

Colloque ID-ADN

27 & 28 novembre 2024

L'ADN pour identifier et suivre la biodiversité

Avancées, méthodes et données pour la recherche, les collections et les politiques publiques



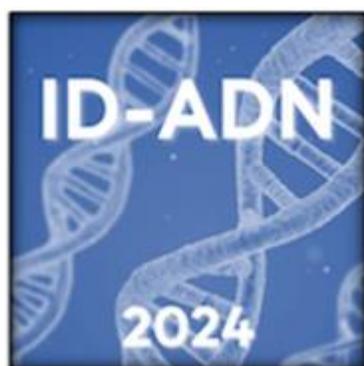
Amphithéâtre Verniquet
Muséum national d'Histoire naturelle
Paris 5^e





L'utilisation des **outils génétiques et génomiques pour identifier les espèces**, tels les codes-barres ADN ou l'ADN environnemental (ADNe), a connu un essor considérable lors des deux dernières décennies.

Le **colloque ID-ADN** vise à présenter le contexte national et international, ainsi que les initiatives françaises dans ce domaine, à l'interface entre le développement des connaissances fondamentales sur la biodiversité et la mise en œuvre de politiques publiques. Les communications présenteront une diversité d'applications et de méthodes pour différents groupes d'organismes en France métropolitaine et dans les DROM-COM, ainsi que les stratégies et enjeux liés aux collections et aux données pour la recherche, l'expertise et les politiques publiques.



Comité d'organisation :

- François Dusoulier, DGD-C (MNHN), IR Récolnat
- Aurélie Lacoeuilhe, Patrinat (OFB, MNHN, CNRS, IRD)
- Marie Lapègue, ISYEB (MNHN, CNRS, SU, EPHE-PSL, Univ. Antilles)
- Violette Lervy-Mayere, Patrinat (OFB, MNHN, CNRS, IRD)
- Rémy Poncet, Patrinat (OFB, MNHN, CNRS, IRD)
- Rodolphe Rougerie, ISYEB (MNHN, CNRS, SU, EPHE-PSL, Univ. Antilles)
- Lucas Sire, ISYEB (MNHN, CNRS, SU, EPHE-PSL, Univ. Antilles)



p. 4 à 7 Programme détaillé

p. 9 à 38 Résumés des présentations

Mercredi 27 novembre

- 9 Adriana Radulovici
- 10 Gabriela Dankova
- 11 Rodolphe Rougerie
- 12 Lucas Sire
- 13 Sébastien Puechmaille
- 14 Line Le Gall
- 15 Julien Touroult & François Dusoulier
- 16 José Utgé
- 17 Valérie Levesque Beaudin
- 18 Nicolas Puillandre
- 19 Mélodie Ollivier
- 20 Benoit Vincent
- 21 Rémy Poncet
- 22 Carlos Lopez Vaamonde
- 23 Jean Yves Dubuisson
- 24 Philippe Keith

Jeudi 28 novembre

- 25 Alice Valentini
- 26 Thibaud Decaëns
- 27 Lucie Zinger
- 28 David Mouillot
- 29 Jean Luc Jung
- 30 Antoine Lévêque & Lucas Sire
- 31 Vincent Prié
- 32 Vincent Prié
- 33 Nicolas Poulet
- 34 Baptiste Faure
- 35 Sujeevan Ratnasingham
- 36 Aurélie Lacoeuilhe & Liliana Ballesteros
- 37 Anne Sophie Archambeau
- 38 Yvan Le Bras & Erwan Corre

p. 41 à 57 Résumés des posters

- | | | | |
|----|---------------------------|----|---------------------------------|
| 41 | Bonnet <i>et al.</i> | 50 | Maire <i>et al.</i> |
| 42 | Daffe <i>et al.</i> | 51 | Massé <i>et al.</i> |
| 43 | Fabre <i>et al.</i> | 52 | Moulin <i>et al.</i> |
| 44 | Gardette <i>et al.</i> | 53 | Mouttet <i>et al.</i> |
| 45 | Gerriet <i>et al.</i> | 54 | Noël <i>et al.</i> |
| 46 | Hadj-Bachir <i>et al.</i> | 55 | Papinot <i>et al.</i> |
| 47 | Jabot <i>et al.</i> | 56 | Toran Vilarrubias <i>et al.</i> |
| 48 | Jerusalem <i>et al.</i> | 57 | Ventura <i>et al.</i> |
| 49 | Jossart <i>et al.</i> | | |

p. à Informations complémentaires

- 56 Plan du quartier
- 57 Accès aux conférences : Amphithéâtre Verniquet
- 58 Accès au repas : Espace Tipi

Colloque ID-ADN

PROGRAMME 2024

27 & 28/11/2024 - Amphithéâtre Verniquet - Muséum national d'Histoire naturelle - Paris

L'ADN pour identifier et suivre la biodiversité

Avancées, méthodes et données pour la recherche, les collections et les politiques publiques

08:45

Accueil et café de bienvenue

09:30

Mots de bienvenue

- **Frédérique CHLOUS**

MNHN - Directrice générale déléguée à la recherche, à l'enseignement, à la valorisation et à l'expertise

- **Gildas ILLIEN**

MNHN - Directeur général délégué aux collections

- **Bénédicte AUGÉARD**

OFB - Directrice de la Recherche et Appui scientifique

THÈME 1 :

Les codes-barres ADN : un « socle » universel pour l'identification des espèces

Session 1.1 : Contexte général national et international

(Chair : François Dusoulier, MNHN, Reclnat)

10:00

Adriana Radulovici Secrétaire exécutive d'iBOL, Université de Guelph, Canada

The Role of the International Barcode of Life (iBOL) in Addressing Global Conservation Needs

10:30

Gabriela Dankova (*distanciel*) Chef de projet de Biodiversity Genomics Europe (BGE)

Biodiversity Genomics Europe (BGE): Pan-European initiative for scaling up DNA-based biodiversity discovery, conservation and monitoring

10:50

Rodolphe Rougerie ISYEB (MNHN, CNRS, SU, EPHE-PSL, Univ. Antilles)

Le projet BIOSCAN en France et les rôles du réseau FRBOL

11:10

Pause café & Session posters

11:30

Lucas Sire MNHN ISYEB (MNHN, CNRS, SU, EPHE-PSL, Univ. Antilles)

Bases de données de références ADN pour l'identification de la biodiversité eucaryote française

11:50

Sébastien Puechmaille ISEM (Univ. Montpellier, CNRS, IRD, EPHE, CIRAD, INRAP)

Barcode of Life à l'Université de Montpellier : une approche innovante mêlant recherche, enseignement et science participative

12:10

Pause déjeuner :

Campus de Jussieu - espace TIPI

14:00

Colloque ID-ADN

Session 1.2 : Codes-barres ADN en pratique : des inventaires de terrain à la gestion des spécimens en collection (Chair : Marie Lapègue)

- 14:00 **Line Le Gall** ISYEB (MNHN, CNRS, SU, EPHE-PSL, Univ. Antilles)
Contribution des programmes d'exploration scientifique pour la constitution d'une bibliothèque de codes-barres ADN des organismes marins
- 14:15 **Julien Tourout / François Dusoulier** PatriNat (OFB, MNHN, CNRS, IRD) / DGD-C (MNHN) & IR Récolnat
Intégration des codes-barres ADN dans les explorations de La Planète Revisitée en Corse
- 14:30 **José Utgé** P2GM / EA (CNRS, MNHN, Univ. Paris Diderot)
ADN ancien, muséomique, problématique des vieux spécimens et de leur intégrité physique
- 14:45 **Valérie Levesque-Baudin** Université de Guelph, Canada
Le berceau du barcode d'ADN : l'évolution d'une collection de plus de 13M de spécimens
- 15:05 *Pause café & Session posters*

Session 1.3 : Taxonomie intégrative et bibliothèques de référence (Chair : Rodolphe Rougerie, ISYEB)

- 16:00 **Nicolas Puillandre** ISYEB (MNHN, CNRS, SU, EPHE-PSL, Univ. Antilles)
Outils pour la délimitation d'espèces en taxonomie intégrative
- 16:20 **Mélodie Ollivier** Dynafor (INRAE, INP-ENSAT, PURPAN)
CODABELLES : combler le manque de codes-barres de référence pour les abeilles sauvages de France
- 16:30 **Benoît Vincent** Attaché honoraire MNHN
Les codes barres ADN et la taxonomie des Arctiinae néotropicales. Exemples d'utilisation par un entomologiste amateur
- 16:40 **Rémy Poncet** PatriNat (OFB, MNHN, CNRS, IRD)
Le barcoding ADN appliqué aux lichens : intérêts, enjeux et limites pour la connaissance et la conservation des espèces
- 16:50 **Carlos Lopez-Vaamonde** URZF (INRAE), IRBI (Univ. Tours, CNRS)
Une approche intégrative pour accélérer la description de la faune des microlépidoptères de Guyane
- 17:00 **Jean-Yves Dubuisson** ISYEB (MNHN, CNRS, SU, EPHE-PSL, Univ. Antilles)
Biodiversité cryptique : identification génétique des gamétophytes chez les plantes terrestres
- 17:10 **Philippe Keith** BOREA (MNHN, CNRS, Univ. Caen Normandie, SU, IRD, Univ. Antilles)
Taxonomie et conservation de la faune ichtyologique: importance des bibliothèques de références moléculaires basées sur des spécimens déterminés avec précision
- 17:20 *Temps d'échange et questions*
- 18:00 *Soirée conviviale – (sur inscription uniquement)*

RDV au Café Dupont Bibliothèque à 19h30 - 84 Avenue de France, 75 013 Paris

Colloque ID-ADN

THÈME 2 :

L'ADN pour inventorier, comprendre et suivre les environnements naturels et anthropisés

08:45

Accueil et café de bienvenue

09:30

Alice Valentini Spygen (SAS)

L'ADN environnemental pour les inventaires et le suivi de la biodiversité terrestre et aquatique

Session 2.1 : Apport de l'ADN dans nos connaissances de la structuration et du fonctionnement des communautés

(Chair : Agnès Dettai, ISYEB)

10:00

Thibaud Decaëns CEFE (CNRS, EPHE-PSL, IRD, Univ. Montpellier)

Explorer la diversité d'un « dark taxa » par l'utilisation des codes-barres ADN : le cas des vers de terre de la Guyane

10:15

Lucie Zinger ENS, CRBE (Univ. Toulouse, CNRS, INP-ENSAT, IRD)

L'ADNe d'eau de pluie pour capturer la biodiversité terrestre des forêts tropicales

10:30

Pause café & Session posters

10:50

David Mouillot MARBEC (Univ. Montpellier, CNRS, IRD, IFREMER, INRAE)

Effet de l'Anthropause sur la biodiversité marine côtière à l'ère de l'Anthropocène

11:05

Jean-Luc Jung ISYEB (MNHN, CNRS, SU, EPHE-PSL, Univ. Antilles)

Des traces d'ADN dans l'Océan : ADN environnemental et exploration de la faune marine mobile vus sous les angles de la fiabilité des protocoles et de la bancarisation des données

Session 2.2 : Les apports des approches génétiques et métagénomiques dans la surveillance et le suivi de la biodiversité

(Chair : Aurélie Lacoeylle, Patrinat)

11:20

Antoine Lévêque & Lucas Sire PatriNat (OFB, MNHN, CNRS, IRD) / ISYEB (MNHN, CNRS, SU, EPHE-PSL, Univ. Antilles)

Suivi moléculaire de la biodiversité terrestre : vers un dispositif national de surveillance à long terme

11:35

Vincent Prié Spygen (SAS), Vigilife

Le statut de conservation des bivalves d'eau douce de France revisité par l'ADNe

Le projet Fleuves Sentinelles : inventorier tout le vivant, tout le long des fleuves

11:55

Nicolas Poulet OFB

L'ADNe : enjeux et opportunité pour l'OFB

12:10

Baptiste Faure Biotope (SAS)

Forces et faiblesses de l'usage de l'ADNe dans les inventaires de biodiversité

12:25

Pause déjeuner : Campus de Jussieu - espace TIPI

14:00

Colloque ID-ADN

THÈME 3 :

Les enjeux et perspectives liés aux infrastructures et à l'accès, la gestion et la conservation des données génétiques dédiées à l'identification de la biodiversité
(Chair : Lucas Sire, ISYEB)

14:00

Sujeevan Ratnasingham Université de Guelph, Canada
Cyberinfrastructure for Global Biodiversity Monitoring through DNA Barcoding

14:30

Aurélie Lacoecilhe & Liliana Ballesteros PatriNat (OFB, MNHN, CNRS, IRD) / DGD-REVE (MNHN)
Vers la mise en place d'un référentiel technique national de séquences génétiques pour l'identification des espèces en appui à la recherche et aux politiques publiques en France

14:45

Anne-Sophie Archambeau PatriNat (OFB, MNHN, CNRS, IRD), GBIF France
Le GBIF et les données ADN : travaux en cours et perspectives, présentation du projet pilote Metabarcoding Data Programme

15:00

Yvan Le Bras & Erwan Corre DGD-REVE (MNHN) / ABiMS (Biogenouest, IFB, CNRS, SU)
Communauté Biodiversité au sein de l'IFB et du PNDB : La génétique au croisement des deux infrastructures de services à la donnée

15:15

Pause café & Session posters

15:35

TABLE RONDE

Les enjeux d'utilisation des méthodes moléculaires dans les politiques publiques et les liens avec la recherche

Animation : Rémy Poncet : Chef d'équipe PatriNat (OFB, MNHN, CNRS, IRD)

- **Laurent Poncet**, Co-directeur de PatriNat (OFB, MNHN, CNRS, IRD)
- **Pierre-Edouard Guillain**, Directeur de projet, adjoint à la directrice de l'eau et de la biodiversité, Direction de l'eau et de la biodiversité, Ministère de la Transition Écologique
- **Adriana Radulovici**, Secrétaire exécutive iBOL, Université de Guelph, Canada
- **Lucie Zinger**, Maître de conférences ENS, CRBE (Univ. Toulouse, CNRS, INP-ENSAT, IRD)
- **François Dusoulie**, Directeur de la délégation aux infrastructures de recherche sur les collections, MNHN, Recolnat
- **Nicolas Poulet**, Chargé de mission Biodiversité aquatique continentale, OFB

17:00

Clôture du colloque





PRÉSENTATIONS ORALES



The role of the international Barcode of Life (iBOL) in addressing global conservation needs

Adriana Radulovici*¹

¹: Secrétaire exécutive iBOL, Université de Guelph, Guelph, Ontario, Canada

Abstract/Résumé: The International Barcode of Life (iBOL) has been a key driving force behind the development of DNA technologies for species identification. Over the past 20 years, its global network of scientists has tirelessly mapped animals, plants, and fungi across all environments and continents. As a result, the Barcode of Life Data Systems (BOLD), iBOL's online platform, now hosts 19 million publicly accessible DNA barcodes. Thousands of users from academia, NGOs, government, and the private sector access BOLD daily to study biodiversity patterns or to identify their unknown DNA sequences. Technological innovations have revolutionized biodiversity science, enabling genomic analyses of environmental samples, such as water or air, linked to reference libraries.

Under the new Kunming-Montreal Global Biodiversity Framework, there is an increasing demand for biodiversity data from large-scale inventories and monitoring initiatives to support national decision-making and reporting to the UN Convention on Biological Diversity. BIOSCAN, iBOL's current project, will help meet this need by generating baseline data across half of the world's ecoregions, while also uncovering new species and interactions between species.

iBOL and its partners will continue to develop global capacity, shedding light on biodiversity to inform better policies for conservation and sustainable use.

Biodiversity Genomics Europe (BGE): Pan-European initiative for scaling up DNA-based biodiversity discovery, conservation and monitoring

Gabriela Dankova*¹, Dimitris Koureas¹, Peter Holligsworth¹, Robert Waterhouse¹, Camila Mazzoni¹, Claudio Ciofi¹, Mara Lawniczak¹

¹: Biodiversity Genomics Europe (BGE), Leiden, The Netherlands

Abstract/Résumé: Biodiversity Genomics Europe (BGE) is an EC co-funded Project supporting the development of a continental-scale capacity in delivering DNA-based evidence for biodiversity using two main genomics approaches: DNA-barcoding and whole-genome sequencing. In its four-year timeframe, BGE focuses on strengthening links across national borders and scientific domains to increase the scope and impact of biodiversity genomics research. We build upon existing national programmes and resources across the continent, and empower the European scientific community by supporting the national and European nodes (iBOL Europe and ERGA) of the global biodiversity genomics movements. We demonstrate transnational genomic knowledge delivery pipelines from field work, through data production and analysis, to impact. We integrate citizen science activities and foster engagement with key stakeholders. This pioneering fully interconnected workflow also enables us to identify challenges hindering the scaling up of biodiversity genomics operations, such as lack of comprehensive reference resources, operational standards and access to facilities or difficulties with ethical and legal compliance. As we look forward to the future of BGE, we will invest in delivering new projects that would tackle above mentioned issues and further engage the broader community to establish a distributed European system for easy access to knowledge, expertise and facilities for each practitioner in biodiversity genomics.

Le projet BIOSCAN en France et les rôles du réseau FRBOL

Rodolphe Rougerie ^{*1}, Lucas Sire ¹, Marie Lapègue ¹, Antoine Lévêque ²

¹: Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB) – UMR 7205 Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS, Sorbonne Université, EPHE-PSL, Université des Antilles, 75005 Paris, France.

²: PatriNat (OFB-MNHN-CNRS-IRD), 75005 Paris, France

Abstract/Résumé : Forte de la très longue histoire de son expertise naturaliste, de ses collections d'histoire naturelle, et d'une activité de recherche à la pointe dans les sciences de la biodiversité, la France s'est engagée depuis près de quatre années dans le projet BIOSCAN aux côtés de plus de 30 autres nations. Cette initiative globale portée par le consortium international iBOL vise à développer les librairies de référence de codes-barres ADN pour l'identification de la diversité eucaryote mondiale et à implémenter ces approches génomiques pour la caractérisation des interactions interspécifiques et la surveillance des dynamiques de la biodiversité face notamment aux changements environnementaux.

Au travers d'un projet coopératif porté par le Muséum national d'Histoire naturelle et par l'Office Français de la Biodiversité, un état de l'art sur l'avancement de la construction des librairies de codes-barres ADN a pu être réalisé et le déploiement de dispositifs de surveillance de la biodiversité terrestre, ciblés sur les insectes, a pu avoir lieu sur de multiples sites dans l'Hexagone et dans les territoires ultra-marins. Le développement d'un réseau national FRBOL a aussi permis d'initier une coordination des efforts d'échantillonnage pour la construction des librairies de référence de codes-barres ADN, notamment en favorisant l'accès au séquençage pour les experts naturalistes et en générant une forte économie d'échelle par la mutualisation du traitement des échantillons.

De nombreux efforts restent encore à fournir pour combler les lacunes de la couverture actuelle des librairies de référence, mais la conjonction des efforts menés par le réseau FRBOL et par l'initiative naissante d'un référentiel taxonomique moléculaire national formera le socle pour les futurs développements du projet BIOSCAN et de manière générale pour les initiatives en France visant à caractériser la biodiversité et ses dynamiques, et à les comprendre et les prédire dans un contexte de changement environnemental.

Bases de données de références ADN pour l'identification de la biodiversité eucaryote française

Lucas Sire*¹, Liliana Ballesteros-Mejia^{1,2}, Ramya Manjunath², Michelle Pyle², Antoine Lévêque³, Rodolphe Rougerie¹

¹: Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB) – UMR 7205 Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS, Sorbonne Université, EPHE, Université des Antilles, 75005 Paris, France

²: Centre for Biodiversity Genomics, University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada

³: PatriNat (OFB-MNHN-CNRS-IRD), 75005 Paris, France

Abstract/Résumé :

Les projets faisant usage de l'ADN environnemental et du métabarcoding ADN fleurissent pour cataloguer et surveiller efficacement la biodiversité. Néanmoins, l'identification moléculaire des espèces nécessite des bases de données de référence fiables, organisées et complètes. D'importants efforts ont été déployés depuis plus de vingt ans pour développer ces références, et il est important d'identifier les lacunes dans ces bases de données pour affiner les stratégies d'échantillonnage, mobiliser l'expertise manquante, et ainsi accélérer leur complétion.

En partant du référentiel taxonomique national pour les espèces françaises, TAXREF, nous avons examiné les plus de 200 000 espèces répertoriées (*i.e.* animaux, champignons, plantes et protozoaires inclus) pour déterminer si des codes-barres ADN standards (*e.g.* COI pour les animaux, ITS pour la fonge, *rbcl* et *matK* pour les plantes, *etc*) étaient disponibles dans les principales bases de données de références ADN : BOLD, Unite, Diat.barcode. Nous avons constaté qu'un peu moins de la moitié des espèces étaient représentées par des séquences ADN et que des séquences provenant de spécimens échantillonnés sur les territoires français ne pouvaient être trouvées que pour environ 13 % des espèces. Nous présentons des détails de cette analyse en s'intéressant plus précisément à certaines zones géographiques, de grands types d'habitats, ou certaines guildes écologiques d'intérêt. Ces résultats soulignent la nécessité de renforcer les efforts déployés pour compléter les bases de données de référence d'ADN. Ils posent également les bases, dont pourront s'emparer différents programmes ou réseaux thématiques nationaux (ex. FRBOL, La Planète Revisitée, GDR Pollineco, *etc.*) pour de futures stratégies d'échantillonnage en identifiant des cibles pertinentes, comme par exemple certains groupes de pollinisateurs ou la biodiversité de la région méditerranéenne encore très peu couverte par les campagnes déjà menées par d'autres pays européens.

Barcode of Life à l'Université de Montpellier : une approche innovante mêlant recherche, enseignement et science participative

Sébastien Puechmaille*^{1,2}

¹: Institut des Sciences de l'Évolution de Montpellier (ISEM) – UMR 5554 Université de Montpellier

²: Institut universitaire de France, Paris

Abstract/Résumé : L'objectif général du projet UM-BOL (University of Montpellier Barcode Of Life) est double. D'une part, il s'agit d'une initiative éducative novatrice, intégrant une approche pédagogique active et un apprentissage par projet. D'autre part, le projet vise à établir une collection de référence pour générer des codes-barres ADN pour les espèces présentes dans la région montpelliéraine.

Dans le cadre des unités d'enseignement et de campagnes de terrain spécifiques, les étudiants sont formés à toutes les étapes du processus : de la collecte sur le terrain à l'identification des spécimens, en passant par la préparation des échantillons pour le séquençage et l'analyse des données. Les spécimens collectés contribuent à la création d'une collection de référence au département d'enseignement. Chaque spécimen est photographié et partagé sur la plateforme iNaturalist (<https://www.inaturalist.org/projects/university-of-montpellier-barcode-of-life-um-bol>), permettant une identification collaborative accessible à tous. Cette démarche est cruciale, car aucune structure n'a de spécialiste pour tous les groupes échantillonnés, contrairement à iNaturalist, qui regroupe de nombreux experts.

En trois années, le projet a formé 52 étudiants, recueilli 9 000 spécimens, et identifié pas moins de 1 700 espèces grâce à la contribution de 715 personnes. Cette initiative représente un exemple réussi de l'intégration de la recherche scientifique, de l'enseignement pratique et de la science participative.

Thème 1 : Les codes-barres ADN : un « socle » universel pour l'identification des espèces

Session 1.2 : Codes-barres ADN en pratique : des inventaires de terrain à la gestion des spécimens en collection

Contribution des programmes d'exploration scientifique pour la constitution d'une bibliothèque de codes-barres ADN des organismes marins.

Line Le Gall ^{*1}

¹: Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB) – UMR 7205 Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS, Sorbonne Université, EPHE, Université des Antilles, 75005 Paris, France

Abstract/Résumé : Avec 242 000 espèces actuellement reconnues, les organismes marins représentent un peu plus du dixième de la diversité des espèces reconnues sur terre. De plus, de nombreuses lignées sont exclusivement ou presque marines. Les programmes d'explorations scientifiques ont pour ambition de collecter ces organismes afin d'en dresser un inventaire en déployant des stratégies d'échantillonnages complémentaires permettant d'être aussi exhaustif que possible dans les collectes. Des méthodes standardisées permettent un gain d'échelle pour l'acquisition de données en lien avec les spécimens. Parmi ces données, les photographies des organismes vivants (sur le terrain ou au laboratoire) ainsi que la mise en place d'une collection de tissu en vue de l'obtention de séquences d'ADN d'un ou de plusieurs marqueurs sont réalisées de manière systématique grâce à des protocoles optimisés. Cette chaîne permet à la fois de recueillir des analyses des données morphométriques, des patrons de couleurs et des données moléculaires pour mettre en œuvre une approche de systématique intégrative. Au-delà de la production de séquences de quelques gènes, le programme PEPR ATLASea ambitionne de produire le génome de référence de 4500 espèces marines des côtes françaises métropolitaines et ultramarines. Un réseau international de taxonomistes très actif est mobilisé et contribue à l'identification des espèces et à la description des nouvelles espèces pour la science.

Intégration des codes-barres ADN dans les explorations de La Planète Revisitée en Corse

Julien Tourout *¹, François Dusoulie², Rodolphe Rougerie³

¹: Patrinat – UAR 2006 Muséum national d'Histoire naturelle, Office Français de la Biodiversité, CNRS, IRD

²: MNHN, Reclonat, 75005 Paris, France

³: Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB) – UMR 7205 Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS, Sorbonne Université, EPHE-PSL, Université des Antilles, 75005 Paris, France

Abstract/Résumé : Le programme d'exploration naturaliste "La Planète Revisitée", initié en 2007 par le Muséum national d'Histoire naturelle et ProNatura international, vise à accélérer l'inventaire et la description du vivant marin et terrestre. D'importants moyens logistiques et humains sont déployés lors de missions ciblées sur des hauts lieux de biodiversité. Ceci se traduit par un fort développement des connaissances de la biodiversité de ces sites et par un important enrichissement des collections avec des spécimens récents et associés à des métadonnées précises (données de collectes, photographies...).

De 2019 à 2021, quatre campagnes d'exploration terrestre ont eu lieu en Corse, en partenariat avec l'OFB et l'Office de l'environnement de Corse, mobilisant 34 experts sur le terrain et de vastes dispositifs de piégeage d'insectes. Pour cette mission, le séquençage de codes-barres ADN (COI pour les arthropodes, vers et mollusques ; ITS pour la fonge, dont les lichens) a été organisé dès l'amont, avec la mise en place, durant la phase de terrain d'une part et lors du tri des pièges d'autre part, d'une chaîne de prélèvement de tissus, de saisie de données et de photographie des spécimens. L'ensemble du matériel échantillonné a été traité par une plateforme partenaire dans le cadre du projet international BIOSCAN et les données produites ont été compilées et sont disponibles dans BOLD.

Au total, 11251 spécimens représentant 2843 espèces identifiées (dont près de 200 champignons/lichens) ont fait l'objet de prélèvements de tissus : 9359 Arthropoda, 689 Mollusca, 538 Annelida, 258 Basidiomycota (Fungi) et 407 Ascomycota (Fungi). Ceci représente 9109 séquences exploitables, soit une multiplication par plus de 10 du nombre de codes-barres ADN disponibles pour des spécimens de l'île avant 2019. Pour la faune, un total de 3339 unités taxonomiques moléculaires (Barcode Index Numbers - BINs) sont discriminées par ces résultats, dont 27 % constituent un apport net et original à la connaissance de la biodiversité, en tant que seuls codes-barres disponibles dans BOLD pour ces taxons. En perspective, nous discutons des points clés d'une telle organisation et des améliorations possibles de l'intégration de ces outils au sein du programme

ADN ancien, muséomique, problématique des vieux spécimens et de leur intégrité physique

José Utgé*¹, Céline Bon¹, Amélie Chimènes¹, Alba Toran Vilarrubias¹

¹: UMR7206 Éco-Anthropologie (EA), CNRS, Muséum National d'Histoire Naturelle, Université Paris-Cité, Paris, France.

Abstract/Résumé : Les collections représentent une source majeure de restes humains, animaux et végétaux échantillonnés au cours des deux derniers siècles, et intègrent souvent des restes archéologiques plus anciens. Leur exploitation pour reconstituer la diversité génétique des populations du passé est donc un enjeu majeur pour l'étude de la biodiversité, de son évolution, et de l'impact des changements systémiques des dernières décennies.

Malheureusement, l'ADN subit des dégradations au cours du temps, pouvant impacter la possibilité même d'effectuer des études génétiques. Diminution de la quantité d'ADN, raccourcissement des molécules, endommagement des nucléotides pouvant conduire à des erreurs de séquençage sont les dégradations les plus couramment observées sur des échantillons anciens.

Depuis les débuts de la paléogénétique, diverses stratégies ont été développées pour maximiser l'exploitation des ADN anciens. Les protocoles d'extraction et de préparation ont été perfectionnés, tandis que le développement des nouvelles technologies de séquençage a ouvert des perspectives inédites.

Néanmoins, l'application des méthodes paléogénétiques aux spécimens de musée pose des questions spécifiques, tant sur le plan méthodologique qu'éthique, ainsi que des défis liés à la préservation de l'intégrité physique des échantillons. Enfin, la question de la conservation à long terme des données génétiques ainsi produites reste ouverte.

Thème 1 : Les codes-barres ADN : un « socle » universel pour l'identification des espèces

Session 1.2 : Codes-barres ADN en pratique : des inventaires de terrain à la gestion des spécimens en collection

Le berceau du barcode d'ADN : l'évolution d'une collection de plus de 13M de spécimens

Valérie Lévesque-Beaudin*¹, Jayme E. Sone¹, Spencer Monckton¹

¹: Centre for Biodiversity Genomics, Collection Department, Université de Guelph, Guelph, Ontario, Canada

Abstract/Résumé : Depuis la découverte et la publication du barcode d'ADN par Paul Hebert et son équipe en 2003, le « Centre for Biodiversity Genomics » a évolué rapidement pour atteindre une collection de plus de 13 millions de spécimens digitalisés. Pour supporter sa croissance rapide, l'infrastructure a dû passer d'un building à plusieurs établissements, de collecter des spécimens au Canada à mondialement, sans oublier le nombre accru d'employés pour soutenir la tâche. L'avancement technologique a aussi supporté la croissance en production en passant du séquençage individuel de spécimens via Sanger à celui par Sequel, et en ajoutant maintenant le séquençage d'échantillons complexes par metabarcoding. Nous poussons encore plus loin l'efficacité en développant de nouvelles méthodes plus rapides et moins chères sur la plateforme Oxford Nanopore. Cela a permis à la collection de décupler sa production en passant de 240 000 spécimens/année en 2012 à près de 3 millions en 2023. La récente incorporation de l'IA a aussi permis de photographier tous les spécimens avant le séquençage, et même de réaliser une assignation taxonomique automatique au niveau de l'ordre pour accélérer le processus de tri. Ainsi, nous présentons et discutons ici 20 années de progrès et de succès!

Outils pour la délimitation d'espèces en taxonomie intégrative

Nicolas Puillandre*¹

¹: Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB) – UMR 7205 Muséum national d'Histoire naturelle

Abstract/Résumé : La révolution ADN des années 2000 a participé au renouveau conceptuel et méthodologique de la taxonomie. Les approches de DNA barcoding ont permis de documenter rapidement une partie non négligeable de la biodiversité, et les développements méthodologiques qui ont suivi permettent maintenant de proposer rapidement des hypothèses d'espèces basées sur les séquences ADN, dont la robustesse est renforcée par l'apport d'autres caractères (morphologiques, écologiques, géographiques, etc...) dans un cadre intégratif. Je présenterai plusieurs méthodes développées au cours des dernières années, pour la délimitation d'espèces, la comparaison et l'évaluation des partitions obtenues et la description des espèces nouvelles. Au travers de quelques exemples, j'illustrerai comment ces méthodes permettent l'analyse de groupes très diversifiés et largement inconnus, une priorité dans le contexte actuel de crise de la biodiversité, et quelles sont leurs limites.

CODABEILLES : combler les manques en barcodes ADN de référence pour les abeilles sauvages de France

Mélanie Ollivier*^{1,2}, Magalie Pichon², Adrien Perrard²

¹: Institut National Polytechnique et Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Toulouse (INP-ENSAT), Av. de l'Agrobiopole, 31326 Auzeville-Tolosane

²: Centre for Biodiversity Genomics, University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada

³: Institut d'écologie et des sciences de l'environnement de Paris (iEES Paris), UMR7618 Sorbonne Université, CNRS, INRAE, IRD, UPEC, 4 Place Jussieu, 75005, Paris

⁴: Université de Paris, 85 Boulevard Saint-Germain, F-75006, Paris

Abstract/Résumé : Face au déclin des insectes pollinisateurs, identifier les principaux facteurs impliqués dans cette perte de biodiversité est essentiel pour mettre en lumière des pratiques de restauration et des stratégies de gestion paysagère favorables aux pollinisateurs. Pour cela, une identification précise des espèces est nécessaire. Cependant, l'expertise taxonomique est limitée à quelques spécialistes disposant d'une disponibilité restreinte. Le barcoding ADN s'est progressivement intégré au domaine taxonomique en raison de sa capacité à surmonter certains défis posés par l'identification morphologique classique. La création d'une bibliothèque de référence exhaustive est donc une première étape nécessaire.

La faune des abeilles en France (Apidae : Anthophila) comprend environ 970 espèces, mais seules 258 espèces disposaient d'un barcode obtenu à partir de spécimens collectés en France et publiés dans des bases de données publiques, selon les données disponibles au lancement du projet en 2021 sur BOLD. Le projet CODABEILLES (2021-2024) vise à combler cette lacune. Pour générer des barcodes de référence, nous avons collaboré avec des experts et échantillonné des spécimens conservés dans leurs collections. La région ciblée était le fragment standard de 650 pb à l'extrémité 5' du gène CO1. Le processus moléculaire a été réalisé par le Canadian Centre for DNA Barcoding (CCDB), et la validation des séquences de référence a été effectuée à l'aide d'inférences d'arbres de distance et d'analyses de "barcode gap". À ce jour, 2260 spécimens ont été traités. Les résultats globaux et le processus général seront discutés, en mettant l'accent sur l'identification des meilleures pratiques pour la construction de bases de données de barcodes ADN.

Les codes-barres ADN et la taxonomie des Arctiinae néotropicales. Exemples d'utilisation par un entomologiste amateur

Benoît Vincent*¹

¹: Attaché honoraire du Muséum national d'Histoire naturelle, Paris

Abstract/Résumé : Ayant pu bénéficier dès 2010 de séquences de codes-barres ADN pour des spécimens de sa collection personnelle, j'illustre ici en tant qu'entomologiste amateur leur utilisation dans l'étude de la taxonomie des Arctiinae néotropicales (Lepidoptera, Erebidæ) au travers de deux exemples ayant fait l'objet de publications : la mise en évidence de 4 espèces cryptiques d'une part et le rapprochement de couples au dimorphisme sexuel particulièrement important d'autre part. Une conclusion sur la difficulté d'obtention de nouvelles séquences par les entomologistes amateurs et la ressource que représentent leurs collections pour la complétude des bases de référence de codes-barres ADN est proposée.

Le barcoding ADN appliqué aux lichens : intérêts, enjeux et limites pour la connaissance et la conservation des espèces

Rémy Poncet^{*1}

¹: Patrinat – UAR 2006 Muséum national d'Histoire naturelle, Office Français de la Biodiversité, CNRS, IRD

Abstract/Résumé : Le barcoding ADN est un outil puissant pour l'inventaire et la description des espèces de champignons lichénisés. Les expérimentations de barcoding massif se sont avérées concluantes - bien que les lichens soient constitués de plusieurs espèces appartenant à différents règnes : fonge (ascomycètes et/ou basidiomycètes), flore (algues), bactéries (cyanobactéries). Le barcoding est utile pour l'identification des taxons dans les zones peu étudiées, ou pour les taxons difficiles à distinguer morphologiquement. Cependant cet outil présente aussi des limites, notamment parce que la taxonomie des lichens repose largement sur l'analyse chimique des métabolites secondaires. De plus, la focalisation sur la génétique peut contribuer à creuser un fossé entre les naturalistes de terrain et les taxonomistes, réduisant la capacité à collecter massivement les données utilisées dans les projets de listes rouges ou pour l'établissement de listes d'espèces protégées. Enfin, face à l'augmentation des taxons cryptiques fondés sur des différences principalement moléculaires, il pourrait être nécessaire de définir des bonnes pratiques telles que l'utilisation de rangs infra-spécifiques, ou de mettre en place des concepts adaptés, tels que les agrégats d'espèces, qui permettraient la collecte et la gestion de données à des niveaux dégradés, mais néanmoins utiles pour la conservation.

Une approche intégrative pour accélérer la description de la faune des microlépidoptères de Guyane.

Carlos Lopez-Vaamonde*¹

¹: INRAE - Centre d'Orléans- Unité de Zoologie Forestière, 40001 Ardon, France

Abstract/Résumé : Des projections alarmantes concernant la perte de biodiversité indiquent que nous sommes entrés dans la sixième extinction de masse. Parallèlement, seule une petite fraction des espèces sur Terre a été officiellement décrite et nommée. Il est donc crucial d'accélérer le rythme de description des espèces, en particulier pour les groupes moins connus, tels que les microlépidoptères des milieux tropicaux. Parmi ces derniers, la famille des Gracillariidae se distingue par sa grande diversité, avec près de 2000 espèces réparties dans 105 genres décrits. Cette famille est présente dans le monde entier, mais sa plus grande diversité se trouve dans les tropiques. En raison de leur petite taille et de leurs habitudes cryptiques, les larves, appelées « mineuses de feuilles », se nourrissent à l'intérieur des feuilles des arbres en y creusant des mines. De nombreuses espèces, en particulier dans les milieux tropicaux, n'ont pas encore été décrites. En effet, nous avons estimé que 85 à 90 % de la faune guyanaise des Gracillariidae reste non décrite, ce qui représente des centaines d'espèces nouvelles pour la science. Dans ce contexte, je vous présente une approche intégrative visant à accélérer la description de la faune guyanaise des Gracillariidae. Cette approche s'appuie sur les collections des muséums et combine l'étude de la morphologie, le code-barre génétique, la phylogénomique, l'écologie et la biogéographie.

Biodiversité cryptique : identification génétique des gamétophytes chez les plantes terrestres

Jean-Yves Dubuisson*¹

¹: Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB) – UMR 7205 Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS, Sorbonne Université, EPHE, Université des Antilles, 75005 Paris, France

Abstract/Résumé : Les plantes terrestres ont toutes théoriquement un cycle de vie à deux générations, le sporophyte qui produit les spores pour la dispersion et le gamétophyte qui produit les gamètes pour la reproduction sexuée. Chez les bryophytes (mousses, hépatiques et anthocérotes) et les spermatophytes (plantes à graines), les deux générations sont connectées entre elles et l'identification des espèces se fait principalement sur la génération dominante (gamétophyte chez les bryophytes et sporophyte chez les spermatophytes). Chez les plantes vasculaires à spores libres (lycophytes, fougères et prêles), les deux générations sont indépendantes et peuvent s'observer distinctement dans la nature. Comme le gamétophyte est généralement réduit, à durée de vie courte et très peu variable à l'échelle des lignées, il n'est pas ou peu pris en compte dans l'identification des espèces à l'inverse du sporophyte (qui est la plante qui est normalement décrite). Les développements récents des codes-barres ADN et de l'ADN environnemental ont néanmoins permis l'émergence de nouveaux questionnements chez les plantes vasculaires à spores libres et impliquant le gamétophyte. Nous discuterons ainsi ici de deux questions. (1) Observe-t-on une stricte corrélation entre la diversité sporophytique et la diversité gamétophytique dans les milieux naturels ? (2) Qu'apporte l'ADN dans l'étude et l'identification des populations naturelles rares mais pas exceptionnelles ne comportant que des gamétophytes ? Via ces deux questions, nous verrons également l'importance que peuvent avoir l'étude et l'identification des gamétophytes en biologie de la conservation.

Taxonomie et conservation de la faune ichthyologique : importance des bibliothèques de références moléculaires basées sur des spécimens déterminés avec précision

Philippe Keith*¹

¹: Laboratoire de biologie des organismes et des écosystèmes aquatiques (BOREA) – UMR 8067 Muséum national d'Histoire naturelle, 75005 Paris, France

Abstract/Résumé : Les outils ADN sont de plus en plus utilisés pour l'identification des espèces, cependant, une identification réussie basée sur l'ADN nécessite une bibliothèque de référence de séquences provenant de spécimens identifiés avec précision. En effet, une mauvaise identification de l'espèce, l'utilisation d'un nom non valide ou le changement du nombre d'espèces d'une région a des conséquences directes sur les textes réglementaires (espèces protégées, pêche, espèces exotiques envahissantes), tant au niveau national que des directives européennes, sur les listes rouges UICN, mais aussi sur les plans d'actions spécifiques et peut avoir des conséquences négatives sur la gestion ou la conservation des espèces. Des exemples des bibliothèques de références moléculaires que nous avons établies sur les poissons d'eau douce de plusieurs régions d'outre-mer sont présentés. Nous encourageons ainsi les taxonomistes à construire et à publier des bibliothèques moléculaires avec une identification précise des espèces et avec des spécimens de référence consultables dans les musées.

L'ADN environnemental pour les inventaires et le suivi de la biodiversité terrestre et aquatique

Alice VALENTINI*¹

¹: SPYGEN, 73370 Le Bourget-du-Lac, France

Abstract/Résumé: Les approches basées sur l'ADN environnemental (ADNe) se sont révélées performantes et fiables pour le suivi de la biodiversité dans divers écosystèmes. Toutefois, comme toute méthode, elles présentent des forces et des limites qu'il est essentiel de comprendre. En particulier, il est crucial d'explorer l'écologie de l'ADNe et sa dynamique dans les milieux naturels. Comprendre comment l'ADN est libéré par les organismes, ses différentes formes dans l'environnement, ainsi que ses modes de dispersion, de dégradation et de persistance, est fondamental pour développer des stratégies d'échantillonnage optimisées et des méthodes d'analyse robustes. Sa représentativité spatio-temporelle est également un facteur clé, offrant des informations précieuses sur les changements au sein des communautés, tels que la présence d'espèces migratrices ou l'introduction d'espèces envahissantes.

Après une brève introduction historique et quelques définitions, cet exposé présentera un état des connaissances actuelles concernant l'écologie de l'ADNe et sa dynamique, tout en discutant des implications de l'utilisation de ces approches pour les inventaires et le suivi de la biodiversité terrestre et aquatique. Les stratégies d'échantillonnage et les pratiques de laboratoire seront examinées afin de comprendre l'influence qu'ils peuvent avoir sur les résultats attendus. Enfin, différentes applications de l'utilisation de l'ADNe seront illustrées par des études récentes.

Thème 2 : L'ADN pour inventorier, comprendre et suivre les environnements naturels et anthropisés

Session 2.1 : Apport de l'ADN dans nos connaissances de la structuration et du fonctionnement des communautés

Explorer la diversité d'un « dark taxa » par l'utilisation des codes-barres ADN : le cas des vers de terre de la Guyane

Thibaud Decaëns^{*1}, Arnaud Goulpeau¹, Mickaël Hedde², Emmanuel Lapied³, Marie-Eugénie Maggia⁴, Eric Marcon⁵

¹: Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive (CEFE) – UMR 5175 CNRS, Université de Montpellier, Université Paul Valéry Montpellier, EPHE, IRD, 34090 Montpellier, France

²: Eco&Sols, INRAE, Montpellier

³: Taxonomia Biodiversity Fund, Paris

⁴: Département Integrative Biology, Univ Guelph, Canada

⁵: AgroParisTech, Montpellier.

Abstract/Résumé : Les forêts tropicales humides sont parmi les écosystèmes les plus emblématiques en termes de biodiversité. Cependant, notre compréhension de la structure de la biodiversité tropicale est encore incomplète, notamment pour certains groupes d'organismes qualifiés de « dark taxa », tels que les vers de terre, dont l'importance pour le fonctionnement des écosystèmes est pourtant largement reconnue. Depuis 2010, nous avons échantillonné les communautés de vers de terre dans une dizaine de localités de la Guyane, et constitué un jeu de données unique décrivant près de 120 communautés dans les principaux écosystèmes de la région. Nous avons utilisé les codes-barres ADN (gène COI) pour délimiter des unités taxonomiques opérationnelles (OTU) que nous avons utilisées comme substituts d'espèces pour contourner le déficit taxonomique et décrire les motifs de diversité du local au régional.

Près de 5 000 spécimens ont été collectés et séquencés, leurs codes-barres ADN révélant l'existence de près de 300 unités taxonomiques opérationnelles (OTU). Nous avons trouvé une congruence parfaite entre ces délimitations moléculaires et les caractères morpho-anatomiques pour certaines de ces OTU, suggérant qu'elles pourraient effectivement correspondre à de véritables espèces biologiques, pour la plupart nouvelles pour la science. Nous avons entrepris la description formelle de ces nouvelles espèces, décrivant ainsi 18 espèces et un genre nouveau pour la science dans la seule chaîne du Mitaraka. A l'aide d'une partition hiérarchique de diversité, nous avons montré que cette extraordinaire diversité régionale est essentiellement expliquée par sa composante bêta à grande échelle (entre les localités), soulignant l'importance des facteurs historiques et des gradients environnementaux régionaux dans la structuration de la diversité gamma. Des modèles généralisés (GLM et GDM) nous ont également permis de mettre en évidence l'importance relative de la limitation de la dispersion, des interactions biotiques et du filtrage environnemental dans le processus d'assemblage des communautés. Enfin, sur la base des courbes de raréfaction et des indices asymptotiques de diversité, nous estimons que plus de 2 000 espèces pourraient exister en Guyane, ce qui remet en cause les estimations communément admises du nombre d'espèces de vers de terre à l'échelle mondiale.

Thème 2 : L'ADN pour inventorier, comprendre et suivre les environnements naturels et anthropisés

Session 2.1 : Apport de l'ADN dans nos connaissances de la structuration et du fonctionnement des communautés

L'ADNe d'eau de pluie pour capturer la biodiversité terrestre des forêts tropicales

Lucie Zinger*¹

¹: Centre de Recherche sur la Biodiversité et l'Environnement – UMR 5300 CNRS-UT3-IRD-INP, Université Toulouse III – Paul Sabatier

Abstract/Résumé : Faciliter la surveillance de la biodiversité des forêts tropicales est un enjeu majeur dans un contexte où ces écosystèmes, principaux réservoirs de la biodiversité et régulateurs essentiels du climat, font face à des pressions anthropiques croissantes. Depuis une décennie, l'ADNe révolutionne la surveillance de la biodiversité. En forêt tropicale, il est maintenant plus facile d'inventorier la biodiversité aquatique à partir d'échantillons d'eau ou celle des sols à partir d'échantillons de sols. Mais à ce jour, nous ne savons toujours pas comment échantillonner de façon efficace l'ADNe de la biodiversité multi-trophique terrestre des forêts tropicales (c-à-d. vertébrés, invertébrés, et plantes sus terrains)

Dans le cadre du projet BARCODRAIN, nous développons des méthodes moléculaires non invasives de surveillance de la biodiversité terrestre tropicale à partir de l'eau de pluie. En effet, la pluie transporte et concentre l'ADN issu des tissus, excréments, et/ou excréments des organismes présents dans la canopée. Je montrerai ici comment l'ADNe de pluie offre la perspective d'inventorier la diversité tropicale terrestre d'un large spectre taxonomique de façon peu coûteuse et à haut débit, et discuterai des protocoles d'échantillonnage les plus adaptés à la nature de ce signal et aux contraintes des acteurs de l'environnements.

Thème 2 : L'ADN pour inventorier, comprendre et suivre les environnements naturels et anthropisés

Session 2.1 : Apport de l'ADN dans nos connaissances de la structuration et du fonctionnement des communautés

Effet de l'Anthropause sur la biodiversité marine côtière à l'ère de l'Anthropocène

David Mouillot*¹

¹: MARine Biodiversity, Exploitation and Conservation (MARBEC) – UMR 9190 Université de Montpellier, CNRS, 34095 Montpellier, France

Abstract/Résumé: La biodiversité change et s'érode dans la plupart des écosystèmes, mais peut-être nulle part ailleurs plus rapidement que dans les régions côtières densément peuplées qui fournissent de nombreuses contributions essentielles aux sociétés humaines. Si le déclin de l'abondance des espèces et la perte des prédateurs supérieurs sous la pression de pêche ont été largement rapportés en comparant les aires marines protégées (AMP) et exploitées, la réponse de la biodiversité des poissons à de multiples activités humaines fait moins consensus. A partir d'un inventaire annuel le long de la côte méditerranéenne utilisant le métabarcoding de l'ADN environnemental, nous montrons que la biodiversité a augmenté de plus d'un tiers dans les zones pêchées et les zones protégées pendant l'Anthropause du COVID. Cette quasi-expérience 'grandeur nature' sans précédent à cette échelle a fourni une nouvelle base de comparaison pour évaluer l'érosion de la biodiversité des poissons et pour évaluer la capacité des AMP à maintenir cette biodiversité dans des écosystèmes côtiers habituellement dominés par l'homme. Cette augmentation importante de la richesse en espèces au cours de l'Anthropause du COVID suggère que les AMP ne peuvent pas être considérées comme des états de référence en matière de biodiversité. Notre étude suggère également que la limitation des perturbations au-delà de la pression de pêche, comme le bruit ou la pollution lumineuse, pourrait contribuer à restaurer la biodiversité des poissons le long du littoral, même dans les zones les plus protégées qui deviennent des hauts lieux d'activités de plein air avec la sur-fréquentation touristique.

Thème 2 : L'ADN pour inventorier, comprendre et suivre les environnements naturels et anthropisés

Session 2.1 : Apport de l'ADN dans nos connaissances de la structuration et du fonctionnement des communautés

Des traces d'ADN dans l'Océan : ADN environnemental et exploration de la faune marine mobile vus sous les angles de la fiabilité des protocoles et de la bancarisation des données

Jean-Luc Jung*^{1,2}, Rachel Haderlé¹, Visotheary Ung¹

¹: Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB) – UMR 7205 Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS, Sorbonne Université, EPHE, Université des Antilles, 75005 Paris, France

²: Station marine de Dinard du Muséum national d'Histoire naturelle, 35 800 Dinard, France.

Abstract/Résumé : L'étude de la faune marine mobile basée sur le metabarcoding de l'ADN environnemental (ADNe) est complexe à mettre en œuvre. La rareté et la grande mobilité des individus, les bases de données de référence et les protocoles d'assignation taxonomique incomplets et/ou non résolus, ainsi que les incertitudes expérimentales constituent les principaux écueils. Les résultats sont des listes de séquences d'ADN, chacune en plus ou moins grand nombre de copies, qui doivent être (i) analysées en fonction des similarités moléculaires, (ii) si possible, assignées à un taxon, et (iii) transformées en matrices de présence/absence. Ce processus produit des inventaires taxonomiques précieux qui peuvent être exploités de différentes manières, depuis la détection d'espèces remarquables (rares, en danger, d'intérêt commercial, invasives, inattendues...) jusqu'au calcul d'indicateurs de biodiversité, permettant d'étudier les variations spatio-temporelles. Des indicateurs basés sur les diversités phylogénétiques, les statuts UICN, les intérêts commerciaux, etc. peuvent également être utilisés, révélant changements et spécificités.

Nous avons mis en œuvre des expérimentations dans un certain nombre de sites sélectionnés. Nous avons défini un protocole d'assignation taxonomique applicable aux vertébrés, basé sur des critères moléculaires, taxonomiques, géographiques et écologiques. Nous avons également évalué la pertinence de différents indicateurs. La bancarisation des données, c'est-à-dire leur standardisation et leur partage dans le format le plus facilement réutilisable et selon les principes FAIR, faisait également partie de ce travail.

Le soin apporté à la mise en œuvre des expérimentations, à l'assignation taxonomique, à la pertinence des indicateurs, à la standardisation et à la bancarisation des données ouvre actuellement de nouvelles voies pour l'exploration de la biodiversité marine à partir de l'analyse de l'ADNe.

Thème 2 : L'ADN pour inventorier, comprendre et suivre les environnements naturels et anthropisés

Session 2.2 : Les apports des approches génétiques et métagénomiques dans la surveillance et le suivi de la biodiversité

Suivi moléculaire de la biodiversité terrestre : vers un dispositif national de surveillance à long terme

Lucas Sire^{*1}, Marie Lapègue¹, **Antoine Lévêque**^{2*}, Rodolphe Rougerie¹

¹: Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB) – UMR 7205 Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS, Sorbonne Université, EPHE, Université des Antilles, 75005 Paris, France

²: Patrinat – UAR 2006 Muséum national d'Histoire naturelle, Office Français de la Biodiversité, CNRS, IRD

*: Co-présentation

Abstract/Résumé : La surveillance de la biodiversité n'a jamais été aussi importante au regard de l'ampleur de la crise de la biodiversité actuelle. Néanmoins, cette surveillance représente un défi majeur en ce qui concerne les suivis à long terme et/ou à grande échelle géographique, particulièrement lorsqu'il s'agit de taxons hyper diversifiés et mal connus (e.g. les insectes), ou de territoires en déficit taxinomique et aux ressources limitées. De fait, le métabarcoding ADN offre une alternative intéressante aux identifications morphologiques, avec un potentiel de traitement efficace de tous les taxons via de nombreux échantillons multiplexables, accélérant ainsi les inventaires.

Cette présentation expose le contexte politique et les besoins nationaux en termes de surveillance et de données de biodiversité et présente également le déploiement pilote d'un programme de suivi à long terme par métabarcoding non destructif et focalisé sur la biodiversité terrestre en France (métropolitaine et DROM-COM). Initié autour des tentes Malaise et des insectes volants pour s'inscrire dans le cadre international actuel, un total de 25 pièges ont été déployés dans divers écosystèmes pendant plus d'un an, produisant plus de 700 échantillons, dont 360 métabarcodés jusqu'à présent. Ce suivi moléculaire met en évidence les variations de biomasse et de richesses spécifiques au cours du temps et pose les bases logistiques d'un programme national de surveillance des insectes en France. Au-delà des premiers résultats, les obstacles logistiques soulevés au cours de cette étude pilote sont également discutés, obstacles à surmonter avant d'aboutir à un programme de suivi à long terme comprenant des centaines de piégeages opérationnels, dès à présent en discussion pour les années à venir.

Le statut de conservation des bivalves d'eau douce de France revisité par l'ADNe

Vincent Prié*^{1,2}

¹: SPYGEN, 73370 Le Bourget-du-Lac, France

²: Vigilife

Abstract/Résumé : Les bivalves d'eau douce sont mal connus et, jusqu'à récemment, assez peu étudiés. Et pour cause... D'une part ils sont difficiles à détecter. Certaines espèces mesurent moins de 3 mm, la plupart vivent enfouies ou semi-enfouies dans le sédiment, et leurs milieux de vie, tels que l'aval des grands fleuves, qui concentre l'essentiel de la biodiversité, sont difficiles à prospecter. Ils sont par ailleurs difficiles à déterminer, les coquilles présentant une grande variabilité morphologique en fonction du milieu, avec très peu de critères diagnostiques. Ce sont pourtant des espèces remarquables par leurs traits de vie, et des bioindicateurs de la qualité des cours d'eau. La plupart des 45 espèces de France sont menacées aujourd'hui. La difficulté de détection couplée à la difficulté de détermination en fait des candidats idéaux pour les analyses par ADN environnemental : grâce à cet outil, on a une probabilité de détection au moins 30 % supérieure et les déterminations sont assurées par les séquences génétiques. En déployant un inventaire ADNe à grande échelle sur l'ensemble de la France, nous avons pu réévaluer les enjeux de conservation de ce groupe décidément mal connu. Certaines espèces, supposées de préoccupation mineure, avec des données sur l'ensemble du territoire (mais essentiellement sur la base de coquilles...), ont en réalité régressé drastiquement et se trouvent aujourd'hui au bord de l'extinction. À l'inverse, d'autres espèces supposées menacées et bénéficiant d'un statut de protection sont plus largement répandues que l'on ne le pensait, en particulier dans des milieux difficiles d'accès tels que l'aval du Rhône.

Thème 2 : L'ADN pour inventorier, comprendre et suivre les environnements naturels et anthropisés

Session 2.2 : Les apports des approches génétiques et métagénomiques dans la surveillance et le suivi de la biodiversité

Le projet Fleuves Sentinelles : inventorier tout le vivant, tout le long des fleuves

Vincent Prié*^{1,2}

¹: SPYGEN, 73370 Le Bourget-du-Lac, France

²: Vigilife

Abstract/Résumé : Dans un contexte de crise globale de la biodiversité, l'inventaire et le suivi du vivant représentent un enjeu fondamental à l'échelle mondiale. Certains groupes (ex. vertébrés) et certains milieux (ex. milieux terrestres) bénéficient d'une attention plus poussée, mais ne sont pas nécessairement les meilleurs représentants de la qualité des écosystèmes. Quid des invertébrés aquatiques, des champignons ou des bactéries ? Le manque de spécialistes, la lourdeur des protocoles d'inventaire, leur difficile et coûteuse mise en œuvre, en particulier dans les milieux difficiles, rendent le défi difficile à relever. Les analyses d'ADN environnemental permettent en théorie de détecter n'importe quelle espèce dans le milieu, pourvu que l'on dispose des amorces idoines et de bonnes bases de référence. Elles sont peu coûteuses comparées aux méthodes traditionnelles, et fournissent, au moins pour certains groupes, une probabilité de détection plus importante. Le projet Fleuves sentinelles a pour objectif de déployer un inventaire total, sur la base d'analyses ADNe, et un suivi de la biodiversité à long terme, sur l'ensemble d'un fleuve. Nous utilisons des amorces « Eucaryotes » et « Procaryotes », de manière à couvrir l'ensemble du vivant, couplées à des amorces ciblées « Poissons » et « Bivalves », qui sont deux groupes bioindicateurs de la qualité des écosystèmes aquatiques, et « Vertébrés » pour détecter les espèces terrestres et charismatiques.

Cet inventaire ADNe du vivant a été réalisé sur le Maroni en Guyane, de l'embouchure à la source. Cette première photographie du vivant permet de documenter l'impact des activités humaines.

Thème 2 : L'ADN pour inventorier, comprendre et suivre les environnements naturels et anthropisés

Session 2.2 : Les apports des approches génétiques et métagénomiques dans la surveillance et le suivi de la biodiversité

L'ADNe : enjeux et opportunité pour l'OFB

Nicolas Poulet*¹

¹: Office français de la biodiversité

Abstract/Résumé L'utilisation de l'ADNe s'est rapidement imposée comme une opportunité pour les établissements publics en lien avec la biodiversité. Par exemple, l'Onema a très tôt soutenu le développement des méthodes d'analyse de l'ADNe. Aujourd'hui, alors que certaines de ces méthodes ont atteint un niveau opérationnel satisfaisant, il est possible de faire un bilan de leur utilisation dans le cadre des missions de l'OFB.

Actuellement, l'ADNe est principalement utilisé à des fins de connaissance, notamment pour la détection d'espèces aquatiques à enjeux, qu'elles soient patrimoniales (écrevisse à pattes blanches, apon du Rhône, aloses, amphibiens, moules d'eau douce...) ou exotiques envahissantes (gobie à tache noire, écrevisse à pinces bleues...). L'objectif est de mieux cerner les limites de leur distribution, en profitant à la fois de la capacité de détection des méthodes ADNe et de la rapidité de leur mise en œuvre. À noter que ces méthodes ne se substituent pas aux méthodes d'inventaire classiques, qui sont généralement mises en œuvre pour confirmer l'éventuelle détection obtenue par l'ADNe.

Les missions de l'OFB, incluant également la recherche et le développement, utilisent désormais l'ADNe comme outil pour améliorer les connaissances sur l'écologie des espèces (régime alimentaire, phénologie...). Mais l'une des applications les plus prometteuses concerne la surveillance de l'état écologique ou de conservation à travers la mise au point d'outils de bioindication basés sur l'ADNe.

Il reste cependant des marges de progression importantes pour optimiser l'utilisation de l'ADNe, sur lesquelles l'OFB travaille en partenariat avec le monde de la recherche : quantification (estimation des effectifs), développement des bases de références, compréhension de l'écologie de l'ADN, mise au point d'outils et de stratégies d'échantillonnage...

Thème 2 : L'ADN pour inventorier, comprendre et suivre les environnements naturels et anthropisés

Session 2.2 : Les apports des approches génétiques et métagénomiques dans la surveillance et le suivi de la biodiversité

Forces et faiblesses de l'usage de l'ADNe dans les inventaires de biodiversité

Baptiste Faure*¹

¹: Biotope – Agence Nord-Littoral Département Diversification et Innovation, 62720 Rinxent

Abstract/Résumé : Les outils moléculaires et notamment l'ADN environnemental (ADNe) ont vu leur utilisation se démocratiser ces dernières années. Sur terre, les pieds dans l'eau ou depuis une embarcation, ces outils viennent désormais compléter la panoplie du naturaliste lors de la réalisation d'inventaires sur le terrain. L'ADNe n'est cependant pas un outil magique supplantant les approches naturalistes plus conventionnelles, bien au contraire. Son déploiement nécessite d'éviter plusieurs écueils lors du dimensionnement et de la réalisation de l'échantillonnage. La qualité et l'exploitabilité des résultats obtenus dépend aussi bien de la formation et des connaissances des opérateurs de terrain, que du protocole d'échantillonnage mis en place, ou encore de la rigueur des laboratoires et de leurs analyses in-silico. La vigilance est également de mise lors de l'analyse des résultats et de leur interprétation écologique.

Forts de nos 10 ans de retours d'expérience et de collaborations étroites avec plusieurs laboratoires, nous illustrerons les avantages et les inconvénients de l'utilisation de l'ADNe dans le cadre des inventaires naturalistes pratiqués par les bureaux d'étude en écologie (études réglementaires, suivi de mesures compensatoires, projets de conservation, dépôt légal de données brutes de biodiversité...).

Cyberinfrastructure for Global Biodiversity Monitoring through DNA Barcoding

Sujevan Ratnasingham^{*1}

¹: Centre for Biodiversity Genomics, University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada

Abstract/Résumé : The BIOSCAN program, initiated by organizations across 30 nations, is a 7-year global biodiversity project that advances DNA-based methods to automate species discovery, uncover species interactions, and document species distributions on a global scale. BIOSCAN's work will generate novel data to inform future conservation and management strategies.

Through dedicated facilities, BIOSCAN is building a database of georeferenced specimen records, which includes high-resolution images, DNA sequences, and occurrence records based on environmental samples. These expansive datasets are managed by the Barcode of Life Data System (BOLD) and the Multiplex Barcode Research and Visualization Environment (mBRAVE). BOLD, which houses over 18 million digitized specimens and reference barcodes, enables species identification, data standardization, and biodiversity baseline development. mBRAVE complements BOLD by providing performant tools to process and visualize high-throughput sequencing data, supporting large-scale analyses of community structure and interactions. Together, these platforms facilitate efficient data processing, secure sharing, and global dissemination, enabling DNA-based biodiversity monitoring at a planetary scale.

Vers la mise en place d'un référentiel technique national de séquences génétiques pour l'identification des espèces en appui à la recherche et aux politiques publiques en France

Aurélie Lacoeuilhe*¹, Liliana Ballesteros-Mejia*², Agnès Dettai³, Lucas Sire³, Olivier Gargominy¹, Rodolphe Rougerie³

¹: Patrinat – Office Français de la Biodiversité, Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS, IRD

²: Muséum national d'Histoire naturelle, 75005 Paris, France

³: Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB) – UMR 7205 Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS, Sorbonne Université, EPHE, Université des Antilles, 75005 Paris, France

Abstract/Résumé : La diversité biologique est fortement affectée par les changements environnementaux rapides de l'Anthropocène, et notre capacité à identifier les espèces constitue un défi majeur pour suivre les impacts de ces changements et concevoir des réponses appropriées. Le potentiel des méthodes moléculaires, avec leur diversité d'approches (e.g., barcode ADN, metabarcodes, ADN environnemental) et leurs applications, fait du développement des capacités d'identification basées sur l'ADN une priorité pour les politiques publiques liées à la biodiversité dans de nombreux pays. Cependant, l'efficacité de ces approches dépend de la complétude et de la fiabilité des bases de référence ADN.

Dans le cadre de sa Stratégie Nationale pour la Biodiversité, la France s'engage à développer et alimenter un référentiel technique de séquences génétiques pour l'identification des espèces présentes sur son territoire. L'objectif principal est d'améliorer la fiabilité et la qualité des identifications taxinomiques basées sur les données génétiques ou génomiques pour les organismes échantillonnés en hexagone et outre-mer. Il s'agit donc de rendre accessibles des séquences vérifiées, associées à des identifications fiables, révisables, et liées à un référentiel taxinomique à jour, en s'inscrivant dans le paysage national et international. En créant des liens vers les données accessibles des bases existantes (e.g., ENA, BOLD, GenBank, UNITE), ce nouvel outil fournira aux utilisateurs un ensemble de séquences de référence dont l'exactitude et la qualité auront été évaluées et validées par des experts.

Nous présentons ici la conception générale et la portée de cette initiative ainsi qu'une première preuve de concept de sa mise en œuvre possible, intégrée dans le référentiel taxinomique national TAXREF.

Le GBIF et les données ADN : travaux en cours et perspectives, présentation du projet pilote Metabarcoding Data Programme

Anne-Sophie Archambeau*¹

¹: Secrétaire exécutive iBOL, Université de Guelph, Ontario, Canada

Abstract/Résumé : Les technologies de séquençage ADN révolutionnent la détection et l'identification des espèces, et facilitent l'accès à des habitats jusque-là difficilement accessibles. Toutefois, une part significative des données issues de ces séquençages concerne des taxons non formellement décrits et susceptibles d'être ignorés dans les politiques de conservation malgré leur valeur écologique. Les bases de référence de séquences permettent au GBIF (Global Biodiversity Information Facility) d'indexer ces taxons aux côtés des espèces reconnues, contribuant ainsi à l'enrichissement de la base mondiale de données sur la biodiversité. Une priorité majeure réside donc dans l'enrichissement de bases de référence de séquences, ainsi que la diffusion des données d'occurrences validées issues des techniques d'échantillonnage ADN. À cet égard, PatriNat travaille actuellement sur des recommandations et bonnes pratiques appliquées à ce type de données, notamment en ce qui concerne leur intégration dans les systèmes d'information existants (SINP, SIB, GBIF...), en s'appuyant sur les bases de séquences de référence, et des référentiels taxonomiques reconnus tels que TAXREF.

Le GBIF a récemment lancé le Metabarcoding Data Programme, un projet pilote visant à intégrer davantage de données de metabarcoding, en s'appuyant sur le Metabarcoding Data Toolkit (MDT), un outil dédié à la collecte et à la gestion de ces données. En parallèle, un guide, *Publishing DNA-derived data through biodiversity data platforms*, liste des recommandations sur la publication des occurrences basés sur l'ADN. L'intégration de ces données ADN dans des plateformes comme le GBIF et OBIS (Ocean Biodiversity Information System) permet une vision globale de la biodiversité, contribuant ainsi à une meilleure compréhension et gestion des écosystèmes.

Communauté Biodiversité au sein de l'IFB et du PNDB : La génétique au croisement des deux infrastructures de services à la donnée

Erwan Corre*¹, Yvan Le Bras*²

¹: CNRS, Sorbonne Université, Station Biologique de Roscoff, 29680 Roscoff, France

²: DGD-REVE, MNHN, 75005 Paris, France

Abstract/Résumé : L'Institut Français de Bioinformatique (IFB) et le Pôle National de Données de Biodiversité (PNDB), en tant qu'infrastructures nationales de type numérique, s'inscrivent dans un paysage complexe d'acteurs et de données.

Le PNDB, pôle de l'IR Data Terra, se positionne comme un hub pour faciliter la compréhension, le partage et l'utilisation des données de biodiversité. Il propose des outils et services adaptés pour la gestion, le partage et l'utilisation des données, notamment via Galaxy-Ecology.

L'IFB, infrastructure nationale en biologie santé, offre des services en bioinformatique, notamment en matière d'infrastructure numérique, de développement de logiciels, de gestion des données et de formations.

La collaboration entre le PNDB et l'IFB s'inscrit dans le contexte des deux projets d'investissement d'avenir GAIA-DATA et MUDIS4LS. Elle vise à développer une réflexion communautaire active autour des données de diversité, notamment des données de génétique et génomique, à développer des outils et des services pour la gestion et l'analyse de ces données, et à favoriser l'interopérabilité avec les initiatives nationales (PPR, PIA, PEPR) européennes (ELIXIR) et internationales (GBIF, GEO BON, EDI).

A travers des actions conjointes, telles que des ateliers sur les données bioinformatiques de diversité et la participation à des projets nationaux et internationaux, l'objectif de cette communauté est de favoriser la "FAIRisation" des données et de renforcer les synergies entre les différents acteurs de la communauté biodiversité.



POSTERS



Bonnet B.*, Chandouh C., Lassalle G., Rousse J-M.I, Covain R., Le Bail P-Y., Vigouroux R., Muriene J., Brosse S., Lalaguè H., Quemere E.

Enhancing Neotropical Fish Monitoring Using eDNA Metabarcoding of Detritivorous Crustaceans' Stomach Contents.

Daffe G.*, Daramy F., Lavesque N.

Le barcoding chez les annélides polychètes : explosion du nombre de nouvelles espèces.

Fabre L.*, Mermillod-Blondin F., François C., Perrette Y.

Dynamics of Bacterial Communities in Response to Contamination in Karstic Systems.

Gardette A.*, Belda E., Zucker J-D., Chenin E.

MetaPlantCode - Multi-Modal Deep Learning for Plant MetaBarcoding in Europe.

Gerriet O.*, Lambert-Grimpard C., Topin H.

A 2m² Genetic Platform - First Results and Perspectives in Genetic Analysis at the Muséum d'Histoire Naturelle de Nice.

Hadj-Bachir O.*, Bellemain E., Marchand M-A.

Détection d'un reptile cryptique par ADN environnemental : Étude pilote portant sur la Vipère d'Orsini (*Vipera ursinii*) dans les Alpes françaises.

Jabot F.*, Auger G., Bonnal P., Roncoroni M., Revaillet S., Pottier J.

Utilisation de barcoding ADN massif pour le monitoring de la biodiversité : un test sur la macrofaune du sol en forêt.

Jérusalem M.*, Sélosse M-A.

Funif-Col : Code-barres moléculaire de référence pour les Fungi (Eumycètes) français en collections.

Jossart Q.*, Lelièvre Y., Thomas J., Saucède T.

Approche intégrative, morphologique et génétique, pour l'inventaire, le suivi et l'appui à la politique de gestion de la biodiversité marine des Îles Crozet (Terres Australes et Antarctiques Françaises).

Maire A.*, Velez L., Avouac A., Mouillot D.

Suivi de l'évolution à long terme de la biodiversité côtière en France métropolitaine par metabarcoding de l'ADNe : le réseau 'Aires Marines Sentinelles'.

Massé C.*, Daramy F., Lavesque N., Gouillieux B., Latry L., Humbert S., Daffe G.

Les codes-barres ADN pour l'identification des espèces non indigènes marines.

Nicolas Moulin*

Librairie de référence des codes-barres ADN des Mantodea de Guyane.

Mouttet R.*, Chérasse S., Ouvrard D., RamelJ-M., Rouse P., Taddei A., Reynaud P.

Utilisation des codes-barres ADN pour l'identification officielle des insectes ravageurs invasifs en France.

Noel S.*, Ventura M., Fourcade Y., Barraux A., Gigon A., Roy V., Dupont L.

DNA barcoding and metabarcoding as complementary approaches to investigate the impact of the predation by an invasive species on earthworm communities.

Papinot B.*, Pálsson S., I. S. Jonsdottir

Que se cache dans la mousse subarctique ? Etude des facteurs influençant la diversité de la bryosphère dans la toundra islandaise.

Toran Vilarrubias A.*, Chimènes A., Utgé J., Bon C.

Le plateau de Paléogénomique et génétique moléculaire au MNHN : outils et méthodes pour explorer la biodiversité actuelle et passée.

Ventura M.*, Noël S., Mazuras N., Dupont L., Roy V.*

Trois années de suivi par barcoding ADN des espèces de gastéropodes terrestres présentes dans des sites envahis par le plathelminthe *Obama nungara*.

Enhancing Neotropical Fish Monitoring Using eDNA Metabarcoding of Detritivorous Crustaceans' Stomach Contents

Baptiste Bonnet*, Celine Condachou, Gilles Lassalle¹, Jean-Marc Roussel, Raphaël Covain, Pierre-Yves Le Bail², Régis Vigouroux, Jérôme Murienne³, Sébastien Brosse, Hadrien Lalaguë, Erwan Quemere⁴

¹: Dynamique et durabilité des écosystèmes : de la source à l'océan – INRAE – Institut Agro Rennes Angers, 65 rue de Saint-Brieuc, F-35042 Rennes cedex, France

²: INRA Rennes (INRA) – Institut national de la recherche agronomique (INRA) – Domaine de la Motte au Vicomte, 35653 Le Rheu, France

³: UMR CNRS / UPS / IRD Evolution et Diversité biologique (UMR EDB) – PRES Université de Toulouse, CNRS : UMR5174 – France

⁴: UMR DECOD "Dynamique et durabilité des écosystèmes : de la source à l'océan" – INRAE – France

Keywords / Mots-clés : Gut content metabarcoding, Biosampler, Non-invasive monitoring, Neotropical rivers

Abstract / Résumé : Les écosystèmes d'eau douce tropicale abritent certaines des communautés de poissons les plus diversifiées du point de vue taxonomique et fonctionnel, jouant un rôle crucial dans le maintien de l'équilibre écologique et l'accomplissement de fonctions écosystémiques essentielles, telles que le recyclage des nutriments et la dispersion des graines. Les méthodes traditionnelles d'inventaire des poissons, utilisées dans les programmes de surveillance de la qualité de l'eau conformément à la Directive-cadre sur l'eau (DCE), sont souvent coûteuses, destructrices et nécessitent une expertise taxonomique, ce qui limite leur sensibilité, notamment pour les espèces rares.

Dans cette étude, nous avons exploré la possibilité d'utiliser des crustacés détritivores d'eau douce comme "échantillonneurs naturels" pour surveiller les assemblages de poissons dans les rivières néotropicales, en comparant leur efficacité à celle des méthodes de surveillance traditionnelles. Nous avons démontré que l'analyse par metabarcoding multi-marqueurs (12S rRNA et COI) de l'ADN alimentaire de plusieurs espèces de crabes et de crevettes permettait d'identifier un nombre d'espèces comparable à celui observé lors d'un inventaire intensif de 10 jours utilisant divers types de matériel de pêche, et significativement supérieur aux espèces identifiées par les méthodes conventionnelles utilisées pour les inventaires de la DCE en Guyane française. Il est intéressant de noter que l'ADN alimentaire a également permis de détecter une vingtaine d'espèces non identifiées par les méthodes traditionnelles, généralement de plus petite taille.

Cette étude souligne la complémentarité de ces approches et met en évidence le potentiel de l'analyse par metabarcoding des contenus stomacaux des crustacés comme une méthode innovante et efficace, non invasive, pour le suivi de la biodiversité des poissons dans les environnements tropicaux.

Le barcoding chez les annélides polychètes : explosion du nombre de nouvelles espèces

Guillemine Daffe*¹, Flore Daramy², Nicolas Lavesque³

- ¹: Observatoire aquitain des sciences de l'univers (OASU - UMS 2567) – Centre National de la Recherche Scientifique : UMS2567, Université de Bordeaux (Bordeaux, France) – OASU, UMS 2567 POREA - Allée Geoffroy Saint Hilaire, F-33615 Pessac, France, France
- ²: University of Bordeaux – CNRS, EPOC, EPHE, UMR 5805, Station Marine d'Arcachon, CNRS, EPOC, EPHE, UMR 5805, Station Marine d'Arcachon – 2 rue du Pr Jolyet, 33120 Arcachon, France
- ³: UMR 5805 EPOC – Université de Bordeaux, CNRS : UMR5805 EPOC – Station Marine d'Arcachon, 2 rue du Professeur Jolyet, 33120 Arcachon, France

Keywords / Mots-clés : Barcoding, identification espèce

Abstract / Résumé : Les annélides polychètes sont extrêmement abondants dans la plupart des écosystèmes marins, des zones polaires aux régions tropicales, des zones intertidales aux abysses. Pendant des décennies, les taxonomistes étaient convaincus que ces vers marins étaient cosmopolites et présentaient des aires de distribution très larges. Récemment, la démocratisation des outils moléculaires et l'utilisation de la taxonomie intégrative ont permis de montrer que les annélides polychètes présentent des aires de distribution restreintes et que ces soi-disant espèces cosmopolites sont en fait des complexes d'espèces cryptiques ou pseudo-cryptiques.

En France, cette récente collaboration entre taxonomistes et biologistes moléculaires a permis de décrire 33 espèces nouvelles pour la science, dont la plupart dans le cadre du Spaghetti Project, qui visait à redécrire les espèces de vers spaghetti (famille Terebellidae) des côtes de France métropolitaine. Ce résultat était étonnant car ces côtes sont extrêmement bien étudiées par les naturalistes et les taxonomistes depuis le 18^{ème} siècle.

L'outil moléculaire est ainsi devenu aujourd'hui indispensable pour décrire des espèces nouvelles pour la science et permettre la révision de familles entières.

Dynamics of Bacterial Communities in Response to Contamination in Karstic Systems

Lina Fabre*^{1,2}, Florian Mermillod-Blondin³, Clémentine François⁴, Yves Perrette⁵

- ¹: Laboratoire d'Ecologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés – Université Claude Bernard Lyon 1, Ecole Nationale des Travaux Publics de l'Etat, Centre National de la Recherche Scientifique – France
- ²: Environnements, Dynamiques et Territoires de Montagne – Université Savoie Mont Blanc, Centre National de la Recherche Scientifique – France
- ³: Laboratoire d'Ecologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés – Université Claude Bernard Lyon 1, Ecole Nationale des Travaux Publics de l'Etat, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR5023 – Univ Lyon, UCBL, 3-6 rue Raphaël Dubois, Bât. Darwin C Forel, 69622 Villeurbanne Cedex - ENTPE 3, rue Maurice Audin 69518 Vaulx-en-Velin, France
- ⁴: Laboratoire d'Ecologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés – Université Claude Bernard Lyon I, Ecole Nationale des Travaux Publics de l'Etat, Centre National de la Recherche Scientifique - CNRS, Université Claude Bernard - Lyon I – France
- ⁵: Environnements, Dynamiques et Territoires de la Montagne (EDYTEM) – CNRS : UMR5204, Université de Savoie – Université de Savoie, Campus scientifique, 73376 Le Bourget du Lac cedex, France

Keywords / Mots-clés : Karstic systems, bacterial communities, contamination, groundwater, bioindication

Abstract / Résumé : Environ 25 % des ressources mondiales en eau potable proviennent des eaux souterraines karstiques. Cependant, en raison de leur structure hétérogène et de leurs propriétés hydrodynamiques, ces systèmes aquatiques sont vulnérables à diverses contaminations (agriculture, activités industrielles, urbanisation). Les évaluations quantitatives et qualitatives des ressources en eau souterraine sont actuellement basées sur des paramètres chimiques et hydrogéologiques. Compte tenu de la variabilité hydrologique considérable observée dans les systèmes karstiques, les indicateurs microbiologiques, en particulier les bactéries en raison de leur nature ubiquitaire et de leur sensibilité aux changements environnementaux, apparaissent comme des outils prometteurs pour intégrer l'état des eaux souterraines au fil du temps et surveiller leur qualité. Pour cette raison, l'utilisation de l'ADN environnemental pourrait être une approche efficace pour étudier ces communautés et mieux gérer les ressources en eau souterraine.

Dans ce contexte, notre étude visait à évaluer le potentiel bioindicatif des micro-organismes dans les écosystèmes karstiques en déterminant la composition des communautés microbiennes dans plusieurs contextes hydrologiques et de contamination. Nous avons utilisé des substrats artificiels (perles d'argile) pour échantillonner et caractériser les communautés microbiennes dans trois stations de grottes : une avec contamination agricole, une avec hydrocarbures et une avec faible contamination. Les substrats ont été collectés tous les deux mois sur une période de 18 mois.

Nous avons étudié les communautés bactériennes développées sur les perles d'argile incubées en utilisant le séquençage 16S rRNA pour évaluer leur dynamique saisonnière en relation avec le régime hydrologique et les contaminations. En parallèle, des échantillons d'eau ont été collectés pour caractériser la dynamique physico-chimique. L'ensemble des données a permis d'évaluer les liens entre hydrologie, physico-chimie et microbiologie dans les systèmes karstiques. Le métabarcodage de l'ADN révèle des différences dans la composition des communautés bactériennes entre les sites caractérisés par des contaminations contrastées dans le système karstique.

MetaPlantCode - Multi-Modal Deep Learning for Plant MetaBarcoding in Europe

Auguste Gardette*¹, Eugeni Belda^{1,2}, Jean-Daniel Zucker^{1,2}, Eric Chenin¹

¹: Unité de modélisation mathématique et informatique des systèmes complexes [Bondy] – Sorbonne Université, Institut de Recherche pour le Développement – France

²: Nutrition et obésités : approches systémiques (UMR-S 1269) – Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale, Sorbonne Université – France

Keywords / Mots-clés : Plant, MetaBarcoding, Deep Learning, Multi Modality, MetaPlantCode

Abstract / Résumé : Le projet MetaPlantCode, financé par le programme Biodiversita+, représente un effort européen visant à standardiser les pratiques de métabarcodage des plantes à travers le continent. Cette initiative, impliquant plus de 35 chercheurs de 10 pays, dirigée par le Professeur Birgit Gemeinholzer de l'Université de Kassel, vise à affiner l'identification et la classification des espèces végétales.

Notre poster présente l'approche duale basée sur le séquençage et l'apprentissage profond multimodal pour surmonter les limitations actuelles du métabarcodage. Dans un premier temps, nous utilisons l'apprentissage profond pour classifier directement les séquences ADN, réduisant ainsi les exigences computationnelles et améliorant la reconnaissance des motifs pour une robustesse accrue. Cette méthode a montré des résultats prometteurs, atteignant jusqu'à 99 % de précision grâce à un modèle d'assemblage, où divers modèles corrigent mutuellement leurs erreurs.

De plus, reconnaissant les limites des données génomiques seules, nous proposons une approche d'apprentissage profond multimodal qui intègre la génomique avec des métadonnées contextuelles telles que l'habitat, la saisonnalité et les propriétés physico-chimiques de l'environnement. En exploitant de grands modèles de langage (LLMs) spécialisés en biodiversité, nous visons à capturer des interactions écologiques complexes, améliorant ainsi la précision des tableaux d'abondance des espèces et détectant d'éventuelles anomalies.

Ce poster présentera nos dernières découvertes, mettant en avant le potentiel d'intégration de l'apprentissage profond et des approches multimodales pour repousser les limites des capacités actuelles de métabarcodage, ouvrant la voie à des évaluations de biodiversité plus précises et complètes.

A 2m² Genetic Platform - First Results and Perspectives in Genetic Analysis at the Muséum d'Histoire Naturelle de Nice

Olivier Gerriet*¹, Corentin Lambert–Grimpard¹, Héroïse Topin¹

¹: Muséum d'Histoire naturelle de Nice - 60 boulevard Risso, 06300 Nice, France

Keywords / Mots-clés : Genetic platform, barcoding, environmental DNA analysis, taxa identification, collection specimens

Abstract / Résumé : Depuis 2023, le Muséum d'Histoire naturelle de Nice a acquis du matériel de laboratoire pour effectuer des analyses génétiques. Avec le temps, l'acquisition de ces appareils et consommables permettra au Muséum d'assurer une autonomie maximale et de développer une expertise génétique liée aux collections d'histoire naturelle, ainsi qu'une expertise de terrain.

Ce poster présente les résultats initiaux et les perspectives futures de ce petit laboratoire. Pour le moment, seules les étapes d'extraction et d'amplification sont opérationnelles et ont produit des résultats encourageants, notamment en externalisant la phase de séquençage. Parallèlement, des phases de test sont réalisées afin de gérer le séquençage en interne en utilisant un séquenceur NGS.

À terme, le Muséum d'Histoire naturelle de Nice a l'intention de (1) réaliser régulièrement le barcoding des spécimens de la collection ou des individus échantillonnés sur le terrain, (2) entreprendre le séquençage de génomes entiers sur des taxa d'intérêt, (3) utiliser l'analyse des microsatellites pour caractériser les populations locales ou les espèces envahissantes, (4) effectuer une analyse d'ADN environnemental, (5) développer des protocoles simplifiés pour la discrimination des espèces cryptiques, (6) évaluer et proposer des méthodes de préparation des spécimens qui maximisent la conservation du matériel génétique, etc.

Détection d'un reptile cryptique par ADN environnemental : Étude pilote portant sur la Vipère d'Orsini (*Vipera ursinii*) dans les Alpes françaises

Oscar Hadj-Bachir*¹, Eva Bellemain², Marc-Antoine Marchand¹

¹: Conservatoire d'espaces naturels de Provence-Alpes-Côte d'Azur, pôle biodiversité régionale, 18 avenue du Gand - 04200 Sisteron - France

²: Laboratoire ARGALY, 354 Voie Magellan – 73800 Sainte-Hélène-du-Lac - France

Keywords / Mots-clés : *Vipera ursinii*, détection, conservation, ADN environnemental, protocole

Abstract / Résumé : Dans le cadre du second Plan National d'Action en faveur de la Vipère d'Orsini (*Vipera ursinii*) (2020-2030), des travaux de développement de nouvelles techniques de détection de ce serpent extrêmement cryptique ont été initiés. Une étude pilote visant à détecter l'espèce via l'ADN environnemental a été réalisée en 2023 et a permis le prélèvement de 15 échantillons d'ADN en milieu naturel. Les prélèvements de matières (sol et végétaux) ou par swabbing de substrat (roche et bois) ont été effectués directement après observation d'une vipère en insolation ou en déplacement. Des amorces spécifiques à l'espèce ont été développées en laboratoire afin d'amplifier son ADN par qPCR.

Au sein des 15 échantillons analysés, l'ADN de la vipère a été détecté dans 6 prélèvements. Les 2 échantillons témoins (tissus et swabbing d'un individu) se sont révélés positifs. Les gants utilisés pour la capture des individus sont susceptibles de générer des faux positifs. L'étude pilote doit être poursuivie afin d'évaluer l'efficacité de cette technique via une récolte aléatoire des échantillons, de calibrer un protocole de prélèvement et un effort d'échantillonnage.

Utilisation de barcoding ADN massif pour le monitoring de la biodiversité : un test sur la macrofaune du sol en forêt

Franck Jabot*¹, Gwenaëlle Auger, Pauline Bonnal, Marilyn Roncoroni, Sandrine Revaillet, Julien Pottier

¹: UMR UREP – INRAE – France

Keywords / Mots-clés : Barcoding ADN, megabarcoding, macrofaune du sol, forêt, MinION

Abstract / Résumé : Nous avons testé l'applicabilité d'un barcoding ADN massif (et à bas coût) sur la macrofaune du sol en forêt, en appliquant la méthodologie proposée par Srivathsan et al. (2021, 2023) basée sur la technologie MinION. L'objectif était de voir dans quelle mesure les bons résultats obtenus sur certains groupes taxonomiques (notamment les diptères) sont transférables aux taxons de la macrofaune du sol.

Nous avons échantillonné les macroarthropodes du sol (> 3 mm) par extraction de monolithes de sols et litières dans 25 sites d'échantillonnages dans une hêtraie située à Laqueuille (63). Nous avons à ce jour barcodé plus de 700 individus (travail en cours pour atteindre > 1500 individus d'ici la conférence). Ce travail vise à estimer le taux de succès du séquençage de barcodes dans les différents ordres taxonomiques rencontrés, ainsi que la proportion de présence de ces barcodes dans la base de données BOLD.

Funif-Col : Code-barres moléculaire de référence pour les Fungi (Eumycètes) français en collections

Matthieu Jérusalem^{*1}, Marc-André Sélosse²

¹: DGD-Collection Herbier du Muséum national d'Histoire naturelle - MNHN (France)

²: Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB) – UMR 7205 Muséum national d'Histoire naturelle, CNRS, Sorbonne Université, EPHE-PSL, Université des Antilles, 75005 Paris, France.

Keywords / Mots-clés : Codes-barres ADN, Fonge, Type nomenclatural, Réseau naturaliste, Concept d'espèce

Abstract / Résumé : Pour de très nombreuses espèces fongiques, il n'existe toujours pas à l'heure actuelle de séquences moléculaires de référence dites de « code-barres moléculaires » (Barcoding DNA). Dans de nombreux cas, les types nomenclaturaux définissant les espèces n'ont pas été séquencés. Ces espèces sont dès lors actuellement basées, souvent erronément, à partir d'autres échantillons que le type nomenclatural. Les séquences obtenues à partir de ces échantillons sont souvent de mauvaise qualité, voire parfois mal identifiées par les auteurs sur les bases de données internationales. Il est donc urgent de séquencer l'ensemble des types fongiques français afin de disposer de codes-barres fiables.

Le projet « Funif-Col » se propose donc, pour les espèces initialement décrites de France (environ 3000 espèces de macromycètes), de produire des séquences code-barres de référence (séquences ITS et LSU) sur des échantillons par ailleurs conservés en herbier. Pour ce faire, nous séquencerons les échantillons types des collections publiques (Paris en particulier), ainsi que ceux des herbiers des mycologues amateurs français rattachés au programme par nos soins. Si ces échantillons types sont inexistantes ou inexploitable pour l'extraction d'ADN, nous nous appuyerons également sur le réseau amateur des fédérations et des associations mycologiques pour récolter des échantillons frais dans les localités types, en vue de processus de néotypification et/ou d'épitypification. Les séquences de référence produites dans le cadre du projet Funif-Col, qui se veut public et participatif, seront ensuite déposées sur les bases de données internationales accessibles à tous.

Approche intégrative, morphologique et génétique, pour l'inventaire, le suivi et l'appui à la politique de gestion de la biodiversité marine des Îles Crozet (Terres Australes et Antarctiques Françaises)

Quentin Jossart*¹, Yann Lelièvre¹, Jérôme Thomas¹, Thomas Saucède¹

¹: Biogéosciences, UMR 6282 CNRS - Université de Bourgogne - 6 Boulevard Gabriel, 21000 Dijon, France

Keywords / Mots-clés : Codes-barres, inventaire, conservation, biodiversité marine, TAAF

Abstract / Résumé : Les îles subantarctiques françaises concentrent une biodiversité exceptionnelle dont la singularité, la valeur patrimoniale, mais aussi la fragilité ont conduit à la création de la Réserve Naturelle Nationale des Terres Australes Françaises en 2006, puis à son extension à l'ensemble de la zone économique exclusive en 2016, et son classement au patrimoine mondial de l'UNESCO en 2019. Les îles subantarctiques françaises sont actuellement confrontées à de rapides changements environnementaux dont les effets sur les écosystèmes terrestres se font déjà sentir. La biodiversité marine reste cependant encore largement méconnue, alors que son inventaire et ses affinités biogéographiques sont prioritaires pour son suivi et la mise en place des politiques de gestion.

En 2021, une campagne de terrain des Terres Australes et Antarctiques Françaises et de l'Institut polaire français a permis d'explorer la biodiversité marine côtière de l'île de la Possession (archipel Crozet) pour la première fois. Les spécimens récoltés ont été intégrés en collection, et les données associées compilées dans une première base de référence génétique et taxinomique, importante pour les études ultérieures et les politiques de gestion (173 codes-barres génétiques obtenus à partir de 67 morphotypes alimenteront le projet de Barcode of Life accessible au public HAOIV "Shallow benthic communities of the Crozet archipelago"). Parmi les 100 morphotypes caractérisés, 47 ont été identifiés au niveau spécifique, parmi lesquels 20 ont été signalés pour la première fois à Crozet. Cela confirme que la biodiversité marine de l'archipel est encore mal connue et souligne la nécessité de maintenir les efforts de conservation.

Suivi de l'évolution à long terme de la biodiversité côtière en France métropolitaine par metabarcoding de l'ADNe : le réseau 'Aires Marines Sentinelles'

Anthony Maire*¹, Laure Velez², Amandine Avouac³, David Mouillot⁴

- ¹: RD EDF (EDF) – EDF Recherche et Développement, 6 Quai Watier, 78400 Chatou, France
- ²: MARine Biodiversity Exploitation and Conservation (UMR MARBEC) – Institut de Recherche pour le Développement : UMRD248, Institut français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer : UMR9190, Université de Montpellier, Place E. Bataillon, 34095 Montpellier Cedex 5, France
- ³: MARine Biodiversity Exploitation and Conservation (UMR MARBEC) – 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 – Centre de Sète UMR MARBEC SETE - Avenue Jean Monnet, CS3017134203 SETE CEDEX, France
- ⁴: MARine Biodiversity Exploitation and Conservation – Institut de Recherche pour le Développement : UMRD248, Institut français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer : UMR9190, Université de Montpellier, Place Eugène Bataillon, 34095 Montpellier, France

Keywords / Mots-clés : ADN environnemental, biodiversité, milieux côtiers, poissons, crustacés, France

Abstract / Résumé : Le suivi à long terme de la biodiversité des milieux côtiers revêt un enjeu majeur pour diagnostiquer de manière la plus précoce possible les dérèglements qu'ils pourraient subir et évaluer les actions de conservation et de restauration. Dans ce but, les UMR Marbec et CEFÉ, l'Agence de l'Eau RMC et les entreprises Spygen et EDF ont travaillé à la mise en place du réseau 'Aires Marines Sentinelles' dans le cadre de l'initiative VigiLife.

Depuis 2023, 13 Aires Marines Sentinelles (AMS) réparties sur les différentes façades maritimes de la France métropolitaine sont suivies annuellement par la technologie du metabarcoding de l'ADNe. Chaque AMS est centrée autour d'une zone d'intérêt (réserve marine, parc éolien...) et plusieurs filtrations d'eau sont réalisées par bateau le long de transects localisés à l'intérieur et à l'extérieur de cette zone d'intérêt. Chaque transect dure 30 minutes au cours desquelles 30 L d'eau de mer sont filtrées à 1 m sous la surface. Les objectifs du réseau sont notamment d'évaluer l'influence de chacune des zones d'intérêt sur la biodiversité côtière (poissons et crustacés) et sur son évolution dans le temps.

Lors de la première campagne en 2023, plus d'une centaine de transects ont été réalisés, permettant de détecter des copies d'ADN de plus de 140 espèces de poissons et 300 taxons de crustacés. Ces premiers résultats ont permis de réactualiser certaines aires de répartition, avec des détections d'espèces, telle que la saupe *Sarpa salpa*, à plus de 500 km de leur précédente limite nord connue.

Les codes-barres ADN pour l'identification des espèces non indigènes marines

Cécile Massé*¹, Flore Daramy², Nicolas Lavesque³, Benoit Guillieux³, Lise Latry⁴, Suzie Humbert¹, Guillemine Daffe⁵

- ¹: PatriNat – OFB, Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN), CNRS, Institut de recherche pour le développement [IRD] – France
- ²: University of Bordeaux – CNRS, EPOC, EPHE, UMR 5805, Station Marine d'Arcachon, CNRS, EPOC, EPHE, UMR 5805, Station Marine d'Arcachon – 2 rue du Pr Jolyet, 33120 Arcachon, France
- ³: UMR 5805 EPOC – Université de Bordeaux, CNRS : UMR5805 EPOC – Station marine d'Arcachon, 2 rue du Professeur Jolyet, 33120 Arcachon, France
- ⁴: Université de Bordeaux - UMR CNRS 5805 EPOC – Université de Bordeaux (Bordeaux, France)
- ⁵: Observatoire Aquitain des Sciences de l'Univers, UAR 2567 POREA – Université de Bordeaux (Bordeaux, France) – F-33615 Pessac, France

Keywords / Mots-clés : Espèces non indigènes, codes-barres ADN, bases de référence

Abstract / Résumé : Il est aujourd'hui reconnu que pour limiter au maximum les impacts des espèces non indigènes sur les écosystèmes, il est indispensable de les détecter le plus tôt possible dans le processus d'invasion. Pour cela, les outils moléculaires, et notamment l'utilisation de l'ADN environnemental, sont reconnus comme efficaces. Mais pour cela, les espèces doivent avoir été identifiées et décrites morphologiquement avant, et leurs codes-barres ADN doivent avoir été séquencés.

Afin de compléter les bases de références sur les espèces non indigènes marines, notamment dans le cadre du projet FUTURE OBS (ANR-22-POCE-0004) et de la Directive Cadre Stratégie Milieu Marin (DCSMM), les codes-barres ADN issus de un à trois gènes ont été séquencés pour plus de 10 espèces non indigènes et cryptogéniques, en complément d'identifications basées sur les critères morphologiques.

Ainsi, des mollusques, des annélides, mais aussi des arthropodes ou des ascidies, dont les séquences sont présentées ici et mises à disposition de la communauté scientifique sur GenBank, permettront soit d'apporter une aide à leur identification par analyses de type barcoding, soit de les détecter de manière précoce dans de nouveaux écosystèmes par analyses de type metabarcoding.

Librairie de référence des codes-barres ADN des Mantodea de Guyane

Nicolas Moulin *¹

¹: Attaché honoraire Museum national d'Histoire naturelle, Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité, UMR 7205 ISYEB MNHN, France

Keywords/Mots-clés : Guyane, Mantodea, codes, barres ADN, taxonomie, diversité

Abstract/Résumé : Les mantes constituent l'un des groupes de prédateurs d'insectes les plus diversifiés. Elles sont présentes dans de nombreux types d'écosystèmes terrestres, des climats tempérés aux déserts tropicaux en passant par les forêts tropicales, et à divers niveaux d'altitude. À ce jour, plus de 2 500 espèces valides ont été décrites, représentant 29 familles et 60 sous-familles, mais nos connaissances taxonomiques de ce groupe restent fragmentaires. Dans une approche de taxonomie intégrative, les informations moléculaires peuvent soulever des questions. Cette étude vise à établir une bibliothèque fiable et accessible de séquences de référence des mantes de la Guyane afin d'y répondre. Actuellement, 79 espèces de mantes sont connues de ce département ultra-marin. 541 spécimens ont été prélevés d'un morceau de tissu pour le séquençage du code-barres ADN standard chez les animaux (la portion 5' du gène mitochondrial cytochrome C oxydase 1 (COI)). Plus de 450 séquences et près de 100 unités taxonomiques moléculaires (ici les Barcode Index Numbers ou BINs produits par BOLD*) ont été obtenus. Sur la base de l'analyse de ce jeu de données, de nombreux résultats très intéressants sont présentés et discutés. * BOLD : Barcode of Life Datasystems – www.boldsystems.org

Utilisation des codes-barres ADN pour l'identification officielle des insectes ravageurs invasifs en France

Raphaëlle Mouttet*¹, Sarah Chérasse¹, David Ouvrard¹, Jean-Marie Ramel¹, Pascal Rousse¹, Andrea Taddei¹, Philippe Reynaud¹

¹: ANSES, Laboratoire de la Santé des Végétaux, Ministère de l'alimentation de l'agriculture et de la pêche, France

Keywords/Mots-clés : insectes de quarantaine, diagnostic, laboratoire de référence

Abstract/Résumé : L'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses) exerce des missions de laboratoire national de référence dans le domaine de la santé des végétaux. Elle participe activement, via la réalisation d'analyses officielles, à la surveillance des organismes de quarantaine : bactéries, virus, phytoplasmes, champignons, nématodes, insectes et acariens nuisibles aux plantes et soumis à réglementation dans l'Union européenne. L'unité du Laboratoire de la Santé des Végétaux dédiée à l'entomologie, basée à Montpellier, identifie annuellement plusieurs milliers d'échantillons appartenant à plus de 500 taxons différents. Ces échantillons proviennent principalement de la surveillance officielle déployée par le ministère de l'Agriculture à l'échelle nationale (au niveau des points d'entrée communautaires, ports et aéroports, ainsi qu'en régions).

Si la grande majorité des identifications est assurée via des méthodes morphologiques par huit entomologistes spécialisés sur des groupes taxonomiques variés, les codes-barres ADN sont de plus en plus utilisés en complément de la morphologie. Ils permettent, dans certains cas, de confirmer ou affiner les identifications morphologiques, identifier les stades immatures ou contribuer au développement et à la validation de clés d'identification. Le laboratoire s'attache également à enrichir les bases de données de séquences de référence et notamment la base Q-Bank de l'Organisation européenne et méditerranéenne pour la protection des plantes (OEPP), qui permet de fiabiliser l'identification moléculaire des insectes listés dans le règlement européen sur la santé des végétaux.

Divers exemples concrets soulignant les synergies entre approches morphologiques et moléculaires sont illustrés à travers ce poster.

DNA barcoding and metabarcoding as complementary approaches to investigate the impact of the predation by an invasive species on earthworm communities

Shanèze Noël^{*1}, Mathis Ventura^{*1}, Yoan Fourcade¹, Andréa Barraux, Agnes Gigon¹, Virginie Roy¹, Lise Dupont¹

¹: Institut d'écologie et des sciences de l'environnement de Paris, Université Paris-Est Créteil Val-de-Marne (UPEC), Sorbonne Universités, UPMC, CNRS, UMR 242 iEES Paris, Institut de recherche pour le développement IRD – Délégation régionale Ile-de-France, 32 av. Henri Varagnat, 93143 Bondy, France

Keywords/Mots-clés : earthworms, invasive species, flatworm, predation, digestive content

Abstract/Résumé : Earthworm communities in Europe may be severely disrupted by the introduction of the exotic predator *Obama nungara*, a terrestrial Platyhelminthe native from South America.

Earthworm community structure and diversity were explored during three years in various anthropized sites in France invaded by the flatworm, using morpho-molecular approaches. This made it possible to follow the temporal dynamics of the communities, in relation with the variation of abundance of *O. nungara* on the sites. Sites where the flatworm were most abundant experienced biodiversity loss, with a decrease in abundance of rarest earthworm species.

DNA barcoding of the samples allowed to constitute libraries of DNA barcodes (COI and 16S) of the 21 morphospecies collected in the different sites corresponding to 36 MOTUs.

This database was then used to analyse the metabarcoding data of the digestive contents of 86 *O. nungara* collected on the sites: reads obtained from sequencing were affiliated to MOTUs from the database, allowing taxonomic identification of prey DNA from digestive contents.

Thus, the diversity of earthworm species consumed by the flatworm could be related to diversity and abundance of earthworm species on the sites. 26 earthworm species were detected in the digestive contents, thus *O. nungara* seems to present a large dietary diversity. The complementary use of DNA barcoding and metabarcoding approaches therefore makes it possible to explore questions such as the availability of earthworm prey for the flatworm depending on the microhabitat occupied (galleries within soil, litter) and preferential predation choice.

Que se cache dans la mousse subarctique ? Etude des facteurs influençant la diversité de la bryosphère dans la toundra islandaise

Bastien Papinot*¹, Snæbjörn Pálsson², Ingibjorg Svala Jonsdottir³

¹: University of Iceland, Reykjavik, Islande

²: Faculty of Life and Environmental Science, University of Iceland, Reykjavik, Askja, Sturlugata 7 - 101 Reykjavik, Iceland

³: University of Iceland, Institute of Life and Environmental Sciences, University of Iceland, Reykjavik, Iceland

Keywords/Mots-clés : bryosphère, bryophyte, ADN, Islande, microbes

Abstract/Résumé : Les bryophytes abritent une diversité d'organismes macro et microscopiques insoupçonnée et souvent sous-estimée, appelée bryosphère. Cette multitude d'espèces, allant des araignées aux cyanobactéries, est impliquée dans de nombreux processus écosystémiques comme les flux de nutriments, les cycles géochimiques ou encore les réseaux d'interactions trophiques. Ceci est particulièrement le cas dans des régions où ces processus sont lents, comme c'est le cas pour la toundra islandaise, mais aussi fragiles, au vu des changements environnementaux et pressions anthropiques récentes. En utilisant les méthodes d'ADN environnemental sur des échantillons de mousses d'une espèce commune d'Islande, *Racomitrium lanuginosum*, nous essayons de comprendre quels sont les facteurs influençant cette diversité. Pour cela, les échantillons ont été récoltés dans deux localisations islandaises avec des climats différents, chacune avec un dispositif d'exclusion de la pression de pâturage. Les résultats de cette étude montrent que les communautés présentes dans la mousse diffèrent en fonction de leur localisation d'origine, mais aussi de leur profondeur, et ce pour tous les groupes d'organismes, des bactéries aux eucaryotes. La diversité augmente de plus en plus à mesure que l'on descend dans la couche de mousse, en se rapprochant de la litière. Aussi, le pâturage par les moutons islandais ne semble pas avoir d'influence sur la diversité des organismes présents dans la mousse, mis à part sur les communautés fongiques. Enfin, cette étude nous permet d'obtenir un premier aperçu exhaustif de la diversité macro et microscopique des organismes qui se cachent dans la mousse, et de comprendre leurs implications dans les processus écologiques.

Le plateau de Paléogénomique et génétique moléculaire au MNHN : outils et méthodes pour explorer la biodiversité actuelle et passée

Alba Toran Vilarrubias*¹, Amélie Chimènes¹, José Utgé¹, Céline Bon¹

¹: UMR7206 Éco-Anthropologie (EA), CNRS, Muséum National d'Histoire Naturelle, Université Paris-Cité, Paris, France.

Abstract/Résumé : Ouvert en 2016, le plateau technique de Paléogénomique et génétique moléculaire est un plateau du Muséum National d'Histoire Naturelle dédié à l'extraction et à l'analyse de matériels génétiques provenant de sources diverses, anciennes comme modernes. Ce plateau technique, situé au sein du Musée de l'Homme, développe plusieurs infrastructures dédiées : une salle blanche, consacrée à l'extraction et la préparation des ADN anciens issus de restes archéologiques ou muséaux, des pièces d'extraction, de pré- et post-PCR ainsi qu'un laboratoire NGS pour les échantillons actuels. Ce plateau se caractérise aussi par la présence de 3 ingénieurs expérimentés, ayant travaillé depuis son ouverture sur des échantillons de toute provenance : excréments anciens fossilisés, sédiments marins pleistocènes, ossements humains archéologiques, fécès actuels de primates humains et non humains, objets ethnologiques ...

L'objectif principal est d'exploiter le potentiel génétique contenu dans ces restes biologiques pour contribuer à l'étude de la biodiversité actuelle et passée, et de mieux comprendre l'évolution des espèces ainsi que leur adaptation aux changements environnementaux.

Grâce à ses équipements et son expertise, le plateau technique s'impose comme un centre de référence pour les études génétiques sur des matériaux anciens, contribuant à des collaborations internationales et à la formation de nouvelles générations de chercheurs.

Trois années de suivi par barcoding ADN des espèces de gastéropodes terrestres présentes dans des sites envahis par le plathelminthe *Obama nungara*

Mathis Ventura*¹, Shanèze Noël², Nicolas Mazuras³, Lise Dupont², Virginie Roy*⁴

- ¹: Institut d'écologie et des sciences de l'environnement (iEES) de Paris – Université Paris-Est Créteil Val-de-Marne (UPEC), Sorbonne Universités, UPMC, CNRS, UMR 242 iEES Paris IRD, 93143 Bondy, France
- ²: Institut d'écologie et des sciences de l'environnement de Paris (iEES Paris) – IRD, Sorbonne Université, Université Paris-Est Créteil Val-de-Marne - Paris 12, CNRS, INRAE – France
- ³: Institute of ecology and environmental sciences - Paris (iEES Paris), IRD - UMR242, Sorbonne Université - UMR113, Université Paris-Est Créteil Val-de-Marne - Paris 12 - UMR7618, CNRS - UMR7618, Université de Paris - UMR113, INRAE - UMR1392– France
- ⁴: Institut d'écologie et des sciences de l'environnement de Paris (iEES)– IRD, Sorbonne Université, Université Paris-Est Créteil Val-de-Marne - Paris 12, CNRS, INRAE, Université Sorbonne Paris Cité – France

Keywords/Mots-clés : Gastéropodes terrestres, Plathelminthes terrestres, Espèces invasives, Prédation, Inventaire

Abstract/Résumé : Les communautés de gastéropodes terrestres peuvent être amenées à subir des modifications sévères sous la pression induite par de nouveaux prédateurs introduits. Parmi les espèces exotiques envahissantes répertoriées en France, *Obama nungara*, un plathelminthe terrestre de la famille des Geoplanidae, a été signalé sur plus de 75 % du territoire métropolitain. Présent parfois en très forte abondance dans les jardins et espaces verts urbains, il se nourrit de vers de terre, de limaces et d'escargots.

Dans cette étude, nous avons suivi pendant trois ans des sites envahis par *O. nungara* en région parisienne, en Bretagne, dans la région de Bordeaux et à la Rochelle, et utilisé le barcoding ADN (gènes COI et de l'ARNr 16S) associé à une identification morphologique pour inventorier les espèces de gastéropodes terrestres présentes sur ces sites. Près de 40 MOTUs de limaces et escargots ont ainsi été mis en évidence sur l'ensemble des sites et parmi eux, de potentielles espèces cryptiques et une espèce nouvelle pour la France.



INFORMATIONS D'ACCÈS



Plan du quartier

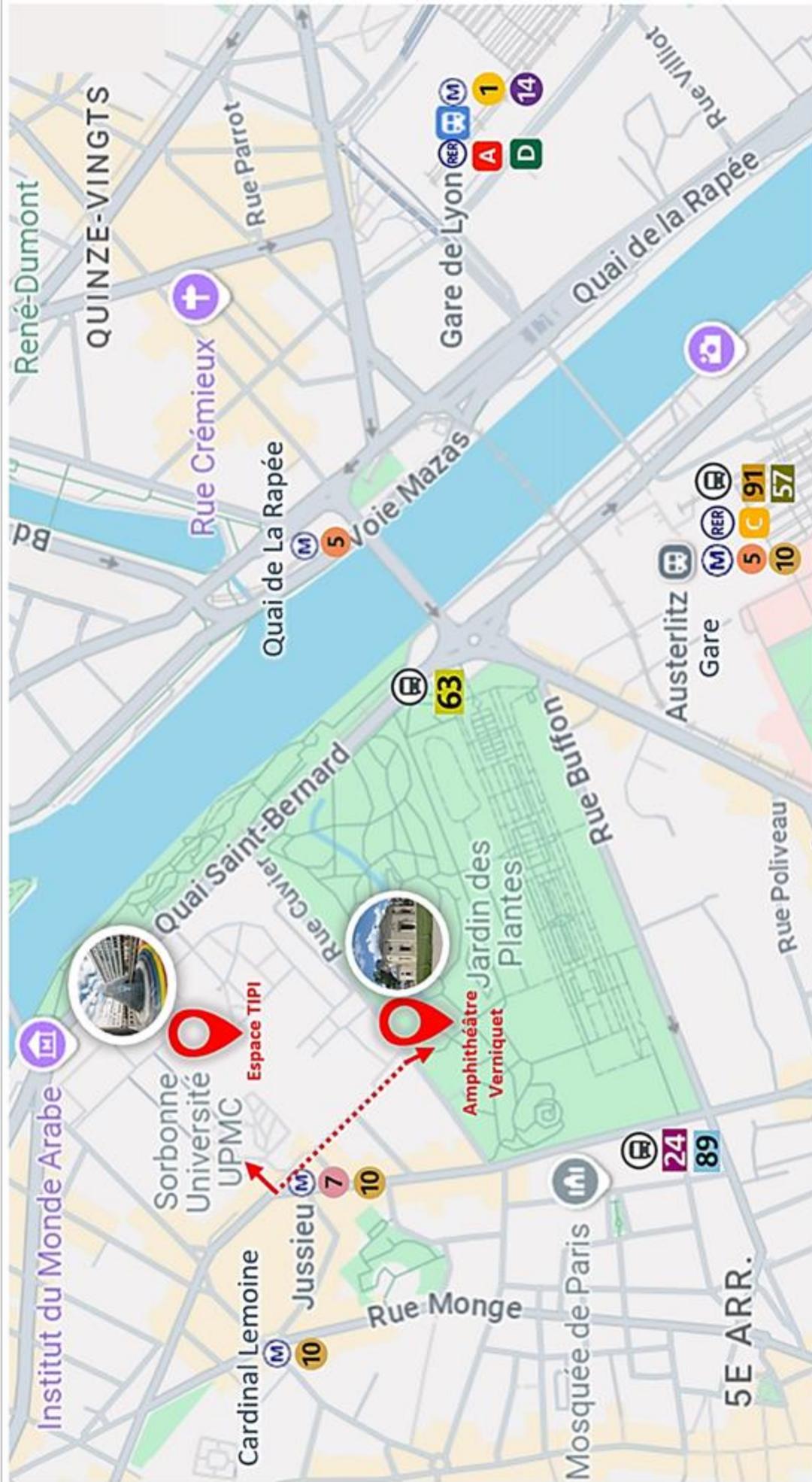
Conférences : Amphithéâtre Verniquet – Jardin des Plantes*
Déjeuner : Espace Tipi – Campus Jussieu – Sorbonne Université*
* Cartes plus précises dans le livret

Nous rejoindre :

Métros : 5 7 10 1 14

Bus : 24 89 63 91 57

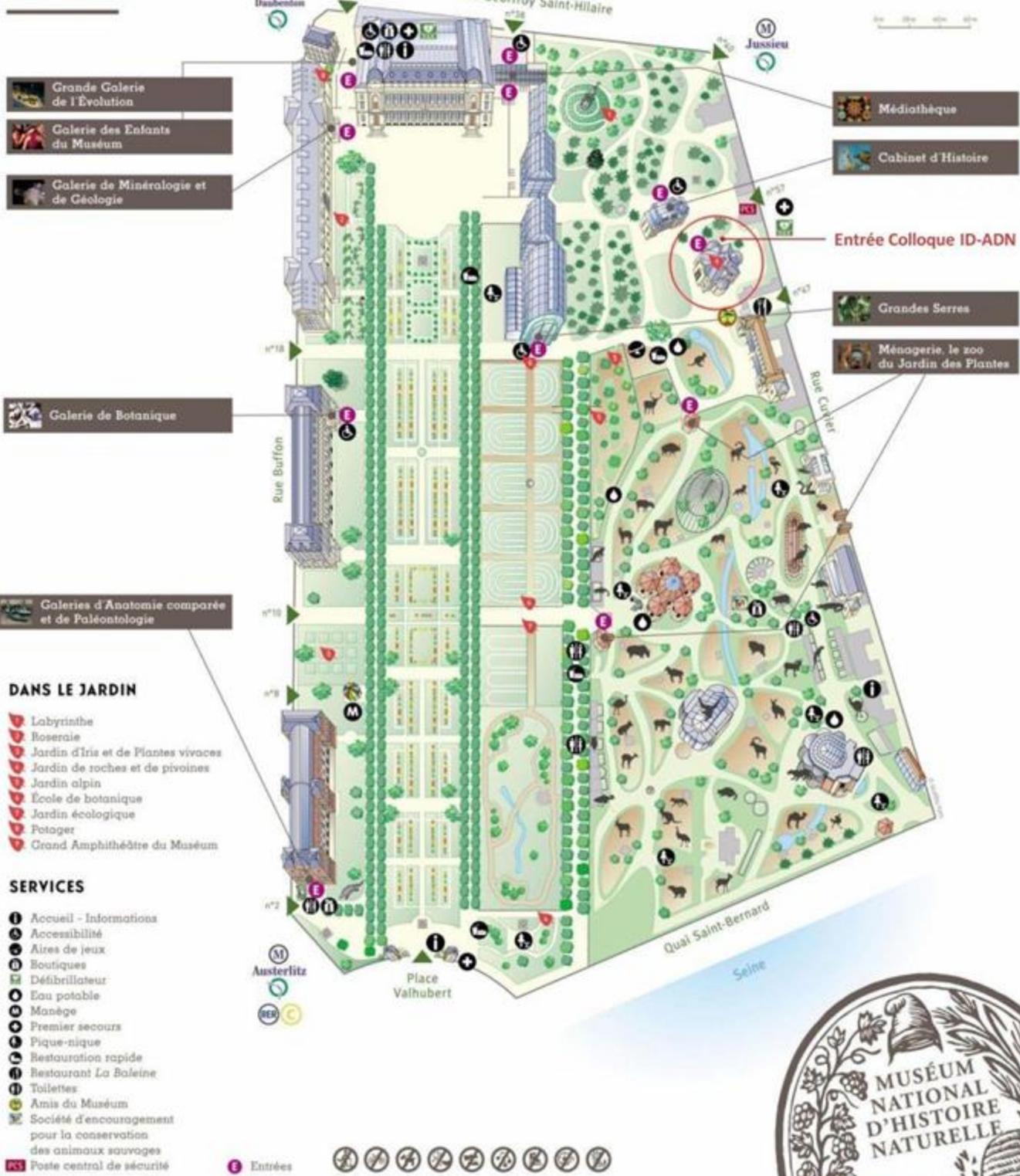
RER : C A D



Accès Amphithéâtre Verniquet Jardin des Plantes



JARDIN DES PLANTES



- Grande Galerie de l'Évolution
- Galerie des Enfants du Muséum
- Galerie de Minéralogie et de Géologie

- Médiathèque
- Cabinet d'Histoire

Entrée Colloque ID-ADN

- Grandes Serres
- Ménagerie, le zoo du Jardin des Plantes

- Galerie de Botanique

- Galeries d'Anatomie comparée et de Paléontologie

DANS LE JARDIN

- Labyrinthe
- Roseraie
- Jardin d'Iris et de Plantes vivaces
- Jardin de roches et de pivoines
- Jardin alpin
- École de botanique
- Jardin écologique
- Potager
- Grand Amphithéâtre du Muséum

SERVICES

- Accueil - Informations
- Accessibilité
- Aires de jeux
- Boutiques
- Défibrillateur
- Eau potable
- Manège
- Premier secours
- Pique-nique
- Restauration rapide
- Restaurant La Baleine
- Toilettes
- Amis du Muséum
- Société d'encouragement pour la conservation des animaux sauvages
- Poste central de sécurité

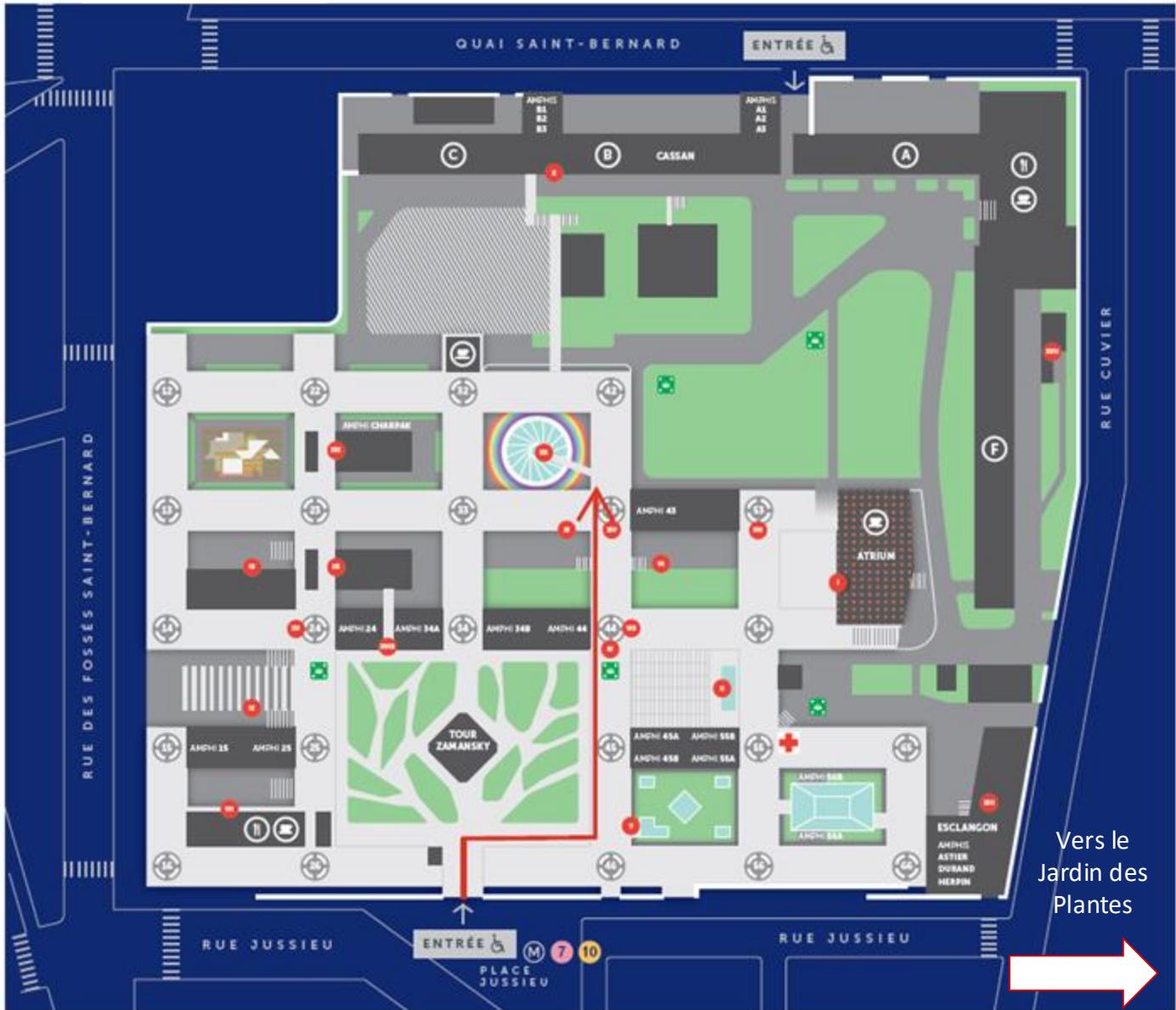
E Entrées



Accès Espace Tipi Campus Jussieu

Mercredi 27 Novembre
Jeudi 28 Novembre

12h30 – 14h



Vers le
Jardin des
Plantes



- | | | | | | |
|--|---|---|--|--|--|
| <ul style="list-style-type: none"> • Artium : Service Orientation et Insertion (SOI), Administration de la scolarité, Scolarité LL, Bibliothèques de l'Artium, Capéole • Auditorium de CCSIS Patio 44-55 Niveau 3.600m • Bibliothèque de Biologie-Chimie-Physique recherche Patio 13-24 Niveau 5i-Bernard • Bibliothèque de Géosciences et environnement Tour 44 1^{er} étage • Bibliothèque de LL Patio 45-56 Niveau Jussieu | <ul style="list-style-type: none"> • Bibliothèque des Littératures Bars 43-44 Niveau 5i-Bernard • Bibliothèque de Mathématiques Informatiques recherche Patio 15-26 Niveau 5i-Bernard • Centre International de Conférences Sorbonne Université (CCISU) Bars 44-54 1^{er} étage • Collection de minéraux Patio 14-25 Niveau 5i-Bernard • Département des sciences physiques et sportives (DAPS) Bâtiment B Niveau 5i-Bernard | <ul style="list-style-type: none"> • Espace des Arts et de la Culture (EDAC) Bars 35-43 Niveau 5i-Bernard • Espace Via Austriane Bâtiment F Niveau Jussieu • FabLab Bâtiment Esclangon • FabLab Biologie-Chimie Bars 43-44 2^e étage • Formation continue Bars 14-24 5^e étage | <ul style="list-style-type: none"> • Foyer Austriane Tour 53 Niveau Jussieu • Halte-gardiennage Bâtiment F Niveau 5i-Bernard • La Roseraie – galerie culturelle Patio 23-34 Niveau Jussieu • Service Handicap Santé Excellence (SHSE) Patio 22-33 Niveau Jussieu • Tipi – Maison pour la Science Patio 32-43 Niveau Jussieu | <ul style="list-style-type: none"> • Niveau Jussieu • Niveau 5i-Bernard • Infirmerie – Service de médecine de prévention • Sécurité Incendie 01.44.27.55 • Sécurité 01.44.27.26 | <ul style="list-style-type: none"> • Tour • Point de rassemblement |
|--|---|---|--|--|--|

