@yahoo.fr

P34/04 Titre : Restauration d'une forêt de transition par transferts de sol ou de pluie de graines, Parc National d'Andohahela, Sud-est de Madagascar

Elise Buisson - Noromiarylanto Fanambinantsoa - Ramanoelina Harijaona - Harison Rabarison - Fidisoa Ratovoson - Jimmy Randrianaivo - P Lowry II

L'objectif de l'étude est d'évaluer l'efficacité de différentes méthodes pour restaurer une forêt de transition au Sud-Est de Madagascar après cultures sur brûlis. La zone 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. Six sites d'étude ont été sélectionnés: trois forêts de transition et trois friches adjacentes. En Novembre 2009, des échantillons de sol (1m²) et de pluie de graines ont été transférés des sites de forêts vers les friches selon plusieurs modalités (désherbage, étrépage, etc.). Les résultats préliminaires seront discutés.

Noromiarylanto Fanambinantsoa - Département de Biologie et Ecologie Végétales, Faculté des Sciences, Université d'Antananarivo - Antananarivo - lantomiary@gmail.com

P34/05 Titre : Restauration des campos rupestres menacés par les changements d'usage des terres, biome Cerrado, Minas Gerais, Brésil

Soizig Le Stradic - Elise Buisson - Geraldo Wilson Fernandes

Les campos rupestres, situés au Brésil, sont formés d'une strate herbacée plus ou moins continue parsemée de petits arbustes sclérophylles apparaissant entre des affleurements rocheux entre 800m et 2000m d'altitude. Cette formation végétale naturelle est la plus importante de la chaîne de montagnes Espinhaço et la physionomie dont les conditions environnementales sont les plus difficiles du biome Cerrado : sols superficiels, sableux, acides et pauvres en nutriments, saison sèche très marquée d'Avril à Octobre. Malgré cela, ce sont des écosystèmes très diversifiés avec un des taux d'endémisme les plus forts du Brésil. Les interactions entre le substrat, la topographie locale et le microclimat génèrent une importante variété de micro-habitats créant une mosaïque de communautés. Actuellement, les campos rupestres restent très peu étudiés alors que le Cerrado est l'un des biomes les plus en danger d'Amérique du Sud. En raison d'importantes pressions anthropiques, des études de restauration écologique sont urgemment nécessaires pour réhabiliter cet écosystème et les services écosystémiques qu'il offre. Ce travail teste le transfert d'espèces herbacées autochtones des campos rupestres pour restaurer trois types de zones dégradées (sur substrat sableux, rocheux et riche en fer), en utilisant du foin collecté sur deux types de campos rupestres (campos arenoso c'est à dire sableux et campo pedregoso c'est à dire pierreux). Nous avons testé trois types de traitement dans une expérimentation multifactorielle: désherbage/pas de désherbage, fertilisation/sans fertilisation, foin des campos sableux/foin des campos pierreux). Les expérimentations ont été réalisées sur trois sites répliqués pour chaque type de zones dégradées (n=9) et chaque traitement a été répété quatre fois sur chaque site. Des contrôles ont également été mis en place sur le terrain et en serre. Les résultats préliminaires seront discutés.

Soizig Le Stradic - IMEP - Avignon - soizig.lestradic@gmail.com

P34/06 Titre : Organismes ingénieurs et hétérogénéité spatiale

Xavier Raynaud - Sébastien Barot - Clive g Jones

Les interactions entre les êtres vivants et leur environnement sont un déterminant majeur de l'abondance et de la distribution des espèces, comme du fonctionnement des écosystèmes. Afin de mieux comprendre comment des organismes peuvent modifier leur environnement, nous avons développé un modèle mathématique permettant d'étudier la dynamique d'une espèce dans un environnement qu'elle peut modifier. Le modèle considère une population d'organismes ingénieurs, occupant un paysage comprenant différents « états » environnementaux. Dans ce paysage, les organismes sont caractérisés par leur taux de croissance et de mortalité, ainsi que leur capacité de modifier l'état de l'environnement. De même, chaque état de l'environnement est caractérisé par son taux de retour vers un état moins modifié. Ces paramètres peuvent être différents pour chaque état environnemental. L'analyse du modèle indique que la distribution des différents états dans le modèle (hétérogénéité environnementale) dépend du rapport entre la capacité des organismes à transformer le paysage et le taux de retour vers les états les moins transformés. Ce rapport, appelé 'Net Engineering Ratio' (NER), apparaît être un bon prédicteur de l'hétérogénéité créée par un organisme ingénieur dans le modèle. Etant très général, ce modèle peut s'appliquer à différents types d'organismes (des microorganismes aux hommes) et être couplé à d'autres approches de modélisation (relations aire-espèces pour prédire la diversité d'un paysage, modèles d'interactions inter-spécifiques...). D'une manière générale, le modèle permet d'identifier les paramètres clés permettant de comprendre pourquoi un organisme ingénieur est capable de transformer un milieu donné.

Xavier Raynaud - UPMC-Paris6 - Paris - xavier.raynaud@ens.fr

P34/07 Titre : Fertilisation des cultures associées innovantes

Serge Valet

Dans de nombreuses régions du monde de climats et d'écosystèmes très contrastés, les cultures associées vivrières insérées ou non dans des zones arborées et arbustives représentent le système ancien courant et traditionnel de production agricole vivrière, fruitière et industrielle. L'échec de l'intensification de la monoculture vivrière reconnue oblige à effectuer une nouvelle et véritable révolution technologique dans ses systèmes et ses modes de culture et d'élevage, et celle-ci doit être inévitablement accompagnée de politiques agricoles nouvelles. Dans cet esprit des essais de fertilisation minérales (N-P-K) et organiques (Fumier, BRF, engrais vert...) ont été réalisés sur des cultures multi spécifiques comparées à des monocultures. Les doses optimales sur céréales, légumineuses et tubercules sont de 30% à 50% plus faibles pour les associations multi spécifiques que monoculturelles pour des LER supérieurs. Ces résultats démontrent irrémédiablement que les cultures associées constituent un système innovant et raisonné pour un écodéveloppement alternatif qui peut fournir la nécessaire mutation à l'intensification. Seul ce système global agro-sylvo-pastoral, tant recherché des agronomes, peut réhabiliter et sauvegarder les éco(agro)systèmes.

Serge Valet - valet.serge2@wanadoo.fr

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

P37/01 Titre : Facteurs influençant l'efficacité du réseau Natura 2000 à l'échelle de l'Union Européenne en vue d'améliorations

Audrey Trochet

Le réseau Natura 2000 est le plus important programme de conservation des espèces menacées européennes. Malgré tout, de nombreuses zones d'ombre existent. L'utilisation de la Liste Rouge internationale de l'UICN a permis de réaliser une comparaison des chevauchements du réseau avec les aires de distribution des espèces menacées entre les différents états membres. Même si le réseau offre de nombreux avantages pour la protection de certaines espèces, cette étude montre que de nombreuses espèces menacées (dont certaines concernées par les Directive Habitats et Directive Oiseaux) ne profitent d'aucun recouvrement du réseau. Ce recouvrement est corrélé à plusieurs indicateurs nationaux (pourcentage de population urbaine 'un pays, empreinte écologique nationale, densité de population nationale). Ainsi, il a été démontré que les aires de distribution des espèces menacées présentes au sein des pays contenant une part de population urbaine importante étaient moins bien recouvertes. Cette étude met l'accent sur de nouvelles priorités de conservation à apporter dans le but d'améliorer le réseau Natura 2000. Les espèces endémiques ont besoin de priorités spécifiques, tout comme les espèces obtenant des états de conservation dégradés. Dans les pays fortement industrialisés, on peut s'attendre à une certaine fragmentation des habitats, pouvant compromettre la survie des espèces menacées. La mise en place de nouvelles gestions des sites au sein de ces pays devient alors nécessaire. De plus, des simulations d'augmentation de surface des sites ont été réalisées. Même avec une augmentation de 10%, il semblerait que le réseau ne recouvrerait pas mieux les aires de distribution des espèces menacées. L'augmentation de la surface des sites n'étant pas efficace, il est alors recommandé de privilégier la mise en place de nouveaux sites, notamment sur des zones contenant une forte richesse spécifique. Cette étude pourrait permettre de guider les futurs efforts de conservation afin d'éviter toute extinction et ainsi stopper la perte de biodiversité en Europe.

Audrey Trochet - trochet.audrey@wanadoo.fr

P37/02 Titre : Le Suivi Photographique des Insectes POLLinisateurs (Spipoll), un suivi national des insectes pollinisateurs et floricoles reposant sur les sciences participatives

Nicolas Deguines

En 2001, les pays membres de l'union européenne se sont engagés à stopper l'érosion de la biodiversité pour l'année 2010. Un des enjeux majeurs de cet objectif est de déterminer l'état de santé de la biodiversité, pré-requis essentiel à la réalisation de l'objectif fixé. En France, le Muséum National d'Histoire Naturelle développe des indicateurs nationaux afin de mesurer des variations temporelles et spatiales d'abondance chez différents groupes (oiseaux, chauves-souris, mollusques, insectes et plantes). En mai 2010, un programme de sciences participatives, le Suivi Photographique des Insectes POLLinisateurs (Spipoll), débute et permettra d'obtenir des données quantitatives sur les insectes pollinisateurs et autres insectes floricoles en France. Il s'agit de mesurer les variations de la diversité de ces insectes et de la structure des réseaux de pollinisation, sur l'ensemble du territoire métropolitain. Ce programme propose à des observateurs bénévoles de réaliser un protocole standardisé basé sur la photographie d'insectes butinant les fleurs d'une plante. Au-delà du simple fait de statuer sur l'état de la biodiversité des insectes floricoles, l'analyse spatiale de ces données permettra de mettre en évidence des facteurs favorables à l'entomofaune et donner ainsi lieu à des propositions de gestion du paysage (en milieu agricole par exemple). Par le suivi des insectes pollinisateurs, c'est aussi la pollinisation, service écologique important et menacé, qui sera appréhendé. Ce poster présentera le protocole du suivi, des premiers résultats issus de la première saison d'échantillonnage, ainsi que les futures analyses envisagées.

Contact : Nicolas Deguines - deguines@mnhn.fr

P37/03 Titre : Effects of habitat fragmentation on plant-pollinator interactions

Chloé Delmas - Nathalie Escaravage - André Pornon

It has been shown that habitat fragmentation can affect plant reproduction through a breakdown of plant-pollinator mutualisms. However, recent studies yield contradictory results depending on spatial scales, types of pollinator or plant species involved. There is a need to consistently study the plant-pollinator interface, linking both sides of the mutualistic interaction in fragmented landscape. We here tested effects of *Rhododendron ferrugineum* fragmentation at both intra- and inter-population scales on plant-pollinator interactions. Floral visitor community was surveyed on *R. ferrugineum* and on flowers from the surrounding matrix in montane populations widely varying in their levels of fragmentation. Flower emasculations and supplemented pollinations were performed on *R. ferrugineum* flowers to quantify pollinator failure. The abundance of *R. ferrugineum* pollinators (mainly Hymenoptera) declined with increasing intra-population fragmentation (from dense populations with large floral display sizes to isolated individuals). However, floral display of populations decreased much faster with increasing fragmentation than pollinator visits and therefore visitation rates per flowers were higher in fragmented areas. Overall, a significant mean pollinator failure was observed but was not significantly affected by intra-population or inter-population fragmentation. Even isolated shrubs covering less than 5% of large flowering meadows received 50% of total community pollinator visits. The flowering surrounding matrix may provide secondary resources to pollinators and allows isolated shrubs to continue to receive pollinator visitations. Contrary to our expectations, we emphasized that a decrease in pollinator abundance may not always lead to an increase in pollinator failure with increasing fragmentation.

Chloé Delmas - Laboratoire Evolution et Diversité Biologique, Université Paul Sabatier/CNRS UMR 5174 - Toulouse - delmas@cict.fr

Session 38 : Ecologie et géographie de la conservation

P38/01 Titre : Gestion local des terres humides du Brahmapoutre

Emilie Cremin

Enclavé au Nord-est de l'Inde et centré autour de la plaine alluviale du Brahmapoutre, l'Assam constitue un axe de migration et un espace de transition entre l'aire culturelle hindoue, l'aire sino-tibétaine et l'Asie du Sud-est. Plusieurs groupes sociaux y coexistent et partagent les ressources naturelles de cette vaste zone humide. En interactions avec les crues annuelles du fleuve et les modifications de son cours, ces sociétés ont adopté un mode de vie mobile afin de maîtriser les territoires et ont adapté des techniques agricoles particulières pour mettre en valeur ce milieu. Le paysage de la plaine alluviale connaît une transformation profonde suite notamment à une déforestation massive (dans la plaine au cours de l'époque coloniale et de nos jours dans les collines), aux activités sismiques de 1950, aux modifications des dynamiques hydrologiques liées à l'aménagement de digues, aux déplacements des précipitations et à l'exhaussement du lit fluvial. La densification de la population et les réglementations administratives des territoires rendent les sociétés riveraines du Brahmapoutre de plus en plus vulnérables aux aléas hydromorphologiques. Pour protéger les villages des aléas, les autorités territoriales ont aménagé depuis 1960 un vaste réseau de digues dont la résistance est chaque année mise à l'épreuve par la pression du fleuve pendant la saison des pluies. Des brèches conduisent régulièrement à une submersion de vastes territoires et à des pertes matérielles considérables. En raison de l'accentuation des pressions anthropiques exercées sur le milieu, les autorités territoriales renforcent les réglementations visant à favoriser la protection des ressources naturelles et réorientent les modes de gestions locaux des territoires. Les villages affectés par l'érosion des berges n'ont plus la possibilité de se déplacer aux grés des mouvements du fleuve. Quelles sont les relations entretenues entre les sociétés du Brahmapoutre et les dynamiques du milieu fluvial ? Quelles sont les stratégies sociales d'adaptation aux transformations de la plaine alluviale du Brahmapoutre et aux restrictions administratives ? Comment les autorités publiques et les populations locales recomposent-elles les territoires suite à des problèmes environnementaux dont l'érosion des terres par le fleuve ?

Emilie Cremin - emilie.cremin@gmail.com

P38/02 Titre : L'étude des pouvoirs, un outil au service de la compréhension des liens Homme/Nature

Pascal Rey

Dans le cadre de l'Observatoire de Guinée Maritime (CNRS/IRD/Muséum d'Histoire Naturelle de Paris), entre 2003 et 2007, grâce à l'utilisation d'une approche originale, l'« étude des pouvoirs », il a été possible de décrypter les modalités locales de gestion du territoire et des ressources naturelles. Comme le souligne Faurox (2002), il semble qu'« on ne peut comprendre le fonctionnement d'une société tant qu'on n'a pas d'indications sur ses structures micro-locales du pouvoir et sur les modalités par lesquelles ces structures prennent leurs décisions ». Loin d'être une fin en soi, l'étude des pouvoirs revêt ici le rôle d'un outil. Nous n'avons pas la prétention de décrypter dans leur complexité les stratégies et les formes du pouvoir : le pouvoir n'est alors pas l'objet mais le révélateur. Notre objectif préalable est bien de comprendre l'organisation locale du territoire et les modalités de la gestion de ses ressources. Dans un contexte rural, l'accès aux ressources est l'enjeu des pouvoirs et ces derniers interviennent alors pour contrôler leur accès. Les limites d'accès aux ressources et les réglementations autochtones ne peuvent pas être véritablement comprises si on néglige les moyens mis en œuvre par ceux qui les contrôlent pour en tirer avantage. Toutes les modalités d'interdit, de contrôle et de limitation sont placées sous la vigilance des autorités coutumières. L'étude de front des dites modalités ne peut donner que des résultats limités. Non que les enquêtés veuillent taire la vérité, mais nombre d'interdits ne sont pas posés explicitement. Il est donc certain qu'analyser les stratégies des pouvoirs, c'est comprendre les stratégies de gestion économiques, agraires (au sens large), sociales mais aussi celles de gestion agro-écologique. Il est vite apparu que les communautés ne dissocient pas la question du renouvellement des ressources naturelles qui leur sont nécessaires de celle de l'amélioration de leurs conditions de vie, dans leurs conceptions comme dans leurs pratiques. Cette considération se traduit par une grande cohérence de la gestion autochtone du territoire et de ses ressources. L'étude des pouvoirs s'avère alors être un bon révélateur de la conscience des communautés locales à préserver leurs ressources naturelles. L'objectif de cette communication sera de présenter l'outil « étude des pouvoirs », de montrer son apport dans la compréhension des interactions société/environnement mais aussi de souligner les perspectives offertes par une telle approche, à savoir comment impliquer les populations concernées dans les politiques de gestion des ressources.

Pascal Rey - ADES/CNRS - Conakry - rey_pascal@yahoo.fr

P38/03 Titre : Caractérisation de la connectivité des habitats et distribution du petit rhinolophe en Franche-Comté.

Pierline Tournant - Sébastien Roué - Eve Afonso - Patrick Giraudoux - Jean-Christophe Foltête

Le petit rhinolophe (*Rhinolophus hipposideros*) est une espèce de chauve-souris qui était autrefois communément répandue dans le nord ouest de l'Europe. Sa distribution a connu une réduction spectaculaire lors des 50 dernières années (Motte and Libois 2002). Les causes de ce déclin ne sont pas encore bien identifiées. Plusieurs hypothèses ont été proposées pour l'expliquer. Outre la possibilité d'une diminution de la ressource alimentaire, d'effets toxiques des pesticides et d'une réponse aux changements climatiques, l'hypothèse de la diminution des habitats spécifiques de cette espèce, due à la fragmentation du paysage, a également été retenue (Arlettaz et al. 2000). La fragmentation des habitats est l'une des principales causes de perte de biodiversité (Brooks et al. 2002). Les activités humaines telles que la réaffectation de terres agricoles, le développement de l'urbanisation ou encore la construction d'infrastructures de transport sont à l'origine de cette fragmentation. Les taches d'habitats favorables deviennent alors discontinues, le passage de l'une à l'autre problématique, et les populations animales sont alors contraintes à un fonctionnement en métapopulation. Leur maintien est fortement dépendant du niveau de connectivité spatiale entre ces taches, la connectivité étant définie comme le degré à partir duquel le paysage va faciliter ou empêcher le mouvement des individus entre les différentes taches de ressources. Un tel processus de fragmentation, lors de la mise en place d'une infrastructure ferroviaire par exemple, pourrait entraîner la perte, la réduction ou un plus grand isolement des habitats du petit rhinolophe. Ce projet de recherche pluridisciplinaire vise à mettre en place un protocole d'évaluation de l'impact de la branche Est de la LGV Rhin-Rhône en Franche-Comté sur les populations de petits rhinolophes. L'objectif est d'évaluer la connectivité spatiale et fonctionnelle de leurs habitats préférentiels en utilisant d'une part la théorie des graphes paysagers et d'autre part des méthodes de génétiques des populations permettant de caractériser le niveau de structure spatiale de ces populations. Arlettaz, R. and al. (2000). Competition for food by expanding pipistrelle bat populations (*Pipistrellus pipistrellus*) might contribute to the decline of lesser horseshoe bats (*Rhinolophus hipposideros*). *Biological Conservation* 93(1): 55-60. Brooks, T. M. and al. (2002). Habitat loss and extinction in the hotspots of biodiversity. *Conservation Biology* 16(4): 909-923. Motte, G. and al. (2002). Conservation of the lesser horseshoe bat (*Rhinolophus hipposideros* Bechstein, 1800) (Mammalia : Chiroptera) in Belgium. A case study of feeding habitat requirements. *Belgian Journal of Zoology* 132(1): 49-54.

Pierline Tournant - laboratoire Théma UMR 6049 CNRS Université de Franche-Comté - Besançon - pierline.tournant@univ-fcomte.fr

P38/04 Titre : Les zones humides enrésinées de la forêt d'Ecouves (Basse-Normandie) : entre gestion et conservation durable du milieu

Yves Petit-Berghem - Guy Lemperiere - Jenna Piriou

Les zones humides sont des écosystèmes à l'équilibre fragile offrant des fonctions et des services importants ; elles sont des réservoirs de biodiversité, des puits de carbone, des filtres naturels garantissant la qualité des eaux, de bons écrêteurs de crues et des éléments importants de la diversité du paysage. Lorsqu'elles se situent en milieu forestier, elles sont exposées aux risques induits par la gestion forestière. En Normandie, beaucoup de zones humides ont bénéficié des politiques de boisements engagées dès le XIXe siècle. C'est au prix de transformations importantes (modification du régime des eaux, pompage, creusement de fossés...) que se concrétisèrent les projets de plantation.

Depuis une quinzaine d'années, les données ne sont plus les mêmes car les « vides boisables » qu'il fallait valoriser n'ont pas donné les rendements escomptés. De nos jours, l'inanité économique du boisement de ces zones est admise par la quasi-totalité des sylviculteurs, comme en témoignent les référentiels pédologiques établis par les Centres régionaux de la Propriété forestière (CRPF). En revanche, la mosaïque végétale de ces zones liée à la fragmentation des habitats explique leur potentiel de biodiversité. Pour l'appréhender, les concepts propres à l'écologie du paysage et à la biogéographie historique sont utilisés. Pour le renforcer, les outils propres à l'écologie et à la géographie de la conservation, dont les impacts à long terme peuvent être discutés, sont appliqués.

Aujourd'hui, la fragilité des zones humides reconnue par la réglementation (lois, circulaires, directives internationales) impose une gestion différente des espaces forestiers, où la géographie de la conservation a toute sa place. Ce nouveau contexte transcrit en droit les grandes évolutions des idées et des comportements, au terme d'une transformation importante de la culture des forestiers. Aujourd'hui, la richesse d'un écosystème forestier ne se mesure pas qu'aux potentialités intrinsèques de production. Les enquêtes d'opinion montrent aussi que la protection de l'air, de l'eau et du sol par la forêt, est de plus en plus considérée comme une fonction prioritaire loin devant la production de bois, l'activité économique et l'emploi. Ces nouveaux services rendus par la forêt alimentent de nombreux débats entre les acteurs territoriaux de l'eau et de la forêt. Cela débouche sur des choix de société à faire (économique, écologique) et des politiques de dialogue à mener avec les citoyens, qui sont aussi des usagers et des contribuables.

Yves Petit-Berghem - LETG UMR 6554 - CAEN - yves.petit-berghem@unicaen.fr

Session 39 : Approche macroécologique de la conservation de la biodiversité

P39/01 Titre : Etude de la biodiversité entomofaunistique en Algérie : cas de la région de Tizi-Ouzou

Ali Fernane

L'objectif de ce travail est d'inventorier l'entomofaune qui peuple trois peuplements forestiers dans la région de Tizi-ouzou : forêt de chêne vert, forêt de chêne liège et maquis à dominance arbousier. Le piégeage s'est étalé sur année et s'est fait à l'aide de quatre techniques : filet fauchoir, pots Barber, pièges jaunes et quadrats. Un total de 3263 individus repartis entre 714 espèces est capturé. 1394 individus appartenant à 366 espèces dans la forêt de chêne vert ; 888 individus repartis entre 245 espèces dans le maquis à arbousier et 981 individus repartis entre 175 espèces dans la forêt de chêne liège. Trois ordres dominant dans la forêt de chêne vert: Hymenoptera (46,48 %), Heteroptera (36 %), Diptera 29,3 % et Orthoptera (25 %). Les Hymenoptera dominant dans le maquis à arbousier avec 42,1 % suivi des Coleoptera (35,41 %) et des Heteroptera (29,14 %). Deux ordres dominant dans la forêt de chêne liège : les Hymenoptera (43,83 %) et les Coleoptera (12,85 %). Les espèces dominantes dans la forêt de chêne vert sont: Pezotettix giornai (20,23 %), Aphaenogaster testaceo pillosa (12,19 %), Cyclorrhapha sp.2 (11,58 %) et Capsidae sp.4 (8 %). Dans le maquis à arbousier, les proportions des différentes espèces sont : Cataglyphis bicolor (36,29 %), Aphididae sp.ind. (9,17 %), Capsidae sp.1 (8,61 %) et Tetramorium sp. (6,84 %). Au niveau de la forêt de chêne liège, quatre espèces dominant: Cataglyphis bicolor (27,41 %), Aranea sp.5 (13,76 %), Aphaenogaster testaceo pillosa (12,25 %) et Pezotettix giornai (13,64 %). Mots clés : Algérie, Chêne Liège, Chêne Vert, Entomofaune, Inventaire, Maquis à Arbousier, Tizi-Ouzou.

Ali Fernane - Laboratoire d'entomologie agricole et forestière (ENSA) - Alger - fernali_2002@yahoo.fr

P39/02 Titre : Megaphylogenies: a toolbox for ecologists

Cristina Roquet

Recent years have seen an increase in the number of ecological studies incorporating a macroevolutionary perspective. This has been done in various ways: simply taking in account taxonomy; constructing supertrees that incorporate only topological information; or building molecular phylogenies whose branch lengths indicate molecular evolution. Although the last option is the more informative and accurate one, many ecologists are still reluctant about it because of their unfamiliarity of molecular phylogenetic methods. The aim of this paper is to propose a clear and easy-to-follow guide to reconstruct molecular phylogenies for ecologists without experience in phylogenetics. We have set up a mixed approach, based on the construction of a supermatrix with several regions of DNA and the incorporation of supertrees extracted from literature in order to speed up and improve the analysis. All the programs used here are freely available in web-servers; there is no need to have a powerful computer to be able to construct a megaphylogeny. The proposed protocol has been successfully used to reconstruct a phylogeny of the plants included in the Atlas of Flora Europaea and the European breeding birds included in the EBCC Atlas.

Cristina Roquet - cristina.roquet@gmail.com

P39/03 Titre : Evolution de la niche climatique et signal phylogénétique : un cas d'étude dans le genre *Androsace* (*Primulaceae*)

Florian Boucher - Sébastien Lavergne - Wilfried Thuiller - Nadir Alvarez

Les changements climatiques ont d'importantes conséquences sur la biodiversité. On peut s'attendre à ce que la représentation géographique de la niche climatique des espèces soit modifiée, ce qui peut conduire à des extinctions et/ou des migrations. Mais il est également envisageable que des mécanismes évolutifs permettent à une espèce de modifier sa niche et donc de persister dans des habitats a priori non favorables. Afin de tester ces hypothèses alternatives il est nécessaire de regarder dans le passé comment les niches des espèces ont évolué et d'étudier le signal phylogénétique de la niche climatique. Nous présentons ici une étude de cas sur le genre *Androsace*, dont les représentants occupent la plupart des régions artico-alpines de l'hémisphère Nord. Les diverses mesures du signal phylogénétique effectuées ont mis en évidence que la niche climatique des espèces n'a pas été conservée au cours de l'évolution du genre et que des évolutions très rapides des préférences climatiques des espèces se sont produites. Ces résultats incitent à la prudence quant à l'utilisation systématique de l'hypothèse de conservatisme de niche en biologie de la conservation.

Florian Boucher - LECA - Grenoble - flofloboucher@gmail.com

P39/04 Titre : Meta-analyse de la diversité génétique intra-population a l'échelle du bassin méditerranéen

Cyrille Conord - Bruno Fady

Élucider quels sont les processus écologiques qui façonnent la biodiversité est vital pour une gestion durable de notre environnement. De nombreuses études envisagent la biodiversité au niveau spécifique, cependant, l'analyse des données de génétique des populations dans un cadre biogéographique peut révéler des événements écologiques ayant laissé une empreinte significative dans la structure génétique des populations. Des études préliminaires sur des espèces d'arbres méditerranéens (conifères et angiospermes) ont révélé un gradient de diversité génétique à l'intérieur de leurs populations (DG) qui croît d'est en ouest du bassin méditerranéen. Cette structure spatiale ne concorde pas avec celle de la diversité spécifique qui est organisée en « points-chauds » régionaux d'endémisme et de richesse. Ce patron de DG est possiblement lié au climat du dernier maximum glaciaire (21k ans AP.) qui était plus défavorable aux espèces à l'ouest qu'à l'est de la Méditerranée. De telles conditions climatiques ont restreint les niches écologiques, ne laissant que de petits refuges et produisant des « goulots d'étranglement » génétiques conduisant à la perte de DG par dérive. Les arbres étant des organismes pilotes de la biodiversité terrestres nous avons cherché à décrypter les déterminants écologiques de la microévolution chez les plantes ligneuses et de leurs organismes associés. Nous présentons une étude multi-espèces de la DG à l'échelle d'un biome basée sur la littérature scientifique. Nous avons recueilli et compilé les données de 202 publications dans une base de données de plus de 9000 références géolocalisées sur plus de 240 espèces végétales et animales. Les mesures de DG ont été corrélées à la position longitudinale des populations échantillonnées et cette relation a été synthétisée par méta-analyse. L'influence de covariables telles que les méthodes génétiques utilisées dans les études sources, ainsi que plusieurs traits d'histoire de vie a également été étudiée. Un effet moyen significativement positif a été trouvé. Il correspond à une DG globalement plus haute à l'est qu'à l'ouest de la Méditerranée en corrigeant pour des effets de longitude liés à la recolonisation probable des espèces depuis les refuges des péninsules vers des latitudes plus hautes durant l'Holocène). Une analyse détaillée de cette tendance selon les groupes taxonomiques est aussi présentée. Nos résultats sont discutés relativement à la structure en « points-chauds » observées chez les plantes et en termes de stratégies de conservation des « gènes au espèces » dans le bassin Méditerranéen.

Cyrille Conord - INRA - URFM - Avignon - cyrille.conord@avignon.inra.fr

P39/05 Titre : Echantillonnage méta-acoustique de la biodiversité et étude du micro-endémisme en Nouvelle-Calédonie

Amandine Gasc - Sandrine Pavoine - Jérôme Sueur - Philippe Grandcolas

La diversité biologique est essentiellement appréhendée par des échantillonnages traditionnels qui ont pour but d'inventorier la richesse spécifique et de permettre des études écologiques ou évolutives. Nous proposons d'aborder la diversité biologique à travers un type différent d'échantillonnage : l'enregistrement de l'activité acoustique des communautés animales. Cette méthode mesure la complexité acoustique globale d'une communauté animale sans identifier les espèces présentes. C'est une caractérisation de la communauté sonore dans son ensemble, permettant un accès simultané à plusieurs groupes de métazoaires (insectes, mammifères, amphibiens et oiseaux). Il s'agit d'un échantillonnage non invasif et automatisable. Dans le but de d'en évaluer l'efficacité, nous avons appliqué cette méthode à l'étude de l'endémisme local en Nouvelle-Calédonie. Cette île d'une surface de 18 575 km² abrite une biodiversité unique, avec une richesse et un micro-endémisme exceptionnels (Grandcolas et al., 2008 ; Kier et al. 2009). Les différents massifs montagneux abritent une majorité d'espèces qui leur sont endémiques. L'échantillonnage acoustique permet-il de mettre en évidence cette structure spatiale ? Une méta-analyse récente a permis de mesurer l'originalité phylogénétique des espèces dans plus d'une quinzaine de localités (Pellens et al., in prep.). En se référant à ces résultats, nous avons choisi d'étudier trois sites parmi ceux qui présentaient le plus fort taux d'espèces phylogénétiquement originales : les Monts Koghis, le Massif de l'Aoupinié et le Mandjéla. Le but de l'étude est de vérifier si la méthode acoustique permet de détecter l'originalité de ces trois sites, malgré leur variabilité écologique locale. Dans chaque site, quatre localités de forêt sempervirente distantes de 250 mètres ont été échantillonnées avec des enregistreurs automatiques de type SongMeter² (Wildlife Acoustics, 2009), à raison d'une minute toutes les 12 minutes, pendant 20 jours. Les enregistrements seront prochainement analysés pour permettre le calcul d'un indice de dissimilarité entre des signaux acoustiques (Sueur et al. 2008). Des dissimilarités inter-sites plus importantes que des dissimilarités intra-sites permettraient de mettre en évidence la capacité de la méthode à révéler l'existence d'une différenciation géographique, en l'occurrence en termes de micro-endémisme. Grandcolas P, Muriene J, Robillard T, Desutter-Grandcolas L, Jourdan H, Guilbert E, Deharveng L. (2008) Philosophical Transactions of the Royal Society B. 363:3309-3317. Kier G, Kreft H, Ming Lee T et al. (2009) Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA, 106:9322-9327 Sueur, J., S. Pavoine, O. Hamerlynck & S. Duval (2008) PLoS ONE, 3:e4065.

Amandine Gasc - UMR 7205, CNRS, MNHN - Paris - agasc@mnhn.fr

P39/06 Titre : Evolutionary dynamics of global endemism : a fish eye's view

Bernard Hugueny - Pablo A. Tedesco - Fabien Leprieur - Sébastien Brosse - Hans H. Dürr - Olivier Beauchard - Frederic Busson - Thierry Oberdorff

The understanding of what determines the spatial variation in endemism is an essential question in macroecology and conservation biology. While it is well accepted that endemism patterns ultimately arise through the processes of speciation, extinction and dispersal, few studies consider both evolutionary and biogeographic processes in explaining these patterns. Here, we used a uniquely comprehensive data set of riverine fish species distributions to map their global endemism patterns. We demonstrate that two distinct processes generate two specific forms of endemism characterized by different species body size, origination time and geographical distribution. The former is essentially linked to speciation rates while the later is a pure product of extinction and/or isolation through time. The non-random geographical distribution of these two forms of endemism offers, for the first time, a mechanistic explanation for why hotspots of overall richness and endemism most often show low congruence.

Pablo a. Tedesco : pablo.tedesco@mnhn.fr

P39/07 Titre : Quelle place pour les coléoptères phytophages (*Curculionoidea*) dans les stratégies de conservation des insectes ?

Nicolas Maughan

Les insectes jouent un rôle majeur dans le fonctionnement des écosystèmes terrestres. Dans les stratégies de conservation de la biodiversité seuls quelques grands ordres sont pris en compte : hyménoptères pollinisateurs, odonates, lépidoptères ainsi que des familles de coléoptères comme les Carabidae, les Cerambycidae ou les coprophages. Les statuts de conservation de certaines espèces ont été évalués et celles-ci intégrées dans des listes régionales ou internationales d'espèces menacées. Les espèces considérées sont principalement décrites comme ayant un rôle fondamental pour le fonctionnement des écosystèmes mais aussi parfois en raison du patrimoine vivant remarquable qu'elles représentent. Mais, un certain nombre de groupes taxonomiques, principalement phytophages, ont été presque totalement oubliés et ce, malgré leur diversité et la place prépondérante qu'ils occupent au sein des écosystèmes terrestres (e.g. chaînes trophiques). C'est le cas des coléoptères Curculionoidea (i.e. charançons sensus lato) qui comptent plus de 60.000 espèces décrites et dont certaines familles comme les Curculionidae représentent jusqu'à 53 % des espèces de coléoptères phytophages des canopées en zone équatoriale. Ils occupent l'ensemble des habitats terrestres et sont uniquement phytophages ou xylophages (souvent monophages et fortement liés à une plante hôte). En dépit de ces caractéristique, ils n'ont pas encore été considérés dans les stratégies de conservation des insectes, seul le statut de 10 espèces a été évalué (IUCN). Après avoir réalisé une rapide synthèse sur l'exceptionnelle biodiversité des Curculionoidea, nous présenterons le cas d'un coléoptère Curculionidae endémique menacé : *Styphloderes exsculptus* (Boheman 1843). Cette espèce sapro-xylophage halophile des zones supralittorales de Méditerranée a vu ses habitats (i.e. laisses de Posidonie et bois flottés) se réduire drastiquement au cours des dernières décennies suite à l'urbanisation des côtes de cette région et à l'augmentation des activités touristiques. Nous présenterons une évaluation de l'état de conservation des populations de ce charançon unique et de ses habitats mais aussi les différentes menaces qui pèsent sur les biocénoses supralittorales dans l'ouest de la Méditerranée. Enfin, nous évoquerons les obstacles qui rendent difficiles le choix d'un statut de conservation pour de tels groupes taxonomiques, dont les espèces sont soumises à d'importants problèmes de localisation et d'évaluation de la taille des populations (pour lesquelles les connaissances écologiques sont souvent faibles) et, d'autre part, l'importance de la prise en compte des données historiques, bibliographiques et muséales, pour le suivi des populations et de la transformation des habitats.

Nicolas Maughan - Université de Provence, LATP UMR-CNRS 6632 -Marseille - nicolas.maughan@etu.univ-provence.fr

P39/08 Titre : 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

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 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.

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

P39/09 Titre : Reproductibilité de l'aspect multi-composants de la diversité spécifique à travers différentes zones et échelles

Bastien Merigot - Jean-Claude Gaertner - Giulio Relini - Jacques A. Bertrand - Nabila Mazouni - Chrissi-Yianna Politou - Luis Gil de Sola - Argyris Kallianiotis - Paolo Carpentieri - Matteo Murenu - Jean pierre Durbec

Des études théoriques et expérimentales récentes, réalisées aussi bien en milieux terrestres et marins, ont suggéré que la diversité pourrait être un concept plus complexe et multi-facettes que traditionnellement envisagé. Il en résulte qu'une certaine complémentarité entre composantes de la diversité est attendue (eg. richesse spécifique, équitabilité, taxonomie, etc.) mais il a encore peu été étudié à quel point cette complémentarité est empiriquement reproductible dans des situations (eg. année et zone d'étude) ou à des échelles d'observation différentes. Dans ce travail, nous avons analysé la reproductibilité des relations empiriques entre 11 indices de diversité liée à quatre composantes majeures de la diversité de peuplements d'espèces (richesse spécifique, rareté, équitabilité et taxonomie des espèces) afin de déterminer s'il existe une tendance générale de la redondance ou de la complémentarité dans des mesures de la diversité qui perdure au fil des années, des zones et des échelles spatiales. Nous avons appliqué cette approche à la diversité de peuplements de poissons démersaux à travers l'analyse de 2404 traits de chalut réalisés au cours des premières campagnes annuelles effectuées en utilisant un protocole d'échantillonnage unique sur quasiment l'ensemble du nord de la mer Méditerranée (allant de 36,3° à 45,7° N, et 5,3°W à 28° E). Quelques soient les années, les zones et les échelles étudiées, nous avons trouvé une forte reproductibilité dans le nombre et la nature des principales composantes complémentaires de la diversité. L'ensemble des indices de diversité peut être séparé en 6 groupes de descripteurs complémentaires sur les données analysées. Ce résultat met en évidence que, contrairement à ce qui est encore souvent pratiqué, le suivi de la diversité ne devrait pas être fondé uniquement sur une ou deux des composantes les plus largement utilisées, telle que la richesse spécifique, même à grande échelle. Enfin, dans un contexte où le développement d'outils pour le suivi de la diversité est considéré comme une priorité dans le monde entier, la reproductibilité forte des relations entre les indices de diversité que nous avons observé offre une base de discussion de la faisabilité et la pertinence de proposer une liste réduite d'indices pour le suivi de la diversité à des échelles de gestion différentes.

Bastien Merigot - UMR 212 Ecosystèmes Marins Exploités (EME) - Montpellier - bastien.merigot@univ-montp2.fr

P39/10 Titre : Effets des extinctions locales de mammifères marins sur les patrons de biodiversité à l'échelle globale

Sandra Nussbaum - Ana Rodrigues - Michael Hoffmann - Thomas Brooks

A l'heure actuelle, la biodiversité à l'échelle mondiale subit de fortes pressions anthropiques directes ou indirectes qui laissent présager le pire. L'expansion humaine, qui ne freine pas sa course, entrainera dans sa foulée une amplification de ces facteurs que sont la pollution, les espèces invasives, la perte de territoire, et autres. Les océans recouvrent la plus grande partie du globe. Ils sont donc les premiers à pâtir de la main de l'Homme qui ne cesse, entre autre, de les vider de leur richesse. Néanmoins, d'après Pauly, qui nomme ce syndrome le « shifting baseline », l'Homme souffrirait pourtant d'amnésie face à ses actes. En effet, il semble que notre référentiel de la biodiversité se base sur une vision de celle-ci que l'on a depuis notre naissance. Par conséquent, plus les années passent plus le référentiel de biodiversité des générations suivantes devient moins exhaustif. De plus, il semble que les Hommes situent le pillage des océans depuis ces derniers siècles seulement. Or, il existe une disparité et une abondance de références historiques et préhistoriques témoignant non seulement de la présence en plus grande quantité, sur de plus vastes étendues et parfois même insoupçonnée de mammifères marins dans les eaux de ce monde mais surtout de leur chasse. L'impact de l'Homme sur la répartition actuelle ou préhistorique des mammifères marins est inconnu. Cette étude vise donc à quantifier l'impact de l'Homme sur les patrons de diversité des mammifères marins à l'échelle globale. Les recherches ont été menées sur 130 espèces vivantes et éteintes de mammifères marins. Des extinctions locales ont été découvertes pour 32 de ces espèces sur une échelle de 10000 ans. Des cartes d'extinctions locales ont été créées pour des temps donnés : 10 000 ans, 5000 ans, 1500, 1880 et 2010. Elles permettent de mettre à jour ces changements de répartition. Toutes ces extinctions locales ne sont pas récentes. En effet, certains de ces changements de répartition ont eu lieu avant l'année 1500. Le nord de l'océan atlantique ainsi que l'ouest et l'est de l'océan pacifique sont les aires les plus marquées par la perte d'espèce au niveau local. Cette étude présente des diminutions d'aires de répartition qui peuvent encore être résorbées si les mesures de conservation adéquates sont mises en pratique.

Sandra Nussbaum - CEFE-CNRS - Montpellier - sandra.nussbaum@cefe.cnrs.fr

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

P40/01 Titre : Invasion biologique en Méditerranée : la Griffe-de-sorcière dans tous ses états

Laurence Affre - Frédéric Medail

L'invasion des écosystèmes littoraux par deux taxons crassuléscents, *Carpobrotus edulis* et *C. acinaciformis* (Aizoaceae), est actuellement répertoriée comme l'une des douze plus sévères menaces pour les écosystèmes du Bassin Méditerranéen. Originaires d'Afrique du sud, ils furent introduits dès le XIX^{ème} siècle dans les jardins botaniques de Provence à des fins décoratives. Des différences significatives associées à l'existence de caractères «transgressifs» pour les variations morphologiques et caryologiques entre les populations sud-africaines et provençales suggèrent des croisements intra-spécifiques chez *C. edulis* et inter-spécifiques chez *C. acinaciformis* avant, pendant et/ou après les divers événements d'introduction. Leur capacité de naturalisation et d'invasion dans des habitats variés repose sur divers ingrédients du «profil-type» des plantes envahissantes à savoir : (i) une clonalité vigoureuse (stolons rampants) associée à une très forte production de graines (1500 graines/fruit), (ii) une reproduction sexuée contrastée, *C. edulis* présentant une légère agamospermie, une forte auto-compatibilité et auto-fertilité sans dépression de consanguinité et *C. acinaciformis* étant très peu auto-compatible et auto-fertile avec une faible dépression de consanguinité mais une vigueur hybride très élevée, (iii) des diversités génétique et clonale supérieures à la moyenne, *C. acinaciformis* présentant un excès d'hétérozygotes, (iv) des fréquences élevées et actuelles d'hybridations et d'introgessions à partir du génome de *C. edulis*, (v) une production non négligeable de diplogamètes, (vi) une dispersion des fruits/graines (riches en eau et sucre) par les vertébrés (endozoochorie) et secondairement par les fourmis (myrmécochorie) et (vii) absence de pathogènes/herbivores limitants. Ce «portrait-type» favorise une forte occupation spatiale locale, la colonisation de nouveaux habitats, et des potentialités évolutives importantes. Tout ceci engendre des impacts notoires vis-à-vis des écosystèmes indigènes qui se traduisent notamment par (i) des capacités compétitrices très élevées - même vis-à-vis d'arbustes indigènes de 2 m de hauteur - qui menacent au moins une trentaine de plantes à haute valeur patrimoniale, (ii) des modifications édaphiques significatives (diminution du pH et des bilans hydriques, augmentation du ratio C/N), (iii) une réduction chez les plantes indigènes des visites pollinisatrices par des hyménoptères généralistes, et (iv) une réduction de la richesse et diversité spécifiques jusqu'à l'«extirpation» des principaux groupes fonctionnels conduisant à une homogénéisation biologique certaine. Face à tous ces aspects écologiques et évolutifs, l'éradication complète des deux taxons au sein de la Réserve intégrale de l'île de Bagaud (Parc National de Port-Cros) est en cours en association avec les gestionnaires et un dispositif de suivi des divers compartiments écosystémiques va être réalisé sur 10 ans.

Laurence Affre - IMEP UMR 6116 CNRS/IRD - Université Paul Cézanne - Marseille - laurence.affre@univ-cezanne.fr

P40/02 Titre : Hybridation intraspécifique, traits d'histoire de vie et potentiel invasif du parasitoïde *Psytalia lounsburyi*

Chiara Benvenuto - Sandrine Cheyppé-Buchmann - Gérald Bermond - Xavier Fauvergue - Nicolas Ris

L'hybridation intraspécifique est susceptible de favoriser le potentiel invasif d'organismes vivants par deux mécanismes non exclusifs: (i) l'hétérosis qui est l'augmentation de la fitness individuelle d'hybrides par rapport à leurs parents, (ii) l'augmentation de la variabilité génétique dans les populations hybrides permettant une meilleure réponse à la sélection locale. Ces hypothèses ont été testées au laboratoire en utilisant le parasitoïde exotique *Psytalia lounsburyi*, un auxiliaire candidat pour lutter contre la mouche de l'olive, *Bactrocera oleae*. Deux populations parentales (Afrique du Sud et Kenya) et leurs hybrides ont été comparés pour différents traits d'histoire de vie mesurés à différentes températures de développement. Nos résultats indiquent que les deux souches parentales diffèrent pour plusieurs caractères biologiques, les hybrides présentant des phénotypes intermédiaires. De fortes interactions génotype-environnement ont été observées, compliquant les prédictions concernant les performances relatives des différentes souches. Remarque : la présentation aura lieu in anglais

Chiara Benvenuto - INRA (UMR IBSV) - Sophia antipolis - chiara.benvenuto@sophia.inra.fr

P40/03 Titre : Traits leading to invasion: how did the tomato spider mite *Tetranychus evansi* colonize Europe?

Angham Boubou - Philippe Auger - Alain Migeon - Ruth Hufbauer - Maria Navajas

What allows a species or population to invade once a propagule arrives to a new geographical area, remains poorly understood. There is much research focused on differences in the traits possessed by invasive species relative to non-invasive introduced species. However, the different evolutionary histories of the species, and often differences in the environments they invade, make difficult to know which traits play a large role in invasion. We are studying the invasion history and biology of the tomato spider mite, *Tetranychus evansi*, a mite that originates from South America and has recently emerged as a new threat to solanaceous crops in Africa and in the Mediterranean basin. Our research has revealed that two main lineages are present in Europe. Differences in their geographical distribution and population dynamics suggest that they differ dramatically in invasive potential. This provides an excellent opportunity to evaluate what biological traits differ between more invasive and less invasive lineage. We investigate two biological traits that appear likely to be key for the success of the invasion of *T. evansi* in newly colonized temperate climates: cold tolerance and host range. The species is not able to diapause, thus its invasion of a temperate environment is likely to rely upon its ability to tolerate cold. Additionally, though considered to be a specialist, as with many herbivorous insects, and its ability to exploit different species of plants is not equal, and the range of plants in the new environment likely differs from the native area. We experimentally compare life-history parameters of mites from the more and less invasive lineages and submitted them to different temperatures and host plants. We find that the more invasive lineages is more cold tolerant and has a broader host range. This supports the idea that 'general purpose genotypes' are particularly suited to invasion.

Angham Boubou - INRA, Centre de Biologie et Gestion des Populations - Montpellier - boubou@supagro.inra.fr

P40/04 Titre : Dispersion d'un insecte invasif dans un paysage socio-écologique tropical

Veronica Crespo-Perez - François Rebaudo - Jean-François Silvain - Olivier Dangles

De nombreux insectes ravageurs sont des espèces invasives dont le succès est lié à la diminution d'ennemis naturels et à la disponibilité de nourriture dans les champs cultivés. Cependant, les capacités intrinsèques de dispersion des insectes sont rarement suffisantes pour en faire une espèce invasive. L'expansion des insectes invasifs est dite stratifiée puisqu'elle se produit selon un modèle associant diffusion simple (locale) et événements de dispersion à longue distance souvent facilitée par les activités humaines. La modélisation des dynamiques de propagation des ravageurs invasifs dans des paysages agricoles ayant une forte hétérogénéité tels que les Andes tropicales représente un défi majeur et urgent car elle pourrait fournir aux pays en voies de développement des outils pour faire face aux risques liés à ces organismes. Le principal objectif de cette étude est de développer un modèle de type automate cellulaire pour simuler les dynamiques spatiales de l'invasion de la teigne de la pomme de terre *Tecia solanivora* dans une vallée agricole des Andes centrales d'Equateur où l'infestation a commencé en 2006. Ce modèle permet l'intégration de variables environnementales et sociales réelles du paysage et de comparer l'influence de l'hétérogénéité environnementale versus sociale sur la dispersion de ces insectes. Nous nous sommes intéressés plus particulièrement à la dispersion passive des insectes à longues distances. Pour cela nous avons intégré dans l'automate un modèle dit « de gravité » qui simule la dispersion à longues distances entre points discrets d'un paysage hétérogène. Nos simulations nous ont montré que les sauts à longues distances ont permis aux insectes d'envahir le territoire plus de deux fois plus rapidement que leur permettraient leurs seules capacités de dispersion. Grâce à l'inclusion de la dispersion à longues distances dans le modèle de gravité nous avons simulé avec succès la présence des insectes dans des points inatteignables par diffusion locale. Notre étude souligne l'importance d'intégrer l'hétérogénéité spatiale liée aux activités humaines (paysage social) pour une modélisation juste des dynamiques d'invasion de ravageurs dans les systèmes agricoles tropicaux.

Veronica Crespo-Perez - CEFE/CNRS - Equipe BIOFLUX - Montpellier - maria-veronica.crespo-perez@cefe.cnrs.fr

P40/05 Titre : Glacial refugia in pathogens : co-evolution history of the anther smut pathogens on *Silene latifolia* and *S. dioica*

Michael Fontaine - Elodie Vercken - Pierre Gladieux - Michael Hood - Odile Jonot - Tatiana Giraud

Climate warming is predicted to increase the frequency of invasions by fungal pathogens, with dramatic consequences on biodiversity, agriculture and economics. The study of past migration events in response to climate change, such as large-scale migrations during interglacial cycles, might provide a way to anticipate and predict the routes and dynamics of fungal pathogens in interaction with their hosts. Here we studied the genetic structure of two pathogenic fungi species (*Microbotryum* sp.) causing anther smut disease respectively on the plant species *Silene latifolia* and *S. dioica* in their native range in Europe and in the introduced range of *S. latifolia* in Eastern North America, where the host plant and the pathogen were recently introduced. Genotypes at 11 microsatellite loci were analysed on spores collected on *S. latifolia* from 172 localities (n= 701 in Europe and n=78 in the USA) and on *S. dioica* from 68 localities (n=369). Clustering analyses revealed the existence of a strong genetic structure for both pathogens in Europe with well-defined genetic clusters. The pathogen infecting *S. latifolia* displayed genetic clusters and spatial trends in the genetic diversity that matched closely with the major glacial refugia recognised in Europe. The pathogen genetic structure was globally similar to the genetic structure of its host species *S. latifolia*, suggesting interdependency between the migration pathways of the pathogen and its host. Assignment and PCA analyses further showed that strains introduced in America originated from populations located in the Western Europe. The anther smut pathogen infecting *S. dioica* also showed a strong phylogeographic structure, but that could not obviously be related to glacial refugia. We argue that differences in pathogen-host ecology with a more limited and patchy distribution of its host could explain this pattern. The systems studied here indicate that migration patterns caused by climate change can be expected to include pathogen invasions that follow the redistribution of their host species at continental scales, but also that the ecology of hosts likely affect pathogen colonisation patterns.

Michael Fontaine - Univ Paris-Sud - Laboratoire Ecologie, Systématique et Evolution - UMR8079 CNRS - orsay - michael.fontaine@u-psud.fr

P40/06 Titre : Is the invasive common ragweed better adapted to water stress than native plant species?

Benjamin Gard - Béryll Laitung - François Bretagnolle

Invading species deal with many adaptive challenges when they colonize a new biotic and abiotic environment. Invasive species may establish in communities with success because they have a high capacity of adaptation and are able to outcompete local species in their own environment. In resource-rich habitats, that often experience invasion, traits related to successful invasion such as high growth rate, early reproduction and many offspring have been documented but very few studies have tested the relative growing capacities and resource reallocation abilities of native species versus alien species in resource-limited environments. In our study, we focused on water stress environments. Indeed, if invasive species are able to adapt and to colonize a new environment, do they present specific adaptations to better resist to drought? Drought is a kind of perturbation for ecosystems, which may favour the settlement of invasive species. Furthermore, according to the experts of the Intergovernmental Panel on Climate Change, many semiarid areas of the average latitudes will suffer of a water resource fall. The predicted increase of arid surfaces and drought episodes will undoubtedly affect species development and distribution. This study aims to demonstrate the aptitude of invasive species to colonize water-limited environments in order to better assess the risk of proliferation and range expansion of these species. In our experiment, we tested the hypothesis that *Ambrosia artemisiifolia*, an invasive species introduced from North America from the Asteraceae family is better tolerant to drought than native species of the same botanic family. To assess if drought resistance adaptations are likely play a role in enhancing invasion success, we investigated foliar Relative Water Content, Specific Leaf Area, Leaf Dry Matter Content and plant resource partitioning in six weed species growing in a drying gradient of soil. These traits characterize the functional-structural changes that occur in the plant to optimize water status during a water stress episode. We compared the variation range of each plant trait between species in order to estimate the potential capacity of competition of these species in water-stress conditions. Finally, the conclusions drawn from these results are discussed in the context of invasion biology.

Benjamin Gard - UMR 1210 Biologie et Gestion des adventices - INRA/AgroSup/Université de Bourgogne - Dijon - benjamin.gard@dijon.inra.fr

P40/07 Titre : Low genetic diversity in Chilean populations of *Gracilaria chilensis* : recent introduction versus over-exploitation and cultivation

Marie-Laure Guillemin - Myriam Valero - Sylvain Faugeron - Wendy Nelson - Christophe Destombe

For the first time, the pasted history of an algal domesticated species is studied using phylogenetics and population genetics tools. Using these combined analyses, we demonstrate that the red algae *Gracilaria Chilensis* was in fact introduced more than 14 000 year ago from New Zealand. *G. chilensis* is one of the main algal resources in Chile, where it is extensively harvested and cultivated for agar production, and represent an important income for small fishermen communities. The remarkable lowest genetic diversity found in the Chilean compared to New Zealand populations is consistent with a single event of introduction; it is equally consistent with several events of introductions followed by repeated bottleneck due to over exploitation and cultivation. In addition, the recent datation of the introduction events allow to confirm the migration from New Zealand to Chile and contrasting hypotheses like thallus dispersal by rafting on the circumpolar current or anthropogenic introduction will be discussed. Our result supports the hypotheses that exchanges between the two continents and thus introduction from New Zealand to Chile are probably not negligible since the LMG (late Pleistocene - early Holocene).

Marie-Laure Guillemin - UACH - Valdivia (chili) - marielaure.guillemin@gmail.com

P40/08 Titre : Evolution des traits d'histoire de vie dans une guild de parasitoïdes envahie par une espèce compétitrice remontant vers le nord suite aux changements climatiques

Adeline Lacouchie - Joan Van Baaren

Le projet ANR Climevol a pour but de comprendre l'impact de l'arrivée, dans la vallée du Rhône, d'une espèce de parasitoïde d'origine africaine (*Leptopilina boulardi*) sur une communauté de trois espèces de drosophiles attaquées par 2 espèces de parasitoïdes. Le front de progression de *L. boulardi* est suivi depuis plus de 30 ans, permettant de comparer des populations ayant subi la présence du compétiteur depuis différentes durées à des populations encore non atteintes. *L. boulardi* est une espèce meilleure compétitrice que les espèces de parasitoïdes locales, qui réduit donc la ressource disponible pour ces dernières. Dans le cadre de ce projet, l'objectif de ce travail a été de comparer les traits de vie d'individus du parasitoïde *Asobara tabida* (une des espèces locales) provenant de 4 populations (2 au nord de la zone envahie par *L. boulardi* et 2 envahies depuis plusieurs années). Les traits de vie des organismes (longévité, fécondité, capacités de dispersion...) évoluent en réponse aux conditions environnementales, abiotiques (climat...) et biotiques (compétition...). Beaucoup de traits de vie sont liés par des compromis évolutifs, comme celui entre la fécondité et la longévité. Les conditions environnementales affectent ces compromis, modifiant l'allocation des ressources entre les différents traits. L'environnement dans lequel évoluent les populations d'*A. tabida* dans la zone envahie sélectionnerait des femelles ayant une fécondité précoce et élevée pour parer à la mortalité juvénile et à la mauvaise qualité des hôtes induites par la présence de *Leptopilina boulardi*. Une fécondité élevée peut s'accompagner d'un investissement en lipides moindre par œuf et donc à des œufs de volume réduit. La qualité des hôtes étant remise en cause par la présence de l'espèce compétitrice, les femelles du sud devraient avoir un taux métabolique et une activité locomotrice élevés afin de disperser leurs œufs plus efficacement. La tendance inverse est attendue chez les populations d'*A. tabida* du nord de la zone envahie. Le taux de lipides, la charge et le volume des œufs ont été mesurés sur des femelles émergentes et des femelles âgées de 7 jours des 4 populations. Des études préalables ayant démontré que le taux métabolique ne variait pas au cours de la vie d'un individu, celui-ci a été mesuré chez des femelles émergentes. Les résultats sont discutés en relation avec les hypothèses proposées.

Adeline Lacouchie - ECOBIO UMR 6553 Campus de Beaulieu - Rennes - deneb33@hotmail.fr

P40/09 Titre : Evolution des armes chimiques dans le complexe d'espèces *Fallopia*

Florence Piola - Guillaume Meiffren - Floriant Bellvert - Vincent Walker - Cédric Bertrand - Gilles Comte - Soraya Rouifed

Les espèces végétales introduites invasives sont capables de modifier les fonctions de l'écosystème et les propriétés du sol et menacent la biodiversité endémique. Parmi les processus impliqués, la production de métabolites secondaires participe activement au pouvoir invasif et avantage la plante exotique phytochimiquement unique dans son nouvel environnement. Les métabolites secondaires impliqués possèdent diverses activités qui incluent des effets antiherbivore, antifongique, antimicrobien et phytotoxique. Les Renouées asiatiques *Fallopia japonica* et *F. sachalinensis* sont des espèces asiatiques vivaces semi-ligneuses polyploïdes introduites au 19ème siècle. Elles envahissent l'Europe et l'Amérique du Nord, modifiant les écosystèmes et menaçant la biodiversité endémique. Des évènements d'hybridations récents, impliquant *F. japonica* et *F. sachalinensis* au sein de l'aire d'invasion, ont donné naissance à une nouvelle espèce *F. x bohemica* ou plus précisément à un complexe d'hybrides polyploïdes. Actuellement, *F. x bohemica* tend à remplacer *F. japonica* avec une agressivité accrue. Les propriétés allélopathiques des extraits de rhizomes de différentes espèces de *Fallopia* ont été démontrées. L'expression de métabolites secondaires peut conférer des avantages écologiques pour les espèces présentes dans l'aire d'invasion. Les objectifs de cette étude sont de 1) caractériser de manière différentielle la production des métabolites secondaires chez les espèces parentales *F. japonica* et *F. sachalinensis*, et 2) analyser les conséquences de l'hybridation entre ces deux espèces sur l'expression des métabolites secondaires chez des hybrides français interspécifiques *F. x bohemica*. Des extractions hydro-alcooliques des parties souterraines des espèces parentales et des hybrides ont été obtenues et analysées par HPLC-DAD-ESIMS. Cette étude révèle une importante variabilité entre les profils métaboliques des espèces parentales. La richesse qualitative et quantitative des composés phénoliques, incluant le picéide et le resveratrol pour lesquels des activités biologiques ont déjà été démontrées, est plus importante dans les extraits de *F. japonica* que chez *F. sachalinensis*. Le contenu chimique des extraits de *F. x bohemica* présente une similitude avec celui de *F. japonica*. Une analyse statistique confirme les différences observées entre les espèces parentales. De surcroît, les profils métaboliques des hybrides *F. x bohemica* sont proches de ceux de *F. japonica* mais une ségrégation transgressive pour certains composés est montrée, suggérant la possibilité de voir émerger des phénotypes exceptionnels. Ces résultats sont mis en relation avec les capacités invasives des espèces considérées. Ces résultats suggèrent une évolution des traits chimiques dans le territoire d'invasion et les génotypes les plus agressifs pourraient présenter des cocktails chimiques nouveaux résultant des hybridations post-introduction.

Guillaume Meiffren - CESN, UMR CNRS 5557, Université Lyon1 - Villeurbanne - guillaume.meiffren@univ-lyon1.fr

P40/10 Titre : Contribution de la diversité génétique et de traits d'histoire de vie au pouvoir envahissant de la Morelle Jaune, *Solanum elaeagnifolium*, dans un contexte de programme de lutte biologique

Julie Ripoll - Marie-Claude Bon - Walker Jones - Javid Kashefi - Randy Coleman

La Morelle Jaune, *Solanum elaeagnifolium* Cavanilles (Solanaceae), native des Amériques (Sud Ouest des USA, Nord du Mexique et potentiellement Argentine/Chili) est une mauvaise herbe très nocive pour le bétail et les humains. Sa rapide dispersion dans le bassin méditerranéen et ses impacts négatifs tant sur l'économie que sur l'environnement ont conduit l'Organisation Européenne et Méditerranéenne pour la Protection des Plantes (OEPP) à la classer comme organisme de quarantaine. Un programme de lutte biologique pourrait être envisagé pour la Grèce. Une étude d'analyse de ressemblances génétiques entre populations natives et introduites (Grèce) au moyen de marqueurs microsatellites devrait permettre d'identifier la zone d'origine des populations invasives où seront recherchés les ennemis naturels les plus spécifiques. Les contributions respectives de la diversité génétique et de certains traits d'histoire de vie au pouvoir envahissant de la Morelle Jaune seront aussi appréhendées dans ce cadre. Les premiers résultats de cette étude seront présentés lors de ce colloque.

Julie Ripoll - EBCL-USDA-ARS -Montpellier - ripoll@etud.univ-montp2.fr

P40/11 Titre : Un scénario de loterie familiale peut-il s'appliquer à l'espèce invasive *Crepidula fornicata* ? Etude de la variance génétique des nuages larvaires au cours du temps

Florentine Riquet - Frédérique Viard

Chez les invertébrés marins à cycle benthopélagique, la phase larvaire est une étape fondamentale du cycle de vie: unique vecteur de dispersion, elle assure les patrons de connectivité entre population (i.e. flux de gènes) et définit à chaque génération les conditions initiales de la phase benthique (via la quantité et l'origine de larves). Or, chez ces espèces, une structure génétique complexe est communément observée, qui peut notamment s'expliquer par une large variance des succès reproducteurs individuels et une répartition non aléatoire de cette variance entre famille. Une petite partie de la population assure alors le renouvellement complet de la population, hypothèse dite de « sweepstake » (loterie familiale) pour reprendre la terminologie de Hedgecock (1994). Parce que tous les individus ne contribuent pas de la même manière au renouvellement de la population, on s'attend entre autre à une importante variance génétique entre groupes larvaires issus de différents épisodes de reproduction. Nous avons testé cette hypothèse chez le mollusque gastéropode *Crepidula fornicata*, espèce introduite et invasive sur les côtes Européennes. L'utilisation de 16 marqueurs microsatellites nous a permis de comparer la diversité génétique entre différents stades de vie (adultes, larves et juvéniles, c.a. 900 individus) sur deux années consécutives (2006 et 2007) au sein d'une baie (Baie de Morlaix ; Finistère Nord). Cette étude a montré (1) une importante diversité génétique quel que soit le stade du cycle de vie observé, (2) une hétérogénéité génétique temporelle entre groupes de larves émis au cours de la saison complète de reproduction ; cette hétérogénéité est supérieure ou égale à celle observée entre différentes populations d'adultes échantillonnées dans la même baie et (3) la présence de larves sororales (pleines ou demi-sœurs) au sein d'un même échantillon de larves. Les résultats (2) et (3) sont en accord avec l'hypothèse d'une variabilité du succès reproducteur ainsi que d'une loterie familiale au cours du temps chez cette espèce. Cette étude suggère également un recrutement de larves émises par les adultes en place (i.e. couplage local entre la phase benthique et la phase pélagique) et ce, malgré les fortes capacités de dispersion potentielle de l'espèce.

Florentine Riquet - CNRS UMR 7144 - roscoff - riquet@sb-roscoff.fr

P40/12 Titre : Métagénome phytoviral des Iles Kerguelen, vers un inventaire exhaustif des phytovirus dans un écosystème simplifié

Laurence Svanella-Dumas - Chantal Faure - Carole Couture - Salma Arous - Maurice Hullé - Thierry Candresse

Quel que soit l'écosystème considéré, les récentes études menées sur la diversité virale par des approches de métagénomique suggèrent très fortement que cette biodiversité est très largement sous-estimée. Dans le cas des virus de plantes, les connaissances actuelles sur la diversité virale sont de surcroît largement biaisées au profit des espèces cultivées et des situations agricoles. Cependant la contribution des virus au fonctionnement de certains écosystèmes, comme cela a été montré pour l'environnement marin, se pose de façon générale, de même que se pose la question de l'impact des contraintes biotiques et abiotiques locales sur la biodiversité virale. Dans le cadre d'un projet financé par l'ANR, nous avons entrepris la description du métagénome phytoviral des Iles Kerguelen, un écosystème contraignant, caractérisé par une faune et une flore paucispécifiques, et dans lequel les introductions liées à la fréquentation humaine (plantes, insectes...) sont limitées, inventoriées et suivies. Ce milieu apparaît en particulier comme un environnement modèle pour établir un « état de base » de la diversité virale dans un milieu simplifié, peu perturbé, ayant peu de contact avec l'agriculture, et pour estimer l'impact de l'introduction de plantes ou d'insectes vecteurs sur la diversité des populations virales. Deux approches ont été suivies : l'une, généraliste, basée sur l'analyse par séquençage classique ou pyroséquençage des ARN double brin extraits de plantes natives ou introduites présentant ou non des symptômes; l'autre plus ciblée mettant en œuvre des tests de détection polyvalents, ciblant divers genres viraux. Les premiers résultats montrent la présence sur des espèces endémiques et/ou introduites, de virus connus et, majoritairement, de virus jusqu'alors inconnus. Ces données suggèrent de possibles introductions virales aux Iles Kerguelen mais aussi potentiellement une transmission entre plantes d'au moins un virus introduit par des pucerons vecteurs eux même introduits. Les données préliminaires du pyroséquençage mettent en évidence la présence de très nombreux virus à ARN double brin dont le statut (virus de plantes ou virus de champignons contaminant les plantes analysées) n'est pas encore clarifié. Une sous représentation des virus transmis par vecteurs aériens au profit de virus transmis par le sol pourrait représenter une adaptation du métagénome viral aux particularités de l'écosystème des Iles Kerguelen. Ces premières données montrent également qu'il est aujourd'hui envisageable de décrire la biodiversité phytovirale dans un écosystème, en préalable à l'étude de l'impact des phytovirus sur la structure et l'évolution des populations végétales.

Laurence Svanella-Dumas - INRA, UMR GDPP - Villenave d'ornon - svanella@bordeaux.inra.fr

P40/13 Titre : Flux de gènes et sélection dans l'évolution de populations invasives : cas des populations adventices de tournesol (*Helianthus annuus*)

Marie Roumet - Marie-Hélène Muller

Parmi les facteurs influençant le potentiel évolutif des espèces invasives le plus classiquement cité est la perte de diversité génétique probablement subie lors de leur introduction. Cependant, lorsque l'espèce introduite est inter-fertile avec une espèce endémique, des flux géniques en provenance de celle-ci, peuvent jouer un rôle complexe. L'évolution des populations dépend alors de l'importance relative de la migration, de la sélection et de la dérive génétique. Des formes adventices de tournesol (*Helianthus annuus*) sont observées depuis quelques années dans environ 20% des parcelles cultivées en tournesol du Lauragais (région toulousaine) et seraient issues de l'introduction accidentelle d'hybrides sauvages cultivés par les lots de semences. Le niveau d'infestation des parcelles varie de quelques individus sporadiques, à des densités supérieures à 15 plantes/m², densités pour lesquelles les pertes de rendement avoisinent les 50%. Les deux formes sont interfertiles, des flux géniques en provenance du tournesol cultivé apportent aux populations adventices des gènes clés tels que des résistances à des maladies mais aussi des gènes codant pour des caractères défavorables tels que l'absence de dispersion des graines. Chaque parcelle infestée peut être vue comme une répétition d'un phénomène d'invasion; l'étude de populations adventices situées dans des parcelles plus ou moins infestées permet ainsi d'avoir accès à différents stades du processus. Cette particularité peut être exploitée pour répondre à des questions relatives à la dynamique évolutive des populations : l'invasion d'une parcelle par une population adventice est-elle seulement le résultat d'une expansion démographique ou s'accompagne-t-elle d'une adaptation ? Comment sélection et flux de gènes interagissent-ils au cours de l'invasion ? Nous avons choisi 6 populations adventices à différents niveaux d'infestation. Un échantillon représentatif de ces populations a été caractérisé in situ aux niveaux phénotypiques, phénologiques et génétiques (15 marqueurs microsatellites). Les données récoltées seront utilisées pour caractériser et comparer : (i) la diversité morphologique et génétique présente dans chaque population (ii) les pressions de sélection exercées sur les différents caractères et (iii) les potentialités de croisement entre formes adventices et cultivés via le recouvrement des périodes de floraison. Par la suite, nous utiliserons la descendance des adventices pour étudier les bases génétiques des caractères mesurés in situ et estimer le taux de croisement de chaque adventice avec le cultivé. Ceci permettra de connaître l'importance des différentes forces évolutives dans nos populations et ainsi de faire des inférences sur leur propension à se répandre, ou non, à l'intérieur des parcelles.

Marie Roumet - INRA-DIAPC - Montpellier - roumetm@supagro.inra.fr

P40/14 Titre : Effets Allee et dynamique d'invasion : mise en évidence d'une aire critique pour la persistance de populations d'un insecte ravageur

Elodie Vercken - Andrew Kramer - Patrick Tobin - John Drake

En présence d'un effet Allee, les populations à faible densité ont un taux de croissance réduit, ce qui affecte leur dynamique. Récemment, de nombreux travaux théoriques et empiriques ont étudié l'influence des effets Allee sur la dynamique spatiale et temporelle des espèces envahissantes. En particulier, lorsqu'une population sujette à un effet Allee fort colonise un nouveau territoire, les modèles prédisent que l'aire d'installation doit être suffisamment étendue pour que la population s'établisse de manière durable en dépit de la perte d'individus par diffusion dans le milieu. Nous avons testé cette prédiction à travers l'analyse de la persistance de nouvelles colonies en amont du front d'invasion du *Bombyx disparate* aux Etats-Unis. Cette espèce ravageuse envahissante fait l'objet d'une campagne annuelle de piégeage intensif depuis 1993 le long du front d'invasion. A partir de 12 années de données de présence/absence, nous avons élaboré une méthode originale de définition des limites spatiales des populations basée sur une décomposition de Voronoi. Nous avons ensuite testé l'effet de la surface des populations sur leur probabilité de persistance d'une année sur l'autre à l'aide de modèles additifs généralisés incorporant la localisation spatiale des populations. Nous avons mis en évidence un effet positif et répétable de la surface des populations et de leur densité relative sur leur probabilité de persistance, ce qui confirme les prédictions issues des modèles théoriques généraux et de l'analyse d'un modèle mécanistique du taux de croissance des populations de *Bombyx disparate* que nous avons développé. Cette étude apporte la première confirmation empirique de l'existence d'une aire critique pour la persistance des populations en présence d'effets Allee forts.

Elodie Vercken - INRA, UMR IBSV - sophia antipolis - elodie.vercken@sophia.inra.fr

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

P41/01 Titre : EPPO PRIORITIZATION PROCESS, un nouvel outil de hiérarchisation des plantes invasives et son application sur 300 espèces exotiques présentes en France

Guillaume Fried - Sarah Brunel

Un des outils essentiels dans la lutte contre les plantes exotiques envahissantes est l'analyse de risque phytosanitaire (ARP) qui permet de déterminer si une espèce représente un risque et le cas échéant, de définir les mesures de gestion préventive à mettre en place. Le nombre de plantes exotiques présentes en Europe est déjà très important, et le temps nécessaire à la conduite d'une ARP est très long ; la mise en place d'une hiérarchisation des plantes exotiques constitue donc une étape préliminaire nécessaire. Alors que ces hiérarchisations reposaient largement sur des dires d'experts, nous proposons ici un outil basé sur une évaluation scientifique objective. Cette hiérarchisation permet de déterminer en fonction de leur vitesse de dissémination et du niveau de leur impact écologique et/ou économique, quelles plantes exotiques peuvent être considérées comme envahissantes. Parmi ces dernières, celles dont la distribution est encore limitée et dont l'éradication est jugée techniquement faisable représentent des priorités pour l'ARP. Cet outil vise donc à identifier les espèces invasives dites émergentes. Il a été initialement développé pour être utilisé à l'échelle régionale des 50 pays de l'Organisation Européenne et Méditerranéenne de Protection des Plantes, mais peut être également utilisé à l'échelle d'un pays, et a été testé ici pour la France. Les résultats ont été comparés à ceux obtenus en utilisant une autre méthode [Assessing the risk of potentially invasive plant species in central Europe. *Journal for Nature Conservation* 12 (2004) 171-179] plus orientées sur l'utilisation de certains traits de vies (taille, type biologique, mode de reproduction végétative, nombre de semences produites et mode de dispersion) et de caractéristiques écologiques et biogéographiques (origine et amplitude de l'aire géographique, comportement et habitat envahi). Il aboutit à un score représentant trois niveaux de risque : faible (3-20), intermédiaire (21-27) et élevé (28-39). Sur les 300 espèces évaluées, l'EPPO Prioritization Process a permis de distinguer une trentaine d'espèces qui devraient faire l'objet d'actions prioritaires de prévention, comme *Alternanthera philoxeroides*, *Crassula helmsii*, *Fallopia baldschuanica*, *Humulus japonicus*, ou encore *Stipa trichotoma*. Les résultats de la seconde méthode sont largement concordant avec ceux de l'EPPO Prioritization Process et les scores obtenus permettent de réaliser un tri plus fin parmi l'ensemble des espèces prioritaires.

Guillaume Fried - LNPV - montpellier - fried@supagro.inra.fr

P41/02 Titre : L'éthique environnementale au service de la conservation : le cas de l'Ibis sacré

Lukas Ostermann - Virginie Maris

Les indicateurs de biodiversité sont généralement des outils descriptifs qui permettent de donner une idée générale de l'état de la biodiversité à un moment donné et de son évolution dans le temps. Cependant les prises de décision permises par la communication de ces indicateurs impliquent nécessairement la mise en jeu d'un certain nombre de valeurs morales. La volonté de conserver la biodiversité implique que lui soit attribuées certaines valeurs, qui renvoient à différents cadres normatifs (valeur instrumentale, valeur d'existence, valeur intrinsèque, etc.). Si quelques valeurs sont directement quantifiables économiquement, l'attribution de valeurs morales à la biodiversité repose sur des considérations non quantifiables, ancrées dans la réalité d'un système dynamique de représentations et de valorisations des milieux naturels. De la même manière que les indicateurs descriptifs apportent les fondements nécessaires à l'évaluation de l'état de la biodiversité, l'élaboration d'indicateurs normatifs offrant une vue synthétique de l'évolution des valeurs en lien avec cette biodiversité permettrait de rattacher les prises de décision à l'évolution et à la diversité réelle des positions normatives du public et des parties prenantes. Ce poster présentera un cadre théorique permettant de développer de potentiels indicateurs normatifs, et de montrer d'une part leur originalité et d'autre part le manque qu'ils pourront venir combler. Il tentera ensuite l'élaboration d'un cadre théorique pour articuler cette démarche autour d'un cas précis, celui de la gestion de l'Ibis sacré (*Threskiornis aethiopicus*). Les Ibis sacrés, originaire d'Afrique sub-saharienne, sont présents sur la côte méditerranéenne française depuis le milieu des années 90. Échappés de captivité ils sont actuellement considérés comme une espèce invasive. En vertu du principe de précaution, l'éradication de l'espèce a été commanditée et mise en œuvre au printemps 2006 sur l'ensemble du littoral français. Cette décision ne manqua pas de soulever un vif débat quant au statut et au devenir de cette espèce. Au-delà des controverses scientifiques sur l'impact prévisible de cette introduction sur la biodiversité locale, ces débats ont mis en dispute une grande diversité de positionnement normatifs : droits des animaux, valeur récréative, valeur esthétique, intérêt des espèces, intégrité des écosystèmes, sens de la place, valeur de la biodiversité. Un suivi de ces positions, éclairé par les outils conceptuels de l'éthique environnementale mais précisément adapté à ce contexte particulier, permettrait la mise en œuvre d'une gestion de la biodiversité plus sensible aux enjeux normatifs de la situation, et pourrait gagner par là-même à la fois en légitimité et en efficacité.

Lukas Ostermann - Université Montpellier II - Montpellier - lukas.ostermann@etud.univ-montp2.fr

P41/03 Titre : Au sein d'une annexe hydraulique, quelle est la part de *L. grandiflora* envahissante dans la production de matière organique ?

Brigitte Ruaux - Nina Richard - Catherine Boisneau

En Loire moyenne, les modifications des régimes thermique et hydrologique contribuent à augmenter la durée de déconnexion des annexes hydrauliques et ainsi à réduire la circulation de la matière organique. La colonisation des annexes hydrauliques par les jussies (*Ludwigia* spp.) et la forte production de biomasse de ces espèces, devrait encore renforcer, in situ, l'abondance de la matière organique (MO) d'origine macrophytique. Dans une annexe hydraulique, envahie par *L. grandiflora*, nous avons identifié et quantifié les apports endogènes de MO vivantes et mortes, au sein de deux classes d'ombrage arboré. En parallèle, la température de l'eau a été enregistrée en continu. La biomasse macrophytique est constituée d'au moins 65 % de *L. grandiflora* allant jusqu'à 4,82 gMS.m⁻² en condition d'ombrage nul. La nécromasse est constituée d'au moins 63% de *L. grandiflora* en ombrage nul (ON) et au maximum de 11% en ombrage fort (OF). Dans cette classe d'ombrage, les saules et les peupliers comptent pour plus de 3/4 des masses identifiées. Les dynamiques de production de biomasses et nécromasses présentent une saisonnalité plus marquée en ombrage nul avec un décalage d'un mois et une production annuelle 2.6 fois supérieure. Les variations de production de biomasses deviennent négatives à partir de septembre en ombrage nul et d'octobre en ombrage fort. Respectivement, elles présentent un maximum de 6.7 gMS.m⁻².j⁻¹ en juillet (ON) pour 2.7 gMS.m⁻².j⁻¹ en août (OF). Les variations de production de biomasses et nécromasses ne sont pas corrélées à la température de l'eau, ni à la quantité de degrés jours pour des seuils de 10°C ou 12°C. Par contre, la production de MO par *L. grandiflora* est fortement influencée par l'ensoleillement. Dans cette annexe, *L. grandiflora* est la principale productrice de MO d'origine macrophytique. En condition fortement ensoleillée, la production de nécromasse de *L. grandiflora* est quasi identique à celle, en condition ombragée, d'origine arborescente. Nous pouvons donc supposer que *L. grandiflora* induit une homogénéisation de la distribution de la MO dans les annexes hydraulique qu'elle colonise. Mots clés : Production ; *L. grandiflora* ssp. *hexapetala* ; Matière organique ; Ombrage ; Loire moyenne ; Annexe hydraulique

Brigitte Ruaux - Université F. Rabelais, UMR CITERES-IPAPE - Tours - brigitte.ruaux@univ-tours.fr

P41/04 Titre : Les élodées, un bon indicateur des contraintes environnementales?

Lise Thouvenot - Jacques Haury - Gabrielle Thiébaud

L'introduction et la prolifération d'espèces exotiques dans les écosystèmes peut constituer un bon indicateur des perturbations anthropiques. En effet, après la phase d'introduction, leur prolifération dans le milieu nécessite une phase d'adaptation aux nouvelles conditions environnementales. Les perturbations favoriseraient l'invasibilité des habitats par les espèces exotiques. Ainsi nous supposons que la salinisation des eaux en Lorraine suite aux actions anthropiques (salage des routes, rejets de soudières, etc.) serait un facteur favorisant l'invasion des cours d'eau par les exotiques. Notre objectif est de suivre la dynamique de colonisation de deux espèces exotiques *Elodea canadensis* et *Elodea nuttallii* en fonction d'un gradient de salinité. Nous avons donc recherché ces espèces sur 13 stations réparties sur deux affluents de la Moselle : la Meurthe et la Seille. La Seille est un milieu naturellement salé alors que la Meurthe subit les rejets des soudières. Lors de nos relevés de terrain, nous avons observé une composition floristique identique sur les deux cours d'eau mais une diversité floristique plus faible sur la Meurthe. La présence d'élodées n'a été mise en évidence que sur la Meurthe à des concentrations de 500 mg/L et 1 g/L de sel. L'absence d'élodée sur la Seille pourrait s'expliquer par un milieu durablement stressant: cette stabilité ne permet pas aux espèces exotiques de s'installer et de se maintenir. Afin de tester notre hypothèse une expérimentation de transplantation d'élodées d'une durée d'un mois sur deux stations à des concentrations de 0,5 et 1g/L situées sur la Seille a été réalisée. La mesure de traits morphologiques des deux espèces nous ont permis de montrer qu'elles peuvent résister à ces concentrations. Ces résultats confirment notre hypothèse : les élodées apparaissent comme des indicateurs pertinents des perturbations anthropiques. Mots-clés: espèces invasives, macrophytes, salinité, traits morphologiques.

Lise Thouvenot - UMR 6553 Ecobio - Rennes - lise.thouvenot@univ-rennes1.fr

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

P42/01 Titre : Comprendre la différenciation écologique et l'endémisme au sein du genre *Arenaria* dans le Sud de la Provence par une approche reposant sur les communautés végétales

Errol Véla - Alex Baumel - Marianick Juin - Estelle Dumas - Laurence Affre - Thierry Taton

Pourquoi une espèce a-t-elle une distribution restreinte alors que d'autres espèces, de forme et d'écologie a priori similaires, phylogénétiquement proches ou non, ont une plus grande distribution ? Cette question est posée pour le genre *Arenaria* au sein des milieux ouverts et rocheux de sud de la Provence (S-E France). Nous avons utilisé une approche comparative de la niche écologique, des *Arenaria* du sud de la Provence, basée sur les règles d'assemblage des communautés et des variables environnementales (624 relevés floristiques et 17 variables environnementales). Les objectifs sont de différencier la niche écologique des espèces des milieux ouverts et plus particulièrement des taxons du genre *Arenaria* puis d'utiliser ces délimitations pour construire une hypothèse sur les causes de l'endémisme d'*Arenaria* provincialis, taxon endémique des environs de Marseille. Cette approche est complétée par une étude comparative des traits biologiques et soutenue par une phylogénie du genre *Arenaria*. Mots clés : analyse multivariée, assemblage des communautés, biogéographie, dispersion, adaptation, spéciation.

Errol Véla - CIRAD, AMAP - Montpellier - errol.vela@cirad.fr

P42/02 Titre : L'analyse fréquentielle, un outil pour l'analyse de l'assemblage des communautés végétales. Application à la végétation des marais salés de la baie du Mont-Saint-Michel.

Clélia Bilodeau - Michel Godron - Marianne Cohen - Jean-Paul Deroin - Benoit Deffontaines

L'analyse fréquentielle est une méthode statistique permettant l'identification des associations d'une communauté végétale et la détermination de leur profil écologique (Godron, 1968 ; Daget & Godron, 1982). Cette méthode a été appliquée à la végétation des marais salés de la Baie du Mont-Saint-Michel, afin de mieux comprendre l'organisation de ces paysages fortement structurés par la marée (Gehu & Gehu-Franck, 1982; Fustec & Lefeuvre, 2002). Cette méthode est basée sur la constitution d'une table de contingence des présences et absences de chaque paire d'espèces végétales d'après des relevés de terrain. Deux espèces sont d'autant plus liées que la probabilité de leur table de contingence est faible. Elles sont alors regroupées dans la même association végétale. Les données de présence-absence d'une espèce selon les modalités d'un paramètre de l'environnement peuvent également être étudiées grâce à une table de contingence et au calcul de sa probabilité. Ceci permet de définir le profil écologique de chaque espèce végétale. Nous avons appliqué cette méthode à la végétation des marais salés de la Baie du Mont-Saint-Michel, à partir de données de terrain comprenant une vingtaine de transects de végétation par point-contact, représentant un total de près de 10000 points répartis sur l'ensemble de la Baie. Les associations végétales de chaque transect ont été déterminées et comparées entre elles et avec le schéma théorique de l'organisation des marais salés (haut/moyen/bas schorre et haute slikke, Bonnot-Courtois & Levasseur, 2000). De plus, à partir de données de télédétection telles que des données d'altitude LIDAR de haute résolution (Ifremer, financement Fondation Total) et une orthophotographie (Ortho Littoral 2000, IGN), le profil écologique de chaque espèce a pu être déterminé pour plusieurs descripteurs de l'environnement, notamment l'altitude et la géomorphologie. Cette méthode d'analyse fréquentielle permet ainsi le traitement rapide de données de terrain et une visualisation simple des associations végétales et de leur profil écologique. Elle a permis ici de mieux comprendre l'assemblage des communautés végétales de la Baie du Mont-Saint-Michel le long d'un gradient topographique, et de nuancer le schéma traditionnellement accepté de la zonation des marais salés.

Clélia Bilodeau - Laboratoire GTMC, Université Paris-Est - champs-sur-marne - Marne-la-vallée - clelia.bilodeau@gmail.com

P42/03 Titre : Parasite community ecology and epidemiological interactions at the wildlife/domestic/human interface: can we anticipate emerging infectious diseases in their hotspots?

Alexandre Caron - Serge Morand - Michel De garine-Wichatitsky

Identified hotspots for emerging infectious diseases are often characterised by an extensive wildlife/domestic/human interface in tropical ecosystems, thus creating complex multi-hosts and multi-pathogens systems. How do we anticipate emerging events in these hotspots, when they have not yet occurred? The parasite communities shared by wild and domestic populations at this interface reflect both historical and ecological interactions between them. Using recent advances in landscape ecology, community ecology, evolutionary molecular biology, we present a research framework to identify potential pathways for future spillover of pathogens between hosts, in order to predict emergence of infectious diseases in domestic or human populations. Based on a comparative study of component communities between wild and domestic populations, inferred parasite transmissions in a specific ecosystem are represented as a network of interactions between host populations. This network is characterised by the frequency, intensity and direction of interactions which are estimated by presence/absence or abundance/prevalence data. The results of this network analysis can provide direct input for spatially targeted disease surveillance in the host population of the wildlife/domestic/human interface most at risk of being the object of an inter-specific spillover process.

Alexandre Caron - Cirad UPR AGIRs - Harare - alexandre.caron@cirad.fr

P42/04 Titre : Ecologie des métacommunautés de rongeurs dans les agro-écosystèmes sahéliens : effets des conditions environnementales locales et de la distribution spatiale sur la différenciation des communautés

Ambroise Dalecky - Khalilou Bâ - Donald Sênakpon Gbenou - Solimane Ag Atteyine - Mamadou Kane - Aliou Sow - Mamoudou Diallo - Nathalie Sarr - Sylvain Piry - Carine Brouat - Jean-Marc Duplantier

Posters Session 42

Un des défis de l'écologie des communautés est de déterminer l'influence relative des processus déterministes, stochastiques et historiques sur la distribution des espèces. Si la distribution des espèces est influencée par l'habitat (par exemple, à travers l'effet des filtres environnementaux) on s'attend à ce que les conditions environnementales locales aient un effet significatif sur la structure des communautés. En revanche, si la dispersion spatialement limitée influence la distribution des espèces on s'attend à un effet de la distance spatiale. Ces deux hypothèses ne sont d'ailleurs pas nécessairement exclusives. Nos travaux de recherche visent à apporter des données empiriques sur les déterminants de la structure des communautés de petits mammifères, en particulier des rongeurs, dans le contexte de conditions environnementales variables dans le temps et dans l'espace au Sahel, à travers l'étude des périmètres irrigués à usage agricole et de l'espace limitrophe marqué par la sécheresse au Sénégal et au Mali. La présence d'habitats contrastés (villages, parcelles cultivées, pâturages non cultivés) se répète à l'échelle locale et régionale, et il existe une forte hétérogénéité des écosystèmes et des usages agricoles à différentes échelles spatiales et temporelles. La fréquence des espèces de rongeurs capturés lors d'un suivi longitudinal (2007-2010) a été estimée selon un échantillonnage spatialement hiérarchisé dans quatre régions d'études. Dans chacune de ces régions, nous avons cherché à déterminer la part de variation de composition des communautés locales qui est expliquée (i) par des variables environnementales locales (présence d'eau libre, humidité du sol, type de sol, recouvrement par la végétation, abondance et hauteur des strates herbacée, buissonnante et arborée), (ii) par des variables spatiales indépendamment des gradients environnementaux considérés et (iii) par l'effet combiné des deux variables. Nous discutons ces résultats afin de proposer les processus qui influencent l'assemblage de ces communautés de rongeurs à la lecture d'une approche d'écologie des métacommunautés. Mots-clefs: diversité β , structure des communautés, distance spatiale, conditions environnementales locales, dispersion, métacommunautés, rongeurs, Rodentia, Sahel, Afrique de l'Ouest.

Ambroise Dalecky - IRD CBGP - Montferrier sur Lez, France - ambroise.dalecky@ird.fr

P42/05 Titre : Les Traits de la faune du sol pour relier les Changements Environnementaux aux fonctions du sol (TRACES – projet Gessol 3)

Florence Dubs - Sébastien Barot - Manuel Blouin - Matthieu Chauvat - Thibaud Decaëns - Mickael Hedde - Jean-François Ponge - Sandrine Salmon

L'influence de la biodiversité sur certaines fonctions des écosystèmes, telles que la productivité primaire ou le recyclage des nutriments est maintenant bien connue. Dans le sol de nombreux processus et les services écosystémiques associés sont en grande partie régulés par les organismes du sol. Toutefois, les atteintes portées à ces organismes menacent la provision de ces services écosystémiques par l'altération du rôle fonctionnel de la biodiversité des sols. Le rôle central de ces organismes dans le fonctionnement du 'compartiment sol' des écosystèmes nécessite la compréhension à la fois des facteurs qui gouvernent leur distribution mais aussi de leur rôle fonctionnel propre. Si les règles d'assemblages des communautés proposent un cadre conceptuel élégant pour prédire les assemblages d'espèces à partir de la connaissance des traits de réponse des organismes aux contraintes environnementales, il est nécessaire de développer une approche expérimentale conséquente pour appréhender le rôle fonctionnel spécifique d'un grand nombre d'espèces afin de pouvoir intégrer ces effets au niveau des communautés observées localement. Ce projet de recherche a pour objet de (1) décrire les assemblages d'espèces de la faune du sol (macrofaune saprophage, collembole) à partir de jeux de données existant pour étudier les traits de réponse (dispersion, préférences d'habitat, compétition) qui les conditionnent, et (2) étudier l'impact des espèces dominantes de ces assemblages sur un des processus majeur du sol, la dégradation de la matière organique, en quantifiant leur impact sur une des étapes du processus, la fragmentation de la matière organique. Ce projet est ainsi l'occasion de déterminer comment les théories développées dans le cadre des métacommunautés s'appliquent aux spécificités de l'écologie du sol. Il offre également l'opportunité de réfléchir à comment les concepts de trait de réponses et de trait d'effets peuvent être appropriés pour relier les changements environnementaux, les assemblages locaux d'espèces et la production de services écosystémiques par le sol. Nous présenterons d'une part l'approche analytique pour répondre au premier point et d'autre part l'approche expérimentale qui sera développée pour tenter de répondre au second point.

Florence Dubs - IRD - UMR Bioemco - Bondy - florence.dubs@ird.fr

P42/06 Titre : Analyse exploratoire de la structure spatiale d'assemblages d'espèces

Vera Georgescu - Samuel Soubeyrand - André Kretzschmar - Anna-Liisa Laine

L'existence de plusieurs types d'interactions entre espèces peut être expliquée par la théorie écologique d'états stables multiples, ou par l'hétérogénéité spatiale d'une variable environnementale non observée. Ces interactions multi-types peuvent aboutir à différents assemblages des abondances de ces espèces. Nous proposons une méthode exploratoire permettant de détecter, cartographier et analyser spatialement la structure des assemblages d'espèces à partir de données spatiales d'abondances de ces espèces. Cette méthode, intitulée CASA (Classification And Spatial Analysis), effectue d'abord une classification non spatiale des vecteurs d'abondances d'espèces observées, puis une analyse spatiale des classes ainsi créées. Nous appelons ces classes des types d'assemblages. Les deux étapes de cette procédure sont : 1. Classification : Des types d'assemblages d'espèces sont obtenus en classant les vecteurs d'abondances d'espèces par une méthode probabiliste basée sur des mélanges de lois multivariées. Les lois utilisées dépendent du type de données. Cette étape ne tient pas compte de la corrélation spatiale des données car on ne dispose pas d'informations a priori sur la structure spatiale des types d'assemblages. Cette classification permet d'obtenir, en plus de l'affectation de chaque vecteur d'abondances à un type d'assemblage, sa probabilité d'appartenance à chacun des types. 2. Analyse spatiale : Les types d'assemblages obtenus sont analysés par des méthodes classiques d'analyse spatiale dans un espace doté de la distance euclidienne (variogrammes, barycentres, distances inter-classes). Ces méthodes utilisent les probabilités d'appartenance des observations aux classes afin de tenir compte de l'incertitude de la 1ère étape et obtenir ainsi une estimation plus précise de l'erreur à la fin de la procédure. Cette méthode est utilisée pour mettre en évidence un gradient d'infection dans un système hôte-pathogène dans les îles Åland en Finlande. CASA peut être un bon outil préliminaire dans les études écologiques s'intéressant aux distributions spatiales de plusieurs espèces en répondant à des questions telles que : Doit-on utiliser un modèle spatial? Y-a-t-il plusieurs types d'assemblages d'espèces? Quelle variable environnementale explique le mieux la distribution des assemblages d'espèces?

Vera Georgescu - INRA, unité Biostatistiques et Processus Spatiaux (BioSP) - Avignon - vera.georgescu@avignon.inra.fr

P42/07 Titre : Structuration spatiale des communautés par interaction des traits éco-physiologiques et de l'hétérogénéité environnementale : exemple de l'assemblage de grands herbivores à l'échelle d'un paysage africain

Fabrice Hibert - Hervé Fritz

La question de la structuration spatiale des communautés par interaction de l'hétérogénéité de l'environnement et des traits spécifiques a été relativement peu explorée chez les grands herbivores à l'échelle du paysage. Cette question est cependant essentielle pour comprendre comment la modification de certaines caractéristiques de l'environnement peut affecter la communauté d'herbivores à l'échelle d'un écosystème et, de là, les processus écologiques liés à cette communauté. Nous avons cherché à tester si les modèles de sélection alimentaire spécifique utilisant les traits éco-physiologiques permettaient d'expliquer la structure d'une communauté d'ongulés sur l'étendue d'une aire protégée. Ces modèles supposent que les animaux adoptent un comportement alimentaire visant à maximiser à la fois la quantité d'énergie ingérée et celle d'éléments nutritifs. Les déplacements et la distribution spatiale qui résultent de cette sélection seraient ainsi soumis à la fois à des contraintes externes, notamment à la disponibilité des ressources alimentaires et à des contraintes intrinsèques. Ces contraintes intrinsèques spécifiques, différenciées sous le jeu de processus évolutifs, sont souvent liées aux besoins physiologiques dépendant de leur taille corporelle et à leur perception et discrimination des structures de leur environnement. Nous avons modélisé les variations spatiales de la composition de la communauté de grands herbivores du parc régional du W en Afrique de l'Ouest, en tout début de saison des pluies, à l'aide d'une analyse discriminante des opérateurs de voisinage sur des données de comptage aérien. Cette analyse, qui se base sur l'analyse de la nature des troupeaux voisins, a révélé un gradient spatial dans la composition du peuplement qui est bien corrélé à la masse métabolique des différentes espèces. Ce gradient s'explique d'autre part par les variations spatiales de la production primaire mesurée en terme de NDVI (végétation en repousse). Comme supposé, les ongulés de grande taille qui ont théoriquement besoin de plus grande quantités de fourrage occupent davantage les zones de plus forte productivité primaire que les espèces plus petites. L'assemblage d'espèces paraît finalement s'ajuster dans l'espace en fonction de la qualité des ressources définies par les besoins alimentaires et énergétiques des différentes espèces. On peut penser qu'en choisissant les zones présentant une forte densité de fourrage vert, les groupes des grands animaux trouvent suffisamment de nourriture de qualité pour l'ensemble des individus les composant tout en limitant par ailleurs les trajets entre les sites d'alimentation ainsi que la dépense d'énergie et la perte de temps liées aux autres activités que l'alimentation.

Fabrice Hibert - CIRAD, Animal & gestion des Risques - Montpellier - fabricenz@gmail.com

P42/08 Titre : Importance de la compétition dans la distribution des communautés végétales le long d'un gradient d'inondation

Amandine Merlin - Anne Bonis - Jan-Bernard Bouzillé

Les communautés végétales sont contrôlées par des règles d'assemblage correspondant à des filtres abiotiques et biotiques agissant à partir d'un pool d'espèces. Le long de gradients d'inondations, la tolérance au stress des espèces et les interactions plante-plante peuvent être modifiées. Ainsi, les prairies humides soumises à un gradient de durée d'inondation ont été choisies pour étudier ces règles d'assemblages, en particulier le compromis entre capacités compétitives des espèces et leur capacité à tolérer la contrainte, en utilisant le concept de niche des espèces. Nous faisons l'hypothèse d'une variation de la réponse compétitive des espèces en relation avec l'intensité de la contrainte, ici la durée d'inondations. Une expérimentation in situ a été mise en place pour distinguer l'importance relative des facteurs abiotiques et des interactions plante-plante dans la structure de trois communautés végétales le long d'un gradient d'inondation (communautés hygrophile, mésohygrophile et mésophile). Les niches fondamentales et réalisées de 12 espèces, caractéristiques des trois communautés végétales, ont été déterminées. Les niches fondamentales des espèces diffèrent significativement entre espèces le long du gradient d'inondation. Comme attendu, l'amplitude de la niche des espèces est modifiée en présence de compétiteurs. De plus, une augmentation de l'intensité de la contrainte (en hauteur ou en durée d'inondation) induit une réduction de l'importance des interactions compétitives. Le compromis entre tolérance au stress et capacités compétitives des espèces explique ainsi le patron de distribution des communautés observé in situ, confirmant notre hypothèse de travail. Par exemple, des espèces comme *Mentha pulegium* sont restreintes dans les zones longuement inondées du gradient, en raison de faibles capacités compétitives et ainsi exclues par des espèces plus compétitives. Cette expérimentation met en évidence l'importance du concept de niche écologique des espèces pour la compréhension des règles d'assemblage des communautés le long d'un gradient d'inondation.

Amandine Merlin - UMR Ecobio Université de Rennes - Rennes - merlin.amandine@gmail.com

P42/09 Titre : Phylogénie des communautés et distribution de l'endémisme végétal et fongique à l'échelle d'une grande île méditerranéenne : le cas de la Corse

Anne-Christine Monnet - François Munoz - Franck Richard

La compréhension des mécanismes à l'origine de la distribution des espèces en contexte insulaire est une question centrale en écologie. La Corse, grande île montagneuse de l'ouest du bassin méditerranéen, est un point de convergence d'éléments floristiques, fongiques et faunistiques d'origines contrastées. A la fois mosaïque géomorphologique et climatique, elle constitue un candidat privilégié pour explorer la part des déterminismes écologiques et des processus biogéographiques dans la distribution actuelle des espèces. Ce travail propose d'analyser, pour deux groupes d'organismes étroitement liés, les végétaux vasculaires et les macromycètes, les distributions d'espèces selon leur (i) position écologique, (ii) niveau d'endémisme, (iii) origine biogéographique, (iv) position phylogénétique et (v) spectre de partenaires. Nous avons ainsi étudié au moyen de techniques statistiques multivariées 985 taxons de végétaux vasculaires et 474 taxons de macromycètes. Il apparaît que végétaux et champignons répondent similairement, dans leur distribution à l'échelle de l'île, au gradient bioclimatique altitudinal et à la disponibilité en eau. En ce qui concerne la diversité fongique, la présence des chênes est déterminante pour les taxons mycorrhiziens alors que les gymnospermes d'altitude concentrent l'essentiel de la diversité des taxons décomposeurs du bois. Une analyse restreinte aux seuls taxons végétaux endémiques montre une richesse relative concentrée en altitude, et un conservatisme de niche exprimé par les origines biogéographiques, malgré une absence de structuration phylogénétique globale de cette niche. Ces résultats sont discutés en termes écologiques, biogéographiques et évolutifs, et éclairent la nature des liens écologiques plantes-champignons dans une perspective de conservation intégrée de la diversité biologique à l'échelle de la Corse.

Anne-Christine Monnet - CEFE-CNRS - Montpellier - anne-christine.monnet@orange.fr

P42/10 Titre : Mesurer la biodiversité autrement pour mieux détecter les effets des perturbations: exemple de la relation entre fragmentation des habitats et composition des communautés végétales forestières

Laure Turcati - Hélène Freville - Jacques Moret - Emmanuelle Porcher

Les changements d'occupation des sols, qui s'intensifient depuis les années 1850, sont considérés comme une des causes majeures de perte de biodiversité, notamment via une fragmentation des habitats. L'impact de la fragmentation sur la dynamique des populations ou la persistance des espèces est bien documenté mais son effet à l'échelle des communautés reste moins étudié. Comme l'effet de la fragmentation sur la dynamique et la probabilité d'extinction locale des espèces semblent variables entre espèces, on s'attend à ce que la composition des communautés soit influencée par la fragmentation, sans que cela soit nécessairement associé à une perte de diversité spécifique localement. Notre objectif est donc de tester l'impact de la fragmentation sur la composition des communautés, en utilisant comme modèle des communautés végétales forestières, en étudiant notamment la relation entre menace externe (ici la fragmentation) et sensibilité intrinsèque des espèces en fonction de leurs traits. En croisant des données floristiques –récoltées de 2001 à 2005 sur toute l'Île-de-France dans des habitats forestiers– avec des données de mode d'occupation du sol, nous avons examiné d'une part la sensibilité des espèces à la fragmentation et sa relation avec plusieurs traits fonctionnels ; d'autre part la relation entre différents paramètres de fragmentation des habitats forestiers et la richesse spécifique et la composition des communautés (degré de spécialisation notamment). Nos résultats suggèrent que la sensibilité des espèces à la fragmentation ne dépend pas de leurs traits de dispersion ou de pollinisation mais de leur degré de spécialisation à l'habitat. D'autre part, nous avons montré que la richesse spécifique n'est pas corrélée la fragmentation du paysage, au contraire du degré de spécialisation des communautés forestières qui diminue quand la fragmentation augmente, avec des conséquences possibles sur le fonctionnement de ces communautés. Ceci suggère que la fragmentation du paysage est associée à une homogénéisation biotique des communautés végétales forestières (espèces spécialistes remplacées par les mêmes espèces généralistes dans tous les sites), mais qui peut être détectée à l'échelle locale grâce à l'utilisation d'un indice de spécialisation moyenne des communautés. Cet indice semble être une alternative prometteur à la simple mesure de la richesse spécifique, peu informative du degré de perturbation des communautés, mais encore très utilisée pour mesurer la biodiversité.

Laure Turcati - UPMC-MNHN CERSP -Paris - turcati@mnhn.fr

P42/11 Titre : Influence de la structure du paysage et de l'historique d'utilisation du sol sur la diversité locale des collemboles

Charlène Heiniger - Florence Dubs - Sébastien Barot

Face à l'augmentation de la pression anthropique sur l'environnement, il est urgent de clarifier les processus structurant les assemblages locaux d'espèces et déterminant leur diversité. Il a été montré chez plusieurs groupes, que la structure du paysage influence la biodiversité au niveau local. Cette étude a pour but de comprendre quels sont les caractéristiques spatiotemporelles du paysage (degré de fragmentation, passage d'un milieu forestier vers un milieu agricole et inversement) qui influencent la structure et la composition des communautés de collembole. Dans un paysage fragmenté, nous pourrions nous attendre à trouver un grand nombre d'espèces du fait de la diversité des habitats présents. Or Ponge et al (2003) montrent que la diversité locale de collembole chute avec la diversification du paysage. L'hypothèse serait que les paysages les plus diversifiés sont aussi les plus dynamiques. Le déficit de diversité au niveau local serait dû au passage trop récent d'une parcelle agricole à une parcelle forestière (et inversement), ce qui n'aurait pas encore permis la recolonisation de toutes les espèces potentiellement présentes. Basée sur un plan d'échantillonnage ciblé sur cette question, notre étude permettra d'évaluer l'influence relative de la structure et de la dynamique du paysage sur la diversité locale des collemboles. Ce plan d'échantillonnage comprend quatre niveaux de fragmentation de l'habitat. Pour chaque niveau de fragmentation, nous nous placerons dans des habitats mis en place récemment ou depuis de nombreuses années et nous ferons de même pour la matrice environnante. Ce plan d'échantillonnage, répété en milieu forestier et en milieu agricole, comprend ainsi 32 situations (4 niveaux de fragmentation x 2 « âges » d'habitats x 2 « âges » de matrice environnante x 2 habitats). Il sera mis en place grâce à une cartographie basée sur des photos aériennes de la région du Morvan (Bourgogne) allant de 1948 à 2002, qui distinguera finement les milieux forestiers des milieux agricoles. Nous attendons la diversité locale la plus élevée dans les situations les moins fragmentées et en place depuis longtemps tandis que les matrices les plus perturbées montreraient une diversité plus faible avec des espèces à grande capacité de dispersion. D'une manière générale nous répondrons aux questions : La structure spatiale du paysage explique-t-elle à elle seule la diversité locale ? Ou existe-t-il une dimension temporelle importante ? Peut-on utiliser la morphologie des espèces pour définir des classes de disperseurs et ainsi expliquer leur occurrence grâce à leurs traits ?

Charlène Heiniger - Institut de Recherche pour le Développement - Paris - charlene.heiniger@ird.fr

P42/12 Titre : Dans quelle mesure la distance intervient elle dans la réponse des communautés végétales à l'influence des lisières forestières ?

Audrey Alignier - Marc Deconchat

Les lisières sont des éléments ubiquistes des paysages fragmentés ruraux. Définies comme des discontinuités dans le couvert arboré, elles influencent la structure, la composition et la diversité des communautés végétales forestières. Ces effets de lisières sur la flore forestière résultent en partie des différences dans les conditions microclimatiques (température, humidité, ensoleillement) de la bordure du bois vers l'intérieur. D'après la littérature, les conditions en lisières sont moins tamponnées qu'à l'intérieur du bois, les températures y sont plus élevées et l'humidité de l'air plus faible. Nous faisons l'hypothèse que les variables microclimatiques sont corrélées à la distance à la bordure et qu'elles diffèrent selon les attributs des lisières (orientation et topographie). Pour évaluer ces conditions microclimatiques et leur variabilité au cours de l'année, nous avons installé 35 mini capteurs enregistreurs de type Hobo, répartis sur 7 transects de 40m. Les capteurs d'un même transect sont disposés tous les 8m à partir de la bordure vers l'intérieur du bois et enregistrent sur un pas horaire la température de l'air, la température du sol et l'humidité de l'air, du 1^{er} décembre 2008 au 30 novembre 2009. Les profils de températures et d'humidité obtenus au cours du temps sont similaires entre capteurs. Les variations en fonction de la distance à la bordure sont faibles (moins de 1°C pour la température de l'air) tout au long de l'année et proches des seuils d'incertitude de mesure ponctuelle des capteurs. L'amplitude de variation journalière est généralement plus importante en lisière et ce tout au long de l'année, qu'à l'intérieur du bois, mais dans une faible gamme. Il n'y a pas de variations microclimatiques significativement liées aux attributs des lisières (orientation et topographie). Les lisières des bois étudiés présentent un faible contraste microclimatique selon leur orientation mais aussi de la bordure vers l'intérieur du bois, comparativement à ce qui est rapporté dans la littérature. La faible surface des bois, leur gestion traditionnelle et leur histoire pourraient expliquer cette différence.

Audrey Alignier - INRA DYNAFOR - Toulouse - audrey.alignier@toulouse.inra.fr

Session 43 : Interactions plantes - herbivores

P43/01 Titre : Distribution spatiale des terriers de micromammifères en zone aride et relations avec la végétation

Emmanuel Corcket - Saad Ouled dhaou - Blaise Touzard - Richard Michalet - Mohamed Chaieb

Les herbivores fouisseurs tels que les micromammifères, perturbent le milieu par creusement de terriers, mais la répartition spatiale de ces perturbations ainsi que leur relation avec la végétation en place est peu étudiée. Théoriquement, les herbivores sont régulés à la fois par la prédation, la disponibilité en ressource végétale et les conditions microclimatiques. La végétation peut faciliter l'établissement des terriers de micromammifères par effet d'abri par rapport aux prédateurs, par amélioration du microhabitat, par leur appétence. D'autre part, les herbivores influencent la végétation par consommation de biomasse végétale, fertilisation du sol par leurs déjections, dispersion de graines ou création de microperturbations. L'objectif de notre travail est d'étudier la distribution spatiale des terriers de micromammifères en zone aride, et de tester les relations existant entre cette distribution et la végétation. L'étude a été menée en milieu subsaharien, dans le Parc National du Bou Hedma (sud tunisien) dès le mois de Mars 2008. La distribution des terriers de micromammifères a été recensée dans divers sites du Parc (glacis montagneux, plaine sableuse et plaine limoneuse), dans différents contextes de voisinage végétal (sous Acacia tortilis, sous arbustes et au niveau de trouées sans végétation ligneuse). La distribution des terriers de rongeurs a été mise en relation avec la distribution spatiale de la végétation. Nos résultats montrent que l'habitat influence la répartition des terriers, qui sont en plus grand nombre dans la plaine sableuse. Le voisinage végétal a un très net effet puisque les terriers sont significativement plus nombreux sous Acacia et arbustes. Enfin, sous canopée d'Acacia tortilis, les analyses multivariées montrent une nette ségrégation floristique en fonction de la présence de terrier au sein de chaque type d'exposition, nord ou sud.

Saad Ouled Dhaou - Faculté des Sciences de Sfax, Laboratoire de Biologie et d'Ecologie des Végétaux en Milieu Aride, Université de Sfax, Sfax - Tunisie- ouled.dhaou@yahoo.fr

P43/02 Titre : DIPLO - Dissémination des PLantes par 3 Ongulés sauvages

Christophe Baltzinger - Hélène Benoit-Valiergue - Sonia Saïd - Eric Baubet - Eric Bideau - Muriel Bec - Mélanie Picard

L'objectif de ce poster est de présenter un projet émergent qui traite de la Dissémination des PLantes par les Ongulés sauvages afin de susciter d'éventuelles collaborations. Nous nous situons dans un contexte de forte augmentation des populations d'ongulés forestiers, comme en atteste l'évolution du nombre d'animaux tués depuis les années 1980 en France, et notamment dans nos sites d'études en région Centre. Cette évolution a par ailleurs conduit le cerf à toujours coexister avec le chevreuil et le sanglier. Nous proposons de quantifier le rôle de ces ongulés forestiers comme disséminateurs à longue distance des graines par une approche comparative de 3 espèces sympatriques: un herbivore pousseur le cerf (*Cervus elaphus*), un herbivore brouteur le chevreuil (*Capreolus capreolus*), et un omnivore frugivore, le sanglier (*Sus scrofa*). Nous adoptons ici une approche intégrative, en suivant le destin des graines de leur prise en charge par les animaux (épi- et endozoochorie) jusqu'à leur libération dans le milieu. Nous abordons la dispersion sous trois principaux volets traitant i) de la phase d'émigration (potentiel de dissémination externe et interne), ii) de la phase de déplacement (temps de rétention des graines converti en trajectoire parcourue par des animaux sauvages à partir de localisations GPS) et iii) de la phase d'immigration (en étudiant la capacité des ongulés à influencer sur le taux de germination des graines). Ces 3 volets seront assemblés pour entre autres produire des courbes de dispersion d'espèces végétales cibles. Ce projet novateur a pour ambition à plus long terme de proposer des hypothèses sur le rôle des ongulés sauvages sur la structuration des populations d'espèces végétales disséminées.

Christophe Baltzinger - Cemagref - Nogent-sur-Vernisson - christophe.baltzinger@cemagref.fr

P43/03 Titre : Interactions physiologiques entre un insecte mineur de feuilles et sa plante hôte

Mélanie Body - Isabelle Mazerie - Jérôme Casas - David Giron

Les insectes endophytophages, tels que les insectes foreurs de tige, les galligènes et les mineurs de feuille, vivent à l'intérieur des végétaux et se nourrissent de leurs tissus internes. L'hypothèse de l'alimentation sélective stipule que ces organismes endophytes possèdent un avantage adaptatif par rapport aux ectophages en accédant aux tissus les plus nutritifs tout en évitant les principaux composés défensifs de la plante. Ce comportement d'alimentation sélective peut être également renforcé par une manipulation de la physiologie de la plante comme cela est suggéré par la création d'îles vertes par certains insectes mineurs. Ces « îles vertes » se manifestent 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. Nous étudions cette hypothèse de l'alimentation sélective dans le système biologique plante-hôte/insecte mineur de feuille *Malus domestica* (Rosaceae) / *Phyllonorycter blancardella* (Lepidoptera: Gracillariidae) en mesurant la qualité nutritionnelle des tissus consommés à une échelle spatio-temporelle appropriée. Nos objectifs sont d'étudier spécifiquement les avantages nutritionnels (nutriments de la plante) mais également les coûts (défenses végétales) pour l'insecte générés par une manipulation active de la physiologie de la plante, ainsi que le rôle clé joué par les signaux hormonaux (en particulier les cytokinines) dans ces manipulations. Nous avons ainsi quantifié l'amidon, les sucres solubles totaux et les principaux sucres individuellement, sur des feuilles minées vertes et jaunes, grâce à des dosages colorimétriques et à l'électrophorèse capillaire. L'analyse des acides aminés est également en cours. Dans ce système, nous avons ainsi mis en évidence que cette larve mineuse de feuille a la capacité de manipuler sa plante hôte pour générer un microenvironnement qui contient tous les nutriments nécessaires à sa croissance et sa survie. Il semblerait que l'insecte agisse sur le taux de cytokinines modifiant ainsi les relations source-puits au sein de la plante et conduisant à la translocation des nutriments. Nous cherchons à identifier les mécanismes physiologiques et moléculaires sous-jacents, ainsi qu'à estimer l'impact du mode de vie endophyte sur les traits d'histoire de vie majeurs de l'insecte afin d'estimer la signification adaptative du mode de vie endophyte.

Mélanie Body - Université F. Rabelais - UMR CNRS 6035 - Tours - melanie.body@etu.univ-tours.fr

P43/04 Titre : Influences des herbivores et pathogènes sur la régénération des forêts le long de gradients altitudinaux

Emmanuel Defosse - Kunstler Georges - Benoit Courbaud - Elena Granda - Pascal Tardif - Olivier Lasbouygues

De nombreuses études ont montré que les interactions biotiques peuvent être modifiées par des facteurs externes comme les conditions climatiques ou la disponibilité en nutriments. La prise en compte de telles modifications est essentielle pour comprendre la réponse des communautés végétales aux changements globaux. Ces études sont à l'origine de la «Stress Gradient Hypothesis»: les interactions positives prédominent en conditions environnementales stressantes et les interactions négatives prédominent en conditions plus clémentes. Actuellement, la grande majorité des travaux réalisés est centrée sur les interactions entre plantes et peu d'études ont analysé les interactions entre plantes et autres organismes (comme la prédation des insectes ou le parasitisme fongique). Cependant, certaines études ont montré que ces interactions, notamment entre plantes et insectes varient significativement le long de gradients abiotiques. Par exemple, les travaux de JM Adams de 2009 sur les insectes herbivores foliaires ont montré que les forêts de climat chaud semblent plus souffrir que les forêts de climat froid en termes de surface de feuilles prédatées. Cependant, le nombre limité d'études et leurs résultats contrastés n'ont actuellement permis aucun consensus. De plus, d'autres types d'interactions comme les interactions entre les végétaux et organismes du sol ont quant à elles été totalement négligées. Dans notre étude, nous avons tenté d'analyser la réponse des interactions entre régénérations des forêts, herbivores et pathogènes (aériens et souterrains) aux gradients altitudinaux. Nous avons donc réalisé un suivi de la pression d'herbivorie, de l'abrutissement et du parasitisme foliaire sur des populations naturelles ainsi que des expérimentations de transplantation de plantules afin de détecter d'éventuels patrons de réponse. L'ensemble de ces travaux a été effectué sur des gradients allant de 500 à 2000 mètres d'altitude. Nous avons également cherché, à travers des expérimentations en chambre de culture, à déterminer comment les influences des μ -organismes du sol sur la régénération varient le long de ces gradients. Pour finir, chaque patron observé a été discuté en relation avec la niche de chaque espèce étudiée (probabilités de présence prédites par des modèles de qualité de l'habitat).

Emmanuel Defosse - Cemagref unité écosystème montagnard - Grenoble - emmanuel.defosse@cemagref.fr

P43/05 Titre : Incidence du pâturage sur la régénération forestière : suivi pluriannuel dans une réserve naturelle des Pyrénées-Orientales

Xavier Fortuny - Sandrine Chauchard - Christopher Carcaillet

Par leur action de prélèvement de biomasse, les herbivores diminuent le stock de plantules intervenant dans la régénération forestière. De plus, ce prélèvement est sélectif en fonction de la palatabilité des espèces. En réalisant un tel prélèvement sélectif, les herbivores modifieraient donc les conditions de concurrence interspécifique entre les espèces, ce qui pourrait conduire à terme à une évolution de la composition du boisement. La présente étude a pour objectif de quantifier les effets du pâturage sur le recrutement des arbres dans une forêt de moyenne montagne méditerranéenne, sous statut de réserve naturelle dans les Pyrénées-Orientales. Cette étude s'attache plus particulièrement à répondre à trois questions : - Quel est l'effet du pâturage sur le nombre de plantules et sur l'évolution dans le temps et dans l'espace de ce nombre de plantules ? - Quel est l'effet du pâturage sur la composition spécifique du stock de plantules ? - Quelle est l'importance relative du pâturage sur le recrutement par rapport aux conditions climatiques stressantes (été chaud et sec et hiver froid) ? Le protocole expérimental se base sur le suivi pendant cinq ans du recrutement de plantules dans une forêt mixte composée de feuillus à feuillage caduc, pâturée par des bovins semi-domestiques. Dix hectares de forêts ont été mis en défend depuis 1954 afin d'exclure le troupeau et de permettre la comparaison entre les milieux pâturés et non pâturés. Les plantules sont quantifiées dans quatre transects de 50 m². Chaque transect est divisé en deux sous transects de 25 m², l'un dans la zone en défend, l'autre en vis-à-vis hors de ce défend. Le suivi montre que le pâturage exercé par les bovins réduit significativement le stock de plantules des différentes espèces d'arbres constitutives du boisement, quelle que soit la saison. En revanche, les taux d'accroissement de ce stock ne sont pas significativement différents à l'intérieur et à l'extérieur de la mise en défend. Par leur action de prélèvement, les bovins jouent un rôle déterminant sur les quantités de plantules. D'autres facteurs, comme le stress climatique, rentrent cependant en compte dans le contrôle de la régénération.

Xavier Fortuny - Centre de Bio-Archéologie et d'Ecologie (UMR 5059 CNRS/U. Montpellier 2/EPHE) - Montpellier - xavier.fortuny@gmail.com

P43/06 Titre : Effet indirect des oiseaux insectivores sur les dommages foliaires d'insectes phytophages : influences de l'espèce de plantule forestière et du type de peuplement

Brice Giffard - Emmanuel Corcket - Luc Barbaro - Hervé Jactel

Les dégâts causés par les insectes herbivores sur les plantes peuvent être diminués grâce aux oiseaux insectivores qui régulent les populations d'insectes. Cet effet positif indirect du niveau supérieur des prédateurs sur la végétation, dénommé «cascade trophique», dépend des communautés d'organismes associés. Ainsi, les traits des espèces végétales influencent les populations d'insectes et leurs dégâts et se répercutent sur le niveau trophique supérieur des prédateurs. De plus, les populations d'oiseaux insectivores et d'insectes varient d'un type de couvert forestier à un autre et sont susceptibles d'affecter l'intensité de la cascade trophique. Notre étude a pour objectif de tester l'occurrence de la cascade trophique par mesure de dégâts d'insectes phytophages sur des plantules de trois essences forestières et ceci dans trois types de peuplements forestiers. Nos résultats montrent que l'effet de l'exclusion des oiseaux insectivores sur les dommages foliaires varie entre i) les trois espèces d'arbres: les dégâts augmentent sous les cages d'exclusion pour le bouleau verruqueux *Betula pendula* alors qu'aucun effet n'est constaté pour les 2 espèces de chênes *Quercus robur* et *Q. ilex* ; ii) les trois types de peuplement : les dégâts augmentent significativement du fait de l'exclusion des oiseaux dans les parcelles de pin maritime alors que l'effet n'est pas mis en évidence dans les parcelles de feuillus exotiques et natifs. Les dégâts sur les plantules forestières sont plus faibles dans les parcelles de pins et les populations d'oiseaux insectivores les moins riches et les moins abondantes comparées aux deux autres types de peuplement forestier. Les oiseaux insectivores semblent cependant plus «efficaces» pour réguler les dégâts sur les plantules : les insectes et leurs prédateurs se concentrent sur la nouvelle ressource et la cascade trophique est plus intense. Inversement, dans les parcelles de feuillus, les dégâts sont plus importants sur les plantules de par la présence de la communauté d'insectes associés mais l'effet des oiseaux insectivores n'est pas mis en évidence : les ressources sont supposées plus abondantes et ne permettent pas de déceler l'effet indirect des prédateurs.

Brice Giffard - UMR BioGeCo Ecologie des communautés - Entomologie Forestière et Biodiversité - Cestas - brice.giffard@pierroton.inra.fr

P43/07 Titre : Incidences du Cerf (*Cervus elaphus*) sur les pessières sommitales du massif du Donon (Vosges du nord)

Jean-Pierre Hamard - Philippe Ballon - Romain Massonneau - François Klein

Le massif forestier du Donon constitue un vaste ensemble forestier des Vosges du nord (70 000 ha), situé à l'interface de la Lorraine et de l'Alsace. Dans sa partie sommitale, d'une surface d'environ 1 000 ha, l'impact du Cerf élaphe (*Cervus elaphus*) sur le milieu s'avère frappant et récurrent depuis une quarantaine d'années. Aux difficultés d'obtention des régénérations forestières, liées à la présence du Cerf, se surajoute une accumulation de contraintes qui contrarie le renouvellement des pessières omniprésentes de cette zone sommitale (climat à caractère montagnard, sols acides et dégradés par une pratique ancestrale du pâturage, monoculture de l'Épicéa commun, tempêtes de 1990 et de 1999, attaques de scolytes). Dans ce contexte ingrat, la présente communication a pour objectif d'établir un diagnostic de l'impact effectif des populations de cervidés sur l'acquisition des régénérations forestières et sur le développement de la flore d'accompagnement. Après identification d'unités spatiales homogènes par photo-interprétation de cette zone sommitale, un inventaire systématique (2 points / ha) a été conduit durant le printemps 2010 sur l'ensemble des peuplements d'Épicéa âgés de moins de 30 ans. Au niveau de chaque placette d'inventaire sont évaluées la densité de tiges présentes, l'existence d'atteintes (abrouissement, écorçage) ainsi que l'avenir supposé de chaque tige. La diversité floristique est appréhendée par la notation de la présence des principales espèces sur 2 placettes adjacentes d'1 m². Des observations complémentaires de la flore s'appuient sur un réseau d'enclos créé durant les années 1990. Les relevés portent sur la réalisation de placettes appariées localisées - hors et dans - les enclos. Nos résultats mettent clairement en évidence les difficultés d'obtenir la régénération d'Épicéa nécessaire au renouvellement des peuplements forestiers. D'une part, la densité de régénération s'avère trop faible et d'autre part la considérable pression d'abrouissement des semis bloque la dynamique de croissance de l'Épicéa. L'écorçage des tiges survient à un stade plus avancé (hauteur > 2 m) mais dans de moindres proportions. L'intensité d'abrouissement se confirme maximale au centre de la zone d'étude pour s'atténuer en sa périphérie. Les effets de l'abrouissement sur le cortège floristique conduisent à une raréfaction, voire une disparition des espèces semi ligneuses et ligneuses (Myrtille, Hêtre, Sorbier des oiseleurs, Saules, ...). D'autres espèces, pourtant moins appétentes comme la Callune, souffrent localement de sur pâturage. Ces constats sont mis en perspective avec l'évolution des populations animales et des paysages.

Jean-Pierre Hamard - Cemagref - EFNO - Nogent-sur-Vernisson - jean-pierre.hamard@cemagref.fr

P43/08 Titre : Interaction moléculaire dans une interaction plante-insecte-endosymbionte

Wilfried Kaiser - Elisabeth Huguet - Céline Commin - Jérôme Casas - David Giron

Le mode de vie sédentaire des arthropodes endophytes (cad. vivant au sein des tissus végétaux) et leur association intime avec le végétal facilitent les dialogues moléculaires entre deux génomes indépendants, pouvant aboutir par exemple à des phénomènes de manipulations physiologiques (biochimiques et/ou hormonales) de la plante hôte par l'insecte. Comprendre l'évolution et la signification adaptative du mode de vie endophyte nécessite l'étude des mécanismes moléculaires, biochimiques et physiologiques utilisés par les insectes mineurs pour manipuler leur environnement végétal, mais également les conséquences en termes de succès reproducteur ('fitness') pour l'insecte. Notre étude nous a permis de mettre en évidence que la production de phytohormones de type cytokinines joue un rôle clé dans la manipulation de la physiologie de la plante et dans l'afflux de nutriments vers l'insecte (et potentiellement sur le niveau d'expression des défenses végétales). Nos résultats mettent en évidence que des bactéries endosymbiotiques de type *Wolbachia* sont potentiellement à l'origine de la production de ces phytohormones. Nous avons ainsi caractérisés l'ensemble des endosymbiontes présents (seule *Wolbachia* est présente) et démontré une incapacité totale de l'insecte à modifier la physiologie de la plante hôte en absence de cette bactérie. Nous avons également mis en évidence des modifications profondes du comportement alimentaire ainsi qu'une mortalité accrue de l'insecte en absence de *Wolbachia*. Enfin, nous avons mis en évidence la présence et l'expression d'un gène clé impliqué dans la synthèse de cytokinines dans le génome de la bactérie endosymbiotique. Cette bactérie endosymbiotique semble donc jouer un rôle prépondérant dans la manipulation de la physiologie de la plante hôte par l'insecte mineur et dans le succès de l'insecte à exploiter de façon optimale son environnement. Nos résultats démontrent donc que les effets de cette bactérie endosymbiotique cosmopolite s'étend bien au-delà des effets majeurs sur les stratégies de reproduction généralement observés chez les Arthropodes (féminisation, « male-killing », incompatibilité cytoplasmique...) en agissant positivement sur la fitness de son insecte hôte par l'intermédiaire de la nutrition. Nos résultats sont également le premier exemple d'une action de cette bactérie, non pas sur la physiologie de son organisme animal hôte, mais sur la physiologie d'une plante.

Wilfried Kaiser - Université F. Rabelais - UMR CNRS 6035 - Tours - kaiser@univ-tours.fr

P43/09 Titre : Revue historique de l'utilisation des dispositifs enclos-exclos en milieu forestier

Anders Mårell - Christophe Baltzinger

Suite à l'accroissement des populations de grands herbivores, et notamment des cervidés, au cours du XXI^{ème} siècle, tant en Europe qu'en Amérique du Nord, les dispositifs de type enclos-exclos sont devenus un outil commun pour les gestionnaires et les scientifiques afin d'étudier les effets des grands herbivores sur la végétation forestière. Depuis une vingtaine d'années, nous avons pu constater une augmentation considérable de ce type d'études en milieu forestier. Ces études ont fortement contribué à nos connaissances actuelles sur les effets des grands herbivores sur les écosystèmes forestiers. Nous craignons que ces études aient souvent été installées pour étudier des cas particuliers où les populations d'animaux avaient atteint de très fortes densités ou pour étudier des espèces emblématiques. Au travers d'une revue bibliographique nous essayons de répondre aux questions suivantes : (1) Les dispositifs de type enclos-exclos sont-ils réellement représentatifs des relations entre grands herbivores et forêt dans le monde ? (2) Comment l'utilisation de ces dispositifs expérimentaux à des fins scientifiques a-t-elle évolué ? (3) Quelles conclusions peut-on déjà tirer de ces études ? Les premiers dispositifs scientifiques de type enclos-exclos sont construits dans les années 1940 et 1950 en Amérique du Nord pour démontrer les effets néfastes de la surabondance des Cervidés sur la régénération forestière. Ce champ de recherche est resté la préoccupation majeure pendant plusieurs décennies en Amérique du Nord et en Europe jusqu'à nos jours. La majorité des dispositifs sont installés en Amérique du Nord dans des écosystèmes tempérés ou boréaux où les impacts sur le milieu ont été particulièrement importants. Néanmoins, ces dispositifs ont été installés dans la majorité des biomes forestiers et sur l'ensemble des continents. Depuis les années 1990, nous observons une diversification des objectifs scientifiques liés à ces dispositifs pour étudier i) les effets directs sur d'autres compartiments de l'écosystème forestier (flore spontanée du sous-bois), ii) les interactions trophiques (faune du sol, insectes, oiseaux, rongeurs, amphibiens) et iii) les processus des écosystèmes (productivité, décomposition de la litière, flux d'éléments nutritifs et d'énergie). Nous observons également une complexification des études, par exemple avec des enclos sélectifs pour discerner les effets de différentes guildes d'herbivores. Parmi les problèmes majeurs des dispositifs de type enclos-exclos nous constatons dans la plupart des cas l'absence d'information quantitative sur l'évolution des populations de grands herbivores à l'extérieur de la clôture, et l'absence d'information sur l'état de l'écosystème avant que les problèmes de surdensités ont été atteints.

Anders Mårell - UR EFNO, Cemagref - Nogent-sur-Vernisson - anders.marell@cemagref.fr

P43/10 Titre : Effets des ongulés sauvages sur la dynamique végétale forestière

Anders Mårell - Christophe Baltzinger

Des fortes densités de cervidés en Amérique du Nord ces dernières décennies ont modifié la structure et la composition des communautés végétales des forêts tempérées. En conséquence, ces communautés ont basculé vers des états alternatifs stables, couplés à la disparition locale d'espèces indigènes et la réduction de la diversité spécifique. En France, nous observons une augmentation similaire des populations d'ongulés sauvages (Cerf élaphe, Chevreuil et Sanglier) depuis les années 1980. Localement, les densités peuvent être très fortes avec des conséquences économiques, sanitaires et écologiques notables. A fortes densités, ces animaux affectent significativement la structure des communautés végétales, la composition et la diversité par différents comportements : en sélectionnant par broutage certaines espèces végétales, en dispersant les graines ainsi qu'en piétinant et retournant la surface du sol. L'équipe Cervidés du Cemagref a récemment renforcé ses activités sur cette thématique en initiant un programme de recherche qui étudie les effets des ongulés sauvages sur la flore à l'échelle de la population de plantes et comment ces effets se propagent à l'échelle des communautés végétales. Nous utilisons des expérimentations en milieu naturel en profitant de gradients naturels de pression d'herbivorie et des expérimentations en conditions contrôlées pour étudier les effets sur des processus clés de la démographie des plantes (croissance, fécondité et survie) en incluant le rôle des ongulés sauvages dans la dispersion, la germination des graines et l'installation des semis. Nous menons également des études pour quantifier les effets sur la structure, la composition et la diversité des communautés végétales forestières.

Anders Mårell - UR EFNO, Cemagref - Nogent-sur-Vernisson - anders.marell@cemagref.fr

P43/11 Titre : Etude de l'influence des herbivores sur la régénération forestière et diversité végétale via des enclos et exclos sélectif

Sonia Said - Maryline Pellerin - Emmanuelle Richard - Jean-Luc Hamann - François Klein

L'Europe a connu une expansion de la forêt pendant le 20^{ème} siècle, principalement suite à la déprise agricole et au changement de mode de gestion des terres. Cette tendance a eu pour effet de contribuer à une augmentation des populations de cervidés sur l'ensemble de l'hémisphère Nord. Parallèlement, le changement de pratique agricole avec un abandon de l'élevage extensif en milieu forestier et la généralisation des cultures céréalières d'hiver ont amélioré la capacité d'accueil globale des populations d'ongulés. De plus, les changements climatiques et la mise en place de plans de gestion des populations d'ongulés dans les années 1970, a permis une expansion des différentes espèces (cervidés, sanglier et ongulés de montagne) remarquable en France. Enfin, l'extinction des grands prédateurs carnivores, tels le loup, et la baisse constante du nombre de chasseurs ont également contribué à une accélération de l'augmentation des populations d'ongulés et à une cohabitation de plus en plus importante entre herbivores. En effet, à l'heure actuelle le chevreuil est présent dans toutes les forêts françaises et le cerf est présent dans près de la moitié de celles-ci. Afin d'étudier l'impact du chevreuil (*Capreolus capreolus*) et du cerf (*Cervus elaphus*) sur la diversité et la richesse des espèces de plantes, nous avons utilisé des enclos et exclos sélectif mis en place dans Réserve Nationale de Chasse et de Faune Sauvage de La Petite Pierre. En présence de cervidés, nous observons une diminution de l'abondance des espèces préférées telles que *Carpinus betulus*, *Rubus fruticosus*, *Rubus idaeus*, *Anemone nemorosa* et *Epilobium angustifolium* et des espèces indifférentes (comestibles) telles que *Acer sp.*, *Carex sp.*, *Festuca sp.* et *Mycelis muralis*, tandis que les espèces évitées (non comestibles) telles que le *Lamium sp.*, ou les espèces résilientes à l'abrutissement telles que les graminées (*Brachypodium sp.* et *Luzula sp.*) ont augmenté en abondance. En revanche, nous constatons une augmentation de la diversité dans les exclos par rapport aux enclos. Nous pouvons donc conclure que la présence des cervidés à des densités modérées créent des niveaux de perturbations intermédiaires, et donc augmentent la diversité végétale.

Sonia Said - Oncfs - Birieux - sonia.said@oncfs.gouv.fr

P43/12 Titre : Les herbivores sympatriques peuvent ils être en compétition en période hivernale ?

Sonia Said - Thierry Chevrier - Denis Bastianelli - Claire Redjadj - Anne Loison - François Klein

L'utilisation des ressources alimentaires par les herbivores dépend de contraintes intrinsèques, telle que la taille corporelle et les caractéristiques morpho-physiologiques qui déterminent les aliments qu'ils tolèrent et les contraintes environnementales, telles que les interactions interspécifiques, qui déterminent la disponibilité des ressources. Nous avons analysé 150 panses d'herbivores vivant en sympatrie (chevreuils *Capreolus capreolus*, chamois *Rupicapra rupicapra*, mouflon *Ovis musimon gmelini* et le cerf *Cervus elaphus*) sur le massif des Bauges afin d'étudier leurs chevauchements alimentaires. Les quatre espèces herbivores étudiées sont classées sur le gradient «brouteurs-paisseurs». Les résultats montrent que le chevreuil est l'espèce la plus différente des 3 autres. Le cerf et le chamois ont un régime alimentaire à base de graminées avec en complément du troène, du sapin et des dicotylédones dans le cas du chamois et du lierre et des pommes dans le cas du cerf. En revanche, le mouflon a un régime alimentaire basé que sur des graminées et le chevreuil a un régime basé sur de la ronce, du sapin et du lierre. Nous constatons également que le chevreuil utilise la ressource plus riche (fort N/ADF) par rapport aux 3 autres espèces. Le mouflon a un chevauchement alimentaire important avec le chamois et le cerf en hiver, tandis que la similitude dans le régime alimentaire avec le chevreuil est faible. Nous pouvons conclure qu'un fort chevauchement dans la ressource alimentaire peut créer de la compétition entre herbivores, mais seulement si les ressources sont limitées et que les espèces utilisent les mêmes habitats.

Sonia Said - Oncfs - Birieux - sonia.said@oncfs.gouv.fr

P43/13 Titre : Le pâturage tournant « écologique », un mode de gestion des prairies permanentes pour favoriser leur biodiversité en pâturage ovin

Alexandra Scohier - Anne Farruggia - Bertrand Dumont

Les modes de gestion du pâturage (dates et intensité du prélèvement, fertilisation) influencent fortement la diversité biologique des prairies permanentes. Afin de favoriser cette biodiversité tout en maintenant les performances animales, un pâturage tournant « écologique » a été testé en pâturage ovin en utilisant deux races dans deux sites de fertilité contrastée. Cette conduite soustrait du pâturage une partie de la parcelle durant la principale période de floraison des espèces végétales. Au même chargement, nous avons ainsi comparé un mode de pâturage continu à un pâturage tournant écologique (PTE), dont l'une des 4 sous-parcelles (D) n'était pas pâturée de mi-mai à mi-juillet. Cette comparaison a été réalisée dans un site fertile pâturé par des brebis Blanche du Massif Central (BMC) et dans un site peu fertile également pâturé par des brebis BMC et par des brebis Lacaune de plus grand format ; chaque traitement était répliqué deux fois. Des mesures sur le couvert végétal (biomasse, hauteur, composition floristique et intensité de floraison) et sur les brebis (prélèvement alimentaire, poids, état) ont été effectuées tout au long de la saison de pâturage. Un comptage des insectes pollinisateurs (lépidoptères et bourdons), des carabes et des orthoptères a été réalisé pendant l'été. Au cours de la première année d'observation, aucune différence de sélection alimentaire n'a été observée entre les deux races ovines. Les performances animales ont été maintenues dans le PTE quelque soit la race et le milieu. Une hétérogénéité élevée du couvert, en lien avec une pousse d'herbe très importante en 2009, peut être responsable de l'absence d'effet du PTE sur la diversité des carabes et des orthoptères. Comparé au pâturage continu, le PTE a en revanche favorisé le nombre d'espèces de bourdons dans les parcelles pâturées par des BMC ($p=0.055$). Les sous-parcelles D présentaient une plus forte diversité des bourdons (abondance et richesse spécifique) sur les deux sites, et sur le site le moins fertile, nous y avons relevé un nombre d'espèces de papillons plus important que dans les autres sous-parcelles de la rotation ($p < 0.05$). Des corrélations positives ont également été mises en évidence entre l'abondance des pollinisateurs (bourdons et papillons) et les notes d'intensité de floraison (p

Alexandra Scohier - INRA UR1213-Herbivores - Clermont-Ferrand theix - alexandra.sochier@clermont.inra.fr

P43/14 Titre : Effet de la qualité de la plante hôte sur le système immunitaire d'un phytophage ravageur de la vigne, *Eupoecilia ambiguella*

Fanny Vogelweith - Bastien Quaglietti - Denis Thiéry - Yannick Moret - Jérôme Moreau

Lors des interactions tri-trophiques liant une plante hôte, ses phytophages et leurs ennemis naturels dont les parasitoïdes, chaque niveau trophique est fortement dépendant des autres. Dans le cas de la régulation ascendante dite « bottom-up », la plante hôte peut fortement affecter les composantes biodémographiques des phytophages comme le temps de développement ou la fécondité des adultes. Ces variations dans les composantes biodémographiques des phytophages se répercutent indirectement sur les parasitoïdes en affectant également leur succès parasitaire. Par exemple, une chenille phytophage se développant sur une plante de mauvaise qualité verra son temps de développement s'allonger et par conséquent sa probabilité d'être parasitée augmentée. Lorsque qu'un ennemi naturel de type microorganisme, nématode ou parasitoïde attaque le phytophage, le seul moyen de défense est le système immunitaire. Encore peu d'études font réellement le lien entre les interactions tri-trophiques et les défenses immunitaires des phytophages. Notre travail cherche à tester l'influence de la variation de la plante hôte en utilisant différents cépages de vigne (Gewurztraminer, Merlot, Chardonnay, Riesling, Chasselas) sur des paramètres clés du système immunitaire d'un des principaux ravageurs de la vigne, *Eupoecilia ambiguella*. Entre autre, le nombre total et la différenciation des hémocytes, l'activité du système pro-phénoloxydase (PPO) et phénoloxydase (PO), les activités lytique et antimicrobienne ont été analysées. Dans cette présentation, nous discuterons des résultats obtenus au cours de ces expériences et de leurs portés dans le cadre des relations tri-trophiques.

Fanny Vogelweith - UMR 5561 Biogéosciences équipe Ecologie Evolutive - Dijon - fanny.vogelweith@gmail.com

P43/15 Titre : Phytophagie sur des arbres isolés phylogénétiquement

Benjamin Yguel - Andreas Prinzing

La propagation des insectes ravageurs au sein des forêts est normalement contrôlée en éliminant directement les individus, mais l'efficacité de cette méthode est limitée. Une approche alternative serait alors de moduler l'environnement des ravageurs, la canopée des forêts, afin de limiter leur propagation et leur pullulation. Il a été montré que de nombreux insectes phytophages ont tendance à se nourrir sur des plantes hôtes plus ou moins apparentés plutôt que sur un groupe aléatoire de plantes pris dans une flore local. En effet, il y a présence d'un conservatisme évolutif dans le choix de la plante hôte par les insectes. La structure phylogénétique d'une communauté d'arbres hôtes pourrait donc avoir une influence majeure sur la pullulation des ravageurs, car un arbre peut être séparé des arbres voisins par des millions d'années d'histoire évolutive, il représente une île macro évolutive. Notre équipe a déjà mis en évidence qu' au sein d'une même espèce d'hôtes (chênes) une insularité évolutive diminue la richesse et l'abondance des Hétéroptères trouvés dans l'arbre (Vialatte et al. 2010). Nous avons, ici, étudié l'effet de l'isolement phylogénétique de chênes sur la phytophagie. Nous avons testé deux hypothèses: (1) les arbres isolés phylogénétiquement subissent une phytophagie réduite ; (2) l'isolement phylogénétique est plus pertinent que la diversité spécifique pour prédire l'importance de la phytophagie. Nos résultats montrent un effet de la structure phylogénétique des arbres hôtes sur la structure de la forêt ainsi que sur la phytophagie. Malgré une corrélation entre la phytophagie et la position du houppier par rapport à la canopée dominante, il y a un effet dominant de la structure phylogénétique, qui explique 0,45% de la variation de la phytophagie, et prédit 0,32 % suite à un test de Jackknife. L'analyse de nos données ne montre pas d'effets de la diversité spécifique des communautés des arbres hôtes sur la phytophagie. Nous n'observons pas de lien entre la diversité spécifique et la structure phylogénétique des communautés d'arbres. Nos résultats nous permettent de conclure que la structure phylogénétique, semblent être beaucoup plus pertinente pour prédire la phytophagie que la richesse spécifique en soi.

Benjamin Yguel - UMR Ecobio - Rennes - benyguel@hotmail.fr

Session 44 : Ecotoxicologie évolutive

P44/01 Titre : Potentiel évolutif des systèmes moléculaires de défense vis-à-vis du stress: étude chez *Lymnaea stagnalis* exposée à des pesticides

Anthony Bouetard - Marie-Agnès Coutellec - Laurent Lagadic

Mon projet de thèse se place dans le cadre de l'évaluation du risque écotoxicologique induit par la présence de xénobiotiques de type pesticide dans les écosystèmes aquatiques, et plus particulièrement sur le modèle biologique *Lymnaea stagnalis* (Gastéropode) soumis à des stress oxydants. L'objectif de ce travail est d'estimer la part héritable de la variation de réponses moléculaires au stress (expression de gènes cibles, activités enzymatiques...), en relation avec d'autres traits, tels les traits d'histoire de vie. La décomposition de la variance de ces différents traits est réalisée d'une part sur les lignées expérimentales et d'autre part sur des écotypes contrastés (populations naturelles soumises ou non à des pressions environnementales liées à l'utilisation de pesticides). Ce travail vise à estimer, via l'héritabilité de l'ensemble des traits étudiés, le potentiel évolutif et en particulier adaptatif de la réponse des populations aux stress environnementaux d'origine anthropique.

Anthony Bouetard - UMR INRA-Agrocampus ouest 985, Ecologie et Santé des Ecosystèmes (ESE) - Rennes - Anthony.Bouetard@rennes.inra.fr

P44/02 Titre : Structure génétique des populations et adaptation aux sols pollués par le zinc chez *Arabidopsis halleri*

Isabelle Decombeix - Maxime Pauwels - Hélène Frérot - Pierre Saumitou-Laprade - Anne Créach - Angélique Bourceaux - Cédric Glorieux - Palmyre Boucherie - Cécile Godé

Arabidopsis halleri est une espèce végétale pseudométallophyte, c'est-à-dire capable de se développer sur des sols pollués en ETM (Eléments Trace Métalliques) aussi bien que sur des sites non pollués. Cette espèce est tolérante au zinc et hyperaccumulatrice de zinc dans ses parties aériennes. La tolérance est constitutive, c'est-à-dire commune à l'ensemble des individus de l'espèce. On observe cependant une certaine variabilité du degré de tolérance selon les individus, avec en moyenne les individus des populations métallocoles (M) plus tolérants que ceux des populations non-métallocoles (NM). Le caractère d'hyperaccumulation du zinc semble également constitutif, avec des variations inter- et intra-populations. Les capacités d'accumulation seraient, en moyenne, plus fortes dans les populations NM que dans les populations M. Ces résultats, associés au fait que la pollution rencontrée sur les sites M date d'une cinquantaine d'années, suggèrent une évolution récente de la tolérance et de l'accumulation et donc une adaptation locale aux sols pollués. A l'échelle de l'Europe, on distingue plusieurs groupes de populations métallocoles distribués de façon discontinue. Les résultats disponibles suggèrent que les populations M de groupes différents, voire d'un même groupe, ont pu être fondées plusieurs fois indépendamment à partir de populations NM. Par ailleurs, en Pologne, l'évolution de populations NM à partir de populations M a pu être mise en évidence. A l'échelle régionale, nous avons voulu tester l'importance relative des processus de migration, de dérive et de sélection sur la différenciation adaptative des populations d'*Arabidopsis halleri*. Vingt-cinq populations M (9) et NM (16) d'*A. halleri* ont été échantillonnées dans les Alpes italiennes. Dix huit de ces populations proviennent d'une vallée minière où les populations M et NM sont parfois distantes de quelques centaines de mètres seulement, ce qui représente une situation d'étude unique à ce jour. Environ 20 individus par population ont été génotypés avec 20 marqueurs microsatellites. Par ailleurs, pour 23 de ces populations, nous avons phénotypé l'accumulation de zinc en conditions semi-contrôlées. Nous avons ainsi pu calculer des distances phénotypiques que nous avons comparées aux distances génétiques. Nos résultats permettent (1) de mettre en évidence la présence du caractère d'hyperaccumulation du zinc dans toutes nos populations, (2) à une échelle très locale, de résoudre les relations génétiques entre populations M et NM et (3) de relier distribution spatiale des phénotypes et structure génétique des populations et ainsi de mieux comprendre l'évolution de l'adaptation locale d'*Arabidopsis halleri* aux sols pollués.

Isabelle Decombeix - Laboratoire GEPV -Lille - isabelle.decombeix@ed.univ-lille1.fr

P44/03 Titre : Toxicité chronique de l'uranium, expression des traits d'histoires de vie et réponses aux contraintes environnementales d'une population de Nématodes *Caenorhabditis elegans*

Morgan Dutilleul - Simon Galas - Catherine Lecomte-Pradines - Simon Descamps - Mathias Gauduchon - Denis Réale - Jean-Marc Bonzom

L'adaptation locale, qui est une cause importante des différenciations de populations, est l'un des principes de base de la biologie évolutive moderne. La sélection naturelle, mécanisme reconnu pour être la première cause des changements phénotypiques, dirige ces processus adaptatifs. La pollution peut jouer un rôle important sur cette sélection naturelle. Le stress induit par la toxicité d'un polluant amplifie la pression de sélection subie par les organismes du milieu. Cette amplification peut rapidement engendrer des variations génétiques associées à une augmentation de la tolérance au polluant. Dans ce contexte, l'objectif principal de ce projet de thèse est d'étudier l'expression des traits d'histoire de vie (taille des individus, durée de vie, taille de ponte, etc.) et comportementaux (chimiotactisme, vitesse de déplacement, etc.) en présence de contraintes environnementales (variations de la température et de l'abondance en ressources trophiques) d'une population de *Caenorhabditis elegans* affectée par une toxicité chronique en uranium. Actuellement nous examinons les effets de l'uranium chez *C. elegans*. Cet examen vise à caractériser l'expression des traits comportementaux et d'histoire de vie en présence de ce polluant. Nous déterminerons ensuite les valeurs des caractères transmis à la descendance grâce à la génétique quantitative. S'en suivra une expérience multi-générationnelle pour évaluer les modifications phénotypiques et génétiques d'une population exposée à l'uranium et pour identifier des hyperspécialisations chez ses individus. Nous jouerons alors sur les contraintes environnementales et la compétition entre les populations saines et contaminées. L'objectif sera d'évaluer le potentiel évolutif de ces spécialisations à s'intégrer dans la population. En parallèle un modèle de dynamique adaptative sera conçu. Il permettra de prédire la réponse des populations en présence de contraintes environnementales lorsque leur milieu de vie est contaminé ou non en uranium. Tous ces travaux devraient nous permettre d'évaluer comment une toxicité chronique peut impacter la réponse adaptative d'une population de *C. elegans*.

Morgan Dutilleul - Institut de Radioprotection et de Sûreté Nucléaire - Lab. de Radioécologie et d'Ecotoxicologie - Saint Paul Lez - morgan.dutilleul@irsn.fr

P44/04 Titre : Phénomène de résistance aux anticoagulants chez les rongeurs ravageurs des plantations de palmier à huile en Indonésie

Jean-François Cosson - Jean-Pierre Caliman - Yannick Chaval - Romain Lasseur

Les rongeurs (*Rattus tiomanicus* et *Rattus tanezumi*) constituent les principaux mammifères ravageurs des noix de palmes. 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.

Jean-François Cosson - INRA, UMR 1062 CBGP - Montpellier - cosson@supagro.inra.fr

Session 45 : Ecologie du stress chimique

P45/01 Titre : Effet de l'implantation de cultures à vocation énergétique sur des sols contaminés sur les traits biologiques des communautés de macro-invertébrés des sols

Mickaël Hedde - Isabelle Lamy - Estelle Boudon - Stéphane Cadoux

Les pressions dues aux activités humaines menacent de plus en plus l'intégrité écologique des sols. La proposition de directive cadre européenne (COM(2006) 232) a ainsi listé les huit principaux processus de dégradation des sols en Europe, parmi lesquels apparaissent la perte de biodiversité et les contaminations. Dans les écosystèmes aquatiques, ces deux perturbations peuvent être appréhendées efficacement par les traits biologiques des macro-invertébrés épibenthiques. Dans ce contexte, notre objectif est de développer une approche similaire utilisant les traits biologiques des macroinvertébrés édaphiques. Il s'agit de lier les paramètres du sol et les traits biologiques de la macrofaune des sols. Pour cela, nous avons sélectionné des sites en restauration écologique par l'implantation de cultures à vocation énergétiques. En effet, le système « sol » y est dans un état de non-équilibre, ce qui permet d'établir des relations entre les changements des paramètres des sols et des traits biologiques des espèces présentes. Trois sites ont été étudiés, deux contaminés par les métaux et un site témoin. Le site de Pierrelaye a reçu les eaux usées brutes de la ville de Paris pendant près d'un siècle alors que le site situé à proximité de l'ancienne usine de MétalEurop a été exposés aux retombées atmosphériques liées à l'activité de l'usine. Le site de référence est un essai agronomique en Picardie (INRA Mons) sans contamination métallique. Les invertébrés ont été échantillonnés par piégeage et tri manuel de sol. Les carabes, cloportes, mille-pattes, escargots et limaces ont été déterminés au niveau spécifique ou générique. Leur traits biologiques (morphologie, nutrition, cycle de vie, anatomie fonctionnelle et préférences écologiques) ont été collectés dans la littérature et codés. Les relations entre les patrons de traits et les paramètres du sol ont été explorées et comparées entre sites.

Mickaël Hedde - INRA, UR PESSAC - Versailles - Mickael.Hedde@versailles.inra.fr

P45/02 Titre : Effets directs et indirects d'une exposition en continu au chlorpyrifos sur la communauté de zooplancton - une expérience en mésocosme lotique

Matthieu Lonjaret - Sandrine Joachim - Patrick Baudoin

Du fait de sa haute toxicité envers les insectes et de sa faible persistance dans l'environnement le chlorpyrifos, insecticide organophosphoré, est largement utilisé dans la gestion des insectes nuisibles. Cependant, il est aussi considéré comme hautement toxique pour des organismes aquatiques non cibles et plus particulièrement les arthropodes. Les effets à court terme du chlorpyrifos sur différentes espèces d'organismes aquatiques ont été largement étudiés au laboratoire par le biais d'essais monospécifiques. Des études en mésocosmes ont été réalisées afin d'étudier l'effet du chlorpyrifos dans le cas d'une application unique. Cependant, peu d'études ont permis d'étudier ses effets lors d'une contamination chronique sur la communauté de zooplancton en présence de poisson. Une étude des effets du chlorpyrifos sur les communautés de périphyton, de zooplancton, de macroinvertébrés et une population de poisson a été réalisée en continue, de juin à novembre 2008, en mesocosmes lotiques. Les canaux constituant la plateforme mésocosmes de l'INERIS ont été contaminés à différentes concentrations (0,1 ; 1,0 et 5,0 µg/L avec trois réplicats) pendant 4 mois. D'après les données issues des essais en laboratoire et en mésocosmes ces dernières sont supposées engendrer respectivement : une absence d'effet, des effets avérés de moyennes et de fortes amplitudes. Le zooplancton a été échantillonné toutes les semaines, à l'aide d'un tube en plexiglas. Les réponses des populations et de la communauté ont été analysées par la méthode des courbes de réponses principale (PRC), technique multivariée basée sur l'ordination canonique. La structure de la communauté a été modifiée selon un effet dose-réponse, avec une disparition complète des Cladocères et une diminution conséquente des Copépodes. Concernant les Rotifères, des effets indirects ont été observés et ces derniers diffèrent selon les espèces. Pour expliquer certaines réponses, des hypothèses sont alors proposées à l'aide des connaissances disponibles sur leur écologie. Finalement, l'ensemble des effets sur la communauté de zooplancton est ensuite mis en relation avec ceux observés chez les autres communautés et populations étudiées et l'importance de la pression de prédation exercée par les invertébrés et/ou les vertébrés en situation contaminée est ainsi discutée.

Sandrine Joachim - INERIS - Verneuil en Halatte - sandrine.joachim@ineris.fr

P45/03 Titre : Impacts de contaminations métalliques et organiques sur l'anguille Européenne dans l'estuaire de la Gironde

Sophie Renault - Patrice Gonzalez - Françoise Daverat - Laurent Lanceleur - Hélène Budzinski - Schäfer Jörg - Pierre Elie - Magalie Baudrimont

L'estuaire de la Gironde est considéré comme l'un des estuaires les plus sains d'Europe. Néanmoins, il est soumis à des contaminations poly-métalliques issues d'un ancien site minier du Lot, ainsi qu'à des pollutions organiques urbaines et agricoles. Depuis une trentaine d'années, les populations d'anguilles Européennes (*Anguilla anguilla*) souffrent d'un fort déclin et le stock est considéré comme hors de ses limites biologiques de sécurité. Plusieurs causes, telles que la surexploitation halieutique ou les obstacles aux migrations, ont pu être mises en évidence et sont amplement documentées. Cependant l'impact réel des perturbations chimiques associées aux contaminants présents dans le milieu aquatique n'a été que peu étudié actuellement. Dans cette optique, 120 anguilles jaunes (402 ± 45 mm, $91,5 \pm 32,2$ g) ont été individualisées et réparties dans des cages sur trois sites de l'estuaire de la Gironde (Pauillac, Bordeaux et Cadaujac), sur la période de septembre à novembre 2008. Sur chaque site, la moitié des anguilles ont été nourries deux fois par semaine pendant trois mois, avec des crevettes non contaminées (de même origine que les anguilles) et l'autre moitié avec des crevettes naturellement contaminées provenant de l'estuaire de la Gironde. A l'issue de ces trois mois de transplantation, 10 anguilles par site et par condition ont été analysées. Des quantifications des bio-accumulations métalliques, des expressions géniques et des concentrations de métallothionéines ont été réalisées sur les branchies, le foie, les reins et les muscles. Des dosages de PCB (Poly-chloro Biphényles) ont été réalisés dans les muscles. Ces analyses ont mis en évidence deux types de contaminations majeures pour les anguilles dans l'estuaire de la Gironde. En effet, sur tous les sites, les anguilles ont bio-accumulé des PCB par voie trophique dans les muscles, avec des facteurs de bio-accumulation allant de 2,5 à 3 par rapport aux To. De plus, elles ont subi une contamination au cadmium par voie directe en corrélation avec les concentrations de Cd^{2+} (ion libre) dans l'estuaire. Ces deux contaminations n'ont pas été suffisantes pour induire une augmentation des concentrations protéiques de métallothionéines dans les organes. Néanmoins, des sur-expressions de gènes codant pour des protéines de défense contre les xénobiotiques, ainsi qu'une augmentation du nombre de mitochondries et de leur activité ont pu être mises en évidence. Ces résultats soulèvent l'intérêt de mettre en place des expérimentations en conditions naturelles de multi-contamination afin de mieux appréhender les contraintes environnementales réelles auxquelles sont soumis les organismes aquatiques (voies de contamination, facteurs abiotiques...).

Sophie Renault - UMR EPOC 5805 équipe GEMA - Arcachon - s.renault@epoc.u-bordeaux1.fr

P45/04 Titre : Contamination en PCB, OCP et PBDE des Rorquals communs de méditerranée

Nathalie Tapie - Thierry Legavre - Amandine Eynaudi - Denis Ody - Hélène Budzinski

Parmi la multitude de substances chimiques rejetées dans l'environnement, les polluants organiques persistants (POP) comme les polychlorobiphényles (PCB), les pesticides organochlorés (OCP) ou plus récemment les PolyBromoDiphényles-Ethers (PBDE) connaissent un regain d'intérêt à cause de la récente réévaluation de leur toxicité (neurotoxiques, perturbateurs endocriniens). Ces substances sont chimiquement stables, lipophiles, ce qui leur confère un fort potentiel de bioaccumulation par les organismes. Les mammifères marins de par leurs taux de lipides élevés dans leurs tissus et leurs places dans les réseaux trophiques pélagiques sont particulièrement impactés par ces composés. Les PCB, les OCP et les PBDE ont été choisis comme molécules modèles pour suivre les mécanismes de bioaccumulation chez le rorqual commun (*Balenoptera Physalus*). Au cours des années 2006, 2007, 2008 et 2009, plus de 70 individus ont été biopsiés dans la mer de Ligurie, en Méditerranée. Parallèlement au dosage chimique, une caractérisation génétique du sexe des individus a également été réalisée. Les résultats obtenus mettent en évidence une contamination résiduelle des rorquals en PCB (867 ± 613 g ng⁻¹ ww) et en OCP (1151 ± 870 g ng⁻¹ ww), ainsi qu'une faible contamination en PBDE (23 ± 15 ng.g⁻¹ ww). Les teneurs en PCB et OCP sont cohérentes avec celles de la littérature, et semblent même dénoter d'une baisse de la contamination des rorquals sur ces 10 dernières années. Une influence du sexe sur les niveaux de contamination a clairement été mise en évidence, les femelles présentent des niveaux de contamination trois fois inférieurs aux niveaux de contamination observés chez les males. Cette différence s'explique par le fait que les femelles « déparent » lors de la gestation et l'allaitement. Ces résultats ont permis de dresser un premier niveau de contamination des rorquals communs dans la mer Méditerranée témoignant de la contamination résiduelle en PCB et OCP, ainsi que de la faible contamination en retardateurs de flammes.

Nathalie Tapie - Université Bordeaux1 LPTC/ISM UMR 5255 -Talence - n.tapie@ism.u-bordeaux1.fr

P45/05 Titre : Détermination de la charge corporelle critique (CBB) de l'hexachlorobenzène (HCB) chez le bar (*Dicentrarchus labrax*)

Nathalie Tapie - Nathalie Bodin - Marie hélène Devier - Hélène Budzinski

L'hexachlorobenzène (HCB) est un hydrocarbure aromatique chloré largement utilisé dans le passé comme antifongique pour le stockage des cultures (Zell et Ballschmiter, 1980). Dans l'industrie, l'HCB a été utilisé dans un certain nombre de procédés de fabrication tels que les pièces pyrotechniques, les balles traçantes... HCB a aussi été utilisé comme agent de préservation du bois et agent de contrôle de la porosité dans la fabrication d'électrodes (ATSDR, 2002). En raison de préoccupations au sujet de sa persistance, de son potentiel de bioaccumulation et de ses propriétés toxicologiques, la production et l'utilisation de HCB a été interdite dans la plupart des pays dans les années 1970. Depuis 2001, l'hexachlorobenzène appartient à la liste prioritaire des polluants organiques persistants (POP) définie par la convention de Stockholm et est utilisé comme molécule modèle dans des nombreuses études d'accumulation et de toxicité. Dans le cadre de cette étude, des tests de toxicité aiguë ont été menés sur un poisson modèle, le bar *Dicentrarchus labrax*, afin de déterminer la charge corporelle létale (Lethal Body Burden LBB) de l'hexachlorobenzène. La LBB est définie comme étant la concentration molaire d'un contaminant dans l'organisme au moment de la mort. Contrairement à la dose létale 50 (DL50), la LBB a l'avantage de donner accès à la toxicité intrinsèque des produits chimiques organiques (De Bruijn et al., 1991). Afin de déterminer la LBB de l'HCB chez le bar, deux séries d'expériences ont été menées en 2007 et 2008 afin d'étudier l'influence de la voie d'exposition. Dans la première série d'expériences des bars juvéniles ont été exposés à l'HCB par injection intrapéritonéale. Les bars ont été exposés journalièrement à des concentrations croissantes d'HCB dilué dans l'huile de maïs pendant 96h. Dans la deuxième série d'expériences, les bars ont été contaminés à l'HCB par gavage. Ils ont reçu une dose journalière d'HCB pendant 96h afin de déterminer la charge corporelle mortelle d'HCB. Les résultats ont montré une différence significative entre les charges corporelles obtenues par injections intrapéritonéales et celles obtenues par gavage. Les concentrations retrouvées dans les bars après gavage sont significativement inférieures à celles retrouvées par injections intrapéritonéales.

Nathalie Tapie - Université Bordeaux1 LPTC/ISM UMR 5255 - Talence - n.tapie@ism.u-bordeaux1.fr

Session 46 : Couplages réseaux trophiques - flux biogéochimiques dans les écosystèmes terrestres et aquatiques

P46/01 Titre : Différences de biodégradabilité de sédiments soumis à différents réseaux trophiques: comparaison de deux méthodes expérimentales sur un cycle saisonnier

Loïc Harrault - Béatrice Allard - Gérard Lacroix - Michaël Danger

Posters Session 46

L'analyse du devenir du carbone organique dans les lacs est une thématique couplant écologie et géochimie de la matière organique sédimentée (MOS). Des travaux récents suggèrent que la biochimie de la MOS, sa teneur en carbone et azote élémentaire, en sucres, en protéines et en acides aminés, dépendent de la structure des réseaux trophiques. Certains indicateurs, tels que le rapport C/N, la concentration en composés azotés, en sucres et en composés lipidiques insaturés de la MOS, donnent une idée de la biodégradabilité des sédiments. Les différences biochimiques entre des MOS provenant de réseaux trophiques contrastés suggèrent que leurs biodégradabilités diffèrent. Des incubations ex-situ de ces sédiments fourniraient de puissants indices de biodégradabilité de la MOS, reflétant la capacité de la communauté microbienne à dégrader cette matière organique (diagenèse). L'objet de l'étude est de comparer les différences de biodégradabilité de la MOS provenant de mésocosmes immergés dans le lac de Créteil (Ile-de-France). La moitié de ces mésocosmes ont étéensemencés avec des gardons pour reproduire des réseaux à trois maillons principaux (poissons, zooplancton, phytoplancton). Les gardons n'ont pas été ajoutés dans les autres enceintes pour obtenir des réseaux à deux maillons (zooplancton et phytoplancton). La biodégradabilité de la MOS récoltée au cours d'un cycle saisonnier a été suivie avec deux méthodes de respirométrie : mesures de CO₂ par infrarouge (IR) sur des incubations en système ouvert, et mesures de CO₂ par titration du carbone inorganique (IC) en système fermé. La méthode par IR suggère que les sédiments récupérés en hiver sont moins dégradables que ceux récupérés pendant la saison chaude, qui correspond aux périodes maximales d'efflorescence algale. Il n'apparaît pas de tendance claire de l'effet de la structure du réseau trophique sur la biodégradabilité du sédiment. La méthode par IC suggère l'existence d'une interaction entre la structure du réseau trophique et l'évolution de la biodégradabilité de la MOS entre saisons froide et chaude. Les sédiments des enceintes empoissonnées semblent plus dégradables en été qu'en hiver, suggérant que la matière algale (labile), plus importante en été en présence de poissons, joue un rôle déterminant dans la biodégradabilité de la MOS. À l'inverse, la MOS des enceintes sans poissons ne semble pas plus dégradable en été, probablement du fait d'une contribution zooplanctonique (peu labile) dominante. Les différences saisonnières de biodégradabilité de la MOS semblent se vérifier avec les deux méthodes. Cependant, chaque méthode présente des biais expérimentaux qui doivent être réduits.

Loïc Harrault - UMR 7618 - Paris - loic.harrault@etu.upmc.fr

P46/02 Titre : Termites et GES : les termites sont-ils une source de ²⁰N?

Zeeshan Majeed - Edouard Miambi - Alain Robert

Les termites représentent la principale faune dans les sols tropicaux et subtropicaux. Bien que connus essentiellement pour leurs aptitudes à dégrader le bois, ils possèdent en fait des régimes alimentaires très divers leur permettant de dégrader la matière organique végétale, sous toutes ses formes (plante, bois, litière, humus...). Cette capacité de dégradation des composés végétaux est liée à l'existence d'une communauté microbienne digestive très spécifique et symbiotique. La présence d'archaea méthanogènes au sein de cette communauté est à l'origine des émissions de méthane. Les termites sont ainsi reconnus comme une des sources d'émission majeure de méthane atmosphérique. Le niveau d'émission de méthane est cependant étroitement corrélé aux régimes alimentaires des termites. Il a été récemment rapporté des émissions par les nids de termites de N₂O, un autre gaz à effet de serre, plus radiatif que le dioxyde de carbone. Cependant, le métabolisme des composés azotés par les termites aboutissant aux émissions d'oxydes d'azote dans l'atmosphère n'est pas encore élucidé, contrairement aux nombreux travaux sur le méthane. L'émission de N₂O est corrélée à la présence de communautés spécifiques microbiennes (les bactéries dénitrifiantes). Or le tube digestif des termites possèdent les conditions nécessaires à la présence de telles communautés (conditions d'anaérobiose, présence d'ammonium, richesse en matière organique). L'objectif de cette étude est donc de déterminer (i) si les termites et leurs structures biogéniques associées (les nids et placages) peuvent être une source importante de N₂O atmosphérique (ii) si l'intensité de cette émission est liée à l'appartenance des termites aux différents groupes alimentaires (xylophage, champignoniste, humivores). Pour caractériser ces émissions, des mesures de N₂O en chromatographie en phase gazeuse ont été effectuées sur des termites élevés en microcosmes sur 24h. Des échantillons de termitières ont été ajoutés aux microcosmes selon deux modalités ; nid stérilisé, nid non stérilisé pour déterminer si la termitière est une source importante d'émission. Les résultats indiquent (i) que les termites et leurs structures biogéniques associées sont de faibles sources d'émission de N₂O (ii) que l'intensité de cette émission dépend de l'affiliation trophique ; les termites humivores étant les plus producteurs (iii) pour certaines espèces, la termitière semble fortement stimuler cette émission. Cette première étude indique que quel que soit le régime alimentaire, les termites ne représentent pas une source majeure d'émissions de N₂O. Cependant l'intensité de ces émissions semblent fortement dépendantes des conditions environnementales (caractéristiques physico-chimiques du sol ou de la termitière associés)

Zeeshan Majeed - IRD, UMR ECO&SOLS -Montpellier - zeeshan.majeed

Session 47 : Intégration de l'interaction Génotype x Environnement dans l'étude des capacités d'adaptation

P47/01 Titre : Genetic colour polymorphism and host-parasite interactions in the feral pigeon, *Columba livia*

Lisa Jacquin

Melanin pigments provide the most widespread source of coloration in vertebrates, yet the adaptive function of such traits remains poorly known. In feral pigeons, *Columba livia*, the variation of genetic melanin-based coloration is particularly important as a result of human artificial selection. Part of this variation has been maintained in feral populations living in urban areas as individuals display a continuous variation of melanin-based coloration (from white to black). Recent studies hypothesized that variations of melanin-based coloration would reflect alternative strategies to cope with heterogeneous environments such as parasites. We thus examined the immune response and susceptibility to blood parasites in wild feral pigeons in relation to the degree of their melanin-based coloration. Results show that darker individuals had a better immune response to PHA injection and a lower blood parasite load than paler individuals. Parasitism could thus constitute a heterogeneous evolutionary pressure explaining the maintenance of colour polymorphism in urban areas. In order to confirm this correlative study, we conducted experiments on captive feral pigeons submitted to different treatments and examined the relationship between melanin-based coloration, antibody production (intensity and dynamics), and inflammatory response. Results suggest that the co-variation between melanin-based coloration and immune quality is complex and depends on the component of the immune system considered. Potential trade-offs between immunity and other life history traits like maintenance and reproduction were also examined, suggesting that darker individuals could pay a greater cost of the immune response. Differently coloured individuals thus show differing reaction norms relative to parasitism, suggesting that dark and pale melanic phenotypes could reflect alternative adaptations to parasites, a factor known to vary in space and time in the urban environment.

Lisa Jacquin - ljacquin@snv.jussieu.fr

P47/02 Titre : Trade-off between melanisation and fitness in the large white butterfly, *Pieris brassicae*

Audrey Chaput-Bardy - Simon Ducatez - Michel Baguette

The large white butterfly, *Pieris brassicae* shows a seasonal polyphenism of wing melanisation, individuals in spring being darker than individuals in summer. This phenotypic plasticity is known to be an adaptive response for thermoregulation. In this study we tested the effects of melanisation on larval and adult survival, and on female fecundity of two different lines. Butterflies were reared in cold (18°C), moderate (22°C), and hot (26°C) temperatures over two generations to investigate variation in adult pigmentation. We developed a system to take standardised digital photography of living imagos after their emergence. From these pictures, the melanised area of wings and the forewing size were measured. We assume that both lines will show different plastic responses to temperature variations, and have two different optimal relationships between fitness and melanisation cost.

Audrey Chaput-Bardy - Brunoy - chaput@mnhn.fr

P47/03 Titre : Mortality, aging and fecundity : effects of dietary restriction in *Folsomia candida*

François Mallard - Thomas Tully

Dietary restriction increases lifespan in several species and it is discussed whether high food environmental conditions induce a faster accumulation of physiological damages or if it increase short-term risk of death that can be reversed (as shown in *Drosophila* by Mair et al in 2003). To tackle this issue and question the role of the trade-off between reproduction and longevity in this process, we studied mortality and fecundity rates of a collembolan, *Folsomia candida*, in environments shifting through time between fully fed and dietary restricted (DR) conditions. We show that, at whatever time DR is applied, it induces a decrease in both mortality and fecundity rates in this collembolan. However, we also observed cumulative effects on aging that suggest a physiological memory of past conditions. We then discuss whether these "memory effects" can be seen as an aging of the plasticity of the individuals and how it can be understood in the context of the evolutionary theories of aging.

François Mallard - Labo Ecologie & Evolution CNRS-UMPC-ENS UMR 7625 - Paris - francois.mallard@ens.fr

P47/04 Titre : Les symbioses endophytes/graminées renforcent la divergence adaptative des populations natives de *Lolium perenne*

Anaïs Gibert - Laurent Hazard - Florence Volaire

La diversification adaptative contribue au potentiel adaptatif des espèces. L'importance des symbioses fongiques dans l'adaptation des plantes aux environnements stressants appelle à une prise en compte de ces interactions dans l'étude des structures adaptative des populations de plante hôte. Les symbioses héréditaires endophyte/graminées (E/G) sont un objet d'étude pertinent, elles i) couplent la reproduction de l'hôte et du champignon et ii) affectent le phénotype de la plante en induisant une résistance au stress hydrique. Nous avons étudié ainsi l'impact du champignon endophyte *Neotyphodium lolii*, sur la structure adaptative de *Lolium perenne*. Nous avons examiné la proportion d'individus symbiotiques chez 22 populations natives de *L. perenne* le long d'un gradient environnemental, caractérisé par un index d'humidité des sols (SWI). Une expérimentation en serre a également été réalisée sur des individus symbiotiques et non symbiotiques de 5 de ces populations natives. L'effet de la population d'origine, du statut endophyte des individus (présence/absence) et l'interaction origine-statut ont été testés sur la survie des plantes à la sécheresse et la production de la biomasse, proxies de la fitness. Neuf traits morphologiques et physiologiques ont également été mesurés en conditions non-limitante et limitante en eau. Les taux d'individus symbiotiques dans les populations de *L. perenne* sont négativement corrélés au SWI des sites observés, suggérant une sélection des individus symbiotiques par la sécheresse. Une différenciation adaptative est présente entre populations natives de *L. perenne*, suivant un trade-off entre production de la biomasse en condition non-limitante et taux de survie durant un stress. La symbiose E/G renforce cette différenciation des deux côtés du trade-off. Les populations des sites les plus xériques présentent les taux de survie les plus élevés, et les plantes symbiotiques ont une survie supérieure aux plantes non symbiotiques. Les populations des sites humides produisent les plantes avec le plus de biomasse en conditions non limitantes et dans une de ces populations, les plantes symbiotiques augmentent encore cette production. A l'inverse, les plantes des populations les plus xériques produisent moins de biomasse en condition non-limitante indépendamment de leur statut endophyte. La symbiose E/G, indépendamment de l'origine de la population, induit des surfaces foliaire spécifique plus élevées et des taux de matières sèches plus faibles, suggérant une meilleure acquisition des ressources par les plantes. Cette étude met en évidence que les symbiose E/G renforcent les stratégies adaptatives des plantes et peuvent ainsi contribuer à la diversification adaptative des espèces.

Anaïs Gibert - INRA, UMR 1248 AGIR - Toulouse - agibert@toulouse.inra.fr

P47/05 Titre : Etude des capacités d'adaptation du corail rouge, *Corallium rubrum*, dans un contexte de changement climatique

Anne Haguenauer - Didier Aurelle

Recent mortality outbreaks in marine ecosystems have been linked to elevated seawater temperatures potentially associated with global climate change. In 1999 and 2003, elevated seawater temperatures caused mass mortality of the mediterranean red coral, *Corallium rubrum*, on large spatial scales. The use of molecular tools to assess the cellular basis of coral bleaching has recently intensified, but little is known about non symbiotic coral necrosis. The objective of this study is to analyse the variation of plasticity levels in this species through measures of gene expression changes associated with thermal stress. Previous thermotolerance studies (reciprocal cross-transplantation) showed variations at inter-population levels and population genetic studies showed a strong genetic structuring at short distance. An important variability of mortality had also been observed among populations and individuals potentially indicating a genotype x environment interaction. Taking these results into account, our experiments were carried out with specimens from two coral populations (Marseille): shallow and deep population (20m and 40m depth) maintained in aquarium. Two types of thermal stress were performed : Short Heat Shock (shift from 17 to 25°C during 24 hours), and Long Heat Shock (shift from 17 to 25°C across 30 days). We developed two different approaches to study gene expression changes. In a first experiment, we cloned candidate genes potentially implicated in stress response: the Heat Shock Protein (HSP) family genes and genes implicated in oxidative stress response like CuZn and Mn Superoxid Dismutase. Twelve genes were cloned and their expression will be measured by real time quantitative PCR during thermal stress. We will consider the ability of the red coral to express these genes as a phenotypic adaptation to changes in seawater temperature. In a second experiment, we will perform a comparative transcriptomic approach (by Suppression Subtractive Hybridization) comparing stressed colonies versus controls during short or long shock, and 20m versus 40m stressed populations. This approach will identify new candidate genes implicated in the thermal stress response. These two approaches should reveal the molecular basis of thermal stress response of the Mediterranean red coral. Comparison between shallow and deep populations, linked with population genetic studies, will provide essential informations to anticipate how red coral populations will face the ongoing shifts in environmental conditions and should help study some potential local adaptation processes.

Anne Haguenauer - CNRS - UMR 6540 DIMAR - Marseille - anne.haguenauer@univmed.fr

P47/06 Titre : Augmentation de l'impact du pathogène émergent *Batrachochytrium dendrobatidis* par l'érosion génétique dans les populations de rainette arboricole (*Hyla arborea*)

Emilien Luquet - Trent Garner - Jean Paul Léna - Christophe Bruel - Pierre Joly - Thierry Lengagne - Odile Grolet - Sandrine Plénet

Les effets négatifs de l'érosion génétique dans les populations isolées sont maintenant largement reconnus. La destruction d'habitat et la fragmentation réduisent en taille et isolent les populations menant à une diminution de la diversité génétique du fait de flux géniques restreints, de la dérive génétique et de la consanguinité. En conséquence, il est attendu que l'érosion génétique diminue la fitness moyenne des populations. Bien que la théorie de génétique des populations et les modèles moléculaires sur les défenses immunitaires prédisent une augmentation de la susceptibilité aux pathogènes émergents dans les populations érodées génétiquement, très peu d'études se sont intéressées à cette interaction. Pourtant, la réduction aléatoire de la variabilité génétique caractéristique des populations isolées peut non seulement compromettre la capacité à résister à un pathogène émergent par perte des allèles de résistance ou encore par fixation d'allèles de susceptibilité. Mais elle est également associée à de la dépression de consanguinité pouvant réduire le budget énergétique global et résulter en une incapacité à assumer les coûts nécessaires à la mise en place des mécanismes de défenses, et ainsi accroître la susceptibilité au pathogène. L'objectif des expériences était de comparer, entre individus issus de populations avec un statut d'isolation différent, la résistance à un pathogène émergent, le champignon *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd). Ce champignon affecte une grande variété d'amphibiens à l'échelle mondiale pendant et après la métamorphose. Il est fortement virulent et serait responsable de mortalité massive dans certaines populations. Nous avons comparé expérimentalement les performances de têtards de rainette arboricole (*Hyla arborea*) issus de populations naïves à l'exposition de Bd. 2 populations étaient isolées et appauvries génétiquement alors que 4 autres populations étaient connectées. Pour chaque population, des têtards étaient élevés dans 3 situations tout au long du développement larvaire : contrôle (absence de Bd), faible dose et forte dose de Bd. Nos résultats démontrent : (i) une variation de réponses selon les densités de champignon présentes dans le milieu, (ii) une variabilité de réponse selon le statut d'origine des individus bien qu'aucun individu ne semble infecté par Bd. Contrairement aux individus issus des populations connectées, la survie, le développement et la croissance des individus issus des populations isolées sont effectivement plus affectés à l'exposition au pathogène surtout lorsqu'ils sont exposés à de fortes densités. Cependant, l'absence d'infection par Bd suggèrent que la mise en place des défenses immunitaires bien qu'efficace entraîne des coûts importants pour les individus des populations isolées.

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

P47/07 Titre : Approche écophysiologique des mécanismes impliqués dans l'expression des défenses induites chez la grenouille rousse (*Rana temporaria*)

Karine Salin - Emilien Luquet - Sandrine Plénet - Yann Voituron - Damien Roussel - Benjamin Rey

Comprendre comment les organismes répondent à des variations environnementales reste un challenge majeur de l'écologie évolutive. Plusieurs approches selon le niveau d'atteinte biologique peuvent être envisagées pour estimer la réponse des organismes face à des événements stressants. La plus classique, est une approche quantitative basée sur l'analyse de la variation de certains traits (survie, croissance). Elle permet d'appréhender l'impact de la variation environnementale et d'estimer indirectement un coût énergétique de la réponse et en conséquence une réduction de la fitness des individus. Plus intégrative et originale, l'étude des mécanismes endocrines et physiologiques est une nouvelle voie pour comprendre les processus sous-jacents aux compromis évolutifs. Chez les vertébrés, se focaliser sur les hormones glucocorticostéroïdes est judicieux pour examiner la relation entre stress environnemental, réponses biologiques et survie. Ces hormones sont d'importants médiateurs de l'allostasie et des réponses aux stress tout au long de la vie. La mitochondrie, centrale énergétique cellulaire, est une cible importante des hormones de stress. Dans cet organe, il existe un compromis entre efficacité de synthèse d'énergie favorisant la croissance, la reproduction et le maintien, et production de radicaux libres au détriment de ces performances. Ce compromis apparaît comme l'élément clé entre effet d'un stress environnemental, conséquences hormonales, impact sur le rendement énergétique, dérèglement de la balance oxydative, et conséquences sur les compromis évolutifs entre les traits d'histoire de vie. Les amphibiens répondent de manière flexible et adaptative aux changements de l'environnement en modifiant leurs traits d'histoire de vie, leur morphologie ou leur physiologie au cours de leur développement, et constituent ainsi de bons modèles. Ces modifications survenant pendant la phase larvaire peuvent sanctionner la qualité de la métamorphose puis la fitness des phases juvéniles ou adultes. Nous avons utilisé chez la grenouille rousse (*Rana temporaria*) un facteur environnemental fortement variable en milieu aquatique, la présence de prédateurs. Il est reconnu qu'en présence de prédateurs, les larves développent des défenses induites. La mise en place de ce phénotype adaptatif est cependant coûteux ; les têtards induits présentent alors une croissance réduite et un développement ralenti associé à une consommation d'oxygène diminuée. Afin de mieux comprendre les mécanismes sous-jacents à l'expression des défenses induites et les compromis qu'elles imposent, nous avons exploré les réponses physiologiques impliquées dans cette réponse adaptative. Un stress environnemental entraînerait des modifications du métabolisme via des changements dans le fonctionnement mitochondrial impactant à la fois sur la balance oxydative mais également sur l'énergie cellulaire disponible.

Karine Salin - LEHF - UMR 5023 - Villeurbanne - karine.salin@univ-lyon1.fr

Session 48 : Ecologie du déplacement : tracking, cartographie des habitats et modélisation

P48/01 Titre : Investigating pathogen movements: bird community census data and identification of potential bridge species for Avian Influenza

Alexandre Caron - Michel De garine-Wichatitsky - Nicolas Gaidet - Ngoni Chiweshe - Graeme Cumming

Posters Session 48

The ecology of hosts is crucial in understanding mechanisms of pathogens transmission and spread in complex multi-hosts systems. This paradigm is used in this article to infer epidemiological interactions in the context of Avian Influenza Virus (AIV) maintenance and spread at the interface between wild and domestic birds in an African ecosystem. We use the overlap in space and time of bird communities combined with ecological dynamic and non-dynamic risk factors to evaluate a risk of AIV maintenance and transmission between bird populations. The estimated global risk associated with waterfowl populations at a given time is then multiplied by the level of interactions with neighboring domestic production systems during the same period. This approach is used to produce hypotheses on the dynamics of circulation of AIV strains in waterfowl populations and on the potential "bridge" species at the wildlife/domestic interface. We believe this protocol is a) reproducible and useful to explore AIV risk and identify wild bird species potentially acting as reservoir or spreader of pathogens at a local scale; b) can be used as a management tool to improve surveillance at a local level.

Alexandre Caron - Cirad UPR AGIRs - Harare - alexandre.caron@cirad.fr

P48/02 Titre : Identifier des structures répétées dans les séquences de déplacements GPS: présentation de l'algorithme Sequitur et de son application

Simon Chamaille-Jammes

L'analyse des déplacements d'animaux a connu cette dernière décennie d'importants développements méthodologiques, par exemple dans l'estimation des domaines vitaux ou l'identification des modes comportementaux associés à certaines typologies de mouvements. Un aspect resté relativement ignoré est l'identification d'éventuelles structures répétées dans la séquence du trajet, qui offrirait une première mise en lumière des patrons courants dans l'utilisation de l'espace, permettant a posteriori la recherche de leurs déterminant comportementaux ou environnementaux. Des méthodes d'identifications des visites répétées à certains sites (i.e. récursion) existent, mais à ma connaissance il n'a pas à ce jour été proposé de méthode pour identifier les trajets répétés et évaluer leur importance dans la construction du trajet global. Dans ce contexte je présenterai l'application de l'algorithme Sequitur à l'analyse de trajet GPS. Cet algorithme recherche des structures répétées dans une séquence de symboles (e.g. lettres, nombres): la chaîne de caractère « a rose is a rose is a rose » peut par exemple être ré-écrite: S BBA A a rose B A is Cet algorithme a été utilisé avec succès pour identifier des structures hiérarchiques dans du texte, des données génomiques, des partitions musicales etc. Un tel algorithme appliqué à un trajet 2D converti en une séquence 1D (via une grille - d'autres possibilités seront discutées) permet d'étudier de manière hiérarchique la structure répétées de la séquence du déplacement. La mise en oeuvre de la méthode sera démontré pas à pas, et l'intérêt d'une application en routine à différentes échelles spatiales sera mise en évidence sur des trajets artificiels. Finalement, des trajets réels seront analysés pour démontrer comment cette approche peut-être croisée avec des cartes d'habitats et souligner l'apport de la méthode pour notre compréhension de l'utilisation de l'espace par les animaux.

Simon Chamaille-Jammes - CEFE CNRS -Montpellier - simon.chamaille@cefe.cnrs.fr

P48/03 Titre : Qualité des habitats, mouvements saisonniers et condition corporelle chez la tortue d'Hermann *Testudo hermanni*

Thibaut Couturier - Marc Cheylan - Guillaume Astruc - Lucile Tillion-Lacazale - Aurélien Besnard

Les évolutions des habitats, qu'elles soient naturelles ou induites par l'homme, impactent fortement les espèces. Si la biologie de la conservation s'est longtemps concentrée sur des approches populationnelles, les travaux à l'échelle de l'individu apparaissent tout aussi nécessaires et complémentaires pour une meilleure compréhension de la réponse des individus aux modifications de leur habitat et aux possibles changements de leurs stratégies d'utilisation de l'espace. Dans ce contexte les tortues terrestres apparaissent comme un matériel biologique de choix : ce sont des espèces longévives, fortement sédentaires et à faible capacité de dispersion. Les travaux présentés ici sont conduits sur la tortue d'Hermann, espèce classée vulnérable par l'UICN, et dont la conservation suscite actuellement un fort intérêt. L'utilisation de l'espace étant mal connu chez cette espèce, un premier travail consiste donc à déterminer quels habitats sont sélectionnés par les individus au fil des saisons. Il s'agit ensuite de tester si l'accessibilité aux différentes ressources déterminantes pour l'espèce influence la taille des domaines vitaux et la condition corporelle des individus. Depuis le printemps 2009, 45 femelles ont été équipées de radio-émetteurs de type RFID sur 7 sites de la plaine des Maures (Var), offrant des conditions environnementales variées, en termes de couvert forestier et d'accessibilité à des cours d'eau. La localisation des individus toutes les deux semaines renseigne sur les déplacements et l'utilisation de l'espace au fil des saisons. Les variations de poids individuels au cours du temps permettent de mieux comprendre comment la qualité de l'habitat agit sur la condition corporelle des individus. Ce suivi télémétrique montre que la superficie des domaines vitaux varie selon les sites. Ils sont plus étendus sur les sites marqués par un fort stress hydrique estival. Sur les sites pourvus d'un cours d'eau, les tortues passent la saison estivale à proximité de celui-ci, dans la ripisylve. Ceci semble se traduire par une moindre perte de poids et donc une meilleure condition corporelle des individus. L'étude devra se poursuivre sur plusieurs saisons pour confirmer les premiers résultats obtenus. Ceux-ci pourront guider les programmes de gestion conservatoire des habitats, en cherchant à en optimiser leur qualité pour la tortue d'Hermann.

Thibaut Couturier - EPHE-CEFE-CNRS UMR 5175 - Montpellier - thibaut.couturier@cefe.cnrs.fr

P48/04 Titre : Modélisation prédictive de la distribution de deux grands cétacés (rorqual commun et cachalot) à partir des caractéristiques de leur habitat

Léa David - Tiziana Di Fulvio - Nathalie Di-Meglio - Fabienne Delacourtie - Pascal Monestiez - Sophie Laran

Cette étude collaborative (14 structures pour les données et 3 organismes pour les analyses) a permis d'identifier l'habitat préférentiel estival du rorqual commun (*Balaenoptera physalus*) et du cachalot (*Physeter macrocephalus*) en Méditerranée nord-occidentale. Au sein de cette zone se trouve une Aire Marine Protégée : le Sanctuaire PELAGOS. Cette étude a permis de prédire la distribution de ces deux espèces menacées afin d'identifier les zones à risques de collisions avec les grands navires. Pour ce faire nous avons utilisé deux approches en parallèle : une modélisation de l'habitat basée sur des données de présence-absence (Modèle linéaire GLM) et une méthode basée seulement sur des données de présence (Analyse factorielle de niche écologique, ENFA). Au total le jeu de données ayant servi à cette étude s'étend sur dix années de prospection (1998 à 2008) et comprend 872 observations de rorquals communs et 243 de cachalots. Parmi ces observations, 349 observations de rorquals communs et 68 observations de cachalots sont associées à un effort de prospection s'élevant à 41 269 kilomètres. Les cartes d'habitat ont été construites en utilisant des variables topographiques comme la profondeur, la pente et la distance aux isobathes 200 et 2000 m, et des paramètres environnementaux issus de la télédétection comme la concentration nette de production primaire (NPP), la chlorophylle a et la température de surface de la mer (SST). Utilisant quasiment le même jeu de données et les mêmes variables, les cartographies prédictives de chacune des espèces issues des deux modèles montrent des similitudes sur la période estivale globale (4 mois) mais par contre des différences à l'échelle mensuelle. La distribution de ces animaux est étroitement liée à la profondeur mais également aux variables environnementales telles que la production primaire et la température superficielle pour certains modèles. Des prévisions correctes de présence ont été obtenues pour ces deux espèces : 68% pour le rorqual commun et 65% pour le cachalot avec le GLM et un index de Boyce de 0,56 et 0,2 respectivement avec l'ENFA. Par ailleurs, ces deux techniques fournissent des résultats complémentaires en adéquation avec ceux issus de l'analyse géostatistique des observations montrant, entre autre, que l'habitat favorable du rorqual commun apparaît nettement pélagique tandis que celui du cachalot est davantage lié au talus continental.

Léa David - EcoOcéan Institut - Montpellier - lea.david2@wanadoo.fr

P48/05 Titre : Connectivité fonctionnelle en conditions climatiques sub-optimales : les paysages climatiques modèlent-ils la dispersion des insectes?

Thomas Delattre - Philippe Vernon - Hervé Quénol - Françoise Burel

La dispersion est un processus clef pour le maintien des populations fragmentées. On la décrit classiquement comme un trait fixe, typiquement mesuré en conditions climatiques optimales chez les ectothermes. Cependant, la dispersion est de plus en plus considérée comme un trait plastique, dépendant des conditions environnementales. Les conditions climatiques optimales ne prédominent pas dans les régions tempérées, et les ectothermes comme les papillons sont malgré tout connus pour rester mobiles en conditions sub-optimales. La connectivité fonctionnelle est la manière dont les propriétés d'un paysage affectent le comportement d'un organisme dispersant entre des taches d'habitat. Notre hypothèse est que la connectivité fonctionnelle varie en fonction des conditions climatiques. Les deux volets de ce travail sont : (1) étudier si, et comment le comportement de dispersion d'un papillon (*Maniola jurtina*) varie en fonction des conditions climatiques. 480 trajectoires individuelles ont été enregistrées dans une matrice agricole, sous des conditions climatiques variées. Elles ont été décrites par la probabilité d'émigration, la stratégie de vol adoptée, la distance atteinte, la longueur et la sinuosité des trajectoires. (2) Simuler le comportement de dispersion pour examiner comment la connectivité fonctionnelle répond aux changements spatio-temporels des conditions climatiques. Des individus disperseurs ont été observés le long d'une gamme de conditions climatiques sub-optimales à optimales. La probabilité de dispersion a augmenté de 20 à 40% avec l'amélioration des conditions climatiques, les trajectoires étant plus longues, moins sinueuses, et s'éloignant davantage du patch d'origine. Les stratégies de dispersion adaptées aux longues distances étaient plus sensibles aux conditions climatiques que les stratégies adaptées aux courtes distances. De manière inattendue, les femelles dispersaient à des températures plus faibles que les mâles, ce qui peut être expliqué par l'évitement du harcèlement par les mâles. Ces résultats mettent en lumière une possible surestimation des mesures de dispersion en conditions optimales : la plasticité induite par la variation des conditions climatiques ne devrait pas être négligée. Nous prédisons que les variations spatio-temporelles des conditions climatiques ont une influence forte sur les connectivité fonctionnelle des paysages, en modulant l'influence de la connectivité structurelle sur le comportement de dispersion des espèces. Cette hypothèse est actuellement testée en utilisant un modèle de dispersion individu-centré développé pour *Maniola jurtina*, prenant en compte les résultats décrits ci-dessus. Il est appliqué à des scénarios de "paysages climatiques" virtuels, représentant les variations spatiales des conditions climatiques induites par différentes occupations du sol.

Thomas Delattre - CNRS UMR 6553 ECOBIO, Université Rennes 1 - Rennes - thomas.delattre@univ-rennes1.fr

P48/06 Titre : Comment les groupes de vautours détectent-ils leurs ressources alimentaires ? Utilisation combinée de suivis GPS et de modèles individuels comportement-centrés

Olivier Duriez - Chloé Deygout - François Sarrazin

Les rapaces charognards sont en déclin au niveau mondial, malgré leur importante fonction écologique. Le vautour fauve *Gyps fulvus* a évolué en Europe en commensal du pastoralisme extensif. Ses stratégies de prospection alimentaire ont évolué de manière à trouver efficacement des carcasses distribuées de manière aléatoire spatialement et temporellement dans l'environnement. En particulier, l'attraction par recrutement local des individus en recherche alimentaire vers leurs conspécifiques s'alimentant, augmente fortement leur efficacité de prospection. Cependant des questions demeurent concernant l'importance des contributions individuelles et sociales dans le succès du comportement de prospection, c'est-à-dire avant qu'une carcasse ne soit découverte. Différents processus peuvent être en jeu : 1) les vautours se dispersent de manière aléatoire dans l'environnement, avec la contrainte de la topographie et de l'aérodynamisme nécessaire au vol à voile ; 2) les vautours utilisent leur connaissance personnelle de la nourriture disponible et visitent en priorité les lieux où il est plus probable de trouver des carcasses ; 3) les vautours prospectent en formant un réseau d'individus, observant continuellement les autres individus, afin de s'agrèger rapidement dès que l'un d'eux trouve une carcasse. Au vingtième siècle, les populations de vautours ont décliné en parallèle aux modifications des pratiques pastorales et des persécutions. Dans les années 1980, des opérations de réintroduction ont eu lieu dans le sud du Massif Central, s'accompagnant de la mise en place de charniers spécifiquement dédiés aux vautours. Ces charniers sont alimentés avec des carcasses collectées chez les éleveurs, rendant ainsi la ressource alimentaire prévisible spatialement, et à un degré variable, temporellement. Mais les vautours peuvent aussi trouver des carcasses hors des charniers d'une manière plus naturelle. De ce fait, ce système de charniers offre la possibilité de tester ces hypothèses concernant les comportements de prospection. Dans le contexte actuel de déclin des populations de vautours et de dommages suspectés au bétail vivant, il est urgent de mieux comprendre le comportement de prospection des vautours. Pour répondre à ces questions, un modèle théorique spatialement explicite, comportement-centré et basé sur les individus a été élaboré. Il permet de mieux cerner l'importance de l'information individuelle et sociale dans le comportement de prospection. Les résultats théoriques sont à présent comparés avec des données de terrain de suivis précis de vautours volants sur une longue période de temps. Nous présentons ici les premiers résultats de suivis de groupes de vautours dans les Grands Causses avec des balises GPS.

Olivier Duriez - MNHN, CERSP, UMR7204 - Paris - o.duriez@wanadoo.fr

P48/07 Titre : Est-il possible de quantifier les déplacements des vers de terre à l'aide d'une approche de capture-marquage-recapture ?

Aurélie Husté

De nombreux organismes du sol ont des rôles clés pour le fonctionnement du sol que ce soit dans des écosystèmes naturels ou agricoles. Les lombriciens jouent un rôle déterminant dans la régulation et le maintien de la qualité du sol. En particulier, ils participent directement ou indirectement à la disponibilité des ressources pour l'ensemble des organismes du sol et sont alors qualifiés « d'ingénieurs écologiques ». Pourtant, les modalités de déplacement de ces organismes in situ restent encore peu connues et peu étudiées alors qu'elles sont déterminantes pour le façonnement des communautés de vers de terre. Les méthodes de CMR (Capture-Marquage-Recapture) sont un des rares moyens permettant d'appréhender les mouvements des individus d'une espèce. Néanmoins, elles ont jusqu'à présent été peu utilisées pour les organismes du sol en raison des techniques de marquage peu adaptées et de la grande difficulté à mettre en place des suivis. Les objectifs de ce travail étaient d'une part de mettre au point un protocole de suivi des déplacements des vers de terre « en champs » en utilisant la CMR et d'autre part, de tenter de quantifier leurs déplacements. La technique de marquage utilisée au cours de ces expérimentations était le VIE (Visible Implant Elastomer) et apparaît comme un moyen fiable et efficace pour l'étude des déplacements des populations de lombriciens. Nous présenterons donc cette méthode ainsi que les premiers résultats de ce travail réalisé sur 2 années consécutives (2009 et 2010). Plus particulièrement, nous présenterons les éventuelles différences de déplacement observées entre les espèces mais aussi au sein d'une même espèce, entre les juvéniles et les adultes.

Aurélie Husté - univ rouen -Rouen - aurelie.huste@univ-rouen.fr

P48/08 Titre : Utilisation de la plaine agricole par le Cerf élaphe et effets sur les résultats de comptages aux phares : cas des prairies de la Vesdre en Hertogenwald (B)

Alain Licoppe - Julien Lievens

Le développement précoce de la végétation à la sortie de l'hiver dans les prairies de plaine situées en bordure de massif et à basse altitude entraîne un attrait particulier pour le Cerf. C'est à cette période précisément que sont organisés les comptages destinés à l'élaboration des quotas de tir. Le site d'étude se situe en Hertogenwald (Ardenne - Est de la Belgique). Il est bordé de plaines de basse altitude (prairies intensives de fauche) le long de la Vesdre. Le versant (250 à 400 m) est constitué de peuplements feuillus avant d'atteindre le plateau planté d'épicéas. La densité de cerfs y est de 5 à 6 cerfs/km² et relativement constante depuis 2006. Un circuit (30 km couvrant environ 1500 ha) de comptage, parcouru en moyenne 6 fois par an au mois d'avril, met en évidence la grande variabilité du nombre d'animaux observés (moy=68+-19, min=37, max=107), du nombre de groupes (moy=13+-3.4, min=9, max=23) et du rapport cerfs observés en prairie / cerfs observés en forêt (moy=57%+-22%, min=13%, max=93%). Depuis 2001, 14 biches ont été équipées à l'aide de colliers GPS. Les données environnementales sont issues de la carte vectorielle d'occupation des sols (source IGN). La variable étudiée est la fréquence d'utilisation des prairies (au minimum 1 localisation en prairie par jour). Cette fréquence est maximale au mois d'avril (0.54). Les domaines vitaux diurnes (zone de repos) sont mesurés (kernel, n loc = 120 entre 8 et 16h). La distance entre le centre de chaque zone de repos et les différentes prairies est ensuite utilisée comme variable explicative du modèle de régression : fréquence d'utilisation des prairies vs distance aux zones de repos diurne. Elle permet d'expliquer 53% de la variabilité. En d'autres termes, les animaux dont la zone de repos est située à moins de 2000 m des prairies agricoles présentent une fréquence d'utilisation de 45%, ceux situés entre 2 et 4000 m de 21%, ceux situés entre 4 et 6000 m de 7% et ceux situés > 6000 m de 0.2%. On constate néanmoins que les individus n'utilisent pas systématiquement les prairies les plus proches de leur zone de repos. Ces résultats montrent l'importance des prairies agricoles dans l'organisation spatiale des cerfs femelles et, particulièrement au mois d'avril, lors des comptages. Les prairies de l'Hertogenwald drainent des animaux dont la zone de repos se situe jusque 6 km, mais à des degrés divers en fonction de leur éloignement.

Alain Licoppe - SPW - DEMNA - Laboratoire de la Faune sauvage et de Cynégétique - a.licoppe@skynet.be

**P48/09 Titre : Ecologie du déplacement : tracking, cartographie des habitats et modélisation.
«A telemetry-based investigation of the habitat and space use between wild buffalos (*Syncerus caffer*) and domestic cattle (*Bos taurus/Bos indicus*) at the periphery of a protected area in Zimbabwe**

E. Miguel - D. Cornelis - V. Grosbois - M. Gely - T. Boulinier - H. Fritz - S. Benhamou - M. De Garine-Wichatitsky

In tropical areas, wildlife and livestock often share the same habitats. It has been suggested that increased interactions between wild and domestic hosts have contributed to the growing emergence of infectious diseases over the last 50 years (Jones, 2008). However, little is known about the actual behavioral interactions that occur between wildlife and livestock. Such information would be especially useful to determine whether high rates of contact exist in specific ecotone areas and to assess whether this results in high risks of infection for the communities occupying them (Despommier, 2007). To address these questions, we investigate movements and patterns of possible disease transmission from wild (buffalo, *Syncerus caffer*) to domestic ungulates (cattle, *Bos taurus/Bos indicus*) at the interface between national parks (Hwange and Gonarezhou) and surrounding communal areas in savanna landscapes of Zimbabwe. We focus on the transmission of two diseases (foot and mouth disease and corridor disease caused by *Theileria parva* transmitted by ticks) for which buffalos are assumed to be a reservoir (Thomson, 2003; Sibeko, 2008). A longitudinal epidemiological survey is undertaken on 300 cattle during 1 ½ year to characterize the epidemiological status and its temporal variation across seasons (wet, cold dry and hot dry). Simultaneously, a behavioral study is conducted by tracking the movements and estimate home ranges and habitat use of 26 cattle (each belonging to a distinct herd) equipped with GPS collars during 1 ½ year. Two factors potentially underlying the risk of pathogen transmission from wild ungulates to cattle are integrated in our study design. The first is the rate of contact between cattle and buffalos of known epidemiological status. To describe this risk factor and its spatial and temporal variation, 25 GPS collars are fitted on buffalos and relevant samples are collected during two capture sessions. The second risk factor is the rate of contact between cattle and tick vectors in vegetation. To estimate this risk factor and its spatial and temporal variation, ticks are sampled using drag sampling on the vegetation and around waterholes in the park, at the interface and in the communal areas. Our aim is to undertake an integrated analysis that compares the pathological status of each cattle surveyed with the exposure to the risk of pathogen transmission inferred from its trajectory and from the epidemiological status of the buffalos and landscape elements encountered along this trajectory. Key words: buffalo, cattle, diseases transmission, interface, telemetry, pathogen community.

Eve Miguel - CIRAD, AGIRs - Montpellier - eve.miguel@cirad.fr

P48/10 Titre : Interactions statiques entre cerf et chevreuil : une approche par simulation pour étudier le chevauchement

Emmanuelle Richard - Clément Calenge - Sonia Said - Jean-Luc Hamann - Jean-Michel Gaillard

Du fait, de l'expansion numérique et spatiale des populations d'ongulés en Europe, la question de la coexistence entre espèces se pose de plus en plus (cerf et chevreuil cohabitent dans plus de la moitié des forêts françaises). Pourtant, très peu d'études ont réellement qualifié la nature des interactions. L'enjeu est donc double, du point de vue scientifique pour comprendre comment les individus se partagent les ressources et utilisent l'espace lorsque d'autres espèces sont présentes et du point de vue pratique, pour adapter la gestion des populations animales et de la forêt à la présence de plusieurs espèces sur un même territoire. L'objectif est d'identifier le chevauchement entre la distribution des femelles de cerf et de chevreuil sur la RNCFS de La Petite Pierre afin d'identifier comment les deux espèces se partagent l'espace à différentes échelles pour cohabiter. La complexité des études multispécifiques fait que peu d'études se sont intéressées au chevauchement spatial entre populations d'espèces différentes en dehors du contexte de la prédation (Kitur et al. 2010, Brunjes et al. 2009). Encore moins d'études ont considéré une échelle spatiale très fine. Nous partons de l'hypothèse que, dans le cas d'une compétition entre les deux espèces, les chevreuils ne devraient pas se distribuer aléatoirement par rapport aux cerfs et ne devraient pas sélectionner les mêmes zones pour s'alimenter et/ou se protéger. Nous avons abordé la question par une approche de Monte Carlo en testant tout d'abord si la distribution des chevreuils était identique à celles des cerfs. Nous avons supposé une structure dans les localisations de chevreuils (non recouvrement entre chevreuils) et nous avons contraint les localisations de chevreuils à correspondre à la zone de capture (i.e. zones correspondant à l'ensemble des parcelles forestières où les dispositifs de captures ont été posés). Dans un deuxième temps, suite à une analyse de sélection d'habitat qui a montré des fortes hétérogénéités spatiales dans l'utilisation de l'espace, nous avons contraint les localisations à correspondre à des zones fortement sélectionnées. Bien que nous n'ayons pas pu mettre en évidence une réelle compétition entre les deux espèces, nous pouvons dire qu'elles ne se distribuent pas de manière identique et ne sélectionnent pas les mêmes types d'habitat sur la réserve. Malgré un certain manque de puissance statistique, nous pouvons dire que cette approche est novatrice et devrait pouvoir être utilisée dans d'autres études afin de mieux comprendre la cohabitation entre espèces.

Emmanuelle Richard - CNRS UMR5558-LBBE / ONCFS - Villeurbanne - richard@biomserv.univ-lyon1.fr

P48/11 Titre : Déplacement des thons dans un réseau de DCP : Mode de comportement unique ou multiple ?

Marianne Robert - Laurent Dagorn - Jean louis Deneubourg - David Itano - Kim Holland

Les thons sont connus pour s'associer autour d'objets flottant à la surface de l'océan, souvent appelés Dispositifs de Concentration de Poissons (DCP). Afin de caractériser leur comportement dans un réseau de DCP, 56 thons albacores (*Thunnus albacares*) ont été équipés de marques acoustiques codées et leur présence autour des 13 DCP de l'île d'Oahu à Hawaii (USA) a été enregistrée à l'aide de « stations d'écoute » accrochées à chacun des 13 DCP pendant plusieurs années. Deux indices comportementaux, représentatifs de leur comportement au sein du réseau, ont été retenus : les temps de résidence sous un DCP (nommés Continuous Residence Times - CRT) et les temps entre deux visites à des DCP (nommés Time Out of FAD - TOF). Pour chacun de ces deux indices, nous avons examiné la cinétique des distributions, testé leur homogénéité et étudié l'impact potentiel de 3 variables : le DCP d'association, le mois et l'année, à l'aide de tests statistiques non paramétriques. Deux modèles non linéaires, une exponentielle simple et un modèle combinant deux exponentielles, ont été comparés afin de décrire au mieux la dynamique des CRT et des TOF. Chaque indice (CRT et TOF) est caractérisé par des temps courts et longs, avec un effet du DCP d'association et de l'année sur les CRT, alors qu'aucun effet n'a pu être mis en évidence sur les TOF. Il semble ainsi que les conditions sous un DCP à un moment donné (effet combiné année-DCP) détermineraient la durée du CRT (court ou long), alors que lorsqu'un thon quitte un DCP, il entrerait dans un mode court ou long non expliqué par une des 3 variables retenues. Nous avons également montré que les modes courts ou longs (tant pour les CRT que les TOF) apparaissent chez un même individu et qu'il ne s'agit donc pas de deux « groupes » de poissons différents, certains caractérisés par des temps courts et d'autres par des temps longs. Le type de comportement (court ou long) ne dépend pas de la valeur de l'évènement précédent ce qui laisse sous entendre qu'il n'y a pas d'effet mémoire. Les résultats sont discutés dans le contexte général des effets des DCP sur le comportement des thons.

Laurent Dagorn - IRD CRH - UMR 212 - Seychelles - laurent.dagorn@ird.fr

P48/12 Titre : Il y a-t-il une différence dans l'occupation spatiale des chevreuils selon le milieu ?

Sonia Saïd - Maryline Pellerin - Thierry Chevrier - Olivier Widmer - Emmanuelle Richard - Patrick Duncan - Jean-Michel Gaillard - François Debias

Dans les systèmes naturels, les herbivores, domestiques ou sauvages, doivent faire face à une grande diversité de ressources. La compréhension de la stratégie alimentaire des herbivores repose sur la définition des critères de choix qui conduisent les individus à ingérer des aliments satisfaisant leurs demandes. Dans cette étude nous nous sommes focalisés sur le domaine vital et les facteurs qui influencent sa taille. En effet, la distribution spatiale chez les mammifères, et donc la taille des domaines vitaux, est influencée par un grand nombre de facteurs, notamment le poids, le sexe, l'âge, et le statut reproducteur des animaux, ainsi que la saison, la disponibilité alimentaire, la ressource en eau, la fragmentation du paysage, le niveau trophique, la densité et les compétitions intra et inter spécifiques. Les travaux se déroulent sur les deux sites d'étude de référence pour le chevreuil : le TEE (territoire d'études et d'expérimentations) de Trois-Fontaines (Marne) et la Réserve biologique intégrale de Chizé (Deux-Sèvres) où les ressources alimentaires pour le chevreuil sont plus limitées. Respectivement, 56 et 50 chevrettes adultes ont été suivies par radio-téléométrie. Et 32 chevrettes ont été également suivies dans la Réserve Nationale de Chasse et de Faune Sauvage des Bauges où la ressource n'est pas limitée, mais où plusieurs herbivores cohabitent. La variation observée dans la taille des domaines vitaux a été modélisée en fonction des saisons (printemps, été et hiver), de la densité annuelle, de l'âge de la chevrette, de son poids et de différentes variables d'habitats (hétérogénéité du milieu, qualité du milieu définie par la biomasse totale disponible sur le domaine vital). Les résultats montrent que la taille des domaines vitaux ne varie quasiment pas selon le site. En revanche, les chevrettes ajustent la taille de leur domaine vital selon l'âge à Trois-Fontaines mais pas à Chizé. Le domaine vital des chevrettes diminue ainsi avec l'âge de 0,4 hectare par année dans le territoire le plus riche (Trois-Fontaines). Une influence marquée de l'abondance des ressources sur la taille des domaines vitaux et le succès reproducteur des chevrettes a été démontrée. Ainsi, non seulement les herbivores ont un effet sur leur habitat en consommant la ressource alimentaire disponible, mais l'habitat a un rôle non négligeable sur la performance des herbivores.

Sonia Saïd - Oncofs - Birieux - sonia.said@oncofs.gouv.fr

P48/13 Titre : Importance de la méso et submésos-échelle sur la distribution spatiale des tortues et oiseaux marins

Emilie Tew Kai - Joel Sudre - Véronique Garçon - Hussein Yahia

Comprendre les processus écologiques à l'échelle de la population et la communauté revient à essayer de comprendre la nature des liens entre ces niveaux d'organisation et leur habitat aux échelles de temps et d'espace correspondantes. Or, l'océan présente une hétérogénéité du milieu très importante impliquant une très grande diversité spatio-temporelle d'habitat. Or, les échelles locale et moyenne présentent un intérêt particulier. En effet, les structures océaniques à méso-échelle (front-tourbillons, ~100km) et à submésos-échelle (filaments, ~10 km) permettent l'enrichissement local en nutriment, l'enrichissement du milieu en phytoplancton, l'agrégation de faune fourrage et l'agrégation de prédateurs supérieurs marins. Ces structures affectent ainsi la distribution et la dynamique des communautés et populations marines et induisent la mise en place de zones présentant une forte biodiversité et d'importantes ressources marines exploitées. Elles peuvent constituer un grenier alimentaire pour certains organismes marins, mais il semble également que ces structures jouent un rôle sur les déplacements de prédateurs supérieurs tels que les tortues ou les oiseaux par exemple. L'apport de l'océanographie spatiale est déterminante dans l'observation de ces structures et les récentes avancées en matière de détection permettent de caractériser et de délimiter ces zones d'intérêt de manière de plus en plus précises et de les relier à la dynamique spatiale des organismes marins. En effet, depuis peu l'utilisation de nouveaux outils dérivés de l'océanographie spatiale permet de détecter finement les fronts océaniques à méso- et submésos-échelle. L'objectif de cette étude est de présenter de façon synthétique comment les nouvelles avancées technologiques en dynamique océanique ainsi que la pluridisciplinarité permettent de mieux appréhender les habitats marins. Dans le cadre du canal de Mozambique, véritable laboratoire naturel de l'étude des structures à méso et submésos-échelle nous proposons ici un exposé en trois axes. Tout d'abord nous présenterons les dernières innovations en matière de détection de front à méso et submésos-échelle (Exposants de Lyapunov et Exposants de singularité), dérivés de l'océanographie spatiale. Puis dans les deux autres axes nous proposons deux exemples de couplage entre des prédateurs supérieurs et les structures à méso et submésos-échelle. Nous présenterons l'importance de ces structures à moyenne échelle sur le déplacement de tortues vertes (*Chelonia mydas*), puis sur les déplacements et alimentation des frégates (*Frégata minor*) ainsi que les implications possibles dans la gestion de la ressource marine.

Emilie Tew Kai - CNRS LEGOS - Toulouse - emilie.tewkai@gmail.com

P48/14 Titre : Le mouvement d'un insecte expliqué par les statistiques spatiales couplées à un modèle mécaniste

Fabrice Vinatier - Pierre-François Duyck - Philippe Tixier

L'hétérogénéité spatiale d'une population est la résultante de facteurs intrinsèques et extrinsèques. Les facteurs intrinsèques comme la capacité de dispersion, de sélection de l'habitat de l'espèce étudiée, sa mortalité et sa fécondité vont affecter la taille et l'intensité des foyers de populations. Les facteurs extrinsèques considèrent la variation spatiale et temporelle des composantes de son environnement. Comprendre comment ces facteurs affectent la distribution spatiale d'une population est une démarche itérative nécessitant à chaque étape l'utilisation d'outils différents comme les méthodes de suivi et d'échantillonnage, les statistiques spatiales et la modélisation. Nous avons appliqué cette démarche au charançon du bananier (*Cosmopolites sordidus*), un insecte marcheur vivant dans un environnement composé de divers éléments (pied de bananier, résidu au sol, pièges attractifs, sol nu ou ravine). A l'échelle parcellaire, un jeu de données d'environ 10 000 positions de charançons référencées dans le temps a été obtenu par suivi quotidien d'environ 1600 individus marqués par des puces RFID (Radio Frequency Identification) sur 8 parcelles d'expérimentations. Les statistiques spatiales appliquées à ce jeu de données ont permis de caractériser les patterns d'utilisation de l'espace par les populations (distribution des angles de dispersion, des distances journalières parcourues, des proportions d'individus par élément d'habitat). L'analyse par maximum de vraisemblance a permis d'estimer les paramètres de plusieurs modèles d'interaction habitat/individu. Ces modèles sont basés sur (i) l'influence absolue de chaque élément d'habitat sur un individu en l'absence d'effet spatial et (ii) la manière dont l'influence décroît en fonction de l'éloignement de l'individu à l'élément d'habitat. La modélisation individu-centrée a permis de confronter les patterns d'utilisation de l'espace entre observations et simulation pour les différents modèles d'interaction habitat/individu. Quel que soit le modèle choisi, l'influence absolue est la plus élevée pour le piège, puis le pied de bananier et le résidu au sol. Le sol nu et la ravine sont les moins attractifs. La variation temporelle de la distribution spatiale des individus est bien reproduite par chaque modèle, ainsi que la distribution des choix de direction. La proportion d'individus par habitat, ainsi que le déplacement moyen journalier ont été les plus discriminants dans le choix des modèles. Le couplage entre statistiques spatiales et modélisation mécaniste est une voie prometteuse permettant de comprendre les processus à l'origine de l'hétérogénéité spatiale des populations.

Fabrice Vinatier - CIRAD-UR 26 - Le Lamentin - fabrice.vinatier@cirad.fr

Session 49 : Les substances naturelles, point de convergence entre écologie chimique et chimie écologique

P49/01 Titre : Les Liaisons Dangereuses entre allélopathie et compétition

Flore Viard-Crétat

Les relations entre espèces végétales ont toujours été complexes et suscité l'intérêt des écologues. Si la compétition entre plantes pour les ressources est bien connue et étudiée, les interactions chimiques restent une boîte noire obscure qui peinent à trouver leur place au sein de l'écologie. La présence d'allélopathie a été maintes fois démontrée mais son intégration dans le reste du réseau d'interactions reste à établir. Dans cette étude, nous avons donc testé les interactions entre allélopathie et compétition entre plantes du milieu subalpin. En effet, dans les prairies subalpines des Alpes françaises, la Fétuque paniculée devient très dominante avec l'abandon des terres notamment grâce à sa capacité à limiter la croissance des plantules voisines par des composés chimiques émis dans le sol. Dans une expérimentation en pot en climat subalpin, nous avons étudié comment l'allélopathie de cette plante modifie les interactions compétitives entre deux espèces végétales cibles. L'effet négatif de la fétuque profite-t-il à l'un des deux protagonistes ? Comment la compétition s'ajoute-t-elle aux interactions chimiques ? Quand l'ennemi de mon ennemi est mon ami...

Flore Viard-Crétat - flore.viard-cretat@ujf-grenoble.fr

P49/02 Titre : Ecologie chimique et comportementale des interactions termites-fourmis

Anne-Geneviève Bagnères - Marjorie Labédan - France Dardeau - Jean-Luc Mercier

De nombreuses espèces vivent en interaction dans un même biotope. Les bénéfiques retirés de ces interactions peuvent profiter à une espèce, comme dans la prédation, ou encore être réciproques, comme dans le mutualisme. Les fourmis sont couramment décrites comme les principaux prédateurs des termites. Il est rare de voir ces deux insectes vivre ensemble. Nous avons donc étudié les interactions que deux espèces de fourmis (*Monomorium carbonarium* et *Hypoponera eduardi*) développent avec deux espèces de termites (*Reticulitermes flavipes* et *R. grassei*) vivant naturellement en sympatrie sur l'île d'Oléron (France). *M. carbonarium* est une très petite fourmi, formant des colonies très populeuses, vivant à proximité des termites, et se comportant comme un prédateur très agressif. A l'inverse, *H. eduardi* est de plus grande taille, forme de très petites colonies, et semble être un parasite commensal des termites. C'est dans ce contexte que nous avons cherché à définir le type d'association formée entre termites et fourmis. Une des hypothèses suivies serait que la vie en commun entre les deux espèces serait liée à une modification de la signature chimique des fourmis vivant à proximité des termites. Nos travaux ont consisté à voir si les fourmis adoptent un comportement différent en présence de termites avec lesquels elles vivaient -ou pas- en milieu naturel. Cette différence de comportement pouvant provenir d'un changement de leur signature chimique (i.e. mélange d'hydrocarbures cuticulaires impliqué dans les phénomènes de reconnaissance), nous avons réalisé des analyses chromatographiques d'extraits individuels de fourmis de différentes colonies. Les individus provenaient de colonies vivant à proximité ou non des termites, et nourries soit avec *R. grassei*, soit avec *R. santonensis*, soit avec des vers de farine. D'après nos résultats préliminaires, nous n'avons pas décelé de différence significative de comportement lorsque les fourmis vivent près des termites ou pas, mais leur comportement spécifique semble plus original que ce qui était décrit dans la littérature. Par contre, les premiers résultats en écologie chimique montrent que le régime alimentaire semble influencer fortement l'odeur des colonies. En effet, nous avons pu observer que différentes colonies de fourmis nourries avec différentes espèces de termites (*R. grassei* ou *R. santonensis*) possédaient des signatures chimiques bien distinctes. De plus, lorsque deux colonies de fourmis sont nourries avec la même espèce de termite, celles-ci expriment des odeurs semblables. Des rencontres comprenant plus d'individus seront à effectuer, pour mettre en évidence, ou non, des modifications de comportement associées aux différents régimes alimentaires.

Anne-Geneviève Bagnères - I.R.B.I. UMR CNRS 6035 -Univ. Tours - Tours - bagneres@univ-tours.fr

P49/03 Titre : Influence des conditions de culture expérimentales sur la production de composés phénoliques par *Lolium perenne* L.

Françoise Fons - Stéphane Corgié - Thierry Beguiristain - Corinne Leyval

La synthèse et l'accumulation des composés phénoliques produits par les plantes sont influencées par les conditions de culture (environnementales, nutritionnelles...) [1]. De même, certains composés phénoliques produits en quantité servent de défense à la plante lors d'attaque de pathogènes ou d'agressions de différentes natures (micro-organismes, herbivores, lésions...) [2, 3]. Dans cette étude, le modèle végétal (*Lolium perenne* L.) a été cultivé à l'aide de dispositifs expérimentaux [4]. Après six semaines de culture, les parties aériennes et les racines des plantes ont été prélevées et l'acide caféique a été dosé par Chromatographie Liquide Haute performance (CLHP) pour vérifier l'influence sur la plante de 2 facteurs : - La mycorhization (*Glomus mosseae*) - La présence d'un hydrocarbure (le phénanthrène) Les résultats obtenus ont montré que l'accumulation d'acide caféique dans la plante était influencée par les 2 facteurs testés et constituait, pour ce modèle de culture expérimental, un bon indicateur végétal qu'il serait souhaitable de suivre au cours d'une cinétique de dosage. 1- Martin AK (1970) Effect of stage of maturity of perennial ryegrass in its contents of some organic acids and phenolic compounds. J. Sci. Food Agric., 21:496-501. 2- Deborah SD, Palaniswami A, Vidhyasekaran P, Velazhahan R. (2001) Time-course study of the induction of defense enzymes, phenolics and lignin in rice in response to infection by pathogen and non-pathogen. Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz, 108 (2): 204-216. 3- Benhamou N (2009) La résistance chez les plantes : principes de la stratégie défensive et applications agronomiques Éd. Tec & Doc – Lavoisier. Paris. 376p. 4- Corgié S, Fons F, Beguiristain T, Leyval C (2006) Biodegradation of phenanthrene, spatial distribution of bacterial populations and dioxygenase expression in the mycorrhizosphere of *Lolium perenne* inoculated with *Glomus mosseae*. Mycorrhiza, 16, 207-212.

Françoise Fons - Laboratoire de Botanique, Phytochimie et Mycologie UFR des Sciences Pharmaceutiques et Biologiques (UM1) UMR 5175 CEFÉ (SubNaMed) - Montpellier - francoise.fons@univ-montp1.fr

P49/04 Titre : Séparation et identification de composés phénoliques par la chromatographie planaire appliquée aux problématiques de l'écologie

Annick Gargadennec - Françoise Fons - Sylvie Rapior

La chromatographie planaire est un outil précieux pour l'étude moléculaire des végétaux. Cette pratique phytochimique paraît obsolète pour certains mais fournit pourtant de précieuses informations sur les classes chimiques lors d'un screening et sur la composition chimique qualitative et quantitative d'un végétal. Trois approches d'utilisation de la CCM sont ici proposées pour évaluer, qualitativement et quantitativement, le profil phénolique de plantes sauvages et cultivées : - Obtention du profil polyphénolique d'Asteraceae, salades du genre *Cichorium* et *Lactuca*. - Faisabilité d'un dosage par densitométrie de flavonols de *Reseda luteola* et de dérivés caféiques des salades. - Efficacité d'un dosage spectrophotométrique des tanins condensés du *Manihot esculenta*. Plusieurs catégories majoritaires de composés phénoliques sont identifiées chez les espèces étudiées à savoir les flavonols, les dérivés caféiques, les tanins condensés et les tanins hydrolysables. La chromatographie sur couche mince (CCM) devrait donc faire partie des études préliminaires 1) à toute analyse phytochimique et 2) à la recherche de causalité des processus fonctionnels ou interactifs étudiés.

Annick Gargadennec - UFR des Sciences Pharmaceutiques et Biologiques (Université Montpellier 1) UMR 5175 CEFÉ. Equipe Subnamed - Montpellier - annick.gargadennec@univ-montp1.fr

P49/05 Titre : Les anions énephosphoramides : des outils synthétiques au service de l'Ecologie Chimique

Claude Grison - Tomasz Olszewski

Les phéromones sont des messagers chimiques intraspécifiques qui agissent sur le comportement ou la physiologie d'un individu. Elles peuvent exercer une action attractrice ou excitatrice sur le comportement sexuel, modifier le comportement social, servir de messages d'alarme et de défense, de marquage territorial ou de trace pour trouver de la nourriture [1]. Au vu de leur activité biologique, les phéromones trouvent des applications variées en agronomie, particulièrement comme moyens d'investigation, de contrôle ou d'éradication d'insectes ravageurs. Cependant, la disponibilité des phéromones naturelles est souvent extrêmement limitée, parce que les insectes n'en secrètent que des quantités très faibles. C'est pourquoi, depuis leur découverte, la chimie de synthèse joue un rôle important, car elle permet l'accès à des quantités non négligeables de phéromones synthétiques nécessaires aux études biologiques et à l'élucidation structurale des phéromones nouvellement découvertes [2]. Dans le but d'étendre notre contribution à l'élaboration de nouvelles méthodes de synthèse de phéromones de haute pureté stéréochimique, nous présentons ici une nouvelle approche synthétique de deux phéromones connues, la substance royale 1 et la gelée royale 2 des abeilles *Apis mellifera*. La méthode est basée sur des nouvelles applications des carbanions lithiés dérivés d'énephosphoramides 8 qui se comportent comme d'excellents équivalents synthétiques d'anions homoénolates [3]. [1] KARLSON P, LUSCHER M, Nature 1959, 183, 55-56. [2] MORI K, Bioorganic & Medicinal Chemistry 2007, 15, 7505-7523. [3] OLSZEWSKI T. K., GRISON C., BOMONT C., COUTROT P. Ann. Soc. Entomol. Fr. 2010 ; J. Organomet. Chem. 2010, sous presse.

Tomasz Olszewski - University of Basque Country -Vitoria - tomasz.olszewski@ehu.es

P49/06 Titre : Thiazole aminophosphonates: synthesis and Cu(II) binding abilities

Claude Grison - Tomasz olszewski - Bogdan Boduszek

Small and simple heteroaromatics often have surprisingly complex biological properties and belong to one of the most important classes of compounds in medicinal chemistry. Especially amines containing five-membered heteroaryl groups such as furans, thiophenes, thiazoles, and pyrazoles are widely found in both natural products and drugs. In particular, thiazoles and their derivatives attract continuous interest due to their remarkable characteristics that recently found application in drug development for treatment of allergies, hypertension, inflammation, schizophrenia and also bacterial and HIV infections and hypnotics. More recently thiazole derivatives were used as fibrinogen receptor antagonists with antithrombotic activity and as new inhibitors of bacterial DNA gyrase B subunit. In this communication, we wish to report on the first synthesis of new thiazole aminophosphonates and their coordination properties towards Cu(II) ions.

Claude Grison - CEFE - Montpellier - claude.grison@cefe.cnrs.fr

P49/07 Titre : De la synthèse organique catalysée au génie écologique

Claude Grison - José Escarré - Jean-Claude Cleyet-Marel - Yves Pillet - Jacques Bessière

Le travail présenté étudie le développement d'une nouvelle génération de biotechnologie blanche. Il repose sur la valorisation d'une biomasse générée sur des sites miniers contaminés, en l'utilisant comme catalyseurs naturels de transformations chimiques à haute valeur ajoutée. Certaines espèces végétales telles que *Thlaspi caerulescens* et *Anthyllis vulneraria* ont la particularité d'accumuler des métaux lourds en grande quantité dans leurs vacuoles. Elles ont acquis des propriétés remarquables de tolérance et d'hyperaccumulation du zinc, du cadmium et du nickel, constituant un véritable réservoir naturel de métaux de transition. Le procédé consiste à profiter de la concentration naturelle des métaux dans les plantes accumulatrices et à les utiliser à des fins chimiques dans des procédés de synthèse propres et sobres nécessitant l'effet catalytique des matériaux de transition. Les résultats présentés illustrent cette approche en réalisant les premières réactions catalysées par du chlorure de zinc généré directement à partir de la matière végétale contaminée.

José Escarré - CEFE - Montpellier - jose.escarre-@cefe.cnrs.fr

P49/08 Titre : Selective synthesis of α -mono and α , α -difluorinated β -keto- and β -aminophosphonates

Claude Grison - Kinga Radwan Olszewska - Pawel Kafarski

Selectively fluorinated organic compounds possess a number of useful properties and find numerous applications, particularly in the synthesis of biologically active compounds. They currently account for up to 40% of all agrochemicals and 20% of all pharmaceuticals on the market. Among fluorinated compounds the fluorophosphonates are known to exhibit strong activity as enzyme inhibitors e.g. inhibitors of phosphoglycerate kinase, purine nucleoside phosphorylase or HIV-1 reverse transcriptase. The very interesting and promising biological activity exhibited by the fluorinated phosphonates prompted us to closely investigate the possibilities to facilitate the synthetic access to those molecules. Our research efforts have been focused recently on the development of efficient, cost effective and reliable methodology for the selective, synthesis of fluorinated organophosphorus compounds that are in high demand. In this respect, here we wish to present our results on the application of Selectfluor as an efficient electrophilic fluorinating agent for the preparation of fluorinated β -ketophosphonates. Subsequently, those compounds were used, as starting materials, in the preparation of fluorinated- β -aminophosphonates useful building blocks in the synthesis of new fluorinated phosphopeptides.

Claude Grison - CEFE - Montpellier - claude.grison@cefe.cnrs.fr

P49/09 Titre : Allelopathic effects of *Zostera marina* and *Zostera noltii* originated from Arcachon and Thau lagoons on the growth and photosynthetic activity of the toxic dinoflagellate *Alexandrium catenella*

Mohamed Laabir - Micheline Grignon-Dubois - Philippe Cecchi - Bernadette Rezzonico - Fabien rieuvilleueuve - Estelle Masseret

In the Thau lagoon (a French Mediterranean coastal lagoon), a bloom (85000 cellules.l-1) of *Alexandrium catenella* occurred for the first time in November 1998. Later similar episodes appeared regularly in spring and autumn reaching high cell concentrations (5×10^6 cells.l-1) that induced the closing of shellfish farms. Allelopathy is a process implying secondary metabolites excreted by plants and micro-organisms which affects the competitive efficiency of the coexistent organisms. *Zostera marina* and *Zostera noltii* produce bioactive molecules as zosteric acid, a sulphated natural product able to prevent settlement of some marine bacteria, algae, barnacles and tube worms at non-toxic concentrations. These seagrass species contain also rosmarinic acid which have been reported to have a number of biological activities in vitro, such as antiviral, including human immunodeficiency virus 1, antibacterial, antioxydant, anti-inflammatory and anticarcinogenic. Water-soluble extract of *Z. marina* leaves inhibited the growth of micro-algae and many marine bacteria. The present study investigates non-nutrient relationship between two dominant seagrass species and *A. catenella* a toxic dinoflagellate blooming worldwide which is often responsible of paralytic shellfish poisoning events. Aqueous and methanolic crude extracts were prepared from two seagrasses, *Z. marina* and *Z. noltii* which were collected on the beaches of Arcachon and Thau lagoons. The potential allelopathic effects of different concentrations of these extracts have been tested on the growth and photosynthetic activity of *A. catenella* (strain collected in Thau in 2003) by using bio-essays.

Mohamed Laabir - Montpellier - mohamed.laabir@univ-montp2.fr

P49/10 Titre : MSeasy : traitement des grands jeux de données d'écologie chimique sous R

Florence Nicole - Elodie Courtois - Yann Guitton - Jérôme Mardon - Martine Hossaert-Mckey - Laurent Legendre

La démocratisation des analyses chimiques via la spectrométrie de masse a permis d'étendre le champ d'application de la métabolomique à des questions écologiques. L'écologie chimique a pour objectif d'interpréter la variation et la diversité des signaux chimiques impliqués dans les interactions entre organismes, le plus souvent chez des espèces non-modèles. Pour extraire l'information de ces signaux complexes, des statistiques robustes ainsi qu'un plan expérimental impliquant des réplicats sont nécessaires. Les récents progrès technologiques permettent d'extraire la composition chimique de nombreux échantillons en un temps de plus en plus réduit. Cependant, de nouveaux outils bioinformatiques doivent être développés pour permettre d'analyser les masses importantes de données ainsi collectées. Pour analyser les grands jeux de composés chimiques, nous avons développé une méthode non supervisée pour le preprocessing des données de spectromètre de masse. Cette méthode se présente sous la forme de différentes fonctions regroupées dans un package R nommé MSeasy, libre et open source. La méthode détecte les molécules dans des mélanges complexes de composés inconnus en regroupant les spectres de masse similaires. Le principe de cette méthode permet d'éliminer les étapes problématiques de correction, de normalisation et d'alignement des profils entre échantillons. Le jeu de données peut être composé d'échantillons analysés sur des colonnes chromatographiques différentes. L'identification des molécules n'est plus influencée par les décalages de temps de rétention dus au vieillissement ou au remplacement de la colonne et aux contaminations. Nous avons testé le package MSeasy sur quatre jeux de données empiriques collectés avec différentes méthodes pour répondre à des questions écologiques et évolutives différentes : - Evolution de la composition chimique dans le genre *Lavandula* (GC-MS, extraction en solvant hexane) - Rôle des signaux chimiques du plumage dans le comportement social des pétrels bleus (GC-MS, extraction par désorption) - Etude des stratégies de défense chimique des arbres tropicaux de Guyane Française (GC-MS, fibres SPME) - Etude du métabolisme secondaire des éponges *Homoscleromorpha* (LC-MS) Nous présentons ici le principe de la méthode, le fonctionnement du package MSeasy ainsi que les résultats obtenus sur différents jeux de données empiriques. Nous montrons que cette méthode est plus efficace que d'autres méthodes de preprocessing classiques car elle identifie aussi bien les molécules mais aussi réduit les étapes fastidieuses et manuelles, en 17 fois moins de temps qu'une approche manuelle classique. La caractérisation de la biodiversité de substances naturelles des espèces protégées et la valorisation de cette chimiodiversité de métabolites secondaires dans les domaines biomédical et environnemental constitue une perspective de cette méthode.

Florence Nicole - Laboratoire BVPAM - Saint Etienne - florence.nicole@univ-st-etienne.fr

P49/11 Titre : La symbiose *Methylobacterium nodulans* / *Crotalaria podocarpa* : Les substances naturelles au service du dialogue moléculaire d'un modèle original

Adeline Renier - Philippe Jourand - Véréna Poinsot - Sylvie Rapior

Quelques rares légumineuses du genre *Crotalaria* sont spécifiquement nodulées par une bactérie méthylotrophe, *Methylobacterium nodulans* [1,2]. La principale caractéristique de ce partenaire symbiotique original est sa capacité à oxyder le méthanol, propriété méthylotrophique due à la présence d'une enzyme spécifique, la méthanol déshydrogénase. Malgré une bonne connaissance de cette propriété et de son implication dans la symbiose [3], rien n'était connu sur le dialogue moléculaire intervenant entre *M. nodulans* et *C. podocarpa*. La présence du gène *nodA* au sein du génome de *M. nodulans* ORS 2060 ayant été précédemment décrit [1], nous avons recherché si *M. nodulans* produisait des facteurs Nod, molécules considérées comme un des signaux essentiels de la bactérie vers la plante, pour la mise en place d'une symbiose classique rhizobia-légumineuses [4]. Pour cela, nous avons recherché et démontré la présence d'autres gènes *nod* et identifié un fragment Xmal de 7,13-kb contenant 9 autres gènes de nodulation : *nodDABCUIJHQ* [5]. Pour comprendre la régulation de ces gènes, nous avons utilisé une souche recombinée de ORS 2060 portant une fusion *nodA-LacZ*. L'utilisation de cette souche pour des tests d'induction nous a permis de déterminer les conditions d'induction des gènes *nod* adaptées à *Methylobacterium*. De plus, nous avons montré que parmi un panel de flavonoïdes sélectionnés, une flavone, l'apigénine, apparaît comme l'un des meilleurs inducteurs des gènes *nod* de *M. nodulans* ORS 2060 [5, 6]. L'ensemble de ces résultats nous a ainsi permis de produire une forme unique de facteur Nod, et d'identifier cette structure comme étant de type Nod Mn-V(C18:1,S), suggérant que l'association *M. nodulans* / *C. podocarpa* suit un modèle classique de symbiose [5, 6]. [1] Sy A., et al. 2001. *Journal of Bacteriology*, 183 : 214-220. [2] Jourand P., et al. 2004. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 54 : 2269-2273. [3] Jourand P., A. Renier, et al. 2005. *Molecular Plant-Microbes Interactions*, 18 :1061-1068. [4] Dénarié J., et al.. 1996. *Annuals Revue of Biochemistry*, 65 : 503-535. [5] Renier A., et al. 2008. *Soil Biology and Biochemistry*, 40 :1404-1412. [6] Renier A. 2008. Thèse de doctorat, Université Montpellier 2.

Adeline Renier CEFE/CNRS - Montpellier - renier.adeline@gmail.com

Animations dans les espaces posters :

- **Démonstration informatique**

Titre : L'Ecochimiothèque Nationale ou le développement d'outils informatiques

Nicolas Barthes - Claude Grison - Martine Hossaert

L'évolution des sciences nécessite aujourd'hui un élargissement des compétences et un mélange des savoir-faire. L'Ecologie Chimique est un des beaux exemples de cette tendance ; l'écologue n'est plus seulement ouvert à la biologie, mais il collabore étroitement avec des chimistes analystes, chimistes organiciens ou biochimistes. La création d'une Ecochimiothèque apparaît comme un outil informatique utile à l'étude et à la compréhension des interactions inter et intraspécifiques entre les espèces végétales, animales, fongiques et microbiennes, et à la découverte de nouveaux médiateurs chimiques. Les travaux présentés illustreront, à l'aide d'un exemple de phéromones d'insectes, l'intérêt d'une telle mise en commun des connaissances par le biais de l'Ecochimiothèque, en Ecologie Chimique, en Chimie Écologique, mais aussi en Synthèse Organique.

Nicolas Barthes - GDR Ecologie Chimique - Montpellier - barthes.nicolas@free.fr

- **Vidéo**

Titre : Recherche de pièges phéromonés destinés à *Vespa velutina*

Vincent Escande - Claude Grison - Daniel Favas - Gilbert Dumas

Le frelon asiatique, *Vespa velutina*, progresse de façon impressionnante sur le territoire français. Il a déjà colonisé plus de 27 départements, dont le Gard et l'Hérault. Cet hyménoptère constitue un prédateur redoutable des insectes pollinisateurs ; l'abeille domestique, *Apis mellifera*, est sa proie privilégiée. De nombreuses communes, dont Saint-Laurent-Le-Minier, s'organisent en concertation avec les associations d'apiculteurs, pour lutter contre la prolifération de ce nouvel insecte invasif. Une des rares solutions actuelles est la mise en place de pièges ciblant les fondatrices. Le CEFE se devait d'apporter son soutien et sa contribution à de telles initiatives. L'élaboration et l'étude de pièges constitués de phéromones judicieusement choisies ont été réalisées en collaboration entre le Groupement Départemental Sanitaire Apicole du Gard (GDSA30), la Communauté des Communes du Pays viganais et les écologues du CEFE. L'objectif recherché est la diminution de la pression sur les ruchers. Les premiers résultats seront présentés dans le cadre de cette communication.

Vincent Escande - CEFE - montpellier - escandefamily@gmail.com

Index des auteurs

- Abadie 185
 Abbadie 75
 Abdellaoui 278
 Ablain 342
 Ackerly 330
 Adam-Guillermin 137
 Aerts 156, 330
 Affre 356, 365
 Afonso 351
 Aguilera 17
 Aidoud 192
 Akpa 285
 Alaux 253
 Albert 144
 Albouy 183
 Aleman 292
 Alessio 300
 Ali 34, 352
 Alignier 370
 Alizon 23
 Alkama 167
 Allainé 320
 Allard 283, 384
 Aloui 217
 Alric 90
 Alvarez 227, 352
 Amiaud 8, 200, 294
 Amougou 314
 Andalo 16, 328
 Andanson 21
 Andréfouët 81
 Andriamananjara 336
 Andrieux 18
 Andrivon 253
 Andru 212
 Angelone 273
 Anten 319
 Aranjuelo 73
 Archaux 184, 204, 272
 Arlat 250
 Arnoux 296
 Arous 361
 Arrouays 119, 256, 307
 Arsène-Ploetze 317
 Arthaud 267
 Astruc 389
 Atlan 188
 Atsima 275
 Auber 329
 Aubert 285
 Aubin 205
 Auger 357
 Augusti 301
 Augustin 329
 Augustine 137
 Aulen 77
 Aurelle 386
 Austerlitz 291
 Avon 264
 Azemar 261
 Bâ 366
 Baali-Cherif 278
 Bacha 306
 Bachand 205
 Bâchelier 341
 Bacher 136
 Badeau 108
 Badeck 9, 107
 Badouin 258
 Ba forné 73
 Baglinière 300
 Bagnères 395
 Bagny beilhe 296
 Baguette 147, 298, 385
 Bailey 149
 Bailleul 265
 Baird 291
 Balandier 296
 Baldy 342-343
 Balent 49
 Ballesta 274
 Ballon 374
 Baltzinger 204, 371, 375
 Baptist 73
 Baraloto 242
 Barantal 70
 Barbaro 373
 Barberis 16
 Barde 83
 Barnagaud 184
 Barot 32, 68, 75, 172, 348, 366, 369
 Barthes 399
 Bartish 330
 Bas 176, 262, 298
 Bascompte 201
 Bastianelli 376
 Baubet 371
 Baude 257, 283
 Baudoin 381
 Baudrimont 382
 Baudry 49-51
 Bauer 25
 Baumel 93, 365
 Bazot 104, 339
 Beauchard 354
 Beaudouin 214
 Beaujouan 45
 Beaumelle 310
 Beaumont 58
 Bec 222-224, 288, 371
 Becel 286
 Bech 290
 Becquet 67
 Beguiristain 307, 396
 Belkhir 64
 Bellanger 322
 Bellvert 360
 Beltran 28
 Bel-Venner 151
 Belyazid 143
 Benest 283
 Benhamou 229, 396
 Benoit 212
 Benoit-Valiergue 371
 Benot 206
 Ben sassi 296, 306
 Bentaleb 153, 292, 334
 Benvenuto 356
 Bérard 30
 Berbigier 106
 Berg 149
 Berge 250
 Bergel 124
 Bergès 264, 272
 Bergman 194
 Bermond 356
 Bernard 140, 313
 Bernard-Verdier 148
 Bernez 261
 Berthier 251
 Berthon 125, 292, 311
 Bertin 116, 279, 317
 Bertrand 340, 355, 360
 Bertrand 50, 314, 340, 355, 360, 377

- Bodin 383
 Boduszek 397
 Berveill 14
 Besnard 278, 389
 Bessière 246
 Betencourt 166, 283
 Bethenod 301
 Bez 371
 Bierne 8, 67, 279-281
 Bigot 288
 Billard 65, 313
 Billoir 138
 Bilodeau 365
 Binet 121
 Birbis 221
 Birk 165, 308
 Birkinshaw 271, 346
 Birouste 76
 Bispo 218
 Blache 239
 Blanc 276, 290
 Blanchard 76
 Blanchart 4, 219, 338
 Blanchet 131, 141, 215
 Blanvillain-Baufumé 250
 Blarquez 91
 Bloor 297
 Blouin 72, 75, 366
 Body 372, 383
 Bohatier 123
 Boisneau 39, 262, 364
 Boissery 274
 Boissier 28
 Bon 360
 Bonal 78
 Bonenfant 56, 320
 Bonhommeau 289
 Bonin 59, 210
 Bonis 206, 368
 Bonnefond 106
 Bonneville 341
 Bontemps 129, 240
 Bonzom 213, 380
 Boom 293
 Borgy 200
 Bormans 38
 Bornette 260, 262, 267, 319
 Borsali 265
 Bortoluzzi 143
 Bosc 106
 Bothwell 324
 Boubou 357
 Boubrit 342
 Bouchemousse 135
 Boucher 16, 352
 Boucher 16, 352
 Bouchereau 327
 Boucherie 379
 Bouchet 306
 Bouchez 125
 Boudon 381
 Boudry 281
 Boudsocq 75
 Bouetard 379
 Bouffier 225
 Boulangeat 179, 354
 Boulanger 204, 250
 Boulard 254
 Boulesteix 64
 Boulêtreau 124
 Boulinier 392
 Bouma 319
 Bourceaux 226, 379
 Bourdier 222-224
 Bourgeade 50
 Bourgeois 317
 Bourgoin 231
 Bourrié 299
 Boursot 64
 Bousquet-Mélou 343
 Bousset 251
 Bouzillé 368
 Boyer 261
 Brachet 254
 Braga 269
 Brauman 219-220, 258, 311, 313
 Bréda 103, 343
 Bremond 292-293
 Bretagnolle 50, 200, 358
 Briandet 317
 Briane 175
 Briard 293
 Bricheux 123
 Britten 175
 Brooks 181, 351, 355
 Broquet 273, 278
 Brosse 354
 Brouat 60, 366
 Brown 24, 28
 Bru 256, 307
 Bruel 387
 Brûls 313
 Brunel 363
 Bry 240
 Buatois 244, 246
 Budzinski 315, 382-383
 Buffan-Dubau 261
 Bugmann 257
 Buisson 54, 347
 Burel 51, 390
 Burrus 328
 Busser 315
 Busson 354
 Butenschoen 78
 Butet 268
 Buttler 71, 186
 Cabeza 179
 Cabezudo 327
 Cadoux 381
 Caffier 19
 Cailleret 84, 109, 302, 328
 Calcagno 198
 Calenge 392
 Caliman 212, 380
 Camaret 272
 Campa 216
 Campillo 126
 Canale 295
 Candresse 361
 Cantarel 297
 Capet 226
 Caplat 47
 Caquet 3-4, 329
 Carboni 199
 Carcaillet 91
 Cariou 66
 Carlier 8, 185, 252
 Carlsson 167
 Carmen 327
 Carmignac 257
 Caro 336 349
 Caron 365, 388
 Carpentier 163
 Carpentieri 355

Index des auteurs

- Carreel 185, 252
 Carrere 16
 Carrère 331
 Carrière 54
 Casalta 274
 Casas 208, 372, 374
 Castell 301
 Castric 63, 209
 Caultet 146
 Caupert 307
 Cavalié 315
 Cébron 307
 Cecchi 288, 398
 Chaballier 95
 Chadœuf 254
 Chagneau 162
 Chaieb 371
 Chamailé-Jammes 388
 Chamamantier 131
 Champagne 131
 Chandor-Proust 211
 Chang 287
 Chanzy 302
 Chapuis 313
 Chapuis-Lardy 313
 Chaput-Bardy 295, 298, 385
 Charbonnel 61
 Charles 138-139
 Chartier 244
 Chauchard 274, 373
 Chaumot 139
 Chauvat 69, 282, 366
 Chauvel 43
 Chauvet 36, 260
 Chaval 61, 212, 380
 Chave 9, 242
 Chavez 36
 Cheaib 108, 303
 Cheikh al bassatneh 344
 Chemidlin prevost-Boure 119
 Cheneby 256
 Chenu 115, 154
 Cheptou 345
 Chertouk 298
 Chevallier 273
 Cheviron 217
 Chèvre 251, 316
 Claessen 87
 Cleyet-Marel 397
 Cliquet 312, 335
 Clobert 238
 Cluzeau 218, 293, 342
 Coat 261
 Cock 324
 Coelho 324
 Coeurdassier 46
 Coffe 123
 Cohas 320
 Cohen 8, 365
 Colace 31
 Coleman 360
 Collos 288
 Colomb 166, 283
 Combroux 191
 Commin 374
 Comte 141, 360
 Conord 353
 Coq 78
 Corbeels 304
 Corbel 318
 Corbière 254
 Corcket 371, 373
 Cordier 166
 Cordonnier 142
 Corgié 396
 Cornelissen 149, 156, 330
 Cornette 281
 Cornille 243
 Cornut 260
 Cornwell 330
 Correa 322
 Cortesero 245
 Cortet 218
 Cosseau 228
 Cosson 61, 212, 380
 Cote 297
 Coucheney 115
 Coulaud 139
 Coulon 238
 Courbaud 142, 161, 372
 Courbin 234
 Courchamp 56
 Courdier 328
 Courtois 234, 242, 365, 398
 Courty 34
 Cousin 286
 Coutellec 379
 Couture 361
 Couturier 389
 Créach 209, 226, 379
 Cremin 350
 Crespo-Perez 304, 357
 Crochet 101, 171
 Croci 267-268
 Crouau-Roy 16, 276
 Cruz 285, 339
 Cucherousset 141
 Cuhel 256
 Culioli 239
 Cumming 388
 Cuny 337
 Cuvillier 288
 Cuxac 94
 Dafreville 273
 Dagorn 393
 Daguin 135
 Dajoz 257, 283, 337
 Dalage 66
 Dalecky 366
 Dallot 254
 Damesin 104, 155, 339
 Damesin 104, 339
 Damon 34
 Danchin 131
 Danger 36, 260, 384
 Dangles 357
 Daniel 45
 Danjean 310
 Dardeau 395
 Darmency 322
 Daufresne 330
 Daverat 382
 Davi 84, 109, 129, 302, 328
 David 59, 101, 319, 324, 389
 Dawson 58
 De bello 333
 Debias 393
 Debussche 47
 Decaens 285
 Decaëns 69, 282, 366
 Decau 340
 Declerck 337
 Decombeix 209, 226, 379
 Deconchat 370

- Deffontaines 365
 Defossez 372
 De garine-Wichatitsky 365, 388, 392
 Deheuvels 33, 284
 Dejean 250
 Delacourtie 389
 Delacroix 318
 De lapeyre de bellaire 252
 Delattre 390
 Delestrade 290
 Delignette-Muller 138
 Delire 108
 Delmas 125, 349
 Delord 236
 Delpierre 104
 Delporte 285
 Dembski 193
 De montaudouin 289
 Demont-Calet 217
 Deneubourg 393
 Dequiedt 119, 307
 Derelle 337
 Deroin 365
 Descamp 274
 Descamps 380
 Despres 207, 210
 Després 59
 Destombe 65, 135, 263, 324, 359
 Desvillettes 222-224
 Devaux 106, 265-266
 Devictor 52, 182
 Devier 17, 383
 Devillard 318
 De wilde 260
 De wit 310
 Dexter 242
 Deygout 126, 390
 Diallo 366
 Dianne 25
 Dias 213 - 214 - 330
 Didelot 19
 Di fulvio 389
 Dignac 154
 Di-Meglio 389
 Diotaiuti 269
 Diquélou 74
 Dittami 324
 Dizengremel 301
 Djigal 338
 Domenach 312
 Dorigo 306
 Dorioz 90, 262
 Dornier 345
 Douady 319
 Douay 218
 Douglas 343
 Douzery 182
 Drake 362
 Drapeau 53
 Drapier 303
 Dray 203, 318
 Drevon 167, 306, 309, 311
 Druet 325
 Dubois 398
 Dubs 366, 369
 Ducatez 298, 385
 Duchemin 34
 Dueri 82
 Dufrêne 84, 104, 108-109, 303
 Dugravot 245
 Dullinger 180
 Dumas 81, 361, 365, 399
 Dumont 28, 308, 377
 Duncan 258, 393
 Duplantier 60, 366
 Dupouey 204, 264, 272, 303, 338
 Dupouyet 343
 Du preez 251
 Duputel 283
 Duputié 86
 Dur 235
 Duran 122
 Durand 321
 Durbec 355
 Duriez 390
 Dürr 354
 Dussault 234
 Dutilleul 380
 Duvaux 64
 Duyck 394
 Ebert 102
 Egli 34
 Eichinger 136
 Elger 260
 Elie 382
 Elisabeth 336
 Eloy 177
 Emblanch 302
 Engelbrecht 158
 Engelen 135
 Engone obiangu 275
 Epron 9, 304, 335
 Ereskovsky 241
 Ernoult 267
 Ernst 34
 Escande 399
 Escaravage 349
 Escarré 397
 Essoh ngando 252
 Etienne 289
 Evanno 297
 Eynaudi 382
 Fabre 14, 18, 21, 252
 Fady 62, 344, 353
 Fahse 257
 Falcimagne 300
 Fanambinantsoa 347
 Fañça-Berthon 311
 Fanin 70
 Fargeot 234
 Farruggia 377
 Faugeras 82
 Faugeron 359
 Faure 279, 361
 Fauvergue 356
 Favas 399
 Favier 292-293
 Fayolle 158
 Fellous 29
 Ferdy 16
 Fernandes 347
 Fernandez 261, 340, 342-343
 Fernandez-Manjares 339
 Fernane 352
 Ferraris 81
 Ferrat 340
 Filippi-Codaccioni 52
 Fleury 26, 158
 Foltête 351
 Fonderflick 47
 Fons 246, 248, 396
 Fontaine 256, 291, 298, 358
 Fontenille 296
 Fort 342
 Forget 261

- Frérot 209, 226, 379
Freschetn 156, 330
Fresneau 104, 334
Freville 369
Frey 18, 21
Fried 200, 363
Fritsch 46
Fritz 367, 392
Froissart 15
Fromentin 289
Fromin 70, 308
Frouin 288
Gaba 43, 200
Gaertner 237, 289, 355
Gagnaire 137
Gaidet 388
Gaillard 56, 320, 392-393
Galan 61
Galas 380
Gallardo sague 315
Galsomies 218
Ganem 4
Garabetian 124, 289
Garavelli 287
Garbaye 34
Garbey 331
Garcia 67
Garçon 394
Gard 317, 358, 399
Gargadennec 216, 248, 396
Garner 387
Garnier 62, 98, 148, 265, 285, 291
Garnier-Géré 62, 291
Garnier-Laplace 213
Garric 139, 315
Gasc 97, 353
Gascuel 79
Gaspar 237
Gaston 194
Gattin 217
Gaucherel 92, 229, 304
Gauduchon 380
Gauffre 50
Gauthier 327
Gbenou 366
Geffard 139
Gégout 180
Genet 250, 337
Genin 16
Geoffroy 263
Georges372
Georgescu 367
Gerard 254
Geremia 341
Gerino 315
Geslin 257
Ghashghaie 334
Gibernau 244
Gibert 386
Giffard 373
Gilbert 81, 344, 399
Gimenez 272
Gion 225
Giraud 17, 19, 358
Giraudoux 46, 48, 351
Giron 208, 372, 374
Giusti-Miller 309
Gladieux 19, 358
Glaser 165, 279, 308
Glaux 250
Glémin 134
Glorieux 226, 379
Gning 309
Godard 312
Godé 226, 379
Godon 114, 118
Godron 365
Goetz 248
Goma 309
Gonzalez 382
González-Martínez 62
Gosset 279
Got 336
Goudot 316
Goulard 49, 230
Gourlet-Fleury 158
Gout 17
Gouyon 12
Gouzy 16
Goyeau 22
Gozlan 141
Grand 5, 7, 218
Granda 372
Grandcolas 353
Granier 103, 274
Grassein 145
Greff 340
Gregorio 316
Grenouillet 215
Grignon-Dubois 398
Grigulis 31
Grison 396-397, 399
Gritti 108, 304
Grizard 254
Grognard 21
Grolet 387
Gros 306, 336
Grosbois 392
Gross 103, 308, 331
Grote 287
Grunau 228
Grüss 287
Grytnes 180
Guasch 315
Gueguen 26
Guerin 19
Guernion 293
Gueye 309
Gugerli 227
Guidot 16
Guilbaud 250
Guilhaumon 183
Guillemin 74, 322, 359
Guillemot 81
Guillerme 175
Guillot 106
Guinand 321
Guinet 153, 334
Guiraudie-Capraz 247
Guisan 180
Guitet 312
Guitton 398
Guivier 61
Guyot 50
Haccou 85
Hadjadji 288
Haguenauer 386
Halkett 8, 18, 21
Hallaire 342
Halter 279
Hamann 376, 392
Hamard 374
Hamon 216
Harijaona 347
Harmand 118

- Harrault 384
 Harry 269
 Hasnaoui 265
 Hassan 50
 Hättenschwiler 30, 70, 78
 Haury 364
 Hazard 386
 Hedde 218, 366, 381
 Heeb 117
 Heiniger 369
 Elisabeth 349
 Hennion 327, 330
 Henry 51, 263, 272
 Hermant 327, 330
 Hesse 103, 303, 310
 Heurtebise 280-281
 Heuzé 204
 Hibert 367
 Hidalgo 50
 Hinsinger 166, 283
 Hochard 317
 Hoebler 311
 Hoffmann 181, 355
 Holderegger 227
 Hollebeck 250
 Holon 274
 Hood 358
 Hornoy 188
 Hossaert 243, 398-399
 Houot 218
 Hubert-Moy 268
 Huet 163
 Hufbauer 357
 Hugueny 354
 Huguet 208, 374
 Hullé 361
 Humbert 172
 Humeau 273
 Husté 391
 Huth 197
 Hwang 235
 Ibanez 150, 207
 Iriarte 165, 308
 Irshad 220
 Itano 393
 Ivanisevic 241
 Ivanova 60
 Jabot 201
 Jactel 329, 373
 Jaillard 167
 Janzac 13-14
 Jaquemet 288
 Jaquiéry 273, 323, 325
 Jarne 197, 324
 Jiang 16, 235, 293
 Jiguet 52, 176, 184, 269
 Joachim 381
 Joffre 6-7, 308
 Johanet 264, 268
 Johnson 243
 Jolivet 119, 301, 307
 Jollit 81
 Joly 128, 273, 319, 387
 Jombart 203, 318
 Jones 277, 348, 360, 392
 Jonot 358
 Jörg 107, 382
 Jorge 57
 Joseph 144, 339
 Jouany 339
 Jouliau 313
 Jourand 399
 Jourdan 353, 101
 Jude 289
 Juge 262
 Juin 93, 365
 Julien 315
 Julliard 332
 Justes 166
 Kafarski 397
 Kagami 222
 Kainz 222
 Kaiser 208, 374
 Kaisermann 310
 Kallianiotis 355
 Kamenova 50
 Kane 366
 Kaplan 80, 182, 287
 Kashefi 360
 Kazakou 8, 76
 Khimoun 328
 Kirk 53
 Kirkpatrick 86
 Kjellberg 243
 Klein 35, 266, 374, 376
 Klumpp 221, 259
 Kolasinski 288
 Kooijman 137
 Korboulewsky 286
 Kostecka 20
 Koussoroplis 223
 Koutrakis 223
 Kowalski 106
 Kramer 362
 Kremer 291
 Kretzschmar 367
 Kroj 253
 Kurokawa 330
 Laabir 288, 398
 Labédan 395
 Labonne 254-255
 Lachaise 66
 Laclau 304
 Lacouchie 359
 Lacroix 172, 384
 Lafage 270
 Laffly 175
 Laffray 301
 La fisca 248
 Lafond 142
 Lagadeuc 38
 Lagadic 9, 379
 Lagrue 27, 37
 Laine 367
 Lainé 308
 Laîné 74
 Laitung 358
 Lajoie 296
 Lalagüe 62
 Lamade 334
 Lamanda 33
 Lamaud 106, 301
 Lamothe 37, 334
 Lamy 197, 381
 Lanceleur 382
 Lannou 22
 Lanoue 208
 Laossi 68
 Lapegue 281
 Lapègue 280
 Laporte 98
 Laran 389
 Larédo 163
 Larigauderie 169

Index des auteurs

- Laroche 163
 Lasbouygues 372
 Lasseur 112, 380
 Lata 75, 172, 310
 Lauga 122
 Launey 300
 Lautier 250
 Laval 205, 217, 234
 Lavelle 282, 309
 Lavergne 179, 189, 199, 352
 Lavigne 35, 44
 Lavoit 340, 342
 Lavorel 31, 98, 144, 333
 Lazzaro 29
 Leadley 100, 108, 298
 Leblay 196
 Lebreton 273, 289
 Lebrun 217, 253, 326
 Le cam 19, 133
 Lecerf 36-37, 261
 Lecloux 339
 Lecoœur 43, 87
 Lecoœur 8
 Lecompte 16
 Lecomte 35, 42, 265-266,
 Lecomte -Pradines 380
 Lecoq 308
 Le Corre 146
 Le Danvic 247
 Lefebvre 268
 Le féon 35
 Lefèvre 84, 101, 129
 Leflaive 152
 Le gall 263
 Legavre 382
 Legay 312
 Legeai 323
 Legendre 227, 398
 Léger 25
 Legname 313
 Legrand 66, 298
 Le gros 318
 Le Guilloux 266
 Lehir 254
 Lek 215
 Lelièvre 119
 Leloc'h 183
 Leloup 172, 283, 335
 Lemaire 264
 Le maire 304
 Lemanceau 119
 Le Mao 32
 Lemauviel-Lavenant 335, 340
 Lemperiere 351
 Léna 128, 273, 319, 387
 Lengagne 128, 273, 319, 387
 Lenoir 180
 Lenormand 112
 Léopold 81
 Lepart 47, 132
 Lepasant 228
 Leprieur 354
 Lerch 154
 Le saout 55
 Lesne 126
 Le stradic 347
 Le thiec 301
 Lett 287
 Le viol 332
 Leyronas 250
 Leys 292
 Leyval 218, 307, 313, 396
 Licoppe 391
 Lievens 391
 Lima 268
 Limon 255
 Limousin 302
 Lin 62
 Lindsay 53
 Lion 23, 183
 Litrico 327
 Loeuille 32, 75
 Loiseau 60
 Loison 231, 376
 Loizeau 136
 Lombard 150
 Longdoz 103, 335
 Lonjaret 381
 Loot 141, 215
 Lopez-Sangil 73
 Loreau 7, 9, 168
 Lorrilliere 275
 Loseen 304
 Louault 331
 Loubet 301
 Loustau 106
 Louzao 236
 Lowry 54, 271, 346-347
 Luquet 128, 273, 319, 387
 Lyautey 124
 Maalouf 341
 Maazouzi 193
 Mablouké 288
 Machon 332
 Magalon 253
 Mahjoub 235
 Mahy 326
 Mailleret 21
 Maire 175, 331
 Maisonneuve 255
 Majdi 261
 Majeed 384
 Mallard 87, 385
 Mammeria 298
 Mandon-Dalger 196
 Manel 227
 Maougal 311
 Marchal 317
 Marchand 341
 Marco 196
 Mardon 398
 Marell 204
 Mârell 375
 Mariejeanne 255
 Mariette 323, 325
 Marion 195
 Mariotte 71
 Mariotti 154
 Maris 8, 363
 Marmonier 262
 Maron 119
 Marre 81
 Marrec 50
 Marsden 304
 Martel 319
 Martin, B. 3-4
 Martin, J.-L. 53, 194
 Martin, C. 153, 334
 Martin, N. 202
 Martinaud 321
 Martin-Laurent 256
 Martiny 254
 Marty 47
 Masclaux 222

- Masquillier 94, 294
 Masseret 288, 398
 Massol 86, 198
 Masson 193, 325
 Massonneau 374
 Mateille 254
 Mathieu 75, 343
 Mathonnet 216
 Mauger 135
 Mauger 135, 263
 Maughan 354
 Maul 193
 Maurice 85
 Maury 82
 Mauve 334
 Mazerie 372
 Mazouni 355
 Mboma 275
 Mckey 308, 398
 Medail 356
 Médail 93
 Meerts 327
 Meiffren 360
 Meisterhans 289
 Ménard 83
 Mennerat 102
 Menu 151
 Mercier 395
 Merigot 355
 Mériguet 283
 Merilä 130
 Merlin 368
 Mermillod-Blondin 315
 Mermin 142
 Mesoudi 131
 Meugnier 71
 Meyer 209
 Meynard 182
 Mialet 261
 Miambi 309, 384
 Michalec 235
 Michalet 341, 371
 Michaux 291
 Michel 311
 Michelot 106
 Midgley 85
 Mieuzet 323
 Migeon 357
 Migliore 93
 Mignot 85
 Miguel 392
 Milazzo 253
 Mills 130
 Mississipi 253
 Misson 8, 105, 302
 Mitchell 71
 Mitta 228
 Moison 235
 Molto 276
 Monard 121
 Mondolot 216, 248
 Monestiez 389
 Monnet 368
 Monod 22
 Montarry 13
 Monteil 44, 250
 Monti 261
 Montuelle 125, 262
 Mony 206, 331
 Moorhead 120
 Mora 309
 Moran 20, 203
 Morand 365
 Moreau 321, 377
 Morel 336
 Morellet 230
 Moret 321, 369, 377
 Morga 280
 Morin 123, 125, 257
 Morris 250
 Mortier 9
 Morvan-Bertrand 340
 Motreuil 25
 Moudjahidou 250
 Mougénot 96, 98
 Mougin 217
 Mouillot 110, 182-183
 Mouloua 280
 Mouquet 182
 Moury 13-14, 252
 Moussus 269
 Mouton 26
 Muller 138, 362
 Münkemüller 199
 Munoz 332, 368
 Murenu 355
 Murray 149
 Mustafa 341
 Nagnan-Le meillour 247
 Navajas 357
 Navarro 326-327
 Navas 4, 9, 148
 Navascués 323
 Nawaz 299
 Ndour 258
 Nedeltcheva 264
 Neema 255
 Nelson 359
 Nesme 8, 113
 Ngomanda 275, 292
 Ngoye 275
 Niboyet 75
 Nicole 398
 Nilsen 102
 Nobelis 191
 Noctor 301
 Noël 250
 Noguera 68
 Nogues 73
 Nourtier 302
 Nouvellon 304
 Nunan 115, 154, 283
 Nussbaum 355
 Nzabi 275
 Oberdorff 354
 Oddou-Muratorio 84, 129
 Ody 382
 Olivieri 3-4, 85
 Ollier 265
 Ollivier 20, 193, 323
 Olszewski 396
 Onipchenko 330
 Oppliger 135
 Ormeno lafuenta 340
 Ostermann 363
 Ouedraogo 305
 Ouin 44
 Ouled dhaou 371
 Ounane 167, 306
 Pablo 306
 Pagano 295
 Pages 286
 Pailler 273
 Paillet 204, 272

- Pain 45
 Paine 242
 Palassio 300
 Palazy 56
 Palloix 13-14
 Palmer 238
 Pando 282
 Pansu 299
 Papaix 22
 Paqualini 340
 Parent 160, 335
 Parisey 50, 325
 Parisi 19
 Parveau 315
 Pauget 218
 Pauli 180
 Pauwels 63, 209, 226, 379
 Pavoine 147, 318, 353
 Payet 273
 Pearson 65
 Peccoud 20, 255
 Pech 174
 Pédel 241
 Pélissié 324
 Pélissier 202
 Pélisson 151
 Pellerin 205, 290, 376, 393
 Pellissier 264
 Pelosi 49
 Pelozuelo 244
 Penez 239
 Pennings 331
 Penone 332
 Peres 293
 Pérès 342
 Perez 282
 Pérez-Ramos 285
 Perga 89-90, 222-223, 292
 Pernot 306
 Péron 236
 Peroz 298
 Perret 257
 Perrin 128, 228, 319
 Perrot-Minnot 24-25
 Personeni 74, 308, 312, 340
 Pesce 125
 Peters 324
 Petit 43, 200, 266, 268, 351
 Petit-Berghem 351
 Petitjean 312
 Peyre 255
 Philippot 256
 Picard 275, 305, 371
 Picon-Cochard 221, 259, 300
 Pillet 397
 Pinaud 236
 Piola 360
 Piou 88
 Piriou 351
 Piron 342
 Piry 366
 Pithon 45
 Piutti 312
 Pivard 265
 Plain 335
 Planes 277
 Plantegenest 20, 50
 Plantureux 294
 Planty-Tabacchi 190
 Plas 254
 Plassard 34, 220, 311
 Plénet 128, 273, 319, 387
 Pleydell 254-255
 Plisson 288
 Plomion 225
 Poinot 399
 Pointier 197
 Poirel 313
 Pokrovsky 152
 Politou 355
 Poly 308, 382
 Pommier 308
 Ponchon 153, 334
 Ponge 366, 369
 Pontailier 104
 Pontier 318
 Porcher 322, 369
 Pornon 349
 Potier 83, 288
 Poulet 193
 Poulin 27, 205
 Pouteau 115
 Pouvreau 140
 Prentice 333
 Prévost 8, 88, 160
 Princé 269
 Pringault 317
 Prinzing 149, 327, 330, 378
 Probst 143
 Proffit 243
 Prugnolle 173
 Puga-Freitas 72
 Puijalon 319
 Pujol 131, 328
 Purschke 333
 Putz 170
 Quaglietti 377
 Quartier 269
 Quéau 139
 Quéméré 276, 300
 Quénot 390
 Rabarison 271, 346-347
 Rabeharisoa 336
 Raevel 332
 Rahalison 60
 Rajeriarison 271, 346
 Rakontodraivo 216
 Rakotomalala 216
 Ramanoelina 347
 Rambal 105, 110
 Ramette 307
 Randrianaivo 54, 347
 Ranjard 119, 307
 Raoul 46, 48
 Rapaport 118, 126
 Rapior 246, 248, 396, 399
 Raquin 339
 Raspail 291
 Rathgeber 155, 337
 Ratovoson 54, 347
 Ravard 83
 Ravigné 8-9, 21, 185, 252
 Raymond 289
 Raynaud 75, 115, 283, 348
 azafimbelo 313
 Réale 127, 213, 380
 Rebaudo 357
 Rebello 85
 Reboud 146
 Recous 314
 Redjadj 376
 Regnery 341
 Reis 312
 Reitalu 333

- Relini 355
 Renard 165, 308
 Renaud 173
 Renault 296, 306, 382
 Renier 399
 Repellin 301
 Restoux 266
 Rey 187, 320, 350, 387
 Reynaud 211
 Rezzonico 398
 Rhone 175
 Ribot 253
 Ricci 44
 Richard, E. 376, 392, 393
 Richard, F. 34, 368
 Richard, N. 39, 262, 364
 Richardson 330
 Ricroch 35, 51
 Rieuvilleneuve 288
 Rieux 252
 Rigaud 24-25
 Rimet 125, 250, 292
 Ripoll 360
 Riquet 361
 Ris 356
 Risper 323
 Rival 250
 Riviere 273
 Rivoirard 237
 Rivot 160
 Robuchon 135, 324
 Roche 301
 Rochelle-Newall 172
 Rodrigues 55, 181, 355
 Rodriguez 262
 Rodriguez arias 284
 Roger 347
 Roggy 312
 Rohfritsch 67, 281
 Romana 269
 Romanov 83
 Ronce 85-86
 Ronfort 134
 Roquet 179, 352
 Rossetto 211
 Rossi 276, 343
 Rostain 165, 308
 Roubeix 125
 Roucaute 329
 Roué 351
 Rouifed 360
 Rouland-Lefevre 258
 Roumet 8, 76, 285, 362
 Roussel 297, 320, 387
 Rousset 198
 Roux 63
 Rovira 73
 Roy, J. 3-5, 9
 Roy, M. 34, 301, 344
 Roy, V. 309
 Roze 324
 Rozenberg 225, 343
 Ruau 39, 262, 364
 Ruffault 110
 Rulliat 254
 Rutishauser 111
 Saatkamp 157
 Sabatier 215, 328, 344, 349
 Saby 119, 256, 307
 Saenz-Agudelo 277
 Said 204, 231, 371, 376, 392, 393
 Salin 289, 320, 387
 Salmon 366
 Saltré 92
 Sanchez 225
 Sanchez-Perez 315
 Santonja 343
 Sarmiento 299
 Sarr 366
 Sarrazin 42, 390
 Sarthou 44
 Saumitou-Lapadre 209
 Sauphanor 44
 Sauvanet 224
 Sauvion 255
 Sauzeau 43
 Schaber 107
 Scheifler 46
 Schimann 70, 312
 Schmitt 235
 Scohier 377
 Sebastiani 62
 Seignobosc 142, 161
 Séleck 326
 Sellami 258
 Sergent 225, 343
 Serrao 65
 Sevenier 306
 Shinn 215
 Shipley 77, 259
 Sibeaux 133
 Silvain 357
 Simard 155
 Simard 155
 Simek 256
 Simier 83
 Sinsabaugh 120
 Skorping 102
 Smith 287
 Somarriba 284
 Somot 183
 Soubeyrand 254, 367
 Souche 166
 Souissi 235
 Soussana 259, 297, 300-301
 Sow 366
 Steedlandt 153, 334
 Stenevik 287
 Stevens 147, 298
 Stillman 141
 Stoeckel 323, 325
 Stoll 186
 Stroia 339
 Stuart 181, 291
 Suchail 283
 Sudre 394
 Sueur 353
 Svanella-Dumas 361
 Svenning 180
 Sykes 333
 Tabacchi 190
 Taberlet 227
 Tablado 231
 Tackx 261
 Tafani 320
 Tailliez 226
 Takvorian 339
 Tapie 382-383
 Tarayre 188
 Tardif 259, 372
 Tatoni 344, 365
 Taugourdeau 328, 344
 Tavoillot 254
 Tcherkez 334

Index des auteurs

- Tedesco 354
Tekwani-Movellan 261
Ten-Hage 152, 261
Teplitsky 130
Tertois 253
Tétégan 286
Tetreau 59, 210
Tharreau 21, 253
Thebaud 254
Thébaud 16, 328
Thébault 186, 256
Thiébaud 364
Thièry 377
Thioulose 119
Thompson 332
Thorold 277
Thouvenot 364
Thuiller 108, 144, 179, 199, 227, 352, 354
Tillion-Lacazale 3 8 9
Tine 321
Tixier 394
Tlili 125
Tobin 362
Tollenaere 60
Tolley 291
Tonnabel 85
Tournant 351
Touzard 341, 371
Trap 285
Travis 238
Trémolières 191
Tribollet 124
Trolard 299
Troussard 321
Tully 87, 385
Turcati 369
Underhill 243
Urrea 315
Vailhé 306
Vaissière 35, 51
Valade 255
Valeix 233
Valente 193
Valenzuela 322
Valero 65, 135, 359
Valet 348
Vallet 45
Vallod 267
Van Aarle 337
Van baaren 359
Van bodegom 330
Vandenkoornhuysse 121
Vandewalle 333
Van dooren 85
Varet 270
Vautrin 26
Vavre 26
Vekemans 63
Véla 365
Vences 251
Vendramin 62
Venner 151
Vercambre 286
Vercken 358, 362
Verneau 251
Vernon 390
Vervier 315
Vialatte 44, 50, 378
Viard 9, 133, 278, 361, 395
Vieilledent 142
Viers 152
Villar 31, 329
Villard 53
Villate 325
Villeneuve 106, 218, 220, 338, 361
Vinatier 394
Violle 9, 98, 332
Viovy 8, 108
Virlet 340
Virtanen 180
Vitalis 58
Vittoz 180
Vogelweith 377
Voituron 320, 387
Volaire 386
Volatier 310
Von dassow 135
Wagner 193
Walker 237, 360
Wallerich 303
Weigel 78
Weimerskirch 236
Weintraub 120
Wery 33
Widmer 393
Wiegand 236
Willner 180
Wohlgemuth 180
Xavier-Rousseau 284
Xhaard 18
Xie 302
Xuereb 61
Yarrall 130
Yearsley 278
Yguel 378
Yoccoz 290
Zanchi 321
Zangerlé 282
Zapater 185, 252
Zhao 293
Zimmermann 180
Zischek 250
Zupan 179, 354
Zwicke 300

Photographies de couverture : Bénédicte Martin, David Grémillet, Bruno Monginoux, Eric Garnier, Thierry Winkel. Graphe : Virginie Ravigné. Imprimeur : Pure Impression

Ce livre a été imprimé par Pure Impression à Manguio, imprimeur éco-responsable, sur du papier certifié PEFC avec des encres non - toxiques



Notes

Notes

