

L'INRAE, l'ARB NA et le Réseau Régional de Recherche Futurs-ACT vous convient le **vendredi 06 mai de 13h30 à 17h** à un

Séminaire sur les indicateurs de fragilité génétique pour l'anticipation des changements climatiques

Les changements climatiques transforment les conditions d'existence des espèces et de leurs populations. Or, ces dernières disposent de moyens plus ou moins importants de résistance face aux changements climatiques, y compris des capacités de résilience aux aléas extrêmes qu'ils impliquent. Ainsi, chez les espèces à vaste répartition géographique, les populations sont souvent adaptées aux conditions environnementales et montrent un potentiel d'adaptation aux changements climatiques qui fonction de la diversité de leurs génomes (et épigénomes) et de leurs histoires démographiques, démontrent leurs capacités passées à s'adapter à des climats divers.

Mais la vitesse des changements climatiques actuels pourrait se révéler bien plus rapide que leurs capacités d'évolution, les rendant plus vulnérables. La diversité génétique locale ou la vitesse de migration naturelle des populations pourraient ainsi être insuffisantes à les préserver localement, même compensées par d'autres mécanismes tels que la mémoire épigénétique, qui permet la transmission d'information indépendante de l'information génétique. A l'extrême, les espèces elles-mêmes pourraient être menacées si les populations étaient en trop faibles effectifs et si leur niche écologique se restreignait trop fortement.

Mettre au point et tester des indicateurs de vulnérabilité des populations aux changements climatiques est donc une nécessité pour **évaluer les risques encourus par les espèces**. Cette mise au point d'indicateurs demande des **approches combinées en écologie, écophysiologie, (épi)génomique et génétique de populations**. En outre, la vulnérabilité des espèces et de leur diversité (épi)génomique intéresse les aménageurs et tous ceux qui sont concernés par l'évolution à court et moyen termes de la biodiversité, que ce soit dans le cadre de l'aménagement du territoire, de l'utilisation des ressources génétiques en agriculture ou de la conservation de la biodiversité.

Le vendredi 6 mai de 13h30 à 17h, ce premier séminaire a pour objectif de réunir la communauté scientifique et les acteurs régionaux intéressés à la définition et à l'utilisation d'indicateurs de vulnérabilité des populations naturelles ou cultivées, dans les domaines végétal, animal, mycologique ou microbien afin de faire émerger un ou plusieurs projets contribuant à la production de connaissances sur ces derniers pour anticiper les changements climatiques.

Public

Chercheurs et enseignants chercheurs, et tout public intéressé par la vulnérabilité des espèces et leur diversité ainsi qu'à l'adaptation et l'anticipation aux changements climatiques. [Lien d'inscription](#)

Événement en ligne

[Lien de connexion](#)

Programme

13h30- 13h45 - Introduction - Présentation du contexte du séminaire. *Futurs ACT (Elsa Barrillon), INRAE (Jean-Louis Durand), ARB NA (Xavier Fichet).*

13h45-14h45 : 1ère session d'interventions

1. **HEUERTZ Myriam**, directrice de recherche INRAE Nouvelle-Aquitaine-Bordeaux, Unité mixte de recherche Biogeco. **Objectifs et indicateurs de diversité génétique pour le cadre mondial de biodiversité pour l'après-2020.**
2. **PAZ-VINAS Ivan**, Chercheur post-doctorant, Laboratoire Evolution et Diversité Génétique. **Variables essentielles de la biodiversité (« EBVs ») pour le suivi de l'état et des tendances de la composition génétique des espèces à l'échelle globale.**
3. **SAMPOUX Jean-Paul**, Ingénieur de recherche INRAE Nouvelle-Aquitaine-Poitiers, Unité de Recherche Pluridisciplinaire Prairies Plantes Fourragères (UR P3F). **Prédiction de l'adaptabilité au changement climatique des populations naturelles de ray-grass anglais sur la base de leur diversité génomique adaptative.**
4. **CALLEDE Lucille**, Conservatoire des races d'Aquitaine, **Retour d'expériences sur l'utilisation de quelques indicateurs de diversité génétique face aux risques de disparition.**

14h50- 15h : Pause

15h-16h : 2nde session d'interventions

5. **LEPAIS Olivier et JAMONEAU Aurélien**, Chercheur INRAE Nouvelle-Aquitaine-Bordeaux UMR 1202 Biodiversité Gènes & Communautés. **Étude combinée de la diversité génétique et taxonomique pour la gestion et la préservation des communautés végétales des lacs du littoral aquitain.**
6. **DURAN Clélia**, Doctorante, Laboratoire IPREM UMR 5254 (Université de Pau et des Pays de l'Adour), Pôle Chimie et Microbiologie de l'Environnement. **Projet BIOMIC : Bioindicateurs microbiens et trophiques : outil de diagnostic de l'état écologique des zones littorales et retro-littorales.**
7. **GALLUSCI Philippe**, Professeur de biologie moléculaire végétale à l'Université de Bordeaux, Unité mixte de recherche ecophysiologie et génomique fonctionnelle de la vigne. **Quel rôle de la mémoire épigénétique des plantes dans leur adaptation à l'environnement ?**

16h-16h50 : Débats et échanges - *Temps de discussion autour des indicateurs présentés, des limites et des questionnements soulevés.*

16h50-17h : Conclusion - *Remerciements et propositions pour les suites de ce séminaire.*

Intervenants et détail des interventions - Animateurs

Intervenants

- ❖ **CALLEDE Lucille**, Conservatoire des races d'Aquitaine, **Retour d'expériences sur l'utilisation de quelques indicateurs de diversité génétique face aux risques de disparition.**

Les évolutions scientifiques et les progrès technologiques nous ont permis d'accéder à différents niveaux de diversité mais également à différentes conceptions de cette diversité. La précision avec laquelle nous caractérisons la diversité génétique a considérablement augmenté avec le développement des marqueurs génétiques, mais les facteurs de fragilité sont nombreux et parfois difficiles à identifier. A travers l'expérience du conservatoire et de quelques exemples de races menacées en Nouvelle Aquitaine, il s'agira de discuter de quelques indicateurs, de leur utilisation et de l'importance des mécanismes associés à la circulation de l'information génétique.

- ❖ **DURAN Clélia**, Doctorante, Laboratoire IPREM UMR 5254 (Université de Pau et des Pays de l'Adour), Pôle Chimie et Microbiologie de l'Environnement. **Projet BIOMIC : Bioindicateurs microbiens et trophiques : outil de diagnostic de l'état écologique des zones littorales et retro-littorales.**

Les zones humides côtières sont des environnements aux enjeux écologiques importants. Il s'agit de milieux abritant une vaste diversité d'habitats et d'espèces, supportant de nombreuses activités humaines. Ces environnements subissent cependant des modifications dues aux changements climatiques et activités humaines, menaçant leur équilibre fonctionnel et les services qu'ils apportent, ce qui se répercute sur les choix de gestion. En conséquence, il est nécessaire de disposer d'outils d'aide à la décision afin de définir les leviers de gestion permettant la préservation de ces environnements et de leur biodiversité. Le projet européen BIOMIC (Interreg SUDOE) vise à développer une boîte à outil de bioindicateurs microbiens et trophiques pour évaluer le statut écologique des zones humides littorales et rétro-littorales. Ce projet permettra dans un premier temps, d'évaluer la transférabilité d'un indicateur trophique fonctionnel en France, vers l'Espagne et le Portugal, ainsi que son adaptation au gradient de salinité. Cet indicateur permet de rendre compte des interactions trophiques s'établissant entre diverses communautés planctoniques (procaryotes hétérotrophes/micro-eucaryotes/micrométazoaires), permettant ainsi de renseigner sur la qualité et la fragilité des écosystèmes. L'une des applications actuelles de cet outil est l'évaluation de l'effet d'intrants salés sur divers marais doux en France, résultant en différents profils observables en fonction de la fréquence et de la concentration en sel. Cet indicateur permet

donc d'établir un diagnostic identifiant les leviers de gestion à mettre en place, et par la suite d'évaluer leur efficacité. Le second objectif est de compléter cet indicateur avec le développement d'indicateurs microbiens benthiques par des approches basées sur l'ADN environnemental. En effet, les communautés microbiennes, de par leur diversité fonctionnelle, jouent un rôle majeur dans la chaîne trophique, les grands cycles biogéochimiques et le fonctionnement des écosystèmes. Certains micro-organismes permettent la reminéralisation de la matière organique la rendant ainsi à nouveau disponible pour les producteurs primaires. D'autres peuvent, à l'opposé, favoriser la séquestration de cette matière organique via la pompe microbienne (puits de carbone). Les résultats attendus permettront d'anticiper l'effet du changement climatique sur les zones humides littorales et rétro-littorales. De telles informations seront utiles pour orienter les choix d'aménagement afin d'éviter le déséquilibre écologique du milieu empêchant d'assurer certaines fonctions écologiques, qui supportent les activités humaines. A terme, BIOMIC permettra d'harmoniser les stratégies de gestion des environnements littoraux et rétro-littoraux de la zone de coopération SUDOE (côtes atlantiques et méditerranéennes : France, Espagne et Portugal). Ceci permettra une meilleure protection des risques pour préserver la biodiversité.

❖ **GALLUSCI Philippe**, Professeur de biologie moléculaire végétale à l'Université de Bordeaux, Unité mixte de recherche ecophysiologie et génomique fonctionnelle de la vigne. **Quel rôle de la mémoire épigénétique des plantes dans leur adaptation à l'environnement ?**

L'épigénétique est l'étude des changements d'activité des gènes hérités après mitose et/ou méiose sans changement de la séquence d'ADN. Les mécanismes épigénétiques jouent un rôle majeur dans le contrôle de l'expression des gènes au cours du développement, dans la plasticité phénotypique, ou encore dans le maintien de l'intégrité des génomes. L'étude du rôle des régulations épigénétiques dans la réponse et l'adaptation des plantes à leur environnement est actuellement une question de recherche particulièrement importante, d'autant qu'une partie des modifications épigénétiques induites par les stress environnementaux peut être transmise sur une ou plusieurs générations. Bien que l'importance de cette « mémoire épigénétique » varie selon les modalités de reproduction (reproduction sexuée ou non sexuée), elle semble jouer un rôle déterminant dans la capacité d'adaptation des plantes à leur environnement. J'aborderai cette question en discutant de la transmissibilité des modifications épigénétiques générées en réponse à l'environnement (formation et transmission des variations épigénétiques ou épialèles) à travers différents exemples de la littérature ou liés à notre travail sur les espèces cultivées, tomate et vigne.

❖ **HEUERTZ Myriam**, directrice de recherche INRAE Nouvelle-Aquitaine-Bordeaux, Unité mixte de recherche Biogeco. **Objectifs et indicateurs de diversité génétique pour le cadre mondial de biodiversité pour l'après-2020 -**

Intervention permettant d'aborder comment la communauté des généticiens de la conservation s'est organisée pour faire face à l'oubli de la diversité génétique dans les documents préparatifs du Cadre Mondial de la Biodiversité pour l'après 2020 de la Convention pour la Diversité Biologique, dont les négociations sont toujours en cours. Proposition de trois indicateurs basés sur la diversité génétique qui renseignent sur l'état de conservation et le potentiel adaptatif des espèces. Le premier indicateur, le nombre des populations à taille efficace génétique > 500 a été repris comme « headline indicator » dans les révisions du Cadre Mondial pour la Biodiversité et nous le testons et souhaitons le tester sur des jeux de données de plus en plus larges aux niveaux de plusieurs régions et pays dans le monde.

❖ **LEPAIS Olivier et JAMONEAU Aurélien**, Chercheur INRAE Nouvelle-Aquitaine-Bordeaux UMR 1202 Biodiversité Gènes & Communautés. **Étude combinée de la diversité génétique et taxonomique pour la gestion et la préservation des communautés végétales des lacs du littoral aquitain.**

Les lacs et étangs du littoral aquitain sont des écosystèmes uniques à l'échelle nationale mais également européenne. Ils hébergent une diversité d'espèces végétales dont un ensemble d'espèces d'intérêt patrimonial, abritant même une espèce endémique. Ces communautés végétales sont cependant aujourd'hui fortement menacées, notamment par les activités humaines, et la plupart des lacs du littoral aquitain accusent d'ores et déjà la disparition de ces espèces protégées. La connaissance sur ces populations est cependant limitée : si la diversité taxonomique de ces communautés est bien connue, aucune étude à ce jour ne s'est intéressée à la diversité génétique des espèces qui les composent. Alors que des opérations de conservation et de restauration sont envisagées pour protéger ces espèces, il s'avère essentiel d'acquérir une base d'information sur la structure génétique des populations, leur lien avec la diversité taxonomique et le fonctionnement en métapopulation et métacommunauté de ces habitats reconnus d'intérêt communautaire. En effet, l'étude de la relation entre diversité génétique et taxonomique devrait permettre non seulement de mieux comprendre le fonctionnement des communautés ciblées et des processus responsables de l'assemblage de ses espèces, mais également d'évaluer si la diversité taxonomique usuellement utilisée dans les pratiques de conservation, permet de correctement considérer la diversité génétique, source de l'adaptabilité des espèces aux changements globaux.

❖ **PAZ-VINAS Ivan**, Chercheur post-doctorant, Laboratoire Evolution et Diversité Génétique.

Variables essentielles de la biodiversité (« EBVs ») pour le suivi de l'état et des tendances de la composition génétique des espèces à l'échelle globale.

Les variables essentielles de la biodiversité (plus connues sous l'acronyme EBVs pour « Essential Biodiversity Variables ») sont un ensemble d'indicateurs fondamentaux permettant de décrire la biodiversité à divers niveaux (niveaux génétique, des espèces, des populations, des communautés et des écosystèmes). Un des objectifs majeurs des EBVs est de faciliter l'agrégation, l'harmonisation et l'interprétation de données d'observation de la biodiversité complexes pour mieux modéliser et prédire le statut et les tendances de la biodiversité, et ainsi aider aux processus de décision concernant la conservation de la biodiversité. Bien que la composition génétique des espèces soit une composante essentielle de la biodiversité pour s'adapter aux changements environnementaux (ex. le changement climatique), pour assurer le fonctionnement et la résilience des écosystèmes et pour soutenir la productivité dans les domaines de l'agriculture ou de l'aquaculture, les observations sur la composition génétique des espèces restent très peu mobilisées dans les politiques de conservation de la biodiversité et de développement durable à de larges échelles. Lors de cet exposé, je présenterai l'ensemble de EBVs pour la composition génétique qui vient d'être proposé par GEO BON (« Group on Earth Observations Biodiversity Observation Network ») pour améliorer le suivi de la biodiversité génétique à des échelles régionales et globales.

❖ **SAMPOUX Jean-Paul**, Ingénieur de recherche INRAE Nouvelle-Aquitaine-Poitiers, Unité de Recherche Pluridisciplinaire Prairies Plantes Fourragères (UR P3F). **Prédiction de l'adaptabilité au changement climatique des populations naturelles de ray-grass anglais sur la base de leur diversité génomique adaptative.**

Dans le cadre du projet GrassLandscape (appel à projets FACCE-JPI ERA-NET+ 2014 Climate Smart Agriculture), nous avons cherché à identifier la diversité génomique d'adaptation au climat des populations naturelles de ray-grass anglais à travers l'Europe. Nous nous sommes pour cela appuyés sur les vastes collections de populations naturelles de cette espèce conservées sous forme de lots de graines dans les centres de ressources génétiques des instituts de recherche agronomique européens et issus de prospections réalisées dans les prairies permanentes d'Europe des années 1980 à 2000. 385 populations ont ainsi été phénotypées dans trois parcelles expérimentales en France, Belgique et Allemagne et génotypées pour plusieurs centaines de milliers de marqueurs SNP du génome nucléaire. Le climat aux sites d'origine des populations a été caractérisé par des

normales 1989-2010 pour différentes variables bioclimatiques. Une reconstruction phylogéographique a montré que la structuration actuelle de la diversité de l'espèce reste en grande partie déterminée par l'expansion quaternaire de l'espèce. La détection de loci potentiellement liés à l'adaptation climatique a été mise en œuvre à partir d'une approche multivariable mobilisant simultanément les données génomiques, phénotypiques et climatiques. Cette approche a révélé plus de 633 SNP potentiellement adaptatifs, et pour chacun d'eux le gradient climatique imposant la contrainte adaptative ainsi que la réponse phénotypique associée. Ces 633 SNP sont actuellement utilisés pour l'évaluation du genetic offset des populations dans le contexte du changement climatique attendu dans les prochaines décennies. Ces estimations de genetic offset pourront notamment permettre de mettre en œuvre des opérations de migration assistée de la diversité du ray-grass anglais et/ou d'introgression d'allèles adaptatifs dans les variétés existantes.

Animateurs

- ❖ **DURAND Jean-Louis**, Directeur de recherche INRAE Nouvelle-Aquitaine-Poitiers, Unité de Recherche Pluridisciplinaire Prairies Plantes Fourragères (UR P3F).
- ❖ **BARRILLON Elsa**, Chargée de mission Futurs-ACT (Animatrice)

Contact

Elsa Barrillon - Chargée de mission Futurs-ACT - info@futurs-act.fr