



P. Zagatti © Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité



P. Jarne © UMR CEFE

▲ Ammonites sur la plaque de Digne.

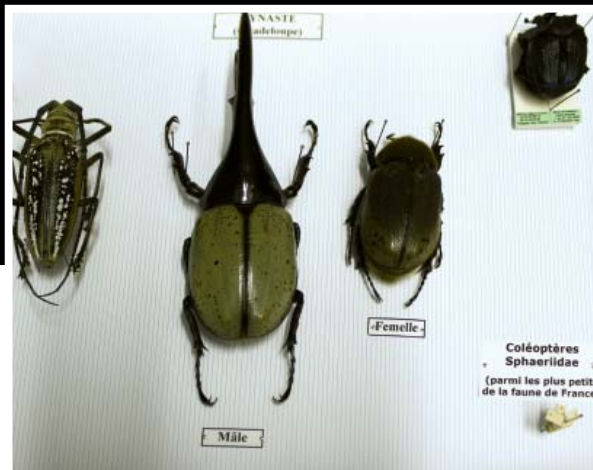
◀ Diversité de Thiaridae.

▶ De gauche à droite :
Diversité de dattes, de coléoptères.

Origine et évolution *de la biodiversité*



S. Ivorra © UMR CBAE



M. Martinez © UMR CBGP

La biodiversité, des gènes aux paysages, est le produit d'une longue évolution. C'est donc la théorie de l'évolution qui fournit l'architecture conceptuelle pour en comprendre l'émergence et la structuration. Les théories de l'écologie fournissent, quant à elles, une trame générale pour comprendre les règles d'interaction entre les unités de biodiversité (individus, populations par ex.) et leur environnement. Dans un contexte de modifications anthropiques sans précédent, il est ainsi important d'analyser l'évolution de la biodiversité dans une double perspective évolutive et écologique. D'une manière un peu schématique, on peut rassembler les activités relevant de ce thème en trois groupes, à savoir la description des patrons de biodiversité, l'analyse des forces agissant sur la biodiversité, ainsi que l'interaction avec l'homme et les changements qu'il induit.

Décrire la biodiversité répond à une double nécessité. La première relève de la classification du vivant à tous les niveaux de perception, des génomes aux communautés. On couvre, en particulier, le champ de la systématique. La seconde est la caractérisation des patrons de distribution de biodiversité de façon à pouvoir inférer les forces qui les font évoluer. La prise en compte de l'environnement est alors fondamentale en raison d'une interaction forte entre unités de biodiversité et environnement.

Les théories évolutives et écologiques fournissent une trame d'interprétation de cette biodiversité et des forces élémentaires qui la modifient. On peut citer la sélection naturelle et la compétition entre espèces comme forces déterministes, et les dérives génétique et écologique comme forces stochastiques. Ce volet est porté par des champs disciplinaires tels que la génétique des populations, la génétique quantitative ou l'écologie des communautés.

Les activités humaines influencent peu ou prou, directement ou indirectement, tous les écosystèmes, et doivent donc être prises en compte dans toute recherche sur la biodiversité. On peut considérer un gradient d'anthropisation, allant d'agrosystèmes quasiment hors-sol à des écosystèmes peu impactés dans certaines forêts équatoriales. Les thèmes scientifiques portent par exemple sur les résistances aux pesticides, l'introduction de nouvelles espèces ou

les interactions entre espèces sauvages et apparentées cultivées. Les champs de recherche vont de la biologie et l'écologie aux sciences humaines et sociales (SHS) telles que l'économie, la géographie ou l'ethnobiologie, dans une démarche fermement interdisciplinaire. L'homme, acteur de l'évolution de la biodiversité, peut aussi devenir objet d'étude, champ classique des SHS. S'y ajoutent à Montpellier des études originales d'évolution et d'écologie humaine.

La description de la biodiversité et la compréhension de son évolution constituent depuis plusieurs décennies un champ de recherche extrêmement actif mobilisant un nombre croissant de chercheurs et d'unités de recherche à Montpellier et sa région, en faisant un site de référence au niveau international. Les travaux sont menés sur du matériel vivant et fossile, et à des niveaux de perception allant des gènes aux écosystèmes. La palette d'échelles spatiales et temporelles de perception est donc extrêmement large, d'autant que, même si l'emphasis porte sur les écosystèmes méditerranéens et tropicaux, l'ensemble des écosystèmes de la planète est pris en compte. Les organismes étudiés ne sont pas moins variés, puisque toute la gamme du vivant est couverte (bactéries, eucaryotes unicellulaires et multicellulaires incluant plantes, champignons et animaux), et qu'il peut s'agir d'organismes manipulés par l'homme (par ex. plantes cultivées), ou non. Un trait saillant des recherches est l'aspect multidisciplinaire et intégratif, mobilisant des disciplines des champs biologiques traditionnels des sciences écologiques et évolutives (par ex. la paléontologie, la génétique des populations, l'écophysiologie...), mais aussi des sciences mathématiques, de la bioinformatique, de la chimie et des SHS. Ces recherches se caractérisent par un équilibre entre approches académiques et finalisées, et entre aspects théoriques et empiriques. Ces dernières peuvent relever de l'observation ou de l'expérimentation, et on notera le développement récent d'approches d'écologie et évolution expérimentales. Un aspect marquant est le nombre et l'importance des programmes de terrain à long terme, certains fonctionnant depuis près de 40 ans.

**Jean-Christophe Auffray (UMR ISEM),
Philippe Jarne (UMR CEFE),
Jean-François Molino (UMRAMAP)
& Flavie Vanlerberghe-Masutti (UMR CBGP)**

Origine et évolution de la biodiversité

Les équipes principales

UMR BETM

**Biologie et Écologie tropicale
et méditerranéenne**
(CNRS, UPVD)
19 scientifiques

Directeur : André Théron,
theron@univ-perp.fr

► Présentation page 11

UMR BGPI

**Biologie et Génétique des Interactions
Plantes-Parasites**
(Cirad, Inra, Montpellier SupAgro)
36 scientifiques

Directeur : Jean-Loup Notteghe,
notteghe@supagro.inra.fr
<http://umr-bgpi.cirad.fr>

► Présentation page 16

UMR BIOM

**Biologie Intégrative
des Organismes Marins**
(CNRS, UPMC)
18 scientifiques

Directeur : Hervé Moreau,
herve.moreau@obs-banyuls.fr
<http://biom.ent.upmc.fr>

► Présentation page 21

UMR CBGP

**Centre de Biologie pour
la Gestion des Populations**
(Cirad, Inra, IRD, Montpellier SupAgro)
35 scientifiques

Directrice : Flavie Vanlerberghe,
Flavie.Vanlerberghe@supagro.inra.fr
www.montpellier.inra.fr/CBGP

► Présentation page 10

UMR CMAEE

**Contrôle des maladies
Animales Exotiques et Emergentes**
(Cirad, Inra)
36 scientifiques

Directeur : Dominique Martinez,
dominique.martinez@cirad.fr

► Présentation page 17

UMR DGIMI

**Diversité, Génomes & Interactions
Microorganismes – Insectes**
(Inra, UM2)
16 scientifiques

Directeur : Patrick Tailliez,
tailliez@univ-montp2.fr

► Présentation page 18

**UMR Interactions Hôtes-vecteurs-
parasites dans les Trypanosomoses**
(Cirad, IRD)
25 scientifiques

Directeur : Gérard Cuny,
gerard.cuny@mpl.ird.fr
www.sleeping-sickness.ird.fr

► Présentation page 15

... suite page 10

Origine, dynamique et évolution de la biodiversité actuelle et passée

Depuis plus de 30 ans, l'*Institut des Sciences de l'Évolution de Montpellier* (ISEM, CNRS, IRD, UM2) développe des recherches qui portent sur l'origine et la dynamique de la biodiversité, sur les modalités et les mécanismes de son évolution. Ses recherches concernent tout autant la biodiversité actuelle que passée, portent sur un large éventail d'organismes et de milieux et allient approches de terrain, approches expérimentales et théoriques.

Si les questions fondamentales de la biologie évolutive (mécanismes d'adaptation, de spéciation, etc.) gardent tout leur sens pour la compréhension des mécanismes à l'origine de la biodiversité, de sa structuration et de son fonctionnement, les recherches menées par l'ISEM intègrent (i) l'accélération des moyens de production de données et de la capacité à appréhender les différentes dimensions structurelles et fonctionnelles du vivant (du gène à l'écosystème) qui doit conduire vers une échelle globale d'appréhension des mécanismes de l'évolution à l'origine de la biodiversité, et (ii) le questionnement scientifique et social portant sur les capacités de réponses de la biodiversité (organismes et/ou communautés) vis-à-vis des changements planétaires, qui induit un déplacement du champ des recherches évolutives vers des aspects plus appliqués et/ou prédictifs.

■ **Le département « Génome »** répond à la montée en puissance de la génomique dans l'approche de l'ISEM de l'évolution et de la biodiversité. Les recherches qui y sont menées tirent profit de l'accès à l'information génétique pour décrypter les processus évolutifs, notamment ceux impliqués dans l'évolution moléculaire et la phylogénie, les mécanismes de l'adaptation et de la spéciation.

■ **Le département « Diversité »** répond à la nécessité de lier les processus évolutifs et écologiques (écologie évolutive) pour une meilleure appréhension des mécanismes qui sous-tendent la dynamique de la biodiversité. Ce département s'investit dans la compréhension des effets des changements planétaires sur les organismes, les populations et les communautés. Le développement de modèles théoriques y est tout aussi fondamental que celui de l'évolution expérimentale.

■ **Le département « Forme »** s'attache à une meilleure compréhension des mécanismes par lesquels la dynamique du développement affecte la variation et l'évolution phénotypiques, mécanismes essentiels dans l'émergence de la biodiversité. L'approche proposée ici associe l'étude des mécanismes fins à l'origine de l'émergence et de la variabilité des formes. La vision paléontologique de cette évolution, c'est-à-dire la prise en compte de la paléobiodiversité, sont parties intégrantes de ce département.

■ **Le département « Conservation et domestication »** incarne l'activité de l'unité sur le terrain de l'évolution appliquée et de la valorisation de la biodiversité. On y documente et valorise les connaissances fondamentales sur la diversité ichtyologique, le potentiel adaptatif et la structuration des populations pour se doter des moyens nécessaires au développement de méthodes de conservation, gestion, domestication (production aquacole).

■ **Le département « Environnement »** traite de deux thématiques majeures : les reconstitutions des changements climatiques et de la dynamique des écosystèmes passés. Ces deux thématiques se fondent sur l'acquisition de nouvelles données (proxies environnementaux) et la modélisation pour une meilleure compréhension des processus actuels et futurs. L'un des buts de cette recherche est la gestion de la biodiversité au niveau spécifique et écosystémique dans le cadre des changements globaux. ...

◀ *Un tilapia (Sarotherodon melanotheron) âgé de sept mois, élevé dans le Système aquacole à Recyclage Intégral (SARI).*

▼ *Prototype SARI mis en place au Sénégal.*



S. Gilles © IRD

L'ISEM et les Sciences de l'évolution au service d'une aquaculture durable

L'évolution influence profondément tous les aspects de la biologie et ses outils et concepts sont de plus en plus employés pour répondre à des questions économiques ou sociales. C'est le cas particulièrement en aquaculture. Au vue de la stagnation, voire de la régression, des captures de la pêche et de l'accroissement démographique de la population humaine, il devient indispensable de caractériser la diversité ichtyologique afin de se doter des moyens nécessaires à sa protection ou sa gestion durable. Pour cela, l'acquisition de bases scientifiques solides est indispensable en particulier pour le développement d'une aquaculture respectueuse de l'environnement. L'ISEM a donc pour ambition de participer à la fois à l'acquisition du savoir fondamental nécessaire à la compréhension des processus évolutifs mais aussi à l'utilisation de ce savoir pour répondre à des questions pratiques.

Les chercheurs du Département « Conservation et Domestication » sont fortement impliqués dans le développement des aspects finalisés qui peuvent découler des études sur l'évolution. Certains d'entre eux sont en poste dans des pays en développement, comme l'Indonésie et le Pérou, et travaillent spécifiquement sur des problématiques et des espèces tropicales (*Pangasius*, *Colosoma*, etc.). Les espèces européennes font également l'objet d'études attentives comme, par exemple, la truite, le loup de Méditerranée ou l'esturgeon. Les travaux entrepris concernent des recherches très théoriques



S. Gilles © IRD

comme la détermination des espèces et des populations, leurs origines et leurs interactions avec l'environnement, jusqu'à des recherches très appliquées sur les techniques d'élevage pour une aquaculture durable. Toutes ces recherches complémentaires se font de manière fortement intégrée et coordonnée ; ce qui constitue également un aspect novateur que l'ISEM entend promouvoir.

Contacts : Marc Legendre, marc.legendre@ird.fr & Jean-François Agnèse, jean-francois.agnese@ird.fr

Diversité spécifique des peuplements d'arbres en forêt guyanaise

Dans les forêts tropicales humides, les études d'écologie des communautés sont d'un abord difficile, en raison de l'extrême diversité biologique et structurale, ainsi que de la relative méconnaissance de la flore. En Guyane, on compte en moyenne 150 à 170 espèces différentes d'arbres sur un seul hectare de forêt, tandis que le département en abrite 1 600 et que de nouvelles sont décrites chaque année. En outre, cette composition floristique varie considérablement, aussi bien à courte qu'à moyenne ou à grande distance. Décrire et analyser ces variations de composition et de diversité spécifique est un enjeu essentiel, tant en termes de connaissance fondamentale que pour permettre une gestion raisonnée des ressources naturelles. Ce thème est abordé par l'UMR AMAP grâce à un réseau de parcelles permanentes sur lesquelles la diversité spécifique locale des communautés d'arbres est mesurée par des inventaires botaniques détaillés. Complétés par des informations de télédétection, des relevés



D. Sabatier © UMR AMAP

pédologiques, géologiques, des analyses génétiques et des données archéologiques, ces dispositifs de terrain permettent d'élaborer des modèles et de tester des hypothèses sur les causes des variations de la diversité spécifique. C'est ainsi qu'a pu être démontrée, à l'échelle locale et régionale, l'influence de facteurs environnementaux actuels (climat, sols, perturbations naturelles) sur cette diversité. De plus, ces parcelles permanentes guyanaises font partie d'un vaste réseau international de même nature, dont les données ont permis de mettre en évidence de grands gradients de composition et de diversité floristique à travers tout le massif guyano-amazonien, et de les relier à des gradients de fertilité des sols ou de durée de la saison sèche.

Contacts : Daniel Sabatier,
daniel.sabatier@ird.fr
& Jean-François Molino,
jean-francois.molino@ird.fr

▲ En forêt tropicale humide (ici, en Guyane française), deux arbres voisins appartiennent le plus souvent à des espèces différentes.

Les équipes principales

UMR ISEM
Institut des Sciences
de l'Évolution de Montpellier
(CNRS, IRD, UM2)
117 scientifiques

Directeur : Jean-Christophe Auffray,
jean-christophe.auffray@univ-montp2.fr
www.isem.cnrs.fr
► Présentation page 8

UMR MIVEGEC
Maladies infectieuses et vecteurs :
écologie, génétique, évolution et contrôle
(CNRS, IRD, UM1)
84 scientifiques

Directeur : Didier Fontenille,
didier.fontenille@ird.fr
www.mivegac.ird.fr
(ouverture du site en 2011)
www.mpl.ird.fr/ur016 et
<http://gemi.mpl.ird.fr> (jusqu'en 2011)
► Présentation page 13

USDA-ARS-EBCL
Laboratoire Européen
de Lutte Biologique
9 scientifiques

Directeur : Kim Hoelmer,
khoelmer@ars-ebcl.org
www.ars-ebcl.org
► Présentation page 20

... suite page 12

Systématique, génétique, écologie et évolution des populations d'organismes d'intérêt

Le Centre de Biologie pour la Gestion des Populations (UMR CBGP, Cirad, Inra, IRD, Montpellier SupAgro) développe des recherches en systématique, génétique, écologie et évolution des populations et des communautés d'organismes d'intérêt en agronomie, santé humaine et biodiversité, dans le contexte des changements globaux. Ces recherches visent à élaborer les éléments conceptuels, théoriques et techniques qui sont nécessaires à l'identification, au suivi et à la gestion de ces organismes et communautés en interaction. Divers modèles biologiques sont étudiés : arthropodes, nématodes et rongeurs, ainsi que les communautés d'organismes qui peuvent leur être associées.

Le CBGP s'attache à caractériser la biodiversité selon une approche multidisciplinaire qui consiste,

en premier lieu, à identifier et déterminer les entités biologiques et à en apprécier la diversité grâce au développement d'outils de biologie moléculaire et d'informatique au service de la taxonomie et de la systématique. Le CBGP possède une expertise en systématique et entretient des collections importantes (plus d'un million de spécimens) et des bases de données en entomologie, acarologie, nématologie et mammalogie. Ces bases de données compilent des informations taxonomiques, biologiques et de géoréférencement.

L'activité du CBGP s'inscrit dans les projets internationaux qui ont pour objectif le développement d'un code-barres du vivant comme outil standard pour la taxonomie (voir *The Consortium for the Barcode Of Life*). Le CBGP a également pour ambition de déterminer l'origine, l'histoire et la distribution spatiotemporelle de cette diversité. Pour cela, il étudie (i) la diversité à diverses échelles géographiques de ces organismes, (ii) les facteurs affectant la distribution géographique des entités étudiées, et (iii) les relations

phylogénétiques entre les différentes entités. À travers le développement de bases de données spatialisées, il devient possible d'expliquer la distribution de certains taxons en fonction de facteurs tels que le climat ou les ressources disponibles et donc de comprendre les règles d'assemblage des communautés d'organismes. Ces différentes approches sont de première importance pour caractériser les taxons étudiés et mieux tracer leur évolution notamment dans le cas (i) d'espèces invasives, (ii) de réservoirs de pathogènes et (iii) de ravageurs des cultures et des denrées stockées.

Le CBGP a tissé un important réseau de collaborations et de partenariats scientifiques. Dans le contexte montpelliérain, il collabore étroitement avec d'autres unités mixtes de recherche développant des recherches en biologie évolutive et écologie, l'ISEM, le CEFE, AMAP et le Laboratoire de Génétique et

Évolution des Maladies Infectieuses (GEMI). Le CBGP est membre de la Structure Fédérative de Recherche « Montpellier, Environnement, Biodiversité ». Enfin, le CBGP a mis en place un partenariat diversifié au niveau national et international (pays du Nord et du Sud) formalisé par des projets de l'Agence Nationale de la Recherche (ANR) ainsi que des projets européens et internationaux.

La « biodiversité moléculaire » au cœur des interactions hôte-parasite

Les activités scientifiques de l'unité mixte de recherche (UMR) *Biologie et Écologie tropicale et méditerranéenne* (BETM, CNRS, UPVD) sont centrées sur l'analyse de la diversité des interactions entre les parasites et leur environnement immédiat. Ce dernier est constitué par des espèces

hôtes que les parasites exploitent en relation avec le milieu dans lequel ils se transmettent.

Des approches multi-échelles et intégratives (des populations aux molécules) permettent à l'UMR d'analyser les mécanismes génétiques et épigénétiques générateurs de diversité / plasticité phénotypique et donc d'adaptabilité face aux variations environnementales auxquelles ces espèces sont soumises.

Un des modèles-clés du laboratoire est le parasite métazoaire *Schistosoma mansoni* (schistosome) responsable d'une maladie parasitaire (la bilharziose) affectant plus de 200 millions de personnes dans 74 pays de la zone intertropicale. Ce parasite utilise diverses espèces de mollusques d'eau douce comme hôtes intermédiaires et chez lesquels les larves infectantes pour l'homme sont produites par multiplication asexuée. ...

EDEN et EDENext : comprendre les maladies émergentes pour mieux les prévenir et les contrôler



▲ En haut. Chevaux de Camargue.
À gauche. *Culex pipiens*.
À droite. *Ixodes ricinus*.
En bas. *Phlebotomus piquant* L.

Lancé en 2005 par la Commission Européenne (6^{ème} Programme Cadre de Recherche et de Développement Technologique), le projet EDEN (*Emerging Diseases in a changing European eNvironment*) vient de se terminer par une conférence internationale organisée à Montpellier en mai 2010. Ce grand projet (49 partenaires dans 24 pays d'Europe, du Moyen-Orient et d'Afrique) visait à évaluer l'effet des changements environnementaux sur les risques d'émergence de maladies humaines, et de caractériser les écosystèmes les plus exposés. Les maladies transmises par des vecteurs (tiques, insectes...) et des rongeurs ont été choisies car elles sont très sensibles à ces changements. Les résultats montrent que les facteurs sociaux, économiques et comportementaux sont souvent plus importants que les changements climatiques pour expliquer les émergences. Cependant, chaque système épidémiologique est un cas particulier et il est important de disposer de données de terrain et de santé publique d'excellente qualité pour pouvoir conclure.

Au-delà de ces résultats, le projet a permis la réalisation d'une soixantaine de thèses d'université et la constitution d'un réseau de recherche reconnu en tant que tel par la Communauté européenne (CE) et les agences de santé publique. La CE vient d'ailleurs de lancer le projet EDENext, de taille semblable à EDEN, et qui peut être considéré comme une suite abondant également la santé animale. EDENext se focalise d'une part sur la compréhension des risques d'introduction, d'installation et de diffusion des maladies vectorielles, et, d'autre part, sur une évaluation systématique des méthodes de contrôle des populations de vecteurs. La dimension sociale et économique est prise en compte, avec des travaux sur la perception et la gestion du risque par les parties prenantes. Tout comme son prédécesseur, EDENext est coordonné par le Cirad, porteur dans ce projet de la dimension « Sud » avec l'IRD.

Contact : Renaud Lancelot, renaud.lancelot@cirad.fr

Pour plus d'informations : www.eden-fp6project.net

N. Ponçon © IRD

N. Rahola © IRD

I. Rudolf © Institute of Vertebrate Biology

B. Pesson © Université Louis Pasteur

Dimension évolutive dans l'étude de la biodiversité : apports des approches phylogénétiques et phylogéographiques

La phylogénie et la phylogéographie (cf. fig. ci-contre ►) sont des disciplines qui permettent de décrire et de comprendre les relations évolutives entre des groupes d'organismes, soit entre des populations d'une même espèce (phylogéographie), soit entre des espèces ou même des genres différents (phylogénie). Dans l'UMR CBGP, ces approches sont développées pour favoriser (1) la compréhension des patrons de diversification de groupes donnés (approches phylogénétiques dans un cadre temporel), (2) l'analyse des patrons spatiaux de distribution de la diversité au niveau infraspécifique (phylogéographie) et supraspécifique (approches de biogéographie historique en phylogénie), (3) l'estimation de paramètres populationnels (temps de divergence, fluctuations temporelles de taille de populations) et la reconstruction d'événements de colonisation, (4) la délimitation d'espèces et l'identification de priorités de conservation et (5) la compréhension des modalités de l'évolution de certains caractères (traits de vie, caractères adaptatifs, organisation des génomes, etc.).

La phylogénie comparée des partenaires d'une interaction donnée (par ex. mutualiste ou parasite) permet de mieux comprendre l'évolution des traits impliqués dans cette interaction et leur influence dans les phénomènes de spéciation.

Par ailleurs, retracer l'histoire biogéographique des espèces permet de mieux appréhender l'influence des cycles bioclimatiques passés et présents sur la diversité des espèces et sur leur répartition actuelle. Elle permet d'identifier d'éventuelles régions refuges où les espèces ont pu survivre durant les dernières variations paléoclimatiques. Cet aspect est crucial en biologie de la conservation car les populations « refuges » sont souvent génétiquement plus diversifiées. Or, une plus grande diversité génétique donnera plus de chance aux espèces de survivre à des modifications profondes de leur environnement comme celles qui sont engendrées par les changements globaux en cours.

Contacts : Emmanuelle Jouselin,
emmanuelle.jouselin@supagro.inra.fr
& **Gaël Kergoat,** gael.kergoat@supagro.inra.fr

► Figure illustrant l'intérêt des approches de phylogénie et de phylogéographie au niveau supra- ou infra-spécifique.

Sur la gauche sont illustrées quelques applications d'études de phylogénie : délimitations d'espèces (ex. Barcoding moléculaire) / description de la biodiversité ; études sur l'évolution de traits de vie ; études de biogéographie historique. Sur la droite sont illustrées quelques applications d'études de phylogéographie : biologie de la conservation (ex. identification de populations menacées par les changements globaux) ; distribution de la biodiversité (études de génétique des populations) et biologie de l'invasion (historique des invasions).

Autres équipes concernées par ce thème

UMR LECOB
Laboratoire d'Ecogéochimie des Environnements Benthiques
(CNRS, UPMC)
16 scientifiques

Directrice : Nadine Le Bris,
lebris@obs-banyuls.fr
<http://lecob.obs-banyuls.fr>
► Présentation page 41

UMR LSTM
Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes
(Cirad, Inra, IRD, Montpellier SupAgro, UM2)
42 scientifiques

Directeur : Michel Lebrun,
lebrun@univ-montp2.fr
www.mpl.ird.fr/lstm
► Présentation page 30

UMR AMAP
botAnique et bioinforMatique de l'Architecture des Plantes
(Cirad, CNRS, Inra, IRD, UM2)
44 scientifiques

Directeur : Daniel Barthélémy,
daniel.barthelemy@cirad.fr
<http://amap.cirad.fr/>
► Présentation page 58

UMR CEFE
Centre d'Écologie Fonctionnelle et Évolutive
(Cirad, CNRS, EPHE, IRD, Montpellier SupAgro, UM1, UM2, UM3)
125 scientifiques

Directeur : Philippe Jarne,
philippe.jarne@cefe.cnrs.fr
www.cefe.cnrs.fr
► Présentation page 24

... suite page 16

Un des axes actuels de recherche consiste à comprendre la variabilité spatiale et temporelle des niveaux de compatibilité observés entre différentes populations de schistosome et leurs mollusques hôtes. À ce stade de l'interaction hôte-parasite, la variabilité phénotypique va s'exprimer fortement parmi les molécules-clés impliquées dans les mécanismes de défense des hôtes et l'inféctivité des parasites. Dans ce contexte, l'UMR développe conjointement :

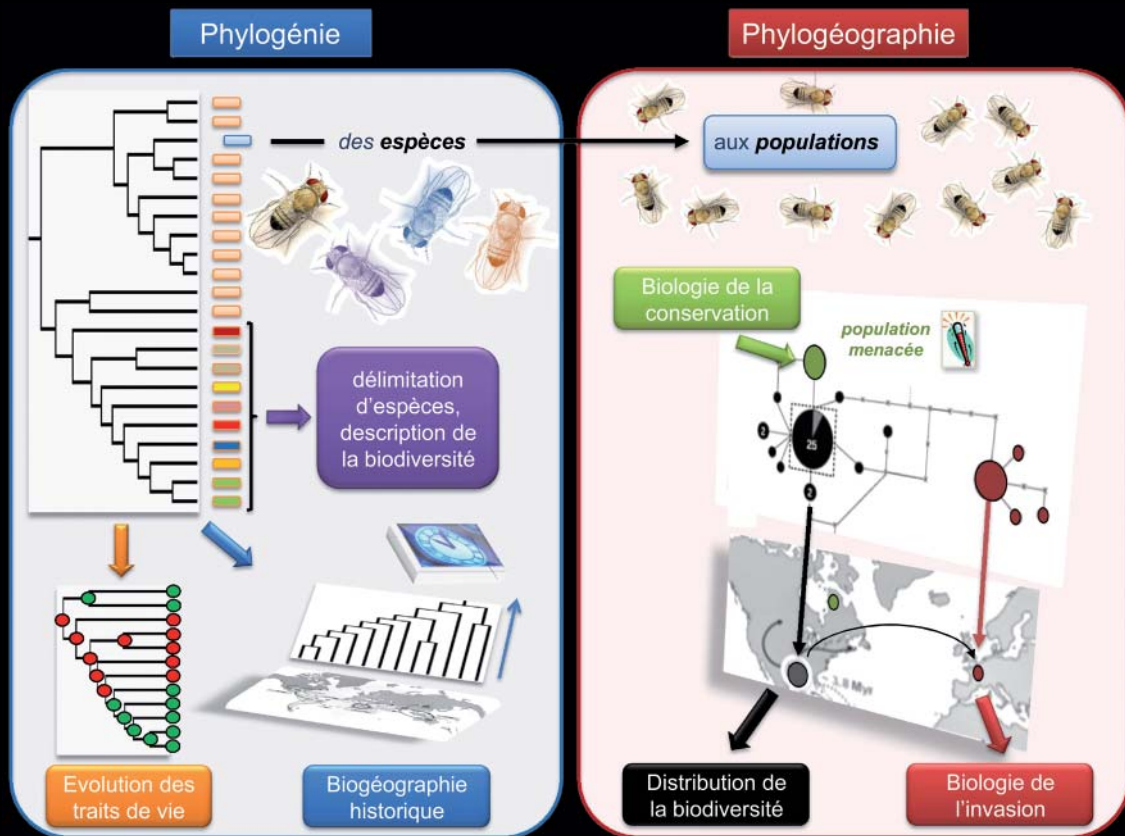
- des approches fonctionnelles de génomique et protéomique visant à caractériser ces déterminants moléculaires ;
- l'étude des processus générateurs de diversité jouant sur ces déterminants qu'ils soient de nature génotypique et/ou épigénétique ;
- les approches populationnelles permettant de suivre ces marqueurs en « temps réel » dans leur dynamique co-évolutive.

L'hôte vertébré des schistosomes est, quant à lui, le siège de la formation des couples entre parasites mâles et femelles et donc de la reproduction sexuée génératrice de diversité génétique. À ce niveau, l'UMR développe des recherches sur l'influence des systèmes et stratégies

de reproduction (recrutement génotype dépendant, choix des partenaires, taux de divorce...) sur la diversité phénotypique de la descendance parasitaire.

Parmi les principaux programmes en cours appuyés par des projets de l'Agence Nationale de la Recherche, citons BIOMGENIM pour l'étude de l'évolution de l'immunité innée chez les mollusques, SCHISTOPHEPIGEN pour les mécanismes génétiques et épigénétiques sous-jacents à la plasticité phénotypique, MONOGAMIX pour les systèmes d'appariement ou encore SCHISTOMED pour la recherche de molécules anti-schistosome.

Centre collaborateur de l'Organisation Mondiale de la Santé pour les schistosomoses, le laboratoire entretient expérimentalement les cycles biologiques complets de plusieurs espèces et souches de *Schistosoma*. Ce savoir-faire est mis à profit pour développer, en partenariat avec des laboratoires de chimie et pharmacochimie du secteur public et privé, un nouvel axe plus appliqué, visant à tester l'efficacité anti-schistosome de nouvelles molécules hybrides.



Adaptation et évolution des complexes hôtes-pathogènes

Les maladies infectieuses demeurent, en Europe comme dans les pays du Sud, un problème majeur de santé publique. Par ailleurs, notre planète subit depuis ces dernières décennies des évolutions environnementales, climatiques, démographiques et économiques, qui peuvent favoriser le développement, l'émergence ou l'extension géographique de maladies épidémiques ou endémiques, voire de pandémies.

La mission de l'UMR *Maladies infectieuses et vecteurs : écologie, génétique, évolution et contrôle* (MIVEGEC, CNRS, IRD, UM1) est de comprendre, à travers des recherches intégratives, les processus de répllication et de transmission des agents infectieux et leurs dynamiques de transmission, d'étudier leurs éventuels vecteurs, et d'analyser les stratégies et mécanismes, en particulier génétiques, d'adaptation et d'évolution des complexes hôtes-pathogènes. L'originalité de MIVEGEC est d'intégrer tous les niveaux d'étude de ces complexes : de l'agent pathogène à l'environnement, en passant par l'hôte vertébré et le vecteur. Ces travaux conduisent au développement de nouvelles stratégies de contrôle des maladies.

Les recherches sont conduites sur différents modèles, sur différents continents, à différentes échelles : écosystèmes, populations d'hôtes et d'agents pathogènes, individus (*via* des études de génétique et de biologie cellulaire), en intégrant les relations entre les différentes composantes.

La diversité des modèles étudiés (*Leishmania* / phlébotomes, *Plasmodium* / Anopheles, *Trypanosoma* / *Triatoma*, Arbovirus / *Aedes*, *Borrelia*, *Babesia* / *Ixodidae*, insectes pathogènes, ulcère de Buruli, Toxoplasmose, *Mycobacterium* et tuberculose, Cholera, virus Influenza A, interactions virus-plantes) est une richesse importante de l'UMR. Dix équipes composent MIVEGEC :

- BEES : Biologie, écologie et évolution des systèmes vectoriels ;
- DySMI : Dynamique des systèmes –Maladies infectieuses ;
- ETE : Évolution théorique et expérimentale ;
- GAP : Génétique et adaptation des *Plasmodium* ;
- GeneSys : Génétique et biodiversité des systèmes infectieux ;
- IAP : Interactions parasitaires et adaptations ;
- INCHA : Épidémiologie intégrative de la maladie de Chagas ;
- MeBFEA : Mécanismes biologiques fondamentaux des eucaryotes ancestraux ;
- SAT : Stratégies et adaptation de la transmission ;

- VECOPS : Stratégies de lutte et prévention du contact homme-vecteurs.

Les recherches sont conduites en Bolivie, au Bénin, au Burkina Faso, au Cameroun, au Gabon, au Maroc, en Thaïlande, au Vietnam, en France (y compris Guyane, Martinique, Mayotte et Réunion), et en collaboration avec de nombreux autres pays du Sud.

L'UMR MIVEGEC est membre de deux écoles doctorales, « Systèmes Intégrés en Biologie, Agronomie, Géosciences, Hydrosiences, Environnement » et « Sciences Chimiques et Biologiques pour la Santé » des universités de Montpellier. L'unité est un centre collaborateur de l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) pour les *Leishmania* et pour l'utilisation des insecticides en santé publique. Elle héberge le Centre National de Référence pour les *Leishmania* et le Centre National de Référence associé pour la toxoplasmose. Certaines équipes sont certifiées Iso 9001, version 2000.

L'unité participe à une trentaine de programmes de recherche ayant des financements variés (Union européenne, Agence Nationale de la Recherche, ministères de la Santé et de l'Environnement, *National Institute of Health*, OMS, industrie, etc.) et publie plus de 150 articles référencés par an. ...

Écologie de la santé et biodiversité : les virus influenza aviaires en Camargue

M. Gauthier-Clerc © Tour du Valat



M. Gauthier-Clerc © Tour du Valat

Les problématiques de santé ont longtemps été limitées à des approches symptomatiques et immédiates sans intégrer les mécanismes écologiques et évolutifs permettant de comprendre le rôle des interactions complexes entre les organismes et leur environnement ou d'anticiper les conséquences des actions de lutte contre les pathogènes. Dans un monde en mutation sous l'effet des changements globaux (altération des habitats, usages massifs de molécules de lutte, pesticides ou antibiotiques, surexploitation, mondialisation des échanges, introduction d'espèces exotiques, élevage intensif, changements climatiques...), nombre de ces interactions sont actuellement profondément modifiées, et, en particulier, celles avec les parasites et pathogènes. Des conséquences sont l'émergence de nouvelles maladies ou la perte de services rendus par la biodiversité à la santé.

Une émergence récente est celle du virus influenza aviaire H5N1 hautement pathogène et sa dispersion de l'Asie à l'Europe et l'Afrique, altérant la perception positive des migrations des oiseaux sauvages, bien que leur rôle semble sans commune mesure avec celui des échanges commerciaux. Contrairement aux oiseaux domestiques, les oiseaux sauvages sont rarement concernés par des infections liées aux formes hautement pathogènes des virus influenza aviaires. Située à la croisée de plusieurs voies migratoires des oiseaux du Paléarctique, la Camargue est considérée comme une zone privilégiée d'échanges de pathogènes. Les recherches menées en Camargue par la Tour du Valat, le Laboratoire de Génétique et Évolution des Maladies Infectieuses et l'Institut Pasteur concernent en particulier les espèces sauvages réservoirs des virus influenza aviaires, les relations phylogénétiques, les modes de contamination et la dispersion des virus influenza aviaires. Les résultats montrent, par exemple, le rôle prépondérant des canards, des goélands et des mouettes dans la circulation des formes faiblement pathogènes. Les taux d'infection chez les canards peuvent être très différents d'une année à l'autre, mais le même *pattern* mensuel est observé avec une décroissance des taux d'infection de septembre à janvier.

Contact : Michel Gauthier-Clerc, gauthier-clerc@tourduvalat.org

▲ *Sarcelles d'hiver en hiver en Camargue.*

◀ *Vignette - Cygnes de Bewick et canards sauvages en hiver en Camargue.*

Mobilité des animaux et émergence de maladies dans le bétail

Le buffle africain (*Syncerus caffer*), espèce emblématique de la grande faune africaine, présente dans les principales aires protégées d'Afrique, partage avec le bétail et avec l'homme un panel important de pathogènes tels que ceux responsables de la fièvre aphteuse, de la brucellose, de la tuberculose, etc. Le modèle buffle-bétail est étudié par l'UPR AGIRs (Cirad) pour la compréhension des interactions épidémiologiques entre les animaux domestiques et sauvages. Plusieurs études sont menées depuis 2007 par des membres de l'équipe dans et autour d'espaces protégés, en Afrique de l'Ouest (Parc régional du W) et en Afrique australe (Parc transfrontalier du Limpopo). Les risques d'interactions entre la faune, le bétail et l'homme sont en effet particulièrement importants en périphérie des espaces protégés de plus en plus contraints par l'élevage et l'agriculture. À partir de contacts entre bovins infectés et buffle en 1960, la tuberculose bovine s'est, par exemple, répandue dans le Parc National Kruger (Afrique du Sud) pour atteindre récemment le Zimbabwe.

Pour comprendre ces dynamiques de transmission de maladies entre troupeaux sauvages et domestiques par contacts directs ou indirects, l'UPR AGIRs s'intéresse à la mobilité des animaux et aux facteurs écologiques ou liés à l'homme qui conditionnent le partage des mêmes ressources et des mêmes espaces. Des buffles et des bovins ont été équipés de colliers GPS qui enregistrent

leurs localisations en continu sur des cycles annuels. Ces données permettent de caractériser les déplacements, les domaines vitaux mais aussi le potentiel de contacts entre troupeaux. Elles sont analysées en regard de variables explicatives telles que végétation, eau, saison, présences humaines, etc. Ces travaux contribuent à évaluer et, ensuite, mieux contrôler les risques sanitaires mais plus généralement les risques de conflits entre les enjeux de conservation et de développement.



D. Cornélis © Cirad

Contact : Marie-Noël De Visscher, visscher@cirad.fr

▲ Pose d'un collier GPS et collecte d'échantillon sur un buffle du parc national de Gonarezhou au Zimbabwe.

Trypanosomes : identification, variabilité génétique, interactions hôtes-parasites

Malgré les efforts consacrés à la lutte contre les trypanosomoses, ces maladies parasitaires représentent encore des problèmes préoccupants de santé publique et de développement. L'arrêt du dépistage de masse, le manque de surveillance médicale des populations à risque, la confrontation accrue des contacts « glossines—hommes—bétail » liée entre autres facteurs à des changements climatiques et démographiques, ainsi que de nombreuses lacunes et inconnues sur les traits de vie des parasites dont leur transmission, font encore de la Trypanosomose Humaine Africaine (THA, maladie du sommeil) une endémie perçue comme « ré-émergente », et une priorité de santé publique pour l'OMS. Les trypanosomoses animales (nagana) constituent également un obstacle majeur au développement de l'élevage en Afrique sub-saharienne ainsi qu'en Amérique latine et en Asie.

Ce constat, renforcé par la rareté des travaux consacrés à une étude globale de « ces maladies à transmission vectorielle », a conduit l'UMR *Interactions Hôtes-vecteurs-parasites dans les Trypanosomoses* (Cirad, IRD) à proposer des recherches sur les interactions que les parasites établissent chez

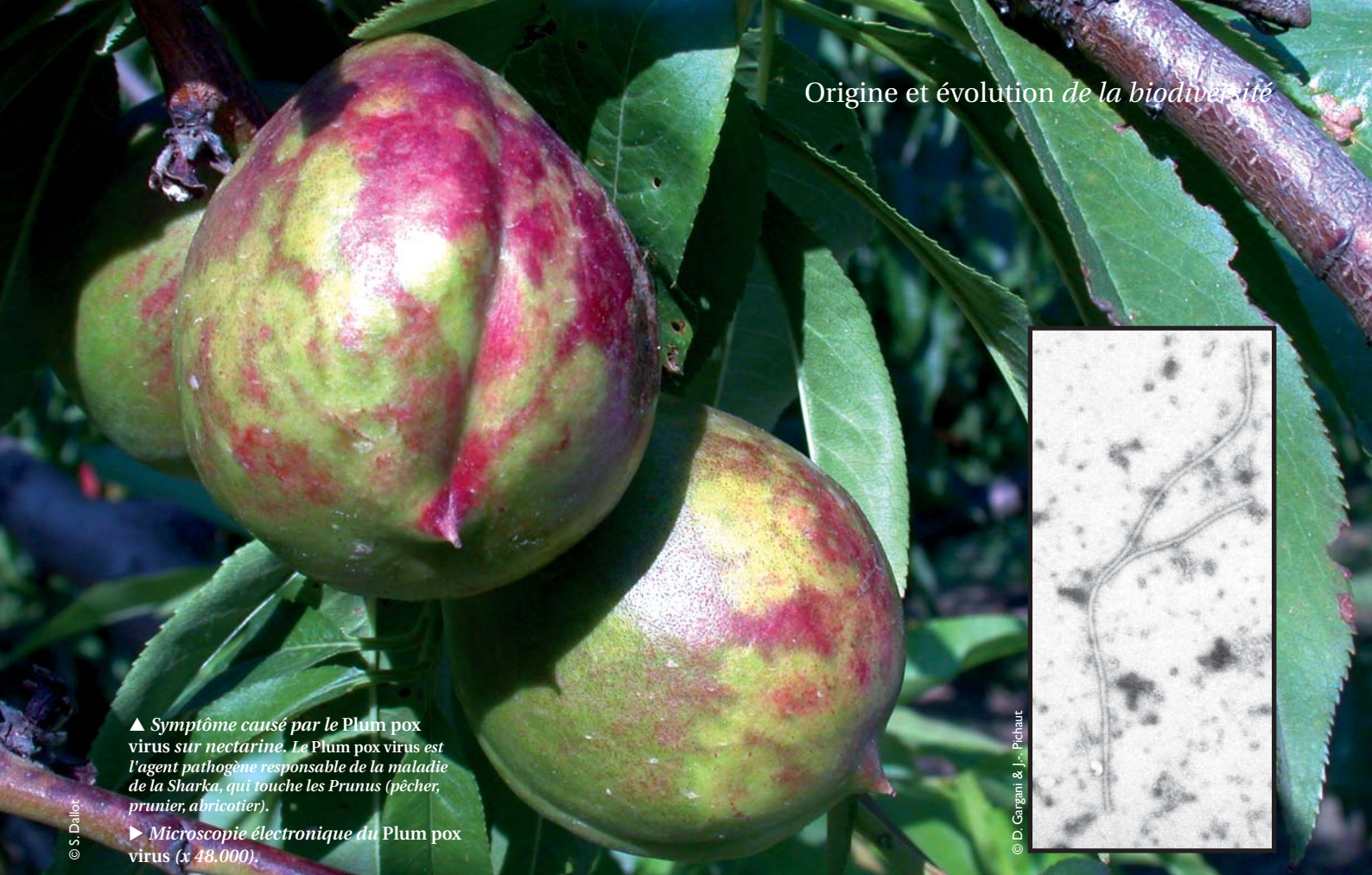
les deux hôtes dont dépend leur pérennité : un insecte hôte—vecteur hématophage—et un mammifère hôte—source de sang de l'insecte—afin d'améliorer les moyens de contrôle et de lutte contre ces maladies.

Les recherches menées en parallèle par l'IRD sur les maladies naturelles humaines et par le Cirad sur les maladies animales, ont montré que de nombreuses questions sont communes à ces deux types de maladie en matière d'épidémiologie et de lutte, d'autant que la transmission des parasites est assurée par le même vecteur (glossine ou mouche tsé-tsé). Le regroupement au sein d'une UMR de compétences complémentaires et synergiques permet le développement d'une approche pluridisciplinaire commune déclinée autour de trois objectifs de recherche :

- diagnostiquer et identifier les trypanosomes (chez l'hôte et le vecteur), leur variabilité génétique, les facteurs de virulence et/ou pathogénicité des souches parasitaires en fonction de leur origine géographique ;
- étudier les interactions hôtes-parasites par l'identification des marqueurs impliqués dans la tolérance/susceptibilité à l'infection, dans le développement de la maladie ;
- clarifier les modalités de la transmission vectorielle pour un meilleur ciblage de la lutte.

Pour répondre à ces objectifs, l'UMR bénéficie d'équipes implantées dans plusieurs pays où sont diagnostiquées ces maladies et où sont présentes les ressources humaines et financières permettant (i) d'assurer le dépistage, (ii) de détecter et de caractériser les parasites chez les vecteurs et les hôtes, (iii) d'apporter un appui au suivi thérapeutique et au traitement, (iv) de déterminer la structuration génétique des populations de glossines, les éléments-clés de leur compétence vectorielle, (v) d'étudier les relations des trois acteurs de ces écosystèmes parasitaires dans leur environnement, (vi) de réaliser des infections expérimentales (bovins) avec des populations parasitaires différant par des critères biologiquement pertinents.

Ce dispositif au Sud est complété au Nord par le laboratoire commun IRD-Cirad, implanté sur le campus de Montferrier-Baillarguet (France). Ce dernier dispose d'infrastructures opérationnelles pour des explorations aux échelles moléculaire et cellulaire des facteurs prédisposant au développement—ou non—des processus pathogènes ainsi que d'un insectarium où sont maintenues en élevage cinq espèces et sous-espèces de glossine d'importance médicale et vétérinaire permettant de déterminer les différents éléments-clés qui se traduiront par le développement abortif ou, au contraire, optimal des trypanosomes transmissibles à l'hôte mammifère. ...



▲ Symptôme causé par le Plum pox virus sur nectarine. Le Plum pox virus est l'agent pathogène responsable de la maladie de la Sharka, qui touche les *Prunus* (pêcher, prunier, abricotier).
► Microscopie électronique du Plum pox virus (x 48.000).

© S. Dailot

© D. Gargani & J.-P. Pichaut

Diversité des interactions et des mécanismes adaptatifs des agents pathogènes

Les interactions entre plantes et agents pathogènes sont le résultat d'une coévolution qui a été le moteur d'une biodiversité observée aujourd'hui dans les milieux les moins anthropisés. L'agriculture a profondément modifié ces interactions en réduisant la biodiversité des espèces cultivées et en sélectionnant des génotypes résistants qui exercent une pression de sélection élevée sur les agents

pathogènes. La domestication des plantes cultivées a nécessité la sélection de plantes suffisamment résistantes aux agents pathogènes. Par ailleurs, les introductions de nouvelles espèces cultivées dans toutes les régions du monde a été à l'origine de l'introduction involontaire d'agents pathogènes dans des régions où ils étaient absents jusqu'alors. C'est ainsi qu'ont eu lieu des confrontations entre des espèces cultivées et des agents pathogènes avec lesquels elles n'avaient pas co-évolué.

Les grandes surfaces en culture monospécifique ou monovariétale ont offert aux agents pathogènes les conditions écologiques favorables à des sauts d'hôtes et à des épidémies dévastatrices. La situation actuelle résulte de changements qui ont commencé au début de l'agriculture, mais qui ont été amplifiés par l'accélération des échanges de matériel végétal. Si l'agriculture moderne a pu se construire sur de nombreux succès dans la limitation des épidémies, beaucoup d'échecs ont été observés dans l'utilisation des résistances variétales ou dans le développement de produits phytosanitaires. La compréhension de la biodiversité des pathosystèmes culturels et des mécanismes d'adaptation des agents pathogènes est donc importante pour évaluer la durabilité des agrosystèmes et pour

proposer les méthodes les plus sûres de limitation des pertes.

Les recherches conduites à l'UMR *Biologie et Génétique des Interactions Plantes-Parasites* (BGPI, Cirad, Inra, Montpellier SupAgro) visent à mieux connaître la diversité des interactions et des mécanismes adaptatifs des agents pathogènes. Les travaux concernent les virus et leurs vecteurs, les bactéries et les champignons. Les recherches sont conduites à différentes échelles, par des études de biologie des populations menées en confrontant la structure observée des populations d'agents pathogènes aux modèles théoriques de la génétique des populations, mais également par des approches d'épidémiologie, d'évolution expérimentale et de modélisation.

L'analyse de la biodiversité globale des virus présents dans des agrosystèmes et dans des écosystèmes proches est conduite par des analyses de métagénomique. Les virus dont le génome est intégré à celui de la plante hôte posent des questions spécifiques sur les rôles de l'évolution des séquences virales intégrées et de celle des génomes viraux à l'origine des épidémies de *Caulimoviridae* (*Banana streak viruses*, *Cacao swollen shoot virus*). L'étude de l'évolution de ces virus permet de mieux comprendre les épidémies actuelles.

Autres équipes concernées par ce thème

UR Biens et Services des Écosystèmes Forestiers Tropicaux : intégrer les enjeux liés aux changements globaux
(Cirad)

36 scientifiques
Directeur : Alain Billand,
alain.billand@cirad.fr
www.cirad.fr/ur/bsef
► Présentation page 49

UR COREUS
Biocomplexité des écosystèmes coralliens de l'Indo-Pacifique
(IRD, UPMC)
21 scientifiques

Directeur : Claude Payri,
claud.payri@ird.fr
www.coreus.ird.fr
► Présentation page 40

Les insectes vecteurs sont la cause de goulots d'étranglements qui ont un effet majeur sur l'évolution des populations virales. La vection fait ainsi l'objet de travaux de BGPI (*Cauliflower mosaic virus*, CaMV, et *Geminiviridae*). La recombinaison est un mécanisme majeur dans l'évolution de certaines familles virales. Son impact sur la virulence et la valeur sélective des virus font l'objet d'études (*Geminiviridae*).

Ces travaux permettent d'estimer le potentiel d'émergence de ces virus recombinants. L'évolution expérimentale est utilisée dans le cas du CaMV pour tester des modèles théoriques d'évolution. L'évolution des virus au cours d'épidémies naturelles est utilisée pour approfondir les analyses spatio-temporelles de maladies transmises par vecteur. L'étude de la biologie des populations de vecteurs et d'agents pathogènes, champignons

(*Magnaporthe grisea*, *Mycosphaerella fijiensis*) et bactéries (*European stone fruit yellows*), soumis à différentes pressions de sélection, espèce hôte, génotype résistant, fongicides, permet de mieux appréhender les mécanismes épidémiologiques et évolutifs et d'essayer d'en évaluer les limites, dans le but d'aboutir à l'identification d'agrosystèmes durables.

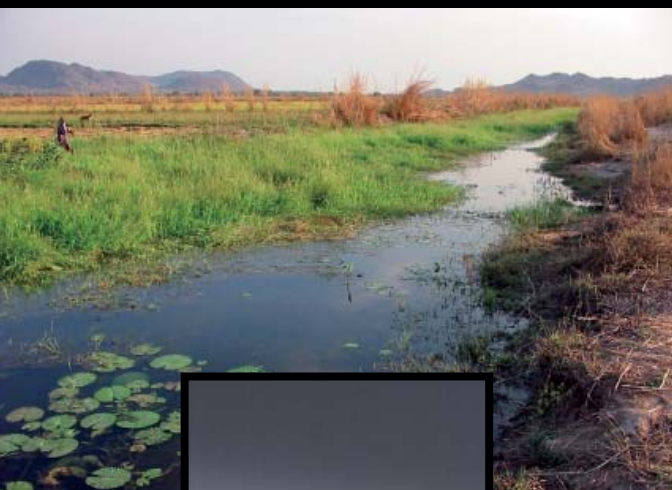
Plasticité des génomes microbiens et vecteurs en interaction avec les agents pathogènes

Dans un contexte d'accélération des émergences sanitaires d'origine infectieuse et parasitaire ces 20 dernières années, l'UMR **Contrôle des maladies Animales Exotiques et Émergentes** (CMAEE, Cirad, Inra) développe des recherches sur la

dynamique des maladies animales et zoonotiques d'importance économique et sanitaire pour les pays du Sud, dont certaines menacent les pays du Nord. En effet, les régions tropicales qui constituent le champ d'action de l'unité sont à la fois des « hot-spots » de ces émergences de maladies infectieuses et des zones où les systèmes de surveillance et d'alerte sont très peu efficaces.

Les modèles étudiés sont bactériens ou viraux, à transmission directe ou par des vecteurs arthropodes (tiques, culicoïdes, glossines ou moustiques). Les recherches reposent sur une approche intégrée d'étude des interactions entre les micro-organismes pathogènes, les hôtes cibles (domestiques et sauvages) et les vecteurs lorsqu'ils existent en prenant en compte les interactions avec l'environnement agro-écologique. ●●●

Bases génétiques de l'adaptation des vecteurs africains du paludisme au milieu



D. Fontenille © IRD

N. Rahola © IRD

▲ Gîtes de développement de larves d'*Anopheles funestus*, moustique vecteur du paludisme, à Lagdo, Cameroun.

Vignette - Couple d'*Anopheles gambiae*, moustiques africains vecteurs du paludisme. femelle à gauche, mâle à droite.

Les vecteurs majeurs de *Plasmodium* africains sont capables de coloniser des environnements extrêmement différents en Afrique subsaharienne, des savanes arides en bordure du Sahara jusqu'au cœur de la forêt équatoriale, dans les zones rurales, les périmètres agricoles, les villages et les villes. L'UMR MIVEGEC s'intéresse particulièrement aux mécanismes génétiques adaptatifs sélectionnés par les espèces du complexe *Anopheles gambiae* (inversions chromosomiques, polymorphisme allélique, niveau d'expression de gènes), en réponse aux variables climatiques, aux types de gîtes larvaires colonisés et à la pression anthropique (agriculture, insecticides, déforestation, urbanisation), et permettant leur survie et leur développement dans les différents biotopes.

L'analyse des interactions « gènes—environnement » chez *An. gambiae* passe par l'étude du polymorphisme chromosomique et de la distribution des inversions paracentriques au sein des populations naturelles de vecteurs. D'importantes campagnes de terrain ont été réalisées au Cameroun et au Burkina Faso, et la niche écologique des principales espèces du complexe *An. gambiae* a pu être modélisée à l'échelle des deux pays sur la base d'analyses statistiques des corrélations entre les points de présence de l'espèce et une gamme de facteurs environnementaux répertoriés dans un système d'information géographique. L'analyse comparative des niches écologiques des différentes espèces du complexe a permis d'identifier des variables environnementales discriminantes.

Les techniques les plus récentes de la biologie moléculaire et de la génomique sont utilisées en complément de la cytogénétique traditionnelle pour la mise en évidence de polymorphismes génétiques associés aux variations phénotypiques révélées par ces analyses écologiques. Ces études ont permis de décrypter le polymorphisme moléculaire de certaines inversions chromosomiques chez *An. gambiae*, ainsi que d'en préciser le rôle et le fonctionnement comme réservoir de variabilité génétique adaptative chez ce vecteur.

Contacts : Frédéric Simard, frederic.simard@ird.fr & Carlo Costantini, carlo.costantini@ird.fr

► Adultes de *Varroa* (*Varroa destructor*), acarien parasite d'abeilles, tués par *Beauveria bassiana*.

Elles visent à caractériser les déterminants de l'émergence des agents pathogènes, de leur transmission et de leur diffusion dans une approche multi-échelles où la modélisation épidémiologique prend une importance croissante.

Parmi les quatre axes qui structurent le projet scientifique de l'unité, deux intègrent fortement les études de diversité :

■ **L'étude de la plasticité des génomes microbiens** (bactéries et virus) vise à décrire la diversité génétique et les forces évolutives auxquels sont soumis les micro-organismes. Les technologies à haut débit permettent de caractériser cette diversité au niveau des génomes entiers et de l'analyser à l'échelle des populations qui seule permet d'aborder la complexité de l'écologie microbienne.

■ **Les vecteurs en interaction avec les agents pathogènes, les hôtes et dans l'environnement.** La complexité des systèmes vectoriels est abordée aussi bien en termes de diversité des espèces impliquées dans la transmission d'un agent pathogène que de la variabilité de leur compétence et capacité vectorielle vis-à-vis de ces pathogènes qui présentent eux-mêmes une diversité génétique et phénotypique. Elle intègre la diversité génétique des espèces permettant de caractériser la structure des populations et son évolution.

L'objectif finalisé est de contribuer à l'évaluation des risques sanitaires et de proposer des stratégies de

lutte intégrée associant les outils développés en recherche (diagnostic, vaccins, thérapeutiques) et les méthodes basées sur la connaissance de l'écologie des vecteurs, des processus épidémiologiques et de leur modélisation.

Pour délivrer ses produits de recherche de façon optimale pour le développement des pays du Sud et construire leur capacité, l'unité a fait le choix de s'impliquer en ingénierie des réseaux de santé publique vétérinaire en contribuant au développement et/ou au fonctionnement de réseaux à l'échelle régionale (réseau CaribVET dans les Caraïbes, AnimalRisk dans l'Océan Indien, Remesa en Méditerranée...) essentiellement à partir de ses équipes déployées Outre-mer.

L'unité entretient un réseau de nombreux partenariats internationaux dans les pays du Nord comme du Sud, au travers des réseaux de santé et de recherche (européens, internationaux). L'unité détient cinq titres nationaux et six mondiaux (Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture et Organisation mondiale de la santé animale) de laboratoire de référence. Au niveau de Montpellier, l'unité intègre son dispositif de laboratoires confinés (L3), d'animaleries et d'insectarium géré sous assurance qualité selon la norme ISO 17025, au « réseau sur les vecteurs et les maladies émergentes » dont elle est membre fondateur avec des UMR de l'IRD, de l'université et l'Entente interdépartementale pour la démoustication.

Biodiversité des pathogènes d'insectes ravageurs des cultures

Les projets de recherche de l'UMR **Diversité, Génomes & Interactions Microorganismes—Insectes** (DGIMI, Inra, UM2) portent sur la caractérisation d'organismes entomopathogènes et l'étude de leurs interactions avec les insectes. Dans le contexte actuel de réduction de l'utilisation des pesticides chimiques et du développement durable, ces travaux contribuent au développement de nouvelles stratégies de lutte contre les insectes ravageurs de culture et les insectes vecteurs.

Les principaux entomopathogènes étudiés sont :

■ les densovirus (famille des parvovirus), petits virus animaux à ADN et pathogènes d'insectes aux stades larvaires (équipe *Dynamique des interactions densovirus-insectes*) ;
■ les nématodes entomopathogènes (genres *Heterorhabditis* et *Steinernema*) associés à leurs bactéries symbiotiques entomopathogènes *Photorhabdus* et *Xenorhabdus* (*Enterobacteriaceae*) indispensables au cycle parasitaire de leurs hôtes (équipe *Ressources biologiques & génétiques des bactéries et nématodes entomopathogènes*) ;
■ les hyménoptères endoparasitoïdes (*Ichneumonidae* *Hyposoter didymator*) associés à un symbiote indispensable à la réussite parasitaire appartenant à la

Capricornes asiatiques et biodiversité



▲ Femelle *Anoplophora chinensis*.

Anoplophora glabripennis et *A. chinensis* (Coleoptera, Cerambycidae) sont des espèces invasives originaires d'Extrême-Orient. Leurs larves creusent des galeries dans le bois de nombreuses essences à feuilles caduques. Directement et indirectement, les *Anoplophora* affectent la biodiversité, et la biodiversité affecte les populations d'*Anoplophora*.

L'effet direct des *Anoplophora* sur la biodiversité est lié à leur grande polyphagie. Les essences feuillues attaquées sont notamment les érables, peupliers, saules, marronniers, aulnes, charmes, ormes, noisetiers, pommiers, agrumes (pour ce qui concerne *A. chinensis*), etc. Les parcs et jardins des zones urbaines, les pépinières, les vergers et les forêts de feuillus sont menacés. Les ré-infestations successives des plantes-hôtes entraînent leur mort, ce qui conduit à l'anéantissement ou le déplacement des biocénoses indigènes normalement inféodées à ces essences. L'effet indirect des *Anoplophora* sur la biodiversité est observé dans les bouleversements des écosystèmes liés aux efforts d'éradication du ravageur dans les paysages urbains, agricoles et forestiers. La destruction de certaines zones forestières entraîne aussi la disparition des strates arbustive et herbacée et le déplacement des populations d'insectes, de petits mammifères et d'oiseaux qui peuplaient ces zones boisées. En retour, la biodiversité affecte les populations d'*Anoplophora* car certains insectes parasitoïdes locaux, notamment des hyménoptères ennemis naturels d'insectes xylophages, acceptent les *Anoplophora* comme hôtes de substitution.

Dans le nord de l'Italie, le Laboratoire Européen de Lutte Biologique a montré que huit espèces d'insectes parasitoïdes de la faune européenne, appartenant à cinq familles (Braconidae, Eurytomidae, Eupelmidae, Bethyidae, Pteromalidae), attaquent les jeunes larves d'*A. glabripennis* et *A. chinensis* sous écorce. Une plus grande biodiversité exerce une action antagoniste plus forte sur le ravageur et ses populations sont mieux contenues.

Contact : Franck Hérard, herard@ars-ebcl.org

famille des Polydnavirus (*Hyposoter didymator* IchnoVirus) (équipe *Biologie intégrative des interactions hôte-parasitoïdes*).

Les densovirus, découverts dans les principaux groupes d'insectes d'importance agronomique, médicale ou vétérinaire, sont des candidats en lutte biologique. Afin d'évaluer leur potentiel et les risques liés à leur utilisation, l'UMR s'intéresse aux mécanismes de l'infection en utilisant comme modèles d'interaction des lépidoptères ravageurs de culture et les densovirus (DNV) :

- étude des mécanismes moléculaires d'entrée et de spécificité du densovirus de *Junonia coenia* (JcDNV) en utilisant des cellules d'insectes en culture, permissives ou non ;
- étude du spectre d'hôte et des déterminants de spécificité des densovirus, en comparant un densovirus « généraliste », pathogène pour plusieurs hôtes, et un densovirus « spécialiste », pathogène pour un seul hôte, afin de comprendre les mécanismes qui déterminent la spécificité d'hôte ;
- étude des mécanismes de transmission et de l'évolution virale (collaboration avec le BGPI).

Concernant les nématodes parasites d'insectes (genres *Heterorhabditis* et *Steinernema*) et leurs bactéries symbiotiques intestinales entomopathogènes, les travaux de classification de ces deux genres bactériens ont fondé la réputation

internationale du laboratoire depuis la fin des années 80. Entre 2005 et 2009, 11 nouvelles espèces de *Xenorhabdus* et quatre nouvelles sous-espèces de *Photorhabdus* ont été décrites. Ces travaux sont réalisés à partir d'une collection unique au monde de bactéries isolées de nématodes entomopathogènes collectés sur tous les continents à l'aide de pièges ou à partir d'insectes parasités récoltés directement dans la nature. Les thèmes abordés sont :

- la classification et la généalogie des espèces bactériennes dans ces deux genres ;
- l'identification des modes d'évolution de ces associations en comparant les généalogies des deux partenaires nématodes et bactéries ;
- les spectres d'hôtes pour identifier les couples nématodes-bactéries pathogènes pour un grand nombre d'ordres d'insectes et ceux qui sont plus inféodés à un groupe d'insectes particuliers ;
- le criblage et la valorisation de nématodes, de molécules insecticides et antimicrobiennes en collaboration avec des partenaires professionnels.

Le laboratoire est également un acteur central dans la constitution de ressources génomiques chez les genres *Photorhabdus* et *Xenorhabdus*, pour lesquels sont actuellement ou bientôt disponibles deux génomes de *Photorhabdus* et cinq génomes de *Xenorhabdus* (collaboration Génoscope, Université du Wisconsin-Madison, Monsanto).

Les hyménoptères parasitoïdes constituent un groupe extrêmement diversifié qui joue un rôle important dans les équilibres des populations au niveau des écosystèmes naturels et des agrosystèmes. DGIMI s'intéresse à la diversité des stratégies de développement et des facteurs de virulence de ces agents de contrôle des populations d'arthropodes. Le principal modèle d'étude est l'ichneumonide *Hyposoter didymator*, associé à un virus symbionte de la famille des Polydnavirus et parasite de noctuelles (*Chrysodeixes chalcites*, *Helicoverpa armigera* ou *Spodoptera littoralis*) sur le continent européen. En collaboration avec, entre autres, le CBGP, sont étudiées les interactions entre un braconide polyembryonnaire *Macrocentrus cingulum* et les lépidoptères du genre *Ostrinia*. Les thèmes abordés sont :

- les convergences et divergences des facteurs de virulence chez les hyménoptères parasitoïdes ;
- l'origine et l'évolution des associations hyménoptères ichneumonides – polydnavirus ;
- le rôle des facteurs de virulence et de leur variabilité dans le spectre d'hôte des hyménoptères parasitoïdes.

Ces thèmes sont développés au sein d'un réseau incluant plusieurs laboratoires français (universités de Tours, d'Amiens et de Toulouse, Inra Sophia-Antipolis, CBGP, etc.) et internationaux (Laval University, Escola Superior de Agricultura « Luiz de Queiroz », etc.). ...



▲ *Anoplophora chinensis*.

Biodiversité et lutte biologique contre les bio-invasions

Situé sur le campus de Montferrier-Baillarguet au Nord de Montpellier, l'**European Biological Control Laboratory** (EBCL) ou Laboratoire Européen de Lutte Biologique, est le plus important laboratoire de recherche basé outre-mer, du Service de Recherche en Agriculture (ARS) du Département américain de l'Agriculture (USDA).

Aux États-Unis, de nombreux bioagresseurs introduits sans leurs ennemis naturels sont d'origine eurasiennne ou africaine, ce qui a conduit dès 1919 à l'implantation du premier laboratoire USDA en France à Auch. Depuis sa création, ses activités sont orientées vers la lutte biologique classique contre les bio-invasions sur le territoire nord-américain, en étudiant particulièrement la biodiversité dans l'aire d'origine des espèces cibles. L'étude de cette biodiversité fait alors appel à plusieurs disciplines naturalistes telles que l'entomologie, la botanique, l'acarologie et aborde également l'écologie des communautés, la pathologie des insectes et des plantes, la phylogéographie ainsi que la caractérisation génétique des organismes cibles et de leur cortège parasitaire.

Les axes d'étude de l'EBCL portent sur la découverte à travers le monde des ennemis naturels en association avec les bioagresseurs cibles, leur caractérisation morphologique et génétique, l'étude de leur biologie, et s'intéressent à différentes composantes qui sous-tendent les bioinvasions. Les unités « plantes invasives » et « insectes ravageurs » au sein de ce laboratoire multinational et pluridisciplinaire sont épaulées par une équipe commune de génétique moléculaire.

Voici cinq exemples d'études en cours concernant la biodiversité :

■ **Les domptes-venin** (*Vincetoxicum* spp.) sont des plantes d'origine eurasiennne et invasives dans le nord-est des États-Unis et au Canada. La première phase du programme de lutte biologique (2006-2008) a conduit à évaluer la phylogéographie de ces plantes dans l'aire native et d'introduction en rapport avec la biodiversité entomologique *in situ* : 16 insectes phytophages et une rouille phytopathogène récoltés en Europe. La seconde phase (2009-2012) consiste à sélectionner les meilleurs candidats au travers de tests de spécificités, en vue d'importations futures en Amérique du Nord. Une chrysomèle, un noctuide et une mouche téphritide sont actuellement évalués.

■ **L'euphorbe ésule** (*Euphorbia esula*) est une plante envahissante en Val de Saône malgré son origine eurasiennne. Afin d'étudier la faisabilité d'une lutte biologique par augmentation et conservation, son cortège d'insectes et d'agents pathogènes est échantillonné : 15 espèces ont déjà été capturées dans les prairies inondables du Val de Saône.

■ **L'herbe de Guinée** (*Urochloa maxima*), originaire d'Afrique tropicale, est hautement invasive dans le sud des États-Unis, où elle menace la culture des agrumes et de la canne à sucre. Des explorations au Cameroun en 2009 ont permis d'identifier 27 herbivores, représentés au sein de 10 familles de coléoptères, mais aussi trois espèces de punaises et quatre de lépidoptères.

■ Les punaises *Lygus* sont invasives sur les côtes Est et Ouest des États-Unis dans des cultures de luzerne et cultures maraichères ; le cortège parasitaire a été recherché en Eurasie, particulièrement en Espagne et au Maroc. Trois parasites nymphaux du genre *Peristenus* ont été récoltés, élevés et envoyés aux États-Unis pour être relâchés. Le parasitisme observé en Europe est de 10 à 60 % alors qu'il est de 60 à 90 % dans les zones d'introduction où les auxiliaires sont en voie d'acclimatation.

■ Les longicornes asiatiques (*Anoplophora glabripennis*, *A. chinensis*) sont deux cérambycides menaçant gravement l'arboriculture fruitière, les forêts et les plantes d'ornement nord-américaines et européennes. Des explorations en Lombardie (Italie) ont permis d'identifier huit parasites larvaires de la faune européenne comme candidats potentiels pour la lutte biologique. Un parasitoïde oophage d'origine asiatique, spécifique à *A. chinensis* mais importé fortuitement avec son hôte, est maintenant largement réparti et efficace en Lombardie.

D'autres programmes s'intéressent à la biodiversité comme celui sur la mouche de l'olive et celui sur la canne de Provence (*Arundo donax*), pour lesquels divers auxiliaires eurasiatiques ont déjà été envoyés aux États-Unis en vue d'être lâchés.

Organismes marins : mécanismes de développement et d'adaptation

Le projet de l'UMR **Biologie Intégrative des Organismes Marins** (BIOM, CNRS, UPMC) a pour objectif principal d'étudier les mécanismes de développement et d'adaptation

des organismes à travers une approche évolutive. Cet objectif est extrêmement général et la spécificité du projet consiste en l'utilisation d'organismes modèles marins non conventionnels permettant des études originales complémentaires à celles réalisées sur des modèles plus traditionnels. Ce type d'approche a souvent abouti à des avancées significatives dans divers domaines de la biologie en permettant de répondre à certaines questions biologiques fondamentales. Ceci utilise à la fois les particularités issues de la diversité des organismes étudiés, et, en même temps la profonde unité du vivant qui permet des comparaisons entre des organismes parfois très éloignés phylogénétiquement.

Ce projet d'UMR se développe autour de quatre thèmes de recherche correspondants à quatre équipes de recherche actuellement fonctionnelles :

- Facteurs du milieu et mécanismes adaptatifs
- Évolution et développement des chordés
- Régulation des mécanismes cellulaires au cours du développement
- Génomique environnementale et adaptation du phytoplancton

Les principaux organismes modèles utilisés sont soit des métazoaires marins tels que des

échinodermes (oursin étoile de mer), des céphalochordés (*Amphioxus*), des poissons (loup de Méditerranée) ainsi que des micro-algues eucaryotes (prasinophytes, diatomées, dinoflagellés).

L'unité est localisée à l'observatoire océanologique de Banyuls-sur-Mer et l'ensemble de l'unité regroupe 30 personnes dont 10 chercheurs et enseignants-chercheurs titulaires. Les équipements disponibles incluent les moyens à la mer de la station, aussi bien humains que matériels, ainsi que des équipements scientifiques variés. Les moyens à la mer sont essentiellement constitués d'un chalutier de 14 mètres avec son équipage spécialisé pour l'expérimentation, des plongeurs scientifiques, des aquariums d'étude et des moyens de stabulation/élevage/culture d'organismes marins. Les équipements scientifiques sont des laboratoires équipés pour l'expérimentation en biologie cellulaire et moléculaire ou l'écologie, avec une plateforme de microscopie/cytométrie.

Les financements de l'unité proviennent essentiellement de ses deux tutelles (CNRS, UPMC) ainsi que de contrats de recherche de l'Agence Nationale de la Recherche ou bien européens. ■

Biodiversité et environnements extrêmes en grande profondeur

L'exploration des fonds marins a mis en évidence des communautés profondes riches et abondantes, liées à des ressources localisées et éphémères. Ces communautés, d'abord décrites autour des sources hydrothermales, sont aujourd'hui connues pour une grande variété d'habitats : des sédiments riches en hydrocarbures aux carcasses de baleine, en passant par les canyons sous-marins et les bois coulés. Témoinnant d'une longue histoire évolutive, les espèces qu'elles abritent reflètent par leurs adaptations les forts couplages entre stress et énergie disponible dans ces milieux marins extrêmes. Alors que la pression anthropique se fait plus forte sur ces « hauts lieux de biodiversité profonde », les bases fondamentales manquent encore pour prédire leur sensibilité aux perturbations directes et indirectes, telles que l'acidification ou le réchauffement des eaux profondes. Avec le soutien de la Fondation Total, l'Université Pierre et Marie Curie (UPMC) s'investit dans des recherches dédiées à ces *hot-spots* de biodiversité profonde au travers de la chaire « Environnement extrême, biodiversité et changement global ».



© WHOI/S. Sievert

Dans ce cadre, le LECOB (**Laboratoire d'Ecogéochimie des Environnements Benthiques** CNRS, UPMC) mobilise ses compétences pour mieux comprendre la dynamique combinée des processus de colonisation, de dégradation de la matière organique et de chimiosynthèse en milieu profond, impliquant consortiums microbiens, assemblages faunistiques et environnement physico-chimique. Le LECOB développe à cette fin un large éventail d'outils (métagénomique, capteurs, analyses de biomolécules, traceurs géochimiques) qui permettront la mise en place d'approches expérimentales *in situ* encore peu développées en grande profondeur, complétant le dispositif d'observation du canyon sous-marin Lacaze-Duthiers de l'Observatoire océanologique. Ces recherches sont combinées à un enseignement dédié aux écosystèmes profonds et environnements marins extrêmes, inscrit dans la spécialité « Océanographie et Environnement Marins » du master de l'UPMC.

Contact : Nadine Le Bris, lebris@obs-banyuls.fr

▲ Mesures électrochimiques *in situ* sur des communautés hydrothermales profondes à partir du sous-marin Alvin.