

Petit Pois Dérivé

2023

- Poitiers 03-05 juillet 2023 -



FACULTÉ
DES SCIENCES
FONDAMENTALES
ET APPLIQUÉES
UNIVERSITÉ DE POITIERS



00001

Programme



Jour	Horaire	Titre		Oratrices / Orateurs	
Lundi 3 juillet	14h	<i>Mot de Bienvenue</i>		Comité d'organisation PPD 2023	
	14h15	<i>Plénière</i>	Bacterial endosymbionts and the evolution of host sex-determination mechanisms	Cordaux Richard (richard.cordaux@universite-paris-saclay.fr)	
	15h15	Présentation orale	Identification d'un locus déterminant le sexe chez le cloporte commun <i>Armadillidium vulgare</i>	Lheraud Baptiste (baptiste.lheraud@univ-poitiers.fr)	
	15h35	Présentation orale	Génomique de la divergence des pyrales du genre <i>Ostrinia</i> en Europe	Nouhaud Pierre (pierre.nouhaud@gmail.com)	
	15h55	Présentation orale	The genome of the bee louse fly reveals deep convergences in the evolution of social inquilinism	Bastide Heloise (heloise.bastide@universite-paris-saclay.fr)	
	16h15	Pause			
	16h45	Présentation orale	The impact of whole genome duplication on trans-eQTLs in Atlantic Salmon	Diblasi Célian (celian.diblasi@gmail.com)	
	17h05	Présentation orale	Emergence et maintien de la variation phénotypique d'un trait sexuel secondaire exagéré	Pruvot Claudia (claudia.pruvot@ens-lyon.fr)	
	17h25	Présentation orale	Transcriptomic signatures of within- and trans-generational predator-induced plasticity in <i>Physa acuta</i>	Dejeux Léo (leo.dejeux@etu.univ-lyon1.fr)	
	17h45	<i>Articulation PPD et SFE²</i>			
	18h00	Apéro-Posters			
Mardi 4 juillet	9h	<i>Plénière</i>		Mathilde Dufay (mathilde.dufay@cefe.cnrs.fr)	
	10h	Présentation orale	Population genetics of the greenbeard effect favoring the evolution of cooperation	Aubier Thomas (thomas.aubier@univ-tlse3.fr)	
	10h20	Présentation orale	Structure génétique spatiale et flux de gènes chez l'Agrion de Mercure (<i>Coenagrion mercuriale</i>) : impact de l'agglomération strasbourgeoise	Leveque Agathe (agathe.leveque2.etu@univ-lille.fr)	
	10h40	Pause			
	11h10	Présentation orale	Une approche RAD-seq pour délimiter des espèces dans le complexe <i>Bactrocera dorsalis</i> (Diptera, Tephritidae).	Charbonnel Emeline (emeline.charbonnel@cirad.fr)	
	11h30	Présentation orale	Etude génétique de la population de cerfs rusa invasifs de Nouvelle-Calédonie : implications pour sa gestion	Berlioz Emilie (emilie.berlioz@unican.es)	
	11h50	Présentation orale	Evaluation par simulation de méthodes d'inférence de l'introgession adaptative à partir de génomes complets.	Camarata Ghislain (ghislain.camarata@etu.umontpellier.fr)	
	12h10	<i>Discussion prochain PPD</i>			
	12h25	Repas			
	14h	<i>Plénière</i>	De plumes, de poils et d'écailles : l'inné et l'acquis de la peur des prédateurs	Xavier Bonnet (xavier.bonnet@cebc.cnrs.fr)	
	15h	Présentation orale	Habitat Opening Fostered Diversity at Both Continental and Local Scales: Impact of Dispersal and Habitat-shifts in the Diversification of a Speciose Afrotropical moth Group	Hévin Noémie (noemiehevin33@gmail.com)	
15h20	Présentation orale	L'investissement spermatique répond à la perception du risque de compétition spermatique chez la mouche soldat noire <i>Hermetia illucens</i>	Manas Frédéric (frederic.manas@univ-tours.fr)		
15h40	Présentation orale	Assessing spatio-temporal variations of woodlice abundance in French agroecosystems, using a citizen science program.	Dureux Mathis (mathis.dureux@gmail.com)		
16h00	Pause				
16h30	Présentation orale	Les petits carabes aux champs mangent aussi bien que les grands	Masson Abel (abel.masson@inrae.fr)		
16h50	Présentation orale	Estimer la prédation des prédateurs généralistes en milieu agricole	Gendron Pierre (pierre.gendron@orange.fr)		
17h10	Présentation orale	Caractérisation par métabarcoding des proies de l'exotique envahissant <i>Obama nungara</i> , le plathelminthe venu d'Argentine	Ventura Mathis (mathisventura@hotmail.fr)		
17h30	Présentation orale	Modélisation bayésienne de la dynamique des populations de la tordeuse de la grappe en culture de la vigne	Monaury Clément (monaury.clement@gmail.com)		
17h50	Présentation orale	Modélisation bayésienne de la dynamique des populations de pucerons sur blé	Moreau Cyrielle (cyrielle.moreau.pro@gmail.com)		
19h30	Soirée de Gala à l'îlot Tison				

Jour	Horaire		Titre	Oratrices / Orateurs
	9h	Présentation orale	Distribution spatio temporelle des espèces de crevettes dans un système lagunaire Ouest Africain: cas du lac Nokoué et du chenal de Cotonou au Sud du Bénin	Sintondji Wilfried (sintondjiwilfried@gmail.com)
	9h20	Présentation orale	Génétique et écotoxicologie de populations de circaètes Jean-le-Blanc (<i>Circaetus gallicus</i>)	Camille Larrue (camille.larrue25@gmail.com)
	9h40	Présentation orale	La biodiversité entomologique ancienne, un outil de diagnostic des activités humaines sur les paléoenvironnements : l'exemple de la transition âge du Fer/antiquité Romaine	Rollin Jérémy (jeremy.rollin@univ-tours.fr)
	10h	Présentation orale	Les ilots de chaleur urbains et leur évolution au sein de Grand Poitiers	Jame Axel (Axel.jame@univ-poitiers.fr)
Mercredi	10h20	Pause		
5 juillet	10h30	Présentation orale	Patrons de contamination aux pesticides des poussins de Busard cendré (<i>Circus pygargus</i>)	Fuentes Elva (elva.fuentes@cebc.cnrs.fr)
	10h50	Présentation orale	Peut-on utiliser des champignons pathogènes pour contrôler les adventices?	Romaszko Nathan (nathan.romaszko@universite-paris-saclay.fr)
	11h10	Présentation orale	Rôle de la synchronie plante-ravageur sur le succès des ravageurs : le cas du lépidoptère foreur de tige du maïs <i>Ostrinia nubilalis</i> .	Revillon Sacha (sacha.revillon@inrae.fr)
	11h30	Présentation orale	Des interactions plantes - plantes parasites à l'origine des changements de plantes hôtes des charançons <i>Smicronychini</i> (Curculionidae)	Zelvelder Benjamin (benjamin.zelvelder@gmail.com)
	11h50	Repas		
	14h	Tables Rondes animées par futurs-Act et Biosena		

Présentations orales



Bacterial endosymbionts and the evolution of host sex-determination mechanisms

Richard Cordaux*¹

¹Evolution, génomes, comportement et écologie – Institut de Recherche pour le Développement, Université Paris-Saclay, Centre National de la Recherche Scientifique – Avenue de la Terrasse, bâtiment 13, boîte postale 1, 91198, Gif-sur-Yvette cedex, France

Résumé

In animals, sex is generally determined by genetic factors carried by sex chromosomes. Sex chromosomes are remarkably variable in origin and they can differ even between closely related species, indicating that transitions occur frequently and independently in different groups of organisms. However, the evolutionary causes underlying sex chromosome turnovers are poorly known. I will present results supporting that selfish genetic elements distorting host sex ratio can be powerful agents of transitions between sex determination mechanisms, as exemplified by feminizing *Wolbachia* bacterial endosymbionts in terrestrial isopods.

In the common pillbug *Armadillidium vulgare* (Crustacea, Isopoda), chromosomal sex determination follows female heterogamety (ZZ males and ZW females). In addition, many *A. vulgare* populations harbor maternally-inherited *Wolbachia* bacterial endosymbionts which can convert genetic males into phenotypic females, leading to populations with female-biased sex ratios. This bias selects against the W sex chromosome in lines infected by *Wolbachia*, such that all individuals are ZZ genetic males. Therefore, sex is only determined by the inheritance of *Wolbachia* by the *A. vulgare* individual, thereby leading to a shift from chromosomal to cytoplasmic sex determination. Surprisingly, some *A. vulgare* lines exhibit biased sex ratios despite the lack of *Wolbachia*. This bias is induced by the *f*-element, which we identified as a large piece of the *Wolbachia* genome recently transferred to the *A. vulgare* nuclear genome. The *f*-element is another sex-determining locus in pillbugs and the chromosome carrying the insert is a new feminizing chromosome.

Overall, our results indicate that bacterial endosymbionts can be powerful sources of evolutionary novelty for fundamental biological processes in animals, such as sex determination.

*Intervenant

Identification d'un locus déterminant le sexe chez le cloporte commun *Armadillidium vulgare*

Baptiste Lheraud*¹, Mohamed Amine Chebbi², Isabelle Giraud², Yann Dussert²,
Richard Cordaux³, and Jean Peccoud²

¹Ecologie et biologie des interactions – Université de Poitiers, Centre National de la Recherche Scientifique – Bât. Biologie/Géologie 1er étage 40 Av du recteur Pineau 86022 POITIERS CEDEX, France

²Ecologie et biologie des interactions – Université de Poitiers, Centre National de la Recherche Scientifique – France

³Évolution, Génomes, Comportement et Écologie – Institut de Recherche pour le Développement, Université Paris-Saclay, Centre National de la Recherche Scientifique – France

Résumé

Les gènes contrôlant le sexe sont assez méconnus en dehors de certains groupes de vertébrés et d'insectes. Aussi, les conditions d'émergence de ces gènes, à l'origine des chromosomes sexuels, méritent davantage de modèles d'études pour être bien établies. Les isopodes terrestres (cloportes) font partie de ces modèles. En effet, ces crustacés connaissent un renouvellement rapide de systèmes de déterminisme du sexe.

Parmi ces espèces, le cloporte commun, *Armadillidium vulgare*, a la particularité de posséder plusieurs déterminants génétiques du sexe. Un de ces déterminants est féminisant et se transmet à une fréquence plus élevée qu'attendue à la descendance, induisant un excès de femelles dans les populations. Dans certaines de ces populations, on trouve un allèle masculinisant qui aurait été sélectionné par l'excès de femelles. Le locus portant cet allèle, appelé "gène M", équivaut à un système XY. Son existence est inférée par des croisements menés dans les années 1980-90, mais ce locus n'est pas caractérisé génétiquement. Cette caractérisation est pourtant nécessaire pour comprendre l'action masculinisante de son allèle et pour établir sa fréquence dans les populations naturelles, donc ses conditions d'émergence.

Pour cela, nous avons repéré des contigs susceptibles de contenir le gène M à l'aide d'une méthode se basant sur l'analyse de SNPs sur l'ensemble du génome par séquençage en pools de fils et de filles et par séquençage individuel de leurs parents, ceci sur plusieurs familles. Nous avons ainsi délimité une zone d'environ 1 mégabase comportant 23 gènes annotés, dont certains possèdent des fonctions associées à la différenciation sexuelle.

Mots-Clés: Déterminisme du sexe, poolseq, snp, chromosome sexuel

*Intervenant

Génomique de la divergence des pyrales du genre *Ostrinia* en Europe

Pierre Nouhaud^{*1}, Mathieu Gautier¹, Louise Brousseau², Sabine Nidelet¹, Philippe Audiot¹, Carole Smadja³, Renaud Vitalis¹, Denis Bourguet¹, and Réjane Streiff¹

¹CBGP, INRAE, CIRAD, IRD, Montpellier SupAgro, Univ Montpellier, Montpellier, France – INRAE – France

²UMR AMAP, IRD, Univ. Montpellier, CIRAD, CNRS, INRAE, Montpellier, France – Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMR5120 – France

³Institut des Sciences de l'Évolution de Montpellier ISEM, Univ. Montpellier, CNRS, IRD, Montpellier, France – CNRS : UMR5554 – France

Résumé

Les insectes phytophages sont des modèles de choix pour l'étude des processus de divergence adaptative car la majorité d'entre eux présentent une forte spécialisation alimentaire et des traits d'histoire de vie intimement liés à leurs plantes-hôtes (par ex. reproduction, durée de développement). La caractérisation des mécanismes évolutifs impliqués dans cette divergence contribue à une meilleure compréhension de l'émergence de nouvelles espèces et des changements d'hôte. En Europe de l'Ouest, différents travaux ont montré, au sein du genre *Ostrinia* (Lepidoptera, Crambidae), l'existence de deux espèces jumelles, sympatriques et spécialisées pour des gammes de plantes hôtes disjointes : la pyrale du maïs (*O. nubilalis*), qui se développe sur cette plante introduite en Europe il y a 500 ans, et *O. scapularis*, qui se développe sur différentes dicotylédones. L'hypothèse privilégiée est qu'*O. nubilalis* provient d'un passage d'*O. scapularis* (qui serait l'espèce ancestrale) sur le maïs suivi d'une spécialisation sur cette nouvelle plante-hôte et d'un isolement reproducteur partiel avec les populations ancestrales d'*O. scapularis*. Pour tester cette hypothèse et mieux comprendre l'histoire de la divergence entre ces deux espèces, plus de 500 individus collectés en Europe sur du maïs et différentes dicotylédones ont été génotypés à 200 000 SNPs répartis sur l'ensemble du génome. Les analyses de structuration génétique suggèrent un patron longitudinal d'isolement par la distance chez *O. scapularis*, ainsi que la présence de populations génétiquement intermédiaires dans le Sud de l'Europe, potentiellement suite à des contacts secondaires. Ces analyses suggèrent également la présence d'une large inversion génomique couvrant la moitié du chromosome sexuel, qui semble contribuer à la divergence entre les deux espèces de manière variable au sein de l'aire d'étude. Ces résultats préliminaires devraient permettre de clarifier l'origine évolutive d'*O. nubilalis*, et ils seront discutés en regard de l'introduction récente du maïs en Europe.

Mots-Clés: adaptation, spéciation, inversion chromosomique, insecte phytophage

*Intervenant

The genome of the bee louse fly reveals deep convergences in the evolution of social inquilinism

Hélène Legout¹, David Ogereau¹, Julie Carcaud¹, Jonathan Filée¹, Lionel Garnery¹, Clément Gilbert¹, Fabrice Requier¹, Jean-Christophe Sandoz¹, Amir Yassin¹, and Héloïse Bastide^{*1}

¹Évolution, Génomes, Comportement et Écologie – Institut de Recherche pour le Développement, Université Paris-Saclay, Centre National de la Recherche Scientifique – France

Résumé

The nests of social insects often harbor a rich fauna of intruders, known as inquilines. Close relatedness between the host and the inquiline prevails due to potential genetic predispositions (Emery's rule) but how phylogenetically distant inquilines adapt to their hosts remains unclear. Here, we analyzed the genome of the wingless and blind bee louse fly *Braula coeca*, an inquiline of the Western honey bee *Apis mellifera*. Using large phylogenomic data, we confirmed recent accounts that the bee louse is an aberrant drosophilid. Unlike many parasites, such as the human louse, the bee louse genome did not show significant erosion or strict reliance on an endosymbiont, likely due to a relatively recent age of inquilinism. However, a strikingly parallel evolution in a set of gene families was observed between the honey bee and the bee louse. Convergences included excessive loss of genes potentially involved in metabolism and immunity, and of nearly all bitter-tasting gustatory receptors in agreement with life in a protective hive and a major diet of honey, pollen, and beeswax. Vision-related and odorant receptor genes also exhibited rapid losses. Only genes whose orthologs in the closely related *Drosophila melanogaster* respond to components of the honey bee pheromones or floral aroma were retained, whereas the losses included orthologous receptors responsive to the anti-ovarian honey bee queen pheromone. These results establish a new model for the study of major morphological and neuroethological transitions and indicate that deep genetic convergences between phylogenetically distant organisms can underlie the evolution of social inquilinism.

Mots-Clés: parasitism, morphological evolution, behavioral adaptations, gene family evolution, *Drosophila* phylogeny

*Intervenant

The impact of whole genome duplication on trans-eQTLs in Atlantic Salmon

Célian Diblasi^{*1}, Domniki Manousi¹, Lars Grønvold¹, David Hazlerigg², Nicola Barson¹, Simen Sandve¹, and Marie Saitou¹

¹Norwegian University of Life Sciences – Norvège

²The Arctic University of Norway [Tromsø, Norway] – Norvège

Résumé

Background:

Whole genome duplication (WGD) is a major driver of genome evolution in eukaryotes. By increasing genetic content, WGD increases functional redundancy, which relaxes selective constraints and allows for the accumulation of gene function-altering mutations as well as large-scale gene loss. When an organism's entire set of genes gets duplicated (creating ohnologs) by WGD, their expression can be impacted and lead to a change in dosage. To revert back to a non-deleterious and stable expression, the gene regulatory networks need to be rewired to accommodate this new genetic material. Previous studies showed that ohnolog expression levels had evolved mostly asymmetrically by downregulating expression of one ohnolog copy, possibly leading to eventual pseudogenization.

Gene expression variation contributes to phenotypic variation, including novel and adaptive traits. Thus, WGD and subsequent rewiring of gene regulatory networks between duplicated genetic elements plays a major role in the evolution of genome function, especially when the regulatory network is affected. While how ohnologs evolve after WGD has been investigated, the evolution of their regulatory networks remains still unclear. Especially, the study of trans relationships (distant regulation of a gene) requires large sample size and are thus rarely investigated. To investigate the impact of the WGD event on the evolution of cis and trans gene regulation, we analyzed eQTL data of Atlantic salmon, which underwent a relatively recent lineage-specific WGD event about 100 million years ago.

Methods:

We conducted expression QTL (eQTL) analysis for 907 related Atlantic salmon individuals, which were offspring of 112 parents (Whole genome sequenced, 10X coverage, variants were called by GATK). RNA was extracted from the gill tissue, and gene expression level was quantified and normalized by using a software called salmon. Fish were genotyped using a 66K SNP array and imputed, which after quality filtering led to the identification of 48,563 SNPs. By combining genotype and gene expression datasets with QTLTools, and regressing out covariates, including genetic PCs to control the genetic relatedness and batch information, we identified cis-eQTL (SNP-gene distance < 5Mb, FDR < 0.05) and trans-eQTL

*Intervenant

SNPs (SNP-gene distance > 5Mb or SNPs and genes located in different chromosomes, FDR < 0.05).

Results and discussion:

Identification of conserved gene regulatory network across ohnologs regions resulting from the lineage-specific WGD event in Atlantic salmon

Gene expression is controlled by regulatory elements, such as transcription factors, some of them act locally, impacting nearby genes (cis-regulatory element), and some affect genes far from their genomic location (trans-regulatory element). In total we identified eQTLs impacting expression of 19,526 genes in gill regulated by 12,056 eQTL SNPs. The majority (64%) of genes impacted by eQTLs were regulated by trans-eQTLs (12,095 genes), while 36% were regulated by cis-eQTLs, suggesting trans regulation is quantitatively more important. Approximately equal proportions of eQTL had cis, 49% (5887), and trans, 46% (5549), links with genes, the remaining 5% (620) having both types of interactions. To investigate how the retention of gene regulators evolves after WGD, we focused on two types of trans-SNP-gene relationships based on their genomic contexts:

1. The eQTL SNP is associated with a gene on the ohnologs regions on duplicate chromosomes, originating from WGD (inter-chromosomal ohnologs)
2. The eQTL SNP is associated with a gene on another chromosome, that is not the ohnolog region (inter-chromosomal non-ohnologs)

We observed 2 times more eQTLs impacting gene expression on the duplicated chromosome region (i.e. Inter-chromosomal ohnologs) compared to what is expected by chance. Conversely, we found a one third reduction of trans eQTLs effects between non-duplicated regions on different chromosomes (i.e. inter chromosomal non-ohnologs). This result suggests that inter-chromosomal ohnologs pairs maintain their ancestral regulatory connections between eQTL-SNPs and genes, while between regions that are not WGD-derived duplicates, there is no such connection in most cases.

To further investigate the impact and evolution of whole genome duplication on gene regulation, we asked how many ohnolog gene pairs have shared eQTL SNPs. Eighty-nine gene pairs have at least one shared lead eQTL SNP (i.e. eQTL SNP with the lowest p-value), while 3,449 pairs had eQTL SNPs for only one of the gene copies. This suggests that in some cases, ancestral regulation is maintained in both copies of a gene. In contrast, in most cases, the ancestral regulation of one copy is lost, which is concordant with the previous observation that ohnolog expression levels evolve mostly asymmetrically in Atlantic salmon.

We thus hypothesize that ohnolog gene pairs with shared eQTL SNPs maintain an ancient gene regulatory network, and such gene pairs are strongly coregulated. To test this, we calculated Spearman's correlation coefficient of gene expression for each ohnolog gene pair using the RNAseq data from 907 salmon. As expected, we observed that gene pairs that have shared eQTLs SNPs showed a higher correlation (Absolute Spearman rank correlation coefficients ρ , 0.76 \pm 0.02), while pairs with eQTL SNP for only one copy showed a lower, but still significant correlation (Absolute Spearman rank correlation coefficients ρ , 0.5 \pm 0.01).

Cases of dosage compensation within ohnolog gene pairs

Notably, among the 89 gene pairs with shared eQTL lead SNPs, we observed three gene pairs that showed a significant negative correlation between two gene copies, in contrast to the pattern observed in the majority of the pairs. We found that according to the genotype of the shared eQTL SNP, the dosage of one copy increases while the other decreases. These three gene-pairs are *colec10* (collectin subfamily member 10), which is a part of the innate immune system, *eif3* (eukaryotic translation initiation factor 3), and tetraspanin-8, which are highly conserved housekeeping genes. This suggests dosage compensation within these ohnolog gene pairs, whose expression likely needs to be stabilized for survival. To explain this mechanism, there are two scenarios (1) one genetic factor is controlling the balance between the two copies (2) one genetic factor disturbs (such as loss of function mutation) the expression of one copy, and another, potentially non-genetic factor, modulates the expression of the other gene to compensate it. To further investigate the molecular mechanism of these gene dosage compensations, we will experimentally validate the dosage compensation by using Atlantic salmon cell models, which are already established. Our study provides an in-depth understanding of the impact of whole genome duplication on gene regulatory evolution, which connects genomic evolution to phenotypic evolution. It also brings evidence of gene dosage compensation that has been maintained for over 100 million years.

Mots-Clés: Whole genome duplication, gene regulation evolution, gene expression, eQTL

Emergence et maintien de la variation phénotypique d'un trait sexuel secondaire exagéré

Claudia Pruvôt*¹, Vieira Cristina², Patricia Gibert², and Abderrahman Khila¹

¹Institut de Génomique Fonctionnelle de Lyon – Ecole Normale Supérieure de Lyon, Université Claude Bernard Lyon 1, Centre National de la Recherche Scientifique, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – France

²Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive - UMR 5558 – Université Claude Bernard Lyon 1, Centre National de la Recherche Scientifique, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR5558 – France

Résumé

Un phénotype est le résultat du génotype d'un individu, de son environnement et de l'interaction entre les deux. La variation phénotypique correspond à l'ensemble des valeurs phénotypiques que peut avoir un trait au sein d'une population. Si un trait est héréditaire et variable, il sera soumis à la sélection naturelle, de manière à ce que les phénotypes les plus adaptés seront sélectionnés et transmis à la génération suivante. La variation phénotypique est donc un des piliers de l'évolution. Pourtant, l'origine et le maintien de celle-ci ainsi que les mécanismes moléculaires sous-jacents restent encore peu connus. Les traits sexuels secondaires exagérés sont des exemples impressionnants de variation phénotypique (ex : taille de la corne du scarabée rhinocéros *Oryctes nasicornis*) et constituent des modèles puissants pour comprendre l'origine de celle-ci. Mon projet de thèse consiste à étudier le rôle de facteurs écologiques et génétiques dans la variation phénotypique d'un trait sexuel exagéré d'une espèce tropicale de punaise d'eau appelée *Microvelia longipes*. L'effet de la prédation ou de l'accès à la nourriture comme facteurs écologiques sera testé par différentes mesures de fitness. Estimer les coûts et bénéfices de ces phénotypes permettra une meilleure compréhension du maintien de la variation. Quant à l'implication de la variation génétique dans la variation du phénotype, elle sera déterminée par une approche d'"Evolve & Resequence" qui combine l'évolution expérimentale et le séquençage du génome d'un pool d'individus soumis à la sélection durant plusieurs générations. Cela permettra d'identifier les gènes liés à la variabilité de ce trait et de caractériser la réponse génomique face à une sélection exercée sur des générations.

Mots-Clés: variation phénotypique, variation génétique, évolution expérimentale

*Intervenant

Transcriptomic signatures of within- and trans-generational predator-induced plasticity in *Physa acuta*

Léo DÉjeux*¹

¹Laboratoire d'Écologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés – Centre National de la Recherche Scientifique, Ecole Nationale des Travaux Publics de l'Etat, Université Claude Bernard Lyon 1, univers – France

Résumé

Phenotypic plasticity is the ability of a genotype to produce alternative phenotypes in different environmental conditions. Plastic responses are widespread across the phylogenetic spectrum and are a major concern in evolutionary biology as they can be adaptive, i.e., increasing fitness of organisms facing environmental changes (Pigliucci 2005). Phenotypic plasticity classically refers to within-generational plasticity (WGP), meaning that it occurs within one generation. Recently, plasticity was also found to occur across generations (transgenerational plasticity, TGP) with the phenotype of an organism influenced by the environment experienced by the previous generations (Bell et al. 2019). The mechanisms appear multifarious, from epigenetic changes to parental transmission of cytoplasmic elements (small RNAs, nutrients, hormones, proteins), parental care and cultural transmission (Bell and Hellman 2019).

Furthermore, most species are engaged in prey-predator relationships, which, involving the death of the prey, act as a major selection pressure favouring the evolution of defences in prey (Rojas & Burdfield-Steel 2017). The pressure from predators often varies over time and space, thus favouring the emergence of phenotypic plasticity in anti-predator defences (Tariel et al. 2020). Indeed, while some defences against predators are constitutive, others are induced only when the preys detect some predator cues in their environment. These induced defences are classic examples of adaptive WGP: through defences, prey can increase their selective value against predators; in the absence of predators, the prey can allocate its energy resources to other functions. The links between prey-predator interactions and WGP/TGP have been first highlighted by Agrawal et al. (1999) with *Daphnia* offspring adopting anti-predator morphology when their parents were exposed to predators. Since, it has been shown repeatedly that induction of defences can be transgenerational (Tariel et al. 2020).

In this context, this work aims to unravel the molecular mechanisms underlying expression of within-and transgenerational plasticity of defences in the context of predator-prey interactions. We used *Physa acuta*, a freshwater snail, known for their within- and transgenerational anti-predator defences like escape behaviour and change in shell morphology and resistance. We combined a two-generation experiment to generate WGP and TGP of defences (as previously done in e.g. Luquet & Tariel 2016) with *de novo* transcriptome sequencing and assembly to investigate the transcriptome-mantle skirt gene expression involved in WGP

*Intervenant

and TGP of anti-predator defences in *P. acuta*. We expected that gene expression should be affected by current (WGP) and parental (TGP) exposure to predator cues and more specifically that the two processes share the same core set of genes.

Mots-Clés: transgenerational plasticity, *Physa acuta*, epigenetics, prey/predator interactions

Population genetics of the greenbeard effect favoring the evolution of cooperation

Thomas Aubier*^{1,2}

¹Evolution et Diversité Biologique – Institut de Recherche pour le Développement, Université Toulouse III - Paul Sabatier, Centre National de la Recherche Scientifique – France

²University of North Carolina at Chapel Hill – États-Unis

Résumé

In a thought experiment, William D. Hamilton argued that a gene that produces a signal (Dakwins later took the colorful example of a green beard), identifies this signal in other individuals, and respond by being altruistic towards those individuals, could permit the evolution and maintenance of cooperation. A number of empirical examples and theoretical models seem to suggest that such "greenbeard effect" permitting positive assortment of cooperators may be an important mechanism in driving the evolution of cooperation rather than a fringe case only important under special circumstances. However, the broad applicability of theory developed for models of such "tag-based" cooperation (i.e., cooperating only with individuals sharing a phenotypic tag) is obscured by a number of assumptions made in formulating the models such as spatial structure and specific combinations of pleiotropic traits. Here, we develop a simple, population-genetic model that makes clear the roles of population viscosity (such as space) and pleiotropy in permitting the stable maintenance of cooperation through the greenbeard effect.

Mots-Clés: cooperation, pleiotropy, population genetics, theory

*Intervenant

Structure génétique spatiale et flux de gènes chez l'Agrion de Mercure (*Coenagrion mercuriale*) : impact de l'agglomération strasbourgeoise

Agathe Leveque*¹, Anne Duputié¹, Vincent Vignon², Fabien Duez¹, Cécile Godé¹, Clément Mazoyer¹, Cédric Vanappelghem³, and Jean-François Arnaud¹

¹Évolution, Écologie et Paléontologie (Evo-Eco-Paleo) - UMR 8198 – Université de Lille, Centre National de la Recherche Scientifique, Université de Lille : UMR8198, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR8198 – France

²OGE – Office de Génie Écologique – OGE – Office de Génie Écologique – France

³Conservatoire des Espaces Naturels des Hauts-de-France – Conservatoire des Espaces Naturels Hauts-de-France – France

Résumé

L'agrion de mercure est une espèce d'odonate (Zygoptera) à enjeux de conservation. En effet, ce statut s'explique par le déclin de ses populations en Europe, attribué aux changements d'utilisation des terres. La région strasbourgeoise, où l'agrion de mercure occupe de nombreux cours d'eau, est le théâtre de multiples pressions anthropiques associées à la présence d'espaces urbains, agricoles ou boisés auxquels s'ajoute la construction récente d'une nouvelle infrastructure de transport, l'A355, autoroute de contournement ouest de Strasbourg. Dans ce cadre, une étude de génétique et de génomique des populations a été menée chez l'agrion de Mercure en utilisant un jeu de marqueurs microsatellites et des SNPs, afin de définir (i) les niveaux de diversité génétique intra-populations, (ii) les niveaux de flux de gènes entre populations, (iii) les processus de recolonisation des cours d'eau impactés par la construction de cette nouvelle autoroute. Ces données sont confrontées aux différentes caractéristiques du paysage afin d'inférer les effets cumulés des impacts exercés par l'agriculture, l'urbanisation et les infrastructures sur les niveaux de flux géniques ainsi que sur les niveaux de consanguinité et d'apparentement génétique au sein de ces populations d'agrion de Mercure. L'impact de l'urbanisation est également évalué en comparant les patrons génétiques observés au sein de l'agglomération strasbourgeoise avec ceux d'environnements semi-naturels moins impactés par l'Homme et situés dans la région des Hauts-de-France.

Mots-Clés: diversité génétique, flux géniques, écologie du paysage

*Intervenant

Une approche RAD-seq pour délimiter des espèces dans le complexe *Bactrocera dorsalis* (Diptera, Tephritidae).

Emeline Charbonnel*¹, David Ouvrard², Laure Benoit¹, Mark Schutze³, Melissa Starkie³, Andrea Taddei², Raphaëlle Mouttet², and Marie-Pierre Chapuis¹

¹Centre de Biologie pour la Gestion des Populations – Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement, Institut de Recherche pour le Développement, Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement, Institut Agro Montpellier, Université de Montpellier – France

²ANSES, Laboratoire de la Santé des Végétaux – Ministère de l’alimentation de l’agriculture et de la pêche – France

³Queensland Department of Agriculture and Fisheries – Australie

Résumé

Les invasions biologiques augmentent de façon exponentielle et constituent une menace importante pour la biodiversité, les écosystèmes et l’agriculture. Les progrès du séquençage génomique offrent de nouvelles possibilités d’étudier les voies d’invasion, les mécanismes du succès de l’invasion et les dynamiques du processus de colonisation, afin de mieux gérer les risques d’introduction d’espèces exotiques envahissantes. Le complexe *Bactrocera dorsalis* (au moins 87 espèces) comporte 6 ravageurs ‘invasifs’ majeurs, notamment la mouche orientale des fruits, *B. dorsalis* sensu stricto. La délimitation de certaines espèces au sein de ce complexe est parfois mal établie et il a été démontré que certains taxons sympatriques s’hybrident entre eux. Dans ce cas, le potentiel de la génomique des invasions est limité par les confusions taxonomiques possibles entre les espèces attirées par le même leurre chimique utilisé pour le piégeage. Il est donc nécessaire de mieux comprendre la limite des espèces d’intérêt et d’identifier des marqueurs de diagnostic spécifiques. Dans cette étude, nous avons tout d’abord proposé un protocole impliquant à la fois la morphologie et des données moléculaires standardisées afin d’assigner nos spécimens à une des espèces du complexe. Nous avons ensuite optimisé un protocole de séquençage de l’ADN nucléaire associé à un site de restriction (RAD-Seq) pour générer des ensembles de données SNP précis et de grande taille. Ce protocole a été appliqué à 70 génomes (nucléaires et mitochondriaux) appartenant à 11 espèces attirées par le méthyl-eugénol, dont *B. dorsalis* s.s. En combinant des méthodologies avec ou sans partitionnement *a priori* (analyses de clustering et arbres phylogénétiques), nous avons délimité des groupes génétiques, diagnostiqué des spécimens et reconstruit les relations entre espèces. Ces nouvelles connaissances rendront les futures études de génomique des populations plus fiables et la surveillance des espèces envahissantes du complexe *B. dorsalis* plus efficace.

Mots-Clés: Complexe *Bactrocera dorsalis*, Phylogénie, BestRAD, Séquençage haut débit

*Intervenant

Etude génétique de la population de cerfs rusa invasifs de Nouvelle-Calédonie : implications pour sa gestion

Emilie Berlioz^{*1,2}, Alain Frantz³, Amanda Luttringer³, Christos Kazilas³, and Marc Colyn⁴

¹Laboratoire EvoAdapta, Université de Cantabrie, Santander – Espagne

²Laboratoire de paléontologie, évolution, paléoécosystèmes, paléoprimateologie – Université de Poitiers, CNRS UMR7262 – France

³Musée National d'Histoire Naturelle du Luxembourg – Luxembourg

⁴Université de Rennes 1, Paimpont – CNRS-UMR 6553 – France

Résumé

Les invasions biologiques constituent une menace majeure pour la biodiversité. Elles ont des conséquences particulièrement dévastatrices dans les écosystèmes insulaires. L'archipel de la Nouvelle-Calédonie est considéré comme un point chaud de la biodiversité en raison de la diversité de sa flore indigène.

Le cerf rusa de Java (*Rusa timorensis*) a été introduit sur l'île principale de l'archipel en 1870 et la population compte aujourd'hui plusieurs centaines de milliers d'individus. En détruisant la végétation (incluant des espèces végétales endémiques) et en empêchant son renouvellement, le cerf rusa constitue l'un des facteurs principaux de la déstabilisation et de l'érosion des sols, conduisant à des modifications majeures du réseau hydrique par engravement des cours d'eau. Par ailleurs, les espaces laissés vides par la destruction de la végétation sont rapidement recolonisés par les espèces végétales invasives. Les conséquences sont dramatiques autant du point de vue de l'agriculture que de l'environnement. Cette espèce invasive constitue donc actuellement un objet de préoccupation majeur. Depuis les années 1920, elle est considérée comme une " catastrophe naturelle ".

Afin de pouvoir gérer ce cervidé invasif, il est primordial de comprendre comment celui-ci occupe et utilise le territoire néo-calédonien. Pour ce faire, nous avons étudié sa structure génétique à une large échelle. Nous avons génotypé 628 cerfs rusa à l'aide de 16 marqueurs microsatellites (Fig. 1). Nous avons cherché à identifier les potentielles barrières naturelles aux mouvements des cerfs et à évaluer la connectivité fonctionnelle en optimisant les modèles de résistance du paysage basés sur les individus.

Nos résultats suggèrent que les cerfs rusa forment une seule population génétique sur l'île principale de la Nouvelle-Calédonie. Le modèle d'isolement par distance soutient une dispersion limitée des femelles, alors que les mâles ont des distances de dispersion plus importantes. Nous avons évalué la connectivité fonctionnelle en utilisant différentes distances génétiques et tous les modèles ont donné de mauvais résultats ($mR2 \leq 0,038$). Les caractéristiques du paysage ne modifient donc pas significativement les déplacements des cerfs. Nos résultats

*Intervenant

permettent d'écarter l'hypothèse d'un effet artéfactuel de l'histoire de la colonisation de l'espèce sur ces interprétations.

En mettant en évidence la grande capacité de dispersion de la population invasive de cerfs rusa de Nouvelle-Calédonie, nos résultats soulignent le fait que la gestion de l'espèce à une échelle localisée ne peut malheureusement avoir qu'un impact limité et à court terme. Au contraire, la réflexion doit être menée à l'échelle de l'ensemble de la Grande Terre, au prix d'investissements financiers vraisemblablement très importants. Par ailleurs, le cerf rusa ayant en Nouvelle-Calédonie une importance culturelle et économique majeure, il est loin d'être certain qu'un contrôle à large échelle, même s'il était possible, soit reçu favorablement par les populations.

Mots-Clés: Espèce exotique envahissante, point chaud de la biodiversité, génétique des paysages, gestion de la faune sauvage, *Rusa timorensis*

Évaluation par simulation de méthodes d'inférence de l'introggression adaptative à partir de génomes complets.

Ghislain Camarata*^{1,2}

¹LabEX CeMEB – Université de Montpellier, Labex CEMEB – France

²Centre de Biologie pour la Gestion des Populations – Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – France

Résumé

La compréhension des mécanismes conduisant à l'apparition et à la disparition des espèces, notamment l'interruption, le maintien ou la mise en place de flux géniques entre lignées, représente une problématique majeure de la biologie évolutive. Les études sur cette thématique présentent un intérêt particulier en raison des changements globaux actuels (e.g. fragmentation des habitats, changement climatique), et elles ont bénéficié du développement de méthodes permettant une meilleure caractérisation de l'isolement ou des flux de gènes entre populations à partir de données génomiques. Ces méthodes ont permis de prendre conscience de la fréquence de l'introggression dans l'évolution, soulevant de nombreuses questions sur le cas particulier de l'introggression adaptative (IA). L'IA est l'adaptation permise par des variants acquis grâce au flux de gènes entre espèces, et son rôle et son importance sont encore largement méconnus. Depuis 2017, diverses méthodes visant à identifier des régions génomiques ayant subi de l'IA à partir d'échantillons d'ADN chez différentes espèces ont vu le jour. Ces méthodes ciblent spécifiquement les signatures laissées par l'IA, telles que des variations des patrons d'hétérozygotie, des fréquences alléliques, de la différenciation ou encore du déséquilibres de liaisons le long du génome. Elles s'appuient sur des approches statistiques et mathématiques variées basées sur des statistiques résumantes (Racimo et al, 2017) ou sur les données brutes de séquences, et utilisent notamment des méthodes de scan génomique (Setter et al, 2020), des approches probabilistes (Svedberg et al, 2021), et des méthodes d'inférence par simulation (Gower et al, 2021 et Zhang et al, 2022), pour inférer les régions génomiques sous introggression adaptative chez des espèces proches. Ces méthodes ont été testées quasi exclusivement sur des données humaines (ou des simulations de petits génomes reproduisant ce type de données), se concentrant sur l'introggression par l'Homme de Néandertal et l'Homme de Denisova dans les populations européennes et asiatiques d'humains modernes. Cependant, le comportement de ces méthodes dépend fortement du contexte évolutif, et une synthèse de leurs performances sous différents modèles évolutifs reste à faire. Nous avons donc élaborer un pipeline permettant 1) de simuler des génomes 2) d'appliquer quatre méthodes d'intérêt sur les jeux de données simulés 3) de comparer les prédictions de celles-ci. Nos résultats préliminaires permettent déjà de mettre en évidence quelques faiblesses des méthodes étudiées lorsqu'elles sont utilisées sur des donnée générées à partir de modèles demogénétique différents de ceux utilisés pour les entrainer . Notre pipeline pourra être réutilisé pour des tests plus poussés de la robustesse et de la puissance de ces méthodes.

*Intervenant

Mots-Clés: adaptation, introgression, classification binaire, méthodes d'inférence, génétique des populations

Habitat Opening Fostered Diversity at Both Continental and Local Scales: Impact of Dispersal and Habitat-shifts in the Diversification of a Speciose Afrotropical moth Group

Noémie Hévin^{*1,2,3}, Paul Goldstein⁴, Kwaku Aduse-Poku⁵, Jérôme Barbut⁶, Andrew Mitchell⁷, Alberto Zilli⁸, Anne-Laure Clamens⁹, Claire Capdevielle-Dulac¹⁰, Niklas Wahlberg¹¹, Bruno Le Ru¹², and Gael J. Kergoat⁹

¹Centre de Biologie pour la Gestion des Populations – Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement : UMR1062 – France

²Université de Poitiers – UFR Sciences Fondamentales et Appliquées – France

³Institut des Sciences de l’Evolution de Montpellier – Centre National de la Recherche Scientifique, Université de Montpellier – France

⁴Systematic Entomology Laboratory, USDA, Smithsonian Institution, National Museum of Natural History, PO Box 37012, Washington DC – États-Unis

⁵Department of Life and Earth Sciences, Perimeter College, Georgia State University, Decatur, Georgia – États-Unis

⁶Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité, Muséum national d’Histoire naturelle, Direction des collections, Paris – Muséum National d’Histoire Naturelle (MNHN) – France

⁷Australian Museum Research Institute, 1 William Street, Sydney, NSW 2010 – Australie

⁸Natural History Museum, Life Sciences, DC2-2N, Cromwell Road, SW7 5BD, London – Royaume-Uni

⁹Centre de Biologie pour la Gestion des Populations – Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement – France

¹⁰UMR Evolution, Génomes, Comportement et Ecologie, CNRS, IRD, Université Paris-Saclay, 91272, Gif-sur-Yvette – Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMREvolution, Génomes, Comportement et Ecologie – France

¹¹Department of Biology, Lund University, Lund – Suède

¹²UMR Evolution, Génomes, Comportement et Ecologie, CNRS, IRD, Université Paris-Saclay, 91272, Gif-sur-Yvette, France – Institut de recherche pour le développement [IRD] : UMREvolution, Génomes, Comportement et Ecologie – France

Résumé

The opening of habitats during the Neogene was a significant event that impacted the evolution of biodiversity, particularly in Africa where the largest surface of grasslands and savannas is located. Its influence on species diversification may be investigated at large scales by examining extrinsic factors (Court Jester model; CJ) and at small scales through the consideration of more intrinsic biotic interactions (Red Queen model; RQ). Here, we investigated

*Intervenant

the evolution of noctuid stemborers (Lepidoptera: Noctuidae: Sesamiina), a group of moths mostly associated with open habitats, and which are most diverse in the Afrotropics. We generated a dated molecular phylogeny for 229 stemborer species and further assess the role of habitat opening on the evolutionary trajectory of the group through parametric historical biogeography, ancestral character state estimation, life history traits and habitat dependent diversification analyses. Our results support an origin of stemborers in Southern and East Africa ca. 20 million years ago, with range expansions linked to the increased availability of open habitats that acted as dispersal corridors. At a local scale, the initial specialization on open habitats was maintained over time, with shifts towards closed habitats rare and unidirectional. Analyses of life history traits show that habitat changes led to or at least preceded specific adaptations, such as changes in larval behavior and color. By comparing these findings to those previously inferred for *Bicyclus* butterflies (Lepidoptera: Nymphalidae: Satyrinae) which are mainly distributed in closed habitats, we have recovered almost opposite patterns of diversification, both on a continental and local scale.

Mots-Clés: Afrotropics, climate refugia, Court Jester, historical biogeography, paleoenvironments, rainforests, Red Queen, savannas

L'investissement spermatique répond à la perception du risque de compétition spermatique chez la mouche soldat noire *Hermetia illucens*

Frédéric Manas^{*1}, Carole Labrousse¹, and Christophe Bressac¹

¹Institut de recherche sur la biologie de l'insecte UMR7261 – Université de Tours, Centre National de la Recherche Scientifique – France

Résumé

Chez les espèces polyandres, la compétition entre mâles pour la reproduction se déroule sur deux temporalités. Avant la copulation, les mâles sont en compétition pour l'accès aux femelles. Après la copulation, ce sont les éjaculats de différents mâles qui sont en compétition pour féconder les ovocytes des femelles ; c'est la compétition spermatique. Les différents modèles de compétition spermatique prédisent une plasticité adaptative dans la production ainsi que dans l'allocation des spermatozoïdes des mâles. Ce sont ces prédictions que nous avons testées chez la mouche soldat noire *Hermetia illucens*, un insecte d'élevage dont la biologie est très peu connue malgré ses intérêts économiques pour la bioconversion et l'alimentation animale. Afin de modifier les risques de compétition spermatique perçus par les mâles, deux manipulations ont été réalisées. La première consistait à placer des mâles dans des contextes sociaux différents (seuls ou en groupes de 10), puis d'évaluer leur production de spermatozoïdes. La seconde se déroulait après le début de la copulation ; les couples étaient immédiatement déplacés dans différents contextes de risques de compétition spermatique (cages vides, contenant 10 mâles ou 10 femelles), puis les spermathèques des femelles étaient prélevées afin d'estimer l'allocation de spermatozoïdes réalisée par les mâles. Concernant la production de spermatozoïdes, les mâles en groupes de 10 avaient davantage de spermatozoïdes dans leurs vésicules séminales que les mâles seuls. Quant à l'allocation de spermatozoïdes, les spermathèques des femelles placées dans les groupes de 10 mâles ou 10 femelles présentaient des quantités de spermatozoïdes supérieures à celles placées dans des cages vides. Ces manipulations des risques de compétition ont permis de montrer que la production et l'allocation des spermatozoïdes dépendaient du contexte social chez la mouche soldat noire. Les mâles répondent aux risques de compétition spermatique par un

*Intervenant

plus
fort investissement dans la fabrication et le transfert des spermatozoïdes. L'existence de ces
mécanismes ainsi que leurs effets sur la reproduction soulignent l'importance d'étudier la
biologie
des espèces d'élevage, pour lesquelles la fertilité est essentielle.

Mots-Clés: Reproduction, Insecte d'élevage, Contexte social, Sélection sexuelle, Copulation, Sper-
mathèque

Assessing spatio-temporal variations of woodlice abundance in French agroecosystems, using a citizen science program.

Mathis Dureux^{*1}, Nora Rouillier², Emmanuelle Porcher², and Nicolas Deguines¹

¹Ecologie et biologie des interactions – Université de Poitiers, Centre National de la Recherche Scientifique – France

²Centre d'Ecologie et des Sciences de la COnservation – Museum National d'Histoire Naturelle, Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique – France

Résumé

Declines in biodiversity and biomass measured in European agrosystems for a wide range of taxa threaten ecosystem functioning and ecosystem services. Of particular concern, a recent empirical study highlighted that soil biota and associated ecosystem services provisioning are at stake in intensive agricultural fields. Little is known however on the determinants of woodlice abundance in agroecosystems, in spite of their critical - and complementary from Earthworms' - role in litter decomposition and thus contribution to soil fertility. Here, we address this gap in the literature using a nationwide dataset to investigate whether woodlice abundance in French agrosystems i) is associated to local or landscape variables, and ii) changed over the 2012-2022 period of our dataset.

We relied on data from the citizen science program "Farming Biodiversity Observatory" in which farmers follow a standardised protocol to record abundance of woodlice and other soil taxa. Farmers provide local scale (conditions of observations, crop, field' edges) information and the surrounding landscape (e.g. land use heterogeneity or proportion of hedgerows within 500 m) was characterised using a geographic information system.

Results from our generalised linear mixed-effects model revealed significant effects at both local and landscape scales. Abundance varied between crop types and was lowest in vineyards. In addition, wood presence next to fields was associated with increased woodlice abundance. At the landscape scale, land-use heterogeneity and hedgerows were both positively associated with abundance. Most importantly, our model indicated a significant temporal decline in woodlice abundance.

To our knowledge, this is the first study to investigate spatio-temporal variations in woodlice abundance at large scale. While our results point out a decline in woodlice abundance in French agroecosystems over the past ten years, restoring hedgerows and increasing land use heterogeneity could benefit woodlice populations. To prevent further losses and potential consequences for ecosystem functioning and services, future research should focus on identifying the causes of woodlice abundance erosion.

*Intervenant

Mots-Clés: abundance, agroecosystems, biodiversity, citizen sciences, farmings practices, GLMM, landscape, woodlice

Les petits carabes aux champs mangent aussi bien que les grands

Abel Masson*¹

¹Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes – Université de Rennes, Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement, Institut Agro Rennes ANgers – France

Résumé

Les petits carabes aux champs mangent aussi bien que les grands

Modélisation Bayésienne Hiérarchique combinant les processus de prédation et de digestion pour prédire l’intensité de prédation exercée par une communauté de carabes sur un cortège de proies.

Contexte. Ce travail s’inscrit dans le Programme Prioritaire de Recherche (PPR) Specifics, qui ambitionne de favoriser la transition vers des systèmes de culture sans pesticides et riches en légumineuses à graines. Il porte sur la régulation naturelle des ravageurs principaux de ces cultures par la communauté d’ennemis naturels et particulièrement les coléoptères carabiques. Mesurer et prédire l’intensité du service de régulation à l’échelle des cultures d’un paysage agricole est un défi en agroécologie. Sur le plan fondamental, il s’agit d’éclairer le lien entre biodiversité et services écosystémiques. Sur le plan appliqué, ces connaissances sont nécessaires pour concevoir des systèmes cultivés optimisant les services rendus. L’objectif de ce travail consiste à combiner dans un modèle des données moléculaires acquises au champ (détection de proies dans des prédateurs capturés au champ) et des données de digestion acquises au laboratoire pour évaluer les taux de prédation de la communauté carabique sur les ravageurs, et les disservices associés à la consommation de décomposeurs et d’autres ennemis naturels.

Objectifs. Nous nous intéressons ici à inférer, sur la base de données de détection moléculaire, **l’intensité de prédation (nombre de proies consommées par jour et par carabe)** selon la proie et l’espèce de carabe considérées.

Données. Nous disposons de données moléculaires indiquant la présence/absence d’ADN de 5 types proies dans les contenus stomacaux de carabes capturés aux champs : des ravageurs (pucerons, limaces), des décomposeurs (vers de terre, collemboles) et des ennemis naturels (araignées). Les données moléculaires ont été obtenues par PCR Multiplex. Deux jeux de données seront utilisés pour la calibration du modèle. Dans le premier jeu de données (**digestion**) des carabes capturés ont été nourris avec une proie en particulier et testés à différents temps (entre 0 et 72h) après consommation de la proie. Dans le second jeu de données (**prédation**) des tests de détection des cinq types de proies dans les contenus stomacaux des carabes capturés au champ ont été réalisés.

*Intervenant

Modèle. Le modèle repose sur la combinaison, dans un cadre bayésien hiérarchique, de 3 processus : le **processus de digestion**, qui décrit la dégradation de l'ADN dans le contenu stomacal du carabe, le **processus de prédation** par les carabes au champ, et un **processus d'observation**, qui décrit la comment la combinaison des deux processus précédents détermine la détection moléculaire.

Résultats et Perspectives. L'ajustement a permis d'estimer les intensités de prédation au champ de l'ensemble de la communauté carabique en fonction de son abondance et de sa composition et fournit un proxy du potentiel de régulation des communautés carabiques. Des travaux expérimentaux ou d'analyse sur de nouvelles données sont nécessaires pour valider les prédictions du modèle.

Auteurs et Contributeurs

Abel Masson (1), Yann Tricault (4), Sylvain Poggi (1), Ambre Sacco-Martret de Préville (1), Kevan Rastello (1), Marie-Pierre Etienne (2), Elsa Canard (1) et Manuel Plantegenest (3)

(1) INRAE, UMR IGEPP, Rennes

(2) L'Institut Agro, UMR IRMAR, Rennes

(3) L'Institut Agro, UMR IGEPP, Rennes

(4) L'Institut Agro, UMR IGEPP, Angers

Mots-Clés: Modélisation, Ecologie, Multiplex PCR, Carabes, Régulation Naturelle

Estimer la prédation des prédateurs généralistes en milieu agricole

Pierre Gendron*¹, Elsa Canard , and Manuel Plantegenest

¹Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes – Université de Rennes, Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement, Institut Agro Rennes ANgers – France

Résumé

Background: Pesticides are currently the main tool used to control pests, but their serious side-effects, which have sometimes banned their use, are leading to a need for alternative agronomic techniques. Biological control by conservation could be one of the alternative levers, but the potential for regulation by certain predators, particularly generalist predators, is still poorly understood. It is still difficult to efficiently measure the effect of the environmental context on predation by these predators. The aim of this conference is to discuss the construction and contribution of a predation index for research into the effects of agroecological infrastructures, using the example of predation by generalist predators in sugar beet crops.

Results: The indicator created during our study measures the intensity of predation by a community of generalist predators. It takes into account the frequency of consumption of prey by each predator species (diet composition), its voracity and its abundance in the community. Applied to the study of the effects of flowering or grassy strips, our indicator highlights a variation in effects that differ according to the type of prey and that would have remained invisible if only the total abundance of predators or their diversity had been considered.

Conclusion: We have highlighted the interest in considering the diet and metabolism of predators to predict the intensity of predation at the community level. Further studies would be required to obtain more precise parameter values.

Mots-Clés: Prédateurs généralistes, Interaction, Communauté, Agroécologie

*Intervenant

Caractérisation par métabarcoding des proies de l'exotique envahissant *Obama nungara*, le plathelminthe venu d'Argentine

Mathis Ventura*¹, Shanèze Noël¹, Yoan Fourcade¹, Thomas Lerch¹, Agnes Gigon¹, Lise Dupont¹, and Virginie Roy¹

¹Institut d'écologie et des sciences de l'environnement de Paris – Institut de Recherche pour le Développement, Sorbonne Université, Université Paris-Est Créteil Val-de-Marne - Paris 12, Centre National de la Recherche Scientifique, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement, Université Sorbonne Paris Cité – France

Résumé

Les espèces exotiques envahissantes, de par leur introduction par l'Homme et leur prolifération dans leur nouveau milieu, peuvent être amenées à nuire à la diversité biologique. *Obama nungara* (Platyhelminthes: Geoplanidae), un plathelminthe terrestre originaire d'Argentine, a récemment envahi l'Europe et continue d'étendre son aire d'invasion. Recensé par des programmes de sciences citoyennes dans plus de 70 départements français et principalement détecté dans des environnements fortement anthropisés, ce ver plat est décrit comme un super-prédateur de la faune du sol. Les connaissances concernant son régime alimentaire semblent désigner les vers de terre comme proie majoritaire mais se limitent à des expérimentations en laboratoire. Caractériser la menace potentielle que représente *O. nungara* pour les écosystèmes envahis est d'autant plus nécessaire que les impacts négatifs de la prédation d'autres plathelminthes terrestres invasifs, comme *Arthurdendyus triangulatus*, ont été démontrés sur les populations de vers de terre au Royaume-Uni.

L'identification du régime alimentaire d'une espèce est possible par des techniques moléculaires utilisant le séquençage à haut débit de l'ADN des contenus digestifs. L'une d'entre elles, le métabarcoding, est une approche puissante permettant l'identification taxonomique des espèces consommées. Dans le cadre de cette étude, le métabarcoding des contenus digestifs d'*O. nungara* a été utilisé afin 1) d'évaluer la diversité des espèces et des catégories écologiques de vers de terre consommées et 2) de déterminer d'éventuelles préférences alimentaires, en lien avec l'abondance des proies vers de terre dans les sites envahis. Pour cela, nous avons extrait l'ADN des contenus digestifs de 88 *O. nungara*, collectés lors de campagnes d'échantillonnage en automne 2021 et au printemps 2022, sur 10 sites en France métropolitaine et de 12 témoins, parmi lesquels des *O. nungara* nourris de façon contrôlée en laboratoire.

Le séquençage à haut débit d'un fragment de 70 pb du gène mitochondrial de l'ARN ribosomique 16S ciblant spécifiquement les vers de terre et les enchytréides a permis d'identifier 26 espèces consommées sur l'ensemble des échantillons collectés sur le terrain. La trace d'une à trois espèces de proies a été détectée dans chacun des contenus digestifs, avec quatre espèces

*Intervenant

identifiées majoritairement dans les échantillons: *Eisenia fetida/andrei*, *Aporrectodea trapezoides*, *Lumbricus friendi* et *Lumbricus castaneus* Lignée 1. Sur la base d'un modèle linéaire mixte, nos résultats montrent que les espèces de vers de terre épigées, se nourrissant et vivant en surface, se retrouvent dans des proportions plus élevées dans les contenus digestifs que sur le terrain. Les résultats de cette étude apportent les premières données de terrain concernant la prédation d'*O. nungara*, données nécessaires à l'évaluation des impacts de cette espèce envahissante sur la faune et les fonctions du sol.

Mots-Clés: plathelminthe invasif, métabarcoding, prédation, communautés de vers de terre

Modélisation bayésienne de la dynamique des populations de la tordeuse de la grappe en culture de la vigne

Clément Monaury^{*1}, Jean Belliard², Daciana Papura³, and Manuel Plantegenest²

¹Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement, Institut Agro Rennes Angers – L'Institut Agro, UMR IGEPP, 65 rue de Saint-Brieuc 35042 Rennes cedex – France

²Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement, Institut Agro Rennes Angers – L'Institut Agro, UMR IGEPP, 65 rue de Saint-Brieuc 35042 Rennes cedex – France

³Bordeaux Sciences Agro – Bordeaux Sciences Agro, UMR SAVE, 1 cours du Gal De Gaulle 33175 Gradignan Cedex – France

Résumé

Les populations de tordeuses causent des dégâts importants aux vignes par les déprédations directes qu'elles occasionnent, mais également par leur effet facilitateur pour plusieurs maladies fongiques. Pour lutter contre les tordeuses, les agriculteurs utilisent des pesticides ayant des impacts sur les populations de tordeuses, mais aussi sur leurs ennemis naturels. Parmi ceux-ci, les parasitoïdes sont très présents dans les parcelles et peuvent naturellement réguler les populations de tordeuses. Le projet PARADE s'est donné pour objectif de produire un OAD (Outil d'Aide à la Décision), associant des comptages réalisés sur la première génération de tordeuse et la détection moléculaire du taux de parasitisme, pour aider les agriculteurs à mieux raisonner leurs interventions phytosanitaires. Afin de prédire l'évolution des populations entre la première génération (G1) et la seconde (G2) nous avons développé un modèle hiérarchique bayésien permettant de tirer parti de l'information géographique pour estimer les paramètres démographiques. Plusieurs modèles alternatifs ont été comparés selon leur capacité d'inférence. Les résultats, l'intérêt pratique et les stratégies possibles de déploiement de l'OAD sont discutées.

Mots-Clés: Modèle bayésien hiérarchique, Vigne, Dynamique des populations, Parasitoïde

^{*}Intervenant

Modélisation bayésienne de la dynamique des populations de pucerons sur blé

Cyrielle Moreau*¹, Anne Le Ralec¹, Manuel Plantegenest*¹, and Jean Belliard^{1,2}

¹Institut de Génétique, Environnement et Protection des Plantes – Université de Rennes, Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement, Institut Agro Rennes ANgers – France

²Sante et agroecologie du vignoble – Université de Bordeaux, Institut des Sciences de la Vigne et du Vin (ISVV), Ecole Nationale Supérieure des Sciences Agronomiques de Bordeaux-Aquitaine, Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement – France

Résumé

La protection des cultures de blé contre les pucerons, ravageurs importants des productions céréalières, est cruciale pour garantir des rendements élevés et prévenir les pertes économiques. Cependant, l’utilisation systématique de pesticides pour contrôler ces insectes présente des inconvénients, tels que le développement de résistance aux produits chimiques, les effets néfastes sur l’environnement, sur la santé humaine ou le coût que cela représente pour les agriculteurs. Face à ces problématiques, la lutte biologique par conservation émerge comme une solution plus respectueuse de l’environnement. Cette approche consiste à favoriser la régulation des populations de pucerons par leurs ennemis naturels et notamment les hyménoptères parasitoïdes appartenant aux familles des *Aphelinidae* et des *Braconidae*. Le projet PARADE (PARAsitisme et outil de DEcision pour réduire les usages d’insecticides contre des ravageurs en vigne et en céréales), financé par l’ANR Ecophyto, s’inscrit dans ce contexte. Il vise à développer un outil d’aide à la décision (OAD) permettant d’orienter les agriculteurs dans leur utilisation de pesticides en prenant en compte la régulation naturelle conférée par les parasitoïdes. Pour cela, l’élaboration d’un modèle prédictif de l’évolution des populations de pucerons en culture de blé est nécessaire. Le choix de l’approche bayésienne nous a permis de combiner les connaissances biologiques disponibles et l’information contenue dans des données de terrain. Des données de comptage récoltées sur des parcelles de blé tendre entre 2021 et 2022 et des estimations des taux de parasitisme par détection moléculaire ont permis l’inférence des paramètres et la validation du modèle. Une structure hiérarchique a également été intégrée à ce modèle afin de transférer des informations de l’échelle de la région agricole à celle de la parcelle.

Mots-Clés: Modèle bayésien hiérarchique, ravageurs de cultures, blé tendre, biocontrôle, parasitoïde

*Intervenant

Distribution spatio temporelle des espèces de crevettes dans un système lagunaire Ouest Africain: cas du lac Nokoué et du chenal de Cotonou au Sud du Bénin

Wilfried Sintondji^{*1,2}, Zacharie Zacharie¹, and Emile Didier Fiogbe¹

¹Laboratoire de Recherche sur les Zones Humides, Faculté des Sciences et Techniques, Université d'Abomey-Calavi, 01 BP 526 Cotonou, République du Bénin – Bénin

²Institut de Recherches Halieutiques et Océanologiques du Benin (IRHOB), 03 BP 1665 Cotonou, République du Bénin – Bénin

Résumé

Le but de ce travail, a été d'évaluer la distribution spatiale et temporelle des espèces de crevettes dans le complexe lac Nokoué-chenal de Cotonou. Les résultats d'un an provenant de cinq stations (Nord, Sud, Est, centre et Ouest) du complexe ont révélé des proportions suivantes : *Penaeus notialis* 73,68 %, *Macrobrachium macrobrachion* 13,81 %, *Macrobrachium vollenhovenii* 5,36 %, *Penaeus monodon* 2,68 %, *Macrobrachium felicinum* 2,20 % et *Penaeus kerathurus* 1,72 %, *Macrobrachium zariquieyi* 0,27 %, *Macrobrachium equidens* 0,27 %. Les espèces *M. zariquieyi* et *M. equidens* jamais signalées au Bénin sont retrouvées dans le lac Nokoué. Sur le plan spatial, les *Penaeus* (*Penaeus notialis*) sont plus abondants à l'Ouest (zone de concentration de Acadja), alors que les *Macrobrachium* (*Macrobrachium macrobrachion*) sont plus dominants à l'Est (proche de l'entrée Ouémé) et au Nord (proche de l'entrée Sô) du lac. On retient une forte présence des *Penaeus* dans le complexe lagunaire de janvier à août alors que les *Macrobrachium* sont plus abondants dans le lac Nokoué de septembre à décembre. L'analyse de corrélation de Spearman a révélé que l'augmentation de la salinité, du pH (potentiel d'Hydrogène), la transparence, et le TDS (Taux de Solide Dissous) ont positivement influencé l'abondance des espèces *P. notialis*, *P. kerathurus* ; Alors que l'augmentation de la salinité, du pH (potentiel d'Hydrogène), la transparence, et le TDS (Taux de Solide Dissous) ont négativement influencé l'abondance de l'espèce *Macrobrachium macrobrachion* au seuil de 5 % de significativité.

Mots-Clés: Palaemonidae, Penaeidae, Salinité, crustacés, Migration des crevettes, lac Nokoué Bénin.

*Intervenant

Génétique et écotoxicologie de populations de circaètes Jean-le-Blanc (*Circaetus gallicus*)

Larrue Camille*¹, Eloïse Brillard¹, Thierry Bergès*¹, Frédéric Grandjean¹, Antoine Dupuis¹, and Sandrine Lefeuvre*¹

¹Ecologie et biologie des interactions – Université de Poitiers, Centre National de la Recherche Scientifique – France

Résumé

Le Circaète Jean-le-Blanc (*Circaetus gallicus*) est un aigle de la famille des Accipitridés, dont le régime alimentaire très spécialisé est composé majoritairement de serpents. Cette espèce inscrite sur la Liste rouge des oiseaux du Poitou-Charentes, pâtit de la perte et de la fragmentation de son habitat et de celui de ses proies. Il est donc important d'évaluer l'impact des activités humaines sur cet oiseau. En tant que prédateur, il se trouve au sommet de la pyramide alimentaire, et est donc susceptible d'être impacté par tout ce qui en affecte les différents niveaux.

En effet, les rapaces sont considérés et utilisés comme espèces sentinelles en raison de leur statut de prédateurs. Ils peuvent accumuler des niveaux élevés de pesticides par bioamplification. Ils sont ainsi utilisés dans des programmes de biosurveillance d'écosystèmes en raison également de leur longue durée de vie, et de leur zone d'occupation étendue (exposition dans le temps et l'espace).

L'objectif de cette étude pilote est de procéder à un suivi individuel et longitudinal de circaètes de la Vienne, en tirant parti d'un programme de recensement, orchestré par la LPO, des couples nicheurs dans ce département. Ce suivi comprend à la fois un génotypage des partenaires des différents couples recensés, et un biomonitoring toxicologique individualisé et pluriannuel. Ces analyses génétiques et écotoxicologiques sont réalisées à partir d'un matériel biologique récolté de façon non destructive et non invasive sur les sites de nidification, à savoir des plumes de mue. En effet, celles-ci constituent une source d'ADN permettant d'effectuer un sexage moléculaire et une caractérisation génétique de chaque partenaire de chaque couple nicheur à l'aide de microsatellites (développés dans le cadre de cette étude). Les mêmes plumes de mue ayant servi pour le génotypage peuvent être utilisées pour la recherche de pesticides, permettant d'associer à chaque oiseau un statut de contamination pouvant de surcroît être suivi annuellement, car ces rapaces sont fidèles à leur site de nidification et les plumes, notamment les plumes de vol, sont renouvelées annuellement, pendant la saison de reproduction.

Ainsi, des plumes collectées au pied de 18 nids dans la Vienne ont été sélectionnées. A l'issue de la phase de sexage moléculaire et de génotypage, et pour chaque nid, deux plumes ont été sélectionnées, une pour chaque sexe.

Dans le cadre de cette étude, une méthode de dosage de différentes classes chimiques de

*Intervenant

pesticides présents dans les plumes a été développée et validée selon les normes de l'agence européenne du médicament. Après analyse, quinze pesticides distincts ont été détectés dans les différents échantillons. Le pesticide le plus fréquemment retrouvé est le DDT (dichlorodiphényltrichloroéthane), dont l'usage est interdit dans la plupart des pays depuis les années 70, avec une concentration moyenne de 25,77 pg/mg de plume. Les autres pesticides les plus couramment détectés sont l'Acifluorfen (herbicide), le Clothianidine (insecticide néonicotinoïde) et le Spiroxamine (fongicide). Les résultats ont révélé que les circaètes échantillonnées sont souvent contaminées par des cocktails de pesticides, dont les effets sur leur santé et leur succès reproducteur sont encore inconnus.

Les résultats obtenus au cours de cette étude pilote ont montré qu'il est possible de procéder à un monitoring individualisé du statut de contamination de ces rapaces ophiophages, réalisé en combinant une approche génétique et une approche écotoxicologique, qui plus est basé sur un échantillonnage non invasif. Ce travail va pouvoir être poursuivi avec pour objectif de suivre l'évolution de ces niveaux de contamination par des pesticides en procédant à une étude longitudinale, menée pendant plusieurs années consécutives. Une telle étude permettra d'évaluer indirectement l'état du réseau trophique et du biotope de ces oiseaux sentinelles.

Mots-Clés: génétique, plumes, pesticides, bioaccumulation, exposition

La biodiversité entomologique ancienne, un outil de diagnostic des activités humaines sur les paléoenvironnements : l'exemple de la transition âge du Fer/antiquité Romaine

Jérémy Rollin*^{1,2}, Christophe Bressac*², Philippe Husi¹, and Marie-Pierre Horard¹

¹Cités, Territoires, Environnement et Sociétés – Université de Tours, Centre National de la Recherche Scientifique – France

²Institut de recherche sur la biologie de l'insecte UMR7261 – Université de Tours, Centre National de la Recherche Scientifique – France

Résumé

Durant les dernières décennies, de nombreuses études ont permis de mettre en évidence l'impact de nos pratiques agricoles sur la biodiversité entomologique. Dans une certaine mesure, il est possible d'étudier l'impact des pratiques humaines sur la biodiversité à différentes échelles de temps grâce aux vestiges d'insectes provenant de sites archéologiques. À ce titre, le puits est une structure omniprésente en contexte agropastoral pour l'approvisionnement en eau et constitue une mine d'informations. En effet, la saturation en eau et les conditions anaérobiques permettent de conserver sur la longue durée les éléments organiques qui sont piégés au fond, dont les insectes.

L'étude présentée se focalise sur la fin du second âge du Fer (-130 – 25 BC) comme modèle pour mieux documenter l'évolution de la biodiversité entomologique du passé. Cette période de transition est marquée par l'apparition de nouveaux outils agricoles et de nouvelles méthodes de culture qui vont favoriser une intensification des productions et des échanges commerciaux dans un contexte d'essor démographique. L'objectif de cette étude est de (1) comprendre le piégeage et l'échantillonnage des populations anciennes d'insectes au sein des puits, de (2) décrire les populations anciennes en fonction des différents traits fonctionnels représentés et enfin (3) documenter l'impact écologique de ces changements socio-agricoles. Ces travaux s'appuient sur une stratégie combinant d'une part, l'identification morphologique des vestiges d'insectes accompagnés des méthodes de l'écologie des populations, et d'autre part la paléogénomique à partir de l'ADN sédimentaire ancien.

En comprenant la manière dont les dépôts archéo-entomologiques se forment, cette approche permet aussi bien d'informer sur les modes de production agricole que sur leurs conséquences, à court ou à long terme, quant au fonctionnement des écosystèmes anthropisés tout en approfondissant notre compréhension de la dynamique des relations entre la biodiversité et les pratiques humaines.

Mots-Clés: archéoentomologie, anthropisation, entomologie, agro, pastoralisme, biodiversité, paléoenvironnement

*Intervenant

Les ilots de chaleur urbains et leur évolution au sein de Grand Poitiers

Axel Jame*¹, Charlotte Noizat¹, Elie Morin¹, Yvonnick Guinard², Nicolas Bech¹, and Sophie Beltran-Bech¹

¹Université de Poitiers – CNRS : UMR7295, CNRS : UMR7267 – France

²Grand Poitiers – Grand Poitiers – France

Résumé

A l'heure où les populations connaissent une évolution démographique sans précédent, les villes se doivent d'accueillir une population urbaine grandissante. L'étalement urbain entraîne la perte progressive des espaces verts favorisant la formation d'ilots de chaleurs urbains (ICU). Notre étude vise à comparer et coupler deux méthodes (en libre accès) destinées à localiser puis caractériser les ICU au sein de la communauté urbaine de Grand Poitiers (GPCU) (France). La première méthode est implémentée dans le logiciel *Invest 3.8.7* et prend en compte plusieurs paramètres tels que l'albédo, l'évapotranspiration, l'ombre des arbres de plus de 2m et l'occupation du sol afin de fournir un indice d'atténuation de la chaleur (i.e. HMI) et donc de modéliser la répartition des ICU, en particulier durant la période estivale durant laquelle les températures sont plus chaudes. La distribution spatiale des valeurs de HMI est ensuite comparée aux données de températures enregistrées par les satellites du programme *Landsat* (LST). La compilation des deux méthodes et bases de données permet ainsi d'identifier, de façon fiable, les ICU au sein de notre zone d'étude (i.e. GPCU) et de les caractériser. Dans un deuxième temps, nous appliquons cette approche sur une cartographie de 1993 afin d'estimer l'évolution spatio-temporelle des ICU par rapport à aujourd'hui. Nous pouvons nous attendre à ce que la perte d'espaces verts et l'artificialisation des sols soient corrélées à la formation des ilots de chaleurs urbains. Lors de cette présentation, nous vous présenterons nos résultats et ses perspectives puisque notre approche pourrait aider à l'orientation des plans d'urbanisme et être répliquée sur d'autres villes afin d'améliorer leur potentiel d'atténuation et de rafraîchissement des ICU.

Mots-Clés: Ilots de chaleur urbain, HMI, Landsat, température, évolution spatio, temporelle.

*Intervenant

Patrons de contamination aux pesticides des poussins de Busard cendré (*Circus pygargus*)

Elva Fuentes*¹, Jérôme Moreau², Anaïs Rodrigues³, Maurice Millet³, Vincent Bretagnolle¹, and Karine Monceau¹

¹Centre d'Études Biologiques de Chizé - UMR 7372 – La Rochelle Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – France

²Écologie Évolutive [UMR 6282 Biogéosciences] – Biogéosciences [UMR 6282] – France

³Institut de chimie et procédés pour l'énergie, l'environnement et la santé – université de Strasbourg, Institut de Chimie du CNRS, Centre National de la Recherche Scientifique, Matériaux et Nanosciences Grand-Est – France

Résumé

Depuis des décennies, le biomonitoring de contaminants dans les environnements naturels a été mené en utilisant les espèces aviaires. En effet, les oiseaux présentent de multiples avantages dans ce contexte puisqu'ils couvrent diverses positions dans la chaîne trophique et sont relativement faciles à échantillonner. Les œufs et les plumes ont été amplement utilisés dans le cadre de programmes de suivis des contaminations au mercure et autres métaux lourds. Le prélèvement de ces matrices a pour avantage d'être peu invasif pour déterminer les niveaux de contamination des individus et donc du site de prélèvement. Cependant, il a souvent été reproché à ces études la temporalité des matrices analysées car certaines reflètent une contamination passée, masquant ainsi des contaminations environnementales récentes. Récemment, le dosage de contaminants dans le sang a reçu une plus grande attention notamment parce qu'il est supposé refléter une exposition à plus ou moins court terme. Bien que cette matrice permette d'avoir une image de la contamination de l'environnement des individus à une échelle temporelle restreinte, peu de recherches portent sur la contamination aux pesticides dans le sang d'oiseaux sauvages, particulièrement des rapaces. Ces espèces sont d'intéressants modèles pour le biomonitoring car étant au sommet de la chaîne alimentaire, elles peuvent faire l'objet de biomagnification de multiples composés, comme cela a été démontré avec les rodenticides. Dans ce contexte, le Busard cendré (*Circus pygargus*) est un bon candidat pour le biomonitoring des pesticides *in natura*. En effet, ce rapace nichant au sol dans les parcelles agricoles, les œufs et poussins sont directement exposés aux contaminations locales. Le but de notre étude est de déterminer les patrons de contamination aux pesticides des poussins de Busard cendré au sein de la Zone Atelier Plaine et Val de Sèvres (ZAPVS), un site de 450 km² dédié principalement à la céréaliculture intensive. La méthode analytique de dosage des pesticides a permis de rechercher parmi 104 pesticides, les composés présents dans le sang des 55 poussins répartis dans 22 nids échantillonnés en 2021. Tous les individus présentaient au moins un pesticide dans leur sang avec un maximum de 16 molécules différentes retrouvées chez un même individu. Certains composés étaient présents dans la majorité des individus, comme le sulcotrione, un herbicide largement employé dans les grandes cultures en France (céréales, colza, maïs, tournesol), détecté chez 96%

*Intervenant

des individus (Limite de détection (LD) à 0,002 pg. μ L⁻¹ et Limite de Quantification (LQ) à 0,007 pg. μ L⁻¹). Parmi les pesticides détectés, plus de la moitié d'entre eux étaient interdits au moment du prélèvement de sang des poussins, comme le Tébutam interdit en 2002 en France et retrouvé chez 43% des poussins (LD à 0,053 pg. μ L⁻¹ et LQ à 0,175 pg. μ L⁻¹). L'ensemble de nos résultats démontre une contamination importante des poussins de Busard cendré après seulement 28 jours au sein des parcelles agricoles et questionne la persistance de ces molécules dans l'environnement mais aussi les voies d'expositions. Dans un contexte de santé unique (*OneHealth*), le biomonitoring des pesticides *via* le sang d'oiseaux sauvages tels que le Busard cendré permet de révéler les niveaux de contamination de l'agroécosystème et donc l'exposition potentielle de l'Homme à ces composés.

Mots-Clés: molécules interdites, nids, rapace, sang

Peut-on utiliser des champignons pathogènes pour contrôler les adventices?

Nathan Romaszko*¹, Judith Legrand¹, Adrienne Ressayre¹, Nathalie Galic¹, Meihano Freibault¹, and Jayce Belessort¹

¹Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon (Génétique Végétale) – AgroParisTech, Université Paris-Saclay, Centre National de la Recherche Scientifique, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – France

Résumé

Le biocontrôle consiste à utiliser un agent biologique pour lutter contre un bioagresseur. C'est une des alternatives à la lutte chimique et mécanique qui pourrait permettre de limiter la pollution et les dégâts sur les sols et les écosystèmes communément associés à la gestion agricole. Les méthodes de biocontrôle sont variées et en développement constant, mais jusqu'ici peu d'entre elles sont disponibles pour la gestion des adventices non-exotiques.

Dans ce cadre, nous étudions la possibilité d'utiliser la rouille *Puccinia polygoni* pour contrôler les populations de la liane adventice *Fallopia convolvulus*, la renouée liseron. De spectaculaires infections de cette rouille ont été observées sur les populations de *F. convolvulus* présentes dans des parcelles expérimentales sur le Plateau de Saclay. Cependant, les épidémies naturelles arrivent trop tard dans la saison pour limiter l'impact de la renouée sur le maïs. Pour son utilisation en tant qu'agent de lutte biologique, il serait nécessaire de pouvoir inoculer la rouille sur la renouée liseron plus tôt dans la saison et de déclencher des épidémies plus précoces.

Ce projet mène en parallèle des approches de modélisation et expérimentales aussi bien au laboratoire qu'au champ. L'objectif est de comprendre l'impact de la rouille sur la dynamique des populations de renouées et ainsi de déterminer la faisabilité et la date optimale d'une inoculation artificielle de rouille. Cela permettrait de contrôler les populations de renouées en début de cycle afin de limiter la compétition avec le maïs.

Cette communication s'intéressera en particulier à l'axe de modélisation du projet. L'objectif a été de produire un modèle de la dynamique de biomasse végétale ainsi que de la dynamique épidémique. Cela a permis de faire ressortir les lacunes existantes dans la littérature quant à la description des différents éléments de ce système (plantes et pathogènes), et d'orienter les observations de terrain.

Mots-Clés: Biocontrôle, Modélisation, Épidémiologie végétale, *Fallopia convolvulus*, *Puccinia polygoni*

*Intervenant

Rôle de la synchronie plante-ravageur sur le succès des ravageurs : le cas du lépidoptère foreur de tige du maïs *Ostrinia nubilalis*.

Sacha Revillon^{*1}, Christine Dillmann¹, Nathalie Galic¹, Cyril Bauland¹, Carine Pallafre², Rosana Malvar³, Ana Butron³, Francois Rebaudo⁴, and Judith Legrand¹

¹Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon (Génétique Végétale) – AgroParisTech, Université Paris-Saclay, Centre National de la Recherche Scientifique, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – France

²Unité expérimentale du maïs – Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – France

³Mision Biologica de Galicia – Espagne

⁴Évolution, Génomes, Comportement et Écologie – Institut de Recherche pour le Développement, Université Paris-Saclay, Centre National de la Recherche Scientifique – France

Résumé

Dans un objectif de limitation de l'usage de produits phytosanitaires pour le contrôle des ravageurs des cultures, le rôle de la phénologie dans les interactions plante-ravageur peut être exploré pour proposer des stratégies innovantes de protection des cultures. Les interactions entre espèces dépendent de leur présence respective en un même lieu et à des états physiologiques spécifiques. Au sein d'une parcelle agricole, l'adéquation du stade de développement d'un insecte herbivore et de celui de sa plante hôte va être déterminant pour permettre ces interactions. Par exemple, la plante hôte peut être un lieu de ponte pour les stades reproducteurs du ravageur ainsi qu'une ressource pour les stades phytophages du ravageur. Ainsi, le calage entre la phénologie d'un ravageur et de son hôte, potentiellement variable d'une saison à l'autre, peut impacter leurs interactions. Ces interactions sont également impactées par les stratégies de défense des plantes contre les ravageurs mises en place au cours de la co-évolution plante-ravageur. Ces défenses peuvent varier au cours du développement de la plante hôte par leur nature (chimique, physique) ainsi que leur intensité. Elles peuvent également varier au sein de l'espèce hôte et être liées à sa phénologie du fait de l'existence d'un compromis entre croissance et défense. Ainsi, on peut s'attendre à des différences dans la dynamique d'acquisition des défenses au sein d'une espèce entre les individus à développement rapide (ex : floraison précoce) et les individus à développement lent (ex : floraison tardive). Lors de son développement, le ravageur peut alors être confronté à des plantes hôtes ayant des niveaux de défenses variables. On peut donc se demander si la dynamique d'attaque des plantes par un ravageur dépend de son stade de développement à l'arrivée du ravageur et de sa phénologie. Plus précisément, l'effet du caractère précoce/tardif de la plante hôte sur le succès du ravageur dépend-il du calage entre la phénologie des plantes et des ravageurs?

Dans ce cadre, nous avons étudié l'impact de la synchronie entre la phénologie du maïs

*Intervenant

et la phénologie de la pyrale du maïs (*Ostrinia nubilalis*, Lepidoptera: Pyralidae ; ECB), un ravageur majeur du maïs en Europe. Dans le but de décomposer les effets propres de la phénologie et de les différencier des autres effets de sensibilité des lignées de maïs sur le succès du ravageur, une expérience au champ sur 23 lignées pures de maïs a été réalisée sur le plateau de Saclay (Ile-de-France, France), en 2021 et 2022. Le matériel végétal est composé de 19 lignées provenant d'un panel public représentant la diversité génétique du maïs ainsi que de deux couples de lignées issues d'une expérience de sélection divergente pour la date de floraison. Afin d'exposer la pyrale à différents stades phénologiques du maïs, chaque lignée a été semée à trois dates différentes. Pour chaque lignée, six rangs de 25 plantes ont été semés. Le développement des plantes et la dynamique d'infestation naturelle des ravageurs ont été documentés tout au long de chaque saison.

Les deux saisons contrastées vis-à-vis des conditions climatiques (des vagues de froid et des excédents de pluie en 2021, une canicule et une forte sécheresse en 2022) ont donné lieu à des écarts phénologiques sur les deux années d'expérimentation. Cela s'est notamment observé par la présence d'une génération de pyrale observée en 2021 contre deux en 2022. Le bi-voltinisme des pyrales en 2022 a donné lieu à deux périodes d'infestation correspondant respectivement à la première puis à la seconde génération de ravageurs contre une période d'infestation en 2021 plus largement étendue sur la saison. Les dynamiques d'attaque de la pyrale se différencient essentiellement par la date de début d'infestation ainsi que l'intensité de celle-ci. Pour les deux années, le premier semis a été en moyenne attaqué plus tardivement que le dernier semis (de l'ordre de 7 jours en 2021 et 10 jours en 2022). En 2022, le dernier semis a été en moyenne plus attaqué que les deux premiers (32 % de plantes attaquées pour les deux premiers semis contre 55 % pour le dernier). Des différences dans les dynamiques d'infestation entre les lignées ont aussi été observées. Pour les deux années d'expérimentation, on observe une corrélation positive entre la proportion finale de plantes attaquées et la date de floraison (de 41 % à 57 % en fonction du semis en 2021, de 14% à 75 % en fonction du semis en 2022). De plus, en 2022 on observe que les lignées précoces sont moins attaquées par la seconde génération de ravageur alors que les lignées tardives ont tendance à être sensibles aux deux générations. Ces résultats soulignent l'importance de la synchronie de la phénologie du ravageur avec celui de sa plante hôte. D'une part, le stade de développement plus avancé des plantes du premier semis est apparu moins favorable à l'infestation par la pyrale. D'autre part, le stade de développement plus avancé des lignées précoces que celui des lignées tardives est apparu aussi moins favorable à l'infestation par la pyrale. Les lignées précoces sont plus défendues quelle que soit la date de semis et la génération de ravageur. Cela tendrait à dire que la croissance des défenses au cours du développement est plus déterminante que le compromis croissance défense pour la dynamique d'attaque.

Ainsi, combiner des semis précoces avec l'utilisation de variétés tolérantes pourrait être une stratégie à explorer pour minimiser l'impact des ravageurs.

Mots-Clés: synchronie des phénologies, interactions plante, ravageur, foreur de tige du maïs, dynamique d'attaque du ravageur

Des interactions plantes - plantes parasites à l'origine des changements de plantes hôtes des charançons Smicronychini (Curculionidae)

Benjamin Zelvelde^{*1}, Julien Haran¹, Rémi Allio¹, and Gael J. Kergoat¹

¹Centre de Biologie pour la Gestion des Populations – Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement, Institut de Recherche pour le Développement, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement, Institut Agro Montpellier, Université de Montpellier – France

Résumé

L'extrême diversité des insectes phytophages est généralement attribuée à leurs interactions avec les plantes. De nombreuses études ont en effet montré des événements de diversification entre des lignées d'insectes et de plantes entretenant des interactions à long terme. En outre, on sait que les insectes peuvent se diversifier grâce à des changements de plantes hôtes, un patron censément facilité par une course aux armements entre les défenses des plantes et les adaptations spécifiques des insectes phytophages. Bien que ces changements soient souvent facilités au sein d'une même famille de plantes, ils peuvent occasionnellement impliquer de nouvelles familles. Cependant, la plupart des études qui ont examiné les opportunités évolutives menant à des transitions entre familles distantes concernent des interactions relativement simples. Dans cette étude, nous nous sommes intéressés à l'évolution des charançons (Curculionoidea) appartenant à la tribu des Smicronychini. Ces charançons sont connus pour s'attaquer à la fois à des plantes parasites et non-parasites appartenant à des familles botaniques différentes. Grâce à des reconstructions phylogénétiques basées sur des centaines de marqueurs AHE ("Anchored hybrid enrichment"), des greffes phylogénétiques et des estimations de caractères ancestraux, nous avons montré que les interactions parasitaires entre différentes familles de plantes ont facilité la colonisation de nouvelles plantes hôtes de ces charançons. Il s'agit du premier cas décrit de changement de plante hôte d'un insecte par le biais d'interactions plante - plante parasite.

Mots-Clés: charançons, insectes phytophages, facilitation, plantes hôtes, plantes parasites, phylogénomique, sauts d'hôtes

^{*}Intervenant

Présentations affichées



Étude de l'effet du climat sur le développement du maïs et évolution de ces relations chez des lignées sélectionnées pour leur date de floraison

Romain Benoist , Jessica Tressou , Adrienne Ressayre , Christine Dillmann , and Elodie Marchadier*¹

¹Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon (Génétique Végétale) – AgroParisTech, Université Paris-Saclay, Centre National de la Recherche Scientifique, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – France

Résumé

La compréhension de l'effet du climat sur le développement des organismes est un enjeu majeur dans le contexte de changement climatique actuel. Il joue un rôle déterminant dans la sélection naturelle mais également dans la sélection artificielle opérée par l'homme sur les espèces d'intérêt agronomique. Tout laisse à penser que les individus sélectionnés dans un climat donné pourraient voir leurs relations avec l'environnement évoluer et avoir une capacité limitée à se développer dans des environnements différents.

Dans ce travail, nous nous sommes intéressés à l'effet de différentes variables climatiques sur la date de floraison, la hauteur des plantes et leur rendement sur deux lignées de maïs. Contrairement aux modèles de cultures classiques, nous avons utilisé ici une approche sans a priori sur les fenêtres temporelles et variables climatiques considérées. Celles-ci ont été identifiées par une méthode de régression fonctionnelle appliquée à plus de 20 années de données climatiques et phénotypiques recueillies sur deux lignées. Elle permet de valider des effets connus de certaines variables mais également d'en identifier de nouvelles.

Depuis 1997, une expérience de sélection divergente pour la date de floraison du maïs est en cours sur le plateau de Saclay à partir de ces lignées : chaque année, les plantes les plus précoces/tardives sont sélectionnées et autofécondées. Après plus de 20 ans de sélection, on observe jusqu'à deux semaines de décalage de floraison entre lignées divergentes ce qui démontre une réponse à la sélection et la capacité du maïs à s'adapter à une pression de sélection sur quelques générations. L'approche de régression fonctionnelle a également été appliquée aux familles précoces et tardives sélectionnées dans le cadre de cette expérience et permet d'émettre des hypothèses sur l'évolution de la sensibilité à l'environnement des familles sélectionnées.

Mots-Clés: environnement, maïs, sélection, floraison, climat, interactions génotype x environnement

*Intervenant

L'évolution contemporaine chez les oiseaux marins

Timothée Bonnet*¹

¹Centre d'Études Biologiques de Chizé - UMR 7372 – Centre National de la Recherche Scientifique –
France

Résumé

L'évolution génétique en réponse à la sélection naturelle peut causer des changements adaptatifs sur une poignée de générations. En théorie ces changements pourraient modifier les propriétés écologiques et la démographie des populations, en particulier donner lieu au phénomène de rescousse évolutive. Cependant il reste très difficile de quantifier l'évolution contemporaine et de comprendre ses causes dans la nature, du fait notamment d'un manque de données. Je présente ici mes projets à moyen terme pour quantifier l'importance de l'évolution contemporaine chez les oiseaux marins subantarctiques. Je cherche à combiner des suivis à long-terme de populations d'oiseaux marins avec des données génomiques individuelles afin d'augmenter la puissance statistique, le nombre de traits, et le nombre de populations pour lesquelles on peut inférer l'évolution récente. Ces données pourraient également permettre de quantifier les valeurs sélective individuelle, et aider à lier l'évolution récente et la démographie.

Mots-Clés: oiseaux marins, génétique quantitative, démographie, évolution contemporaine, sélection naturelle

*Intervenant

Caractérisation génétique et écologique des provenances de chênes du limousin au sein de leur complexe d'espèces : application à la gestion et à la conservation des ressources forestières du futur.

Arnaud Chevalier-Mairet*¹, Camille Lepoittevin¹, Didier Bert¹, Loïc Nicolas², Manuel Nicolas³, Baptiste Loiseau⁴, Jean-Charles Mathurin⁴, and Pauline Garnier-Gere*¹

¹UMR BIOGECO – INRAE – France

²Agence ONF Berry Bourbonnais – Office National des Forêts - ONF (FRANCE) – France

³Département ONF RDI – Office National des Forêts - ONF (FRANCE) – France

⁴Rémy-Martin – Entreprise privée – France

Résumé

Quercus robur et *Q. petraea* sont deux espèces proches génétiquement qui dominent de nombreuses forêts Européennes (et environ 25% des forêts françaises en surface), et représentent des intérêts culturels, économiques et écologiques majeurs. Cependant, l'observation de dépérissements récurrents dans des chênaies au cours des dernières décennies soulève de nombreuses questions quant à leur résilience face à des pressions de sélection abiotiques et biotiques croissantes. Un enjeu majeur est donc de mieux comprendre quel est le potentiel d'adaptation de ces espèces face à ces pressions. Il est pour cela nécessaire de caractériser la structure et l'importance de la diversité génétique à différentes échelles spatiales et aux échelles évolutives intra- et inter-espèces. Or, ces connaissances font défaut pour les chênes de nombreuses régions d'Europe potentiellement vulnérables aux sécheresses futures. Par exemple, pour les chênes de la région du Limousin, le bois de *Q. robur* est recherché pour ses teneurs élevées en ellagitannins, dans les industries de la tonnellerie et des spiritueux. Afin de répondre aux questions de l'adaptation future de ces espèces, une collaboration étroite avec des gestionnaires des forêts publiques (ONF, IGN, DSF, réseau RENECOFOR), des propriétaires forestiers, et des acteurs de la filière bois de tonnellerie, nous permet d'aborder l'étude de la variation génétique en intégrant des données phénotypiques, génomiques et environnementales.

Nous avons échantillonné ces 2 espèces dans plus de 30 sites représentant une grande variété de conditions climatiques et écologiques, incluant des régions rarement étudiées ou absentes d'études génétiques précédentes, et aussi des sites des marges de l'aire de distribution de l'espèce (Nord de l'Espagne, Nord de l'Ecosse, et Croatie). Des mesures et des échantillons de matériel végétal ont été collectés sur plus de 600 arbres, dont 400 proviennent des régions du Limousin, du Sud-Ouest, et de Poitou-Charentes principalement. Ce projet de thèse s'articule autour de trois objectifs :

(i) Réaliser une analyse comparative de la variabilité de traits de croissance, historique et/ou récente, entre populations de chênes Européens, en testant ses liens potentiels avec

*Intervenant

de nombreux facteurs écologiques. Quels sont les déterminants spatiaux et temporels de cette variabilité ? Comment est-elle distribuée ? Les patrons de variation observés entre régions sont-ils différents entre *Q. robur* et *petraea*? Quels sont les facteurs climatiques et écologiques qui expliquent le mieux la variabilité observée? Pour répondre à ces questions, nous valorisons deux types de données (phénotypiques et environnementales) collectées dans des parcelles d'inventaires forestiers nationaux (par ex. Géoportail, <https://inventaire-forestier.ign.fr/dataifn/>), en lien avec des données climatiques (par. Ex., Eumedclim, Fréjaville et Benito-Garzon 2018), et la littérature. En France, plus de 200 000 chênes sessiles et pédonculés ont été mesurés entre 2005 et 2021, l'âge de ces arbres et plusieurs traits de croissance (hauteur, circonférence à 1.3 m, largeurs moyennes de tous les cerne ou des cinq derniers représentant le " grain ") étant disponibles pour environ 25% d'entre eux. En France, la stratégie de choix des régions s'appuie sur la nomenclature en sylvoécorégions (SER) du Géoportail, et sur l'approche de Kebli et al. (2022) qui a identifié des régions à enjeux de production (selon les quantités de volumes de bois disponibles) et de vulnérabilité (selon des modèles d'estimation de surmortalité sous des climats futurs) plus ou moins importants. Des premiers résultats d'analyses en composantes principales (ACP) montrent que la variation des conditions climatiques entre grandes régions forestières s'organise selon trois axes principaux (respectivement $\sim 40\%$, $\sim 27\%$ et $\sim 23\%$ de la variation expliquée). Ces ACP sont réalisées sur ~ 30000 arbres caractérisés par leur localisation géographique et altitude, et une dizaine de variables climatiques moyennes sur différentes périodes anciennes ou plus récentes (par ex., moyennes annuelles et saisonnières de températures, de précipitations, bilans hydriques). La structure entre grandes régions écologiques est remarquable, mais dépend de la distance entre barycentres des régions et leurs zones de chevauchement selon les différents axes. Les patrons observés sont assez robustes aux périodes et sous-échantillonnages considérés : les variables climatiques les plus corrélées positivement aux axes sont le bilan hydrique annuel moyen (précipitations annuelles moins potentiel d'évapotranspiration annuel, axe 1), les précipitations d'hiver et d'automne (axes 1 et 2), les températures moyennes d'hiver et de printemps (axe 2), les précipitations d'été (axe 3), et l'altitude (axes 2 et 3 (avec une relation négative)). On observe un éventail de conditions climatiques au sein de la région du Limousin relativement plus large en comparaison d'autres régions (par ex, Sud-Ouest et Nord), avec des sous-régions présentant des conditions moins arides que d'autres grandes régions forestières, à la fois au printemps et en été. Pour chaque espèce, nous avons isolé la part des traits de croissance non liée aux effets de l'âge des individus par des modèles additifs généralisés. On observe que les 3 axes principaux expliquent de façon cumulative et significative entre $\sim 5\%$ et $\sim 11\%$ de la variation des différents traits selon l'espèce ou la période. Ceci suggère l'importance des variables climatiques associées dans l'expression de la croissance des chênes, en combinaison probable avec d'autres facteurs qui seront testés dans des modèles plus complexes.

(ii) Approfondir l'étude rétrospective de la croissance des populations de chênes du Limousin grâce aux modèles de la dendrochronologie. Cette étude repose sur ~ 200 disques de bois d'individus répartis sur une dizaine de sites de deux sous-régions du Limousin, ainsi que sur carottes de bois provenant du Sud-Ouest et des Pays-de-Loire en France pour inclure et comparer des régions plus distantes et contrastées écologiquement. Chaque cerne de croissance annuel est identifié, mesuré et daté, afin de tester les corrélations entre évolution de la croissance et variations climatiques au cours du temps, de mieux caractériser l'impact de sécheresses passées ou plus récentes, et d'explorer les prédictions sur la croissance des arbres pour des climats futurs.

(iii) Etudier la différenciation le long du génome des chênes Limousin au sein de leur complexe d'espèces (entre paires de populations européennes au sein de chaque espèce ? entre espèces à différentes échelles spatiales ?) grâce à des méthodes de génomique des populations, en se basant sur une combinaison de données moléculaires de populations représentatives d'un gradient climatique Sud-Nord, en pools (35) ou génomes individuels (300). Ces méthodes permettront notamment a) de quantifier l'introggression entre espèces et sa variation dans les nouveaux peuplements étudiés, b) d'identifier la présence de régions du génome potentiellement impliquées dans la divergence adaptative entre populations, en lien avec des tests d'associations génotype-environnement, ou bien c) de cibler des gènes impliqués dans

l'expression de composés chimiques d'intérêt (par exemple les ellagitanins) et d'étudier leurs patrons de diversité nucléotidiques.

Les connaissances attendues sur l'adaptation de ces espèces aux variations environnementales actuelles et prédites à l'avenir devraient permettre de mieux appréhender la gestion et le renouvellement durable des peuplements forestiers au sein de différentes régions à enjeux de production.

Références

Fréjaville T, Benito Garzón M. 2018. The EuMedClim Database: yearly climate data (1901–2014) of 1 km resolution grids for Europe and the Mediterranean basin. *Frontiers in Ecology and Evolution* 6: <https://doi.org/10.3389/fevo.2018.00031>

Kebli H, Perrier C, Riou-Nivert P, Rousselle Y, Legay M, Morneau F (2022). Comment déterminer l'exposition aux changements climatiques des zones de production forestière française? Méthodologie utilisée dans le projet ESPERENSE pour cibler les zones d'intérêt pour l'installation d'essais de comparaison d'essences et de provenances. *Revue Forestière française*, Vol 73 (5) :523-540. <https://doi.org/10.20870/revforfr.2021.7104>

Mots-Clés: *Quercus robur*, *Quercus petraea*, potentiel d'adaptation, traits de croissance, facteurs écologiques, dendrochronologie, génomique des populations

Changeons notre regard sur le mullet porc, le plus commun mais délaissé des poissons migrateurs amphihalins

Thibault Dindart^{*1,2}, Eric Rochard^{*1,2}, Laurent Beaulaton^{*2}, Cedric Briand³, Laure Carassou^{1,2}, and Jean-Dominique Durand⁴

¹Ecosystèmes aquatiques et changements globaux – Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement – France

²Pôle OFB-INRAE-Institut Agro-UPPA pour la gestion des migrateurs amphihalins dans leur environnement – Université de Pau et des Pays de l’Adour, Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement, Office français de la biodiversité, Institut Agro Rennes ANgers – France

³EPTB Vilaine – EPTB Vilaine – France

⁴MARine Biodiversity Exploitation and Conservation – Institut de Recherche pour le Développement, Institut français de Recherche pour l’Exploitation de la Mer, Centre National de la Recherche Scientifique, Université de Montpellier – France

Résumé

Le mullet porc *Chelon ramada* est un mugilidé migrateur thalassotoque abondant dans de nombreux estuaires et fleuves français (Keith, 2020). Considéré jusqu’à lors comme de peu d’intérêt par les pêcheurs amateurs ou commerciaux, il n’est pas pris en compte par les Cogepomis. De plus, l’UICN le classe en ” préoccupation mineure ”. Suite à la raréfaction de plusieurs espèces migratrices plus prisées (ex. grande alose, lamproie marine), des reports d’effort de pêche ont été observés sur le mullet. Cependant, de nombreuses inconnues demeurent chez cette famille.

Mots-Clés: Mulets, Ecologie, distribution géographique, synthèse, Europe, France

*Intervenant

Spatial variation of effective population size in the endangered southern damselfly *Coenagrion mercuriale*.

Fabien Duez^{*1}, Agathe Leveque¹, Vincent Vignon, Cécile Godé¹, Clément Mazoyer¹, Cédric Vanappelghem, Anne Duputié¹, and Jean-François Arnaud¹

¹Évolution, Écologie et Paléontologie (Evo-Eco-Paleo) - UMR 8198 – Université de Lille, Centre National de la Recherche Scientifique, Université de Lille : UMR8198, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR8198 – France

Résumé

Effective population size (N_e) can be defined as the size of an idealized population that would show the same amount of genetic drift or inbreeding as the population under consideration. As it reflects the number of breeding individuals, N_e is usually smaller than the census population size N of a real population. This estimator is then of crucial importance for population and species conservation and management. Indeed, inbreeding or the loss of genetic diversity depend on the effective population size rather than on the actual number of individuals in the population. In this context, this study focuses on the estimation of N_e in an endangered emblematic species, the southern damselfly, *Coenagrion mercuriale*.

The southern damselfly is considered as an endangered freshwater insect species because of its decline in eastern Europe. Nowadays, the species is widely distributed in western Europe with a northern limit in northern France/southern England. In the present study, we focus our attention on two different regions: (1) the metropole of Strasbourg, located in the centre of the species geographical range, where the species can be found in anthropized areas and, (2) northern western France where populations are more scattered but located in semi-natural habitats.

We analysed the spatial variation of effective population size in these two different areas using two different estimators of N_e , both based on the genotyping of a set of microsatellite loci. First, we estimated the effective population size using linkage disequilibrium, using a single-sample estimator which was applied to 95 populations. In addition, for a subset of 42 populations sampled over two generations, we estimated N_e using the variance of allelic frequencies over time. Results are discussed to better assess potential conservation management strategies.

Mots-Clés: effective population size, Odonata, conservation biology, microsatellites

*Intervenant

Interaction plante-microbiome: la phénologie du maïs impacte-t-elle la dynamique du microbiome rhizosphérique?

Judith Legrand^{*1}, Philippe Deschamps², Martine Le Guilloux¹, Purificación Lopez-Garcia², and Maud Tenaillon¹

¹Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon – Université Paris-Saclay, INRAE, CNRS, AgroParisTech, GQE - Le Moulon, 91190, Gif-sur-Yvette, France. – France

²Ecologie Systématique et Evolution – Université Paris-Saclay, CNRS, AgroParisTech, Ecologie Systématique et Evolution, 91190, Gif-sur-Yvette, France. – France

Résumé

Le microbiome des plantes et notamment de la rhizosphère est impliquée dans plusieurs processus au cours du développement de la plante comme l'absorption des nutriments par la plante ou la résistance aux stress biotiques ou abiotiques. Ainsi, le rhizobiome peut impacter le développement et la phénologie de la plante. A l'inverse, des études ont montré que la dynamique du rhizobiome peut-être impactée par les traits et par l'âge de la plante. Par exemple, chez le maïs, une étude a montré que cette communauté microbienne dépendait notamment de l'environnement et de l'âge de la plante. La succession écologique et la dynamique du rhizobiome au cours du vieillissement de la plante pourraient s'expliquer par la dynamique temporelle des populations dans un environnement ouvert ou par une régulation via la phénologie de la plante.

Pour confronter ces hypothèses, nous avons suivi la dynamique du rhizobiome chez deux lignées de maïs dérivées d'une expérience de sélection divergente pour la date de floraison. Ces deux lignées sont issues d'une même lignée parentale mais ont subi un régime de sélection pour une date de floraison soit précoce, soit tardive sur 18 générations et fleurissent avec un écart de 10 à 15 jours. La lignée parentale a également été incluse dans l'étude. Afin de décomposer les effets de l'environnement et de l'âge de la plante des effets de la phénologie, chaque lignée a été semée à trois dates différentes. La dynamique du rhizobiome sur chaque lignée, pour chaque date de semis, a été suivie par un prélèvement hebdomadaire pendant sept semaines pour lequel une caractérisation de la diversité des archées et des bactéries a été faite par meta-barcoding (16S). Les séquences ont été regroupées en OTU ou en ASV (Amplicon Sequence Variants) et leur abondance relative a été quantifiée dans chaque échantillon. Une analyse en coordonnées principales (PCoA) de ces données en utilisant la distance de Bray-Curtis montre que l'on peut différencier la communauté du sol rhizosphérique de celle du sol nu mais que les premiers axes de la PcoA n'illustre pas de différence entre la lignée à floraison précoce et la lignée à floraison tardive. De plus, d'après cette analyse, la diversité du rhizobiome dépend plus de la date calendaire que de l'âge de la plante.

Ces résultats montrent que, dans notre étude, le rhizobiome a été plus impacté par les variations de l'environnement au cours du temps que par le développement de la plante et

*Intervenant

que ces variations semblent indépendantes des variations de la communauté microbienne du sol nu.

Mots-Clés: phénologie, plante, maïs, rhizobiome

Sciences et anthropocène : réactions

Adrienne Ressayre*¹

¹Génétique Quantitative et Evolution - Le Moulon (Génétique Végétale) – Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement, Université Paris-Sud - Université Paris-Saclay – France

Résumé

L’impact de l’espèce humaine sur la biosphère atteint des niveaux insupportables qui mettent en danger la survie de la plupart des espèces vivantes de la planète. Pour le moment, alors que la prise de conscience progresse de façon indéniable, les réponses ne sont pas à la hauteur des enjeux, provoquant chez nombre d’entre nous de la peur. Ce poster militant décrit certaines des actions engagées par des scientifiques pour tenter d’infléchir la trajectoire de nos sociétés. Il s’agit d’une base pour discuter sur ce qui est fait, ouvrir le débat sur les raisons et les manières de s’engager individuellement ou collectivement ou les raisons de ne pas s’engager.

Mots-Clés: anthropocène, science, conscience, débat

*Intervenant

Tempo of hard and soft sweeps under limited dispersal

Vitor Sudbrack*¹ and Charles Mullon²

¹Université de Lausanne = University of Lausanne – CH-1015 Lausanne, Suisse

²Université de Lausanne = University of Lausanne – Suisse

Résumé

Both the probability and pace for new beneficial alleles to fix via selective sweeps are relevant to understanding how fast populations adapt. Such sweeps may be hard – where the fixing allele originates from a new mutation – or soft, in which the fixing allele comes from the species' pool of standing variation. The mean time taken by these different sweeps is well understood in well-mixed populations where individuals interact and compete randomly. Many natural populations, however, are subdivided and dispersal-limited. Here we show when dispersal limitation and population subdivision affect the time scale of adaptation via hard and soft sweeps. We find that dispersal limitation always increases the time taken by additive alleles to sweep. In contrast, for sweeps of non-additive alleles, we find non-monotonic effects of dispersal limitation on the rate of adaptation: it decreases the time an allele takes to fix as dispersal is initially limited, but rises the time of sweeps if dispersal is further limited past below a threshold. Regarding soft sweeps, we find that adaptation of recessive alleles no longer benefits from dispersal limitation and dispersal limitation hinders the effects of dominance shift. Overall, adaptation is faster under realistic dispersal rates when mutations have non-additive fitness effects. This work puts forward our understanding of the pace of genetic adaptation under the influence of limited dispersal, population structure and genetic dominance.

Mots-Clés: genetic adaptation, selective sweeps, population genetics, dispersal, rate of substitution

*Intervenant

Liste des participant.e.s

- Abu Awad Diala
- Aqbouch Laila
- Aubier Thomas
- Bastide Héloïse
- Beltran-Bech Sophie
- Bergès Thierry
- Berlioz Emilie
- Bonnet Timothée
- Camarata Ghislain
- Camille Larrue
- Charbonnel Emeline
- Chevalier–Mairet Arnaud
- Clause Julia
- Cordaux Richard
- De Vienne Dominique
- Dedeine Franck
- Deguines Nicolas
- Déjeux Léo
- Delaunay Carine
- Delmond Mathilde
- Diblasi Célian
- Dillmann Christine
- Dindart Thibault
- Duez Fabien
- Dureux Mathis
- Dussert Yann
- Garnier-Gere Pauline
- Gendron Pierre
- Giraud Isabelle
- Grandjean Frédéric
- Greve Pierre
- Helleu Quentin
- Hévin Noémie
- Jame Axel
- Linger Clarisse
- Laffitte Maud
- Legrand Judith
- Leveque Agathe
- Lheraud Baptiste
- Manas Frédéric
- Marcadé Isabelle
- Marchadier Elodie
- Masson Abel
- Michel Colombo
- Monaury Clément
- Moreau Cyrielle
- Morin Elie
- Nouhau Pierre
- Peccoud Jean
- Pigeault Romain
- Plantegenest Manuel
- Pruvôt Claudia
- Ressayre Adrienne
- Revillon Sacha
- Riquet Florentine
- Rochard Eric
- Rollin Jérémy
- Romaszko Nathan
- Romieu Jules
- Touzet Pascal
- Ventura Mathis
- Zelvelder Benjamin
- Zunino Lison

Liste des Auteur.e.s

Aduse-Poku, Kwaku	Deschamps, Philippe
Allio, Rémi	Diblasi, Célian
Arnaud, Jean-François	Dillmann, Christine
Aubier, Thomas	Dindart, Thibault
Audiot, Philippe	Duez, Fabien
	DUPONT, Lise
Barbut, Jérôme	Dupuis, Antoine
Barson, Nicola	Duputié, Anne
Bastide, Héloïse	Durand, Jean-Dominique
Bauland, Cyril	DUREUX, Mathis
Beaulaton, Laurent	Dussert, Yann
Bech, Nicolas	DÉJEUX, Léo
Belessort, Jayce	
Belliard, Jean	Filée, Jonathan
Beltran-Bech, Sophie	FIOGBE, Emile Didier
Benoist, Romain	FOURCADE, Yoan
Benoit, Laure	Frantz, Alain
Bergès, Thierry	Freibault, Meihano
Berlioz, Emilie	Fuentes, Elva
Bert, Didier	
Bonnet, Timothée	Galic, Nathalie
Bourguet, Denis	Garnery, Lionel
Bressac, Christophe	GARNIER-GERE, Pauline
Bretagnolle, Vincent	Gautier, Mathieu
Briand, Cedric	Gendron, Pierre
Brillard, Eloïse	Gibert, Patricia
Brousseau, Louise	Gigon, Agnes
Butron, Ana	Gilbert, Clément
	Giraud, Isabelle
Camarata, Ghislain	Godé, Cécile
Camille, Larrue	Goldstein, Paul
Canard, Elsa	Grandjean, Frédéric
Capdevielle-Dulac, Claire	Grønvold, Lars
Carassou, Laure	Guinard, Yvonnick
Carcaud, Julie	
Chapuis, Marie-Pierre	Haran, Julien
CHARBONNEL, Emeline	Hazlerigg, David
Chebbi, Mohamed Amine	Horard, Marie-Pierre
Chevalier-Mairet, Arnaud	HUSI, Philippe
Clamens, Anne-Laure	Hévin, Noémie
Colyn, Marc	
Cordaux, Richard	Jame, Axel
Cristina, Vieira	
	Kazilas, Christos
Deguines, Nicolas	Kergoat, Gael J.

Khila, Abderrahman
LABROUSSE, Carole
Le Guilloux, Martine
Le Ralec, Anne
Le Ru, Bruno
Lefeuvre, Sandrine
Legout, Hélène
Legrand, Judith
Lepoittevin, Camille
LERCH, Thomas
LEVEQUE, Agathe
Lheraud, Baptiste
Loiseau, Baptiste
Lopez-Garcia, Purificación
Luttringer, Amanda

Malvar, Rosana
Manas, Frédéric
Manousi, Domniki
Marchadier, Elodie
MASSON, Abel
Mathurin, Jean-Charles
Mazoyer, Clément
Millet, Maurice
Mitchell, Andrew
MONAURY, Clément
Monceau, Karine
Moreau, Cyrielle
MOREAU, Jérôme
Morin, Elie
Mouttet, Raphaëlle
Mullon, Charles

Nicolas, Loïc
Nicolas, Manuel
Nidelet, Sabine
Noizat, Charlotte
Nouhaud, Pierre
Noël, Shanèze

Ogereau, David
Ouvrard, David

Pallafre, Carine
Papura, Daciana
Peccoud, Jean
Plantegenest, Manuel
Porcher, Emmanuelle
Pruvôt, Claudia

Rebaudo, Francois
Requier, Fabrice

Ressayre, Adrienne
Revillon, Sacha
Rochard, Eric
Rodrigues, Anaïs
Rollin, Jérémy
Romaszko, Nathan
Rouillier, Nora
Roy, Virginie

Saitou, Marie
Sandoz, Jean-Christophe
Sandve, Simen
Schutze, Mark
SINTONDJI, Wilfried
Smadja, Carole
Starkie, Melissa
Streiff, Réjane
Sudbrack, Vitor

Taddei, Andrea
Tenaillon, Maud
Tressou, Jessica

Vanappelghem, Cédric
VENTURA, Mathis
Vignon, Vincent
Vitalis, Renaud

Wahlberg, Niklas

Yassin, Amir

Zacharie, Zacharie
Zelvelder, Benjamin
Zilli, Alberto