

Biodiversité, évolution et adaptations biologiques : des Macromolécules aux communautés

Président

Pierre CAPY

Membres de la section

Anick ABOURACHID
 Karine ALAIN
 Gérard ARNOLD
 Stéphane BLANC
 François BONHOMME
 Vincent BRETAGNOLLE
 Chenuil CHENUIL-MAUREL
 Julien CLAUDE
 Chantal DEBAIN
 Laurence DESPRES
 Philippe GRANDCOLAS
 Laurent LAPCHIN
 Dominique MOUCHIROUD
 Stéphane PEIGNE
 Jean-Sébastien PIERRE
 François RENAUD
 Jean-Louis SALAGER
 Patrick SCHEVIN
 Christophe THEBAUD
 Myriam VALERO

La section 29 intitulée « Biodiversité, évolution et adaptations biologiques : des Macromolécules aux communautés » a un périmètre d'action très vaste relevant essentiellement des sciences de l'Ecologie et de l'Evolution. Ce vaste champ thématique reflète notre conviction de la nécessité d'approches intégrant différents niveaux d'organisation de la biodiversité et faisant interagir des questions sur les mécanismes proximaux et les causes ultimes des traits d'organismes et leurs conséquences sur le fonctionnement des écosystèmes. Ces aller-retour entre patterns et processus évolutifs fournissent la grille de lecture de la biodiversité actuelle ou passée et nécessitent d'impliquer de nombreuses disciplines scientifiques (génétique, écologie, physiologie, paléontologie, phylogénie,...).

1. BILAN DES UNITES DE LA 29

1.1 BILAN

Au cours de ce dernier quadriennal les chercheurs de la section 29 ont vu leur niveau de publications nettement augmenter dans les champs disciplinaires de l'Ecologie et de l'Evolution, mais également dans les revues plus généralistes (Nature, Sciences, PNAS, Plos..). Ceci s'est aussi traduit par de nombreuses invitations et participations à des colloques internationaux de leur discipline. Un certain nombre de jeunes chercheurs se sont très bien positionnés dans les bourses ERC jeunes chercheurs afin de soutenir leurs thématiques novatrices.

Outre leurs activités de recherche fondamentale les chercheurs de la 29 se sont aussi beaucoup investis dans la formation universitaire en tant qu'enseignant, voire même responsable de formation. Ils ont également participé à de nombreuses actions de vulgarisation, notamment en 2009 au cours de l'année Darwin pour la diffusion des connaissances fondamentales liées à l'évolution. Cette action s'est poursuivie en 2010 par leur investissement dans l'année de la Biodiversité (expositions, films, livres, débats, conférences)

1.2 QUELLES SONT LES UNITES DE LA 29 ?

Quarante structures de recherche ou de service ont pour rattachement principal la section 29. L'essentiel est composé d'UMR (30) mais on compte aussi 3 UMS, 2 UPR, 2 USR, 1 FRE, 1 URA (Inserm) et 1 UPS. Les unités de la section 29 sont géographiquement réparties sur l'ensemble du territoire métropolitain et sont présentes en outre-mer (Nouméa). Trois zones géographiques

regroupent néanmoins à peu près la moitié des unités de recherche de la section : l'Ile de France et les délégations Languedoc-Roussillon et Centre-Poitou-Charentes. On retrouve un schéma un peu différent concernant la répartition des personnels de la section 29, dont la moitié appartient à des unités d'Ile-de-France et du Languedoc-Roussillon. Environ 10% des personnels de la section 29 sont affectés dans des unités qui dépendent d'autres instituts du CNRS, en particulier l'INSU, l'INSB et l'IN2P3.

1.3 RELATIONS AVEC D'AUTRES INSTITUTS DE RECHERCHE

De par la nature interdisciplinaire des thématiques de la 29, les partenariats sont nombreux avec d'autres instituts du CNRS et notamment l'INSB, l'INSU et l'INSHS. Les chercheurs de la 29 sont aussi souvent associés dans leurs équipes ou au travers de programmes de recherches (ANR, FRB, Biodiversa,...) à des chercheurs des Universités et d'autres organismes tels l'INRA, l'IRD, le CIRAD, le CEMAGREF et l'IFREMER.

1.4 RECRUTEMENTS DE LA 29

Chercheurs. De 2005 à 2009, la section 29 a recruté 40 chercheurs, 13 CR1 et 27 CR2 qui ont été affectés dans plus de 25 laboratoires (UMR ou UPR) relevant de la section. Les recherches menées par ces nouveaux entrants couvrent l'ensemble des domaines de la section. Dans le détail, notons que, parmi ces candidats, une moitié mène des recherches dans trois principaux domaines : (i) génétique et la génomique des populations, (ii) origine, structure, dynamique et gestion de la biodiversité et (iii) mécanismes et processus de l'adaptation et de l'évolution : évolution des génomes, évolution du développement, expression du génome et plasticité phénotypique. La seconde moitié des recrutés sur la période 2005-2009 se répartit à peu près équitablement dans les autres principaux domaines couverts par la section : (i) Systématique évolutive, phylogénies moléculaires et morphologiques, biogéographie, paléontologie ; (ii) Ecologie et biologie évolutives, écologie du comportement, écophysiologie, traits d'histoire de vie ; (iii) Interactions durables, relations hôtes-parasites et hôtes-symbiotes ; (iv) Ecologie microbienne et microbiologie évolutive.

Ingénieurs, techniciens et personnels administratifs (ITA)

Le faible recrutement en ITA est un problème récurrent au CNRS et n'a fait que de s'accroître au cours des dernières années. Ainsi pour les années 2007-2009 le recrutement, par concours externe, d'ITA n'a été que de 31 agents permanents dans les laboratoires de la section 29 dans EDD puis INEE. Comme dans beaucoup d'autres disciplines, on assiste à une précarisation de ces postes par le recrutement de nombreux CDD sur des contrats ANR ou des contrats européens.

Année	NB IR	NB IE	NB AI	NB T	NB AJT	TOTAL
2007	3	4	2	2	1	12
2008	1	2	1	4	0	8
2009	2	3	3	1	2	11

Répartition des recrutements en ITA (INEE) sur concours externes dans les laboratoires de la section 29

2. LES ENJEUX SCIENTIFIQUES

L'enjeu scientifique de la section 29 réside dans la nécessité de considérer une diversité de modèles biologiques, d'environnements, d'échelles spatio-temporelles et de niveaux d'organisation du vivant pour aborder l'étude de la biodiversité sous toutes ses facettes. Son atout majeur est de s'appuyer sur la biologie et l'écologie évolutive, domaines de la biologie pour lesquels des théories et modèles prédictifs existent. La démarche est la même qu'en physique où l'expérimentation valide la théorie, et l'alimente en retour. L'évolution est le socle des thématiques abordées par la section 29. Bien que tout biologiste se réclame volontiers de l'évolution, l'évolution ne se réduit pas à l'étude de l'adaptation, il existe aussi une part de hasard, de contrainte et de conflit comme le montrent certains des exemples mentionnés ci-dessous, qui démontrent le dialogue permanent entre observations, expérimentations et modélisations ainsi que la nécessité de l'intégration de connaissances, de concepts et de données de nature très différente.

2.1 MECANISMES DE L'EVOLUTION : DU GENOME AU PHENOTYPE

Ecologie des génomes. Les caractéristiques structurales et fonctionnelles des gènes support de l'information génétique (structure) sont en partie conditionnées par leur environnement génomique (niche génomique). D'une part, les mécanismes moléculaires (recombinaison, mutation, transcription, remaniement chromosomique) impactent fortement la structure de l'information génétique ; d'autre part, la structure même de l'ADN (conformation, positionnement dans le noyau, etc.) conditionne les mécanismes moléculaires. La lecture même de la séquence du gène (épigénétique) peut dépendre de l'environnement de ce dernier. La notion de niche génomique conduit à considérer les éléments génomiques, tels que les éléments transposables (ETs), comme des communautés dont les interactions (voir ci-dessous) peuvent être vues au travers des modèles empruntés à l'écologie des communautés (compétition, prédation/parasitisme, mutualisme, assemblage d'espèces,...).

Dynamique des génomes. La structure des génomes (taille, composition en base, en ETs, nombre de gènes) évolue par le biais des mécanismes moléculaires (duplication génomique, duplication génique, réarrangement,

transferts horizontaux, mobilisation des ETs, ...). Ces mécanismes peuvent survenir à des échelles de temps très courtes comme dans le cas des polymorphismes de taille. Ils peuvent être en partie la réponse à des stress environnementaux (exemple, mobilisation d'ET, etc.) ou le résultat de mécanismes adaptatifs (domestication ; résistance aux insecticides...). Le développement des nouvelles techniques de séquençage va permettre d'étudier les mécanismes liés à la dynamique des génomes à l'échelle populationnelle afin notamment de mettre en relation le polymorphisme du nombre de copies d'un gène donné avec certaines pathologies ou la variabilité environnementale (alimentation, milieu, etc.). A une échelle plus grande, l'obtention d'un grand nombre de génomes complets à l'échelle des eucaryotes va permettre d'étudier l'évolution des répertoires et des réseaux géniques en relation avec les caractéristiques physiologiques, pathogéniques et écologiques des organismes. Ceci permettra d'identifier et de comprendre les mécanismes moléculaires à l'origine de nouveautés géniques.

Génomique fonctionnelle. Le résultat le plus surprenant de ces 10 dernières années est la découverte que le fonctionnement d'un organisme, qui se traduit par l'expression d'un phénotype, ne dépend pas seulement de l'expression d'un seul gène, ou de quelques gènes mais également des interactions entre ces derniers (réseau génique), de l'action des ARN interférents ou des modifications épigénétiques. De même, les mécanismes d'épissage alternatif et de régulation à grande distance sont à l'origine de différences phénotypiques.

L'expression du phénotype individuel d'un organisme résulte de l'expression de son propre génotype mais également de l'expression du génotype des multiples organismes avec lesquels il interagit. Tout phénotype est donc un phénotype étendu. Cette notion, particulièrement évidente dans le cas des interactions hôtes-parasites, est aujourd'hui étendue à l'ensemble de la microflore hébergée par les organismes. Qu'il s'agisse de *consortia* bactériens extrêmement complexes comme chez les vertébrés (e.g. flore intestinale) ou d'associations impliquant beaucoup moins de partenaires (e.g. flore symbiotique des invertébrés), de nombreux exemples attestent aujourd'hui de l'influence de ces partenaires sur l'expression de multiples traits de leurs hôtes (e.g. capacités métaboliques, développement du système immunitaire, protection contre des agents infectieux,...). Les nouvelles techniques de séquençage permettent de décrire en termes spécifiques ou fonctionnels ces microflores et ainsi de décrire plus finement à la fois la structure de ces communautés, mais également leur rôle potentiel dans le phénotype individuel. Par ailleurs, les analyses de transcriptomique comparative entre individus qui diffèrent par leur statut d'infection permettent d'étudier l'impact de ces partenaires sur l'expression des gènes, et donc du phénotype, des hôtes.

Épigénétique. Il s'avère que le fonctionnement d'un gène peut ne pas être dicté par sa seule séquence d'ADN mais résulter de mécanismes mettant en cause la lecture de la séquence : *l'épigénétique*. Ainsi depuis longtemps, des travaux ont montré que la méthylation des cytosines est un des mécanismes de défense de l'organisme contre la propagation des éléments transposables et des virus.

Au niveau populationnel, ces modifications épigénétiques vont créer de la variabilité pour le caractère étudié et donc faire l'objet de la sélection. Dans ce cadre, les techniques « haut débit » vont permettre des approches d'épigénomique populationnelle afin d'aborder l'impact de cette variabilité et donc du potentiel évolutif de ces caractères épigénétiques. Le plus surprenant est que ces modifications que l'on croyait transitoires, semblent pouvoir donner naissance à des épiallèles non seulement transmissibles d'une génération à la suivante mais également sélectionnables. Quels sont les mécanismes en cause : au niveau des cellules somatiques et/ou germinales ? Ces mécanismes se mettent-ils en place au cours du développement ? Durant quelle phase ? Quels sont les effets de l'environnement ? Toutes ces questions doivent permettre d'intégrer ces phénomènes dans les contextes écologique et évolutif.

L'épigénétique remet en cause les modèles classiques de génétique quantitative « relation génotype-phénotype » et le dogme selon lequel le gène est l'unité de sélection. Il faut repenser plutôt en termes d'environnement du gène (niche génomique) qui va conditionner la manière dont le gène va être lu et le phénotype qui va en résulter. La question qui va se poser alors sera de savoir si l'unité de sélection est bien le gène ou la façon de le lire dans un environnement donné.

Eco-Evo-Devo. Dans un contexte où le rôle de l'épigénétique et l'épistasie rendent l'équation un gène/une protéine/un trait obsolète dans de nombreux cas, il est nécessaire non seulement de comprendre la physiologie développementale à l'origine de la construction des traits, mais aussi de revoir la manière dont les traits varient et évoluent -ou pas-. La notion de robustesse s'est, entre autres, progressivement imposée. On sait par exemple que certains motifs cellulaires ou phénotypiques peuvent être invariants dans des clades donnés alors que les mécanismes de développement peuvent varier entre espèces, et même au sein d'une espèce en relation avec les variations des conditions environnementales et génétiques. Les concepts de canalisation et d'assimilation génétique ont ressuscité les travaux de Waddington et ouvert un certain nombre de discussions sur l'évolution des traits. D'autre part, dans nos disciplines, la plasticité phénotypique adaptative a peu à peu intégré la dimension développementale et permet de mieux comprendre comment les organismes peuvent se maintenir dans des environnements variables. Par exemple, l'existence et l'évolution de « switches » entre des phénotypes alternatifs comme réponse à différentes contraintes environnementales au long du développement ou des cycles de vie montrent non seulement la complexité des relations entre génome et phénotype, mais également la nécessité d'une meilleure compréhension des mécanismes de contrôle instaurés le long du développement pour comprendre l'évolution des organismes.

La lecture des phénotypes complexes et leur quantification s'est démocratisée ces dernières années. En ce qui concerne la morphologie, les données tridimensionnelles deviennent accessibles et analysables via l'augmentation des capacités informatiques et via la multiplication des plateformes techniques permettant leur accès. Les données longitudinales complexes deviennent peu à

peu accessibles à travers des appareillages *in vivo* ou *in natura*. Par ailleurs, l'analyse des phénotypes complexes s'est appropriée un certain nombre de concepts pour mieux comprendre l'évolution des traits (intégration développementale entre les traits; contraintes évolutives, paysage adaptatif et matrice de variance covariance génétique entre les traits, disparité développementale...) et d'outils mathématiques pour les analyser de manière expérimentale ou dans la nature (e.g., modèles mixtes en génétique quantitative, permettant de s'affranchir de plan de croisement classique).

2.2 INTERACTIONS DURABLES, CO-EVOLUTION : INTERACTIONS COMME SOURCE D'ADAPTATION ET D'EVOLUTION

Les interactions (au sens d'interactions durables) font partie intégrante des enjeux de la section et leur analyse de leur compréhension mécanistique jusqu'à leur modélisation au plan global, nécessitent des recherches pluridisciplinaires alliant écologie, sciences médicales, épidémiologie, physiologie, modélisation, évolution...

Adaptation et évolution. Aucune molécule, organisme, population ou espèce n'échappent à l'interaction qui est source d'adaptation et d'évolution pour chacun des partenaires impliqués. En effet, l'analyse des interactions nous renseigne sur les mécanismes de l'interaction entre les molécules, sur les normes de réaction, la plasticité phénotypique des organismes, sur l'évolution des relations entre les populations, leur coévolution et les possibles spéciations suite à des événements de transferts latéraux et sur la compréhension du fonctionnement et de la dynamique des systèmes écologiques complexes. Dans tous les cas, la connaissance de la diversité des interactions participe à l'appréhension globale de la biodiversité car la vie dans les écosystèmes existe grâce aux interactions et non simplement par la diversité de ces êtres vivants eux-mêmes.

Mutualisme/parasitisme. Deux grands types d'interactions existent : les interactions de type mutualisme (symbiose), appelant à la notion de coopération et de bénéfice réciproque, et les interactions de type parasitisme qui ne sont bénéfiques que pour un seul des partenaires et qui font appel aux notions de conflit et d'antagonisme.

Les interactions de type mutualisme - La capacité à réaliser des associations symbiotiques est reconnue comme un facteur majeur de l'évolution des espèces. Certaines questions ont fait l'objet de publications importantes dans le domaine, par exemple en ce qui concerne les effecteurs symbiotiques microbiens et les voies de signalisation chez l'hôte, leur identité et les patrons évolutifs. Dans de nombreux écosystèmes, les organismes impliqués dans les interactions de type symbiose sont nombreux et diversifiés et les effets sur l'hôte sont la résultante directe et indirecte d'un fonctionnement en réseau de ces organismes, ce qui leur confère un intérêt écologique supplémentaire. Il semble donc important de considérer sur ces aspects des approches intégrées (biologie des organismes, des populations et des communautés). Dans ce contexte,

l'écologie chimique, un des thèmes prioritaires de INEE, connaît un plein essor, stimulé par les avancées en chimie analytique où les innovations techniques extraordinaires permettent de séparer des mélanges complexes pour isoler et identifier les composés individuels, souvent à partir de quantités infimes mais actives au niveau biologique. Par ailleurs, des avancées conceptuelles en écologie évolutive et en écologie comportementale ont mis à jour de nouvelles questions sur le rôle important de la médiation chimique dans les interactions spécifiques et dans le fonctionnement des communautés.

Les interactions de type parasitisme - L'effort de recherche vis-à-vis des interactions hôte-parasite est important et doit être placé dans le cadre des relations environnement-santé au sens large qui font partie des préoccupations prioritaires de l'Institut Ecologie et Environnement du CNRS. En effet, ces interactions intéressent la santé humaine, animale et végétale et sont le fait d'organismes pathogènes, parasites ou parasitoïdes. De plus, certaines interactions nouvelles apparaissent (émergences) ou réapparaissent (ré-émergence) en liaison avec des changements environnementaux, qu'ils soient naturels ou causés par l'homme, et il est alors nécessaire d'analyser les profils et les mécanismes de ces nouvelles interactions afin de prédire leur évolution.

Evolution de la virulence et de la résistance. Elle est aujourd'hui analysée par la méthode de l'évolution expérimentale. Par exemple, le pouvoir pathogène de bactéries (accumulation de mutations neutres ou sélection des individus les mieux adaptés) ou leur résistance aux antibiotiques (par sélection des individus les plus résistants) sont modifiés au cours des générations et l'on identifie, suit et analyse l'évolution des traits de virulence ou de résistance et les changements génétiques sous-jacents. Les recherches alliant l'analyse de la relation entre augmentation de la virulence et augmentation de la résistance aux drogues sont nécessaires afin de mieux appréhender l'extraordinaire flexibilité adaptative des pathogènes et de comprendre l'impact des traitements proposés sur l'évolution des pathogènes. Des modèles mathématiques appliqués à l'évolution menée par les traitements utilisés sont également nécessaires.

Une part importante des recherches concerne les mécanismes moléculaires impliqués dans les co-adaptations et les co-évolutions hôte-parasite et dans la virulence et la résistance des organismes pathogènes. De nouveaux outils tels que le typage à haut débit de SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) ou le séquençage complet du génome permettent de mieux comprendre l'histoire évolutive des systèmes hôte-parasite ainsi que les déterminants moléculaires à la base de ces adaptations, l'idéal étant de trouver les molécules partenaires de l'hôte et du parasite, à la base des interactions. L'intérêt de lier virulence et variabilité génétique est de proposer un suivi épidémiologique grâce à l'utilisation de gènes marqueurs de virulence dont le rôle peut être analysé par la méthode d'inactivation. Il existe ici un lien avec les applications possibles en termes de Santé Publique (prévention des risques, développement de cibles thérapeutiques). Le rôle des facteurs épigénétiques dans l'adaptation des parasites (expression de différents phénotypes) à de nouveaux environnements tels qu'un changement d'hôte doit être étudié ainsi que le rôle particulier des

éléments transposables (parasites ?) sur l'évolution des organismes.

Ecologie de la transmission. La compréhension de l'écologie de la transmission des agents pathogènes ou parasites en lien avec les vecteurs et les hôtes réservoirs des maladies est un autre point important analysé par la section. Il s'agit de comprendre s'il existe une adaptation locale des pathogènes, d'analyser comment évoluent les traits d'histoire de vie et la valeur sélective des hôtes sous l'influence des parasites, comprendre comment évoluent les parasites sous l'influence de leurs hôtes et déterminer quelle est l'évolution du spectre d'hôtes (transferts latéraux) d'un pathogène et le rôle respectif de chacun des hôtes dans la transmission de la maladie (hôtes réservoirs). Enfin, la relation entre virulence et transmission est abordé de manière complète par l'étude de modèles emboîtés qui lient la dynamique épidémiologique (inter-hôtes) à la dynamique intra-hôte et permet de répondre à la question de l'existence d'un possible compromis adaptatif entre virulence vis-à-vis de l'hôte et transmission du parasite.

Suivi épidémiologique spatiotemporel des pathologies.

Ce suivi, incluant dynamique et génétique des populations des pathogènes et de leurs hôtes, permet de cartographier (biogéographie) l'aire d'extension des pathogènes, de déceler les « points chauds », de hiérarchiser les facteurs structurants la répartition, et de détecter les zones émergentes et ainsi les nouvelles souches de pathogènes. L'augmentation des maladies émergentes et ré-émergentes nécessite le développement de recherches sur de nouveaux outils de **contrôle** des pathogènes, un exemple étant d'amener les pathogènes à une impasse évolutive en diminuant leur capacité d'adaptation. L'analyse de l'évaluation des risques pour les populations constitue un aspect appliqué des recherches de la section en coopération avec d'autres organismes nationaux (IRD par exemple) ou étrangers (tels que les Ministère de la Santé des Pays du Sud).

Les **interactions** sont souvent très **complexes** et de nouvelles formes d'analyses sont aujourd'hui nécessaires afin de se rapprocher le plus possible des conditions réelles. L'étude des interactions entre un parasite et son hôte est parfois réductrice aux seules relations entre ces deux partenaires alors que cet hôte est connu pour être très souvent en interaction avec un deuxième, voire plusieurs autres parasites. Ainsi, le multi-parasitisme devrait être considéré comme une situation des plus communes et le réseau d'interaction est donc plus complexe. Les études actuelles en écologie évolutive et les connaissances moléculaires du génome peuvent participer à y répondre grâce à l'évolution expérimentale, à l'inhibition de l'induction de variabilité chez les pathogènes par suppression des transferts latéraux de résistance ou de virulence, ceci permettant de réduire les potentialités d'adaptation des pathogènes aux changements environnementaux, et enfin grâce à la maîtrise de l'évolution des pathogènes. Les mesures de contrôle devraient intégrer les analyses de multi-parasitisme afin d'être les plus efficaces possible. La complexité des interactions se retrouve également lors des expositions aux agents pathogènes qui sont très souvent multiples et les doses souvent faibles (trickle infections). D'où un niveau d'interaction supplémentaire,

les interactions entre pathogènes appartenant à la même espèce, ce qui touche à la notion de compétition intraspécifique.

2.3 DYNAMIQUE DE LA BIODIVERSITE

Ce domaine de recherche a l'avantage de transcender et de combiner différentes échelles d'études de la biodiversité de plusieurs ordres de magnitude. On explore ainsi des processus et des phénomènes allant du temps profond de la paléontologie ou plus généralement de l'analyse phylogénétique et écologique de la macroévolution, au temps sub-actuel de la phylogéographie ou de la génétique des populations et enfin au temps actuel avec le fonctionnement présent des populations et son devenir sous l'influence des actions humaines sur les écosystèmes et du changement global. Ces différentes échelles permettent analogies et comparaisons entre événements passés et sub-actuels ou présents (par exemple, en ce qui concerne les crises de la biodiversité). Elles permettent aussi de concevoir l'emboîtement des échelles évolutives, en comprenant la sélection actuelle des adaptations des organismes basées sur des patrons d'organisation ancestraux.

L'ensemble de ce domaine est aussi enrichi par le renouveau de la systématique. Les approches comparatives phylogénétiques prennent en compte la diversité du vivant au-delà de quelques organismes-modèles. Elles sont basées sur des échantillonnages du vivant qui dépassent les inventaires passés grâce à l'utilisation de protocoles et d'outils rigoureux. Parmi ces outils, figure notamment la taxonomie moléculaire, plus connue récemment sous le nom de 'barcoding', qui utilise quelques marqueurs génétiques pour accélérer l'identification et la mise à disposition des données d'échantillonnages. D'autres outils sont moins bien maîtrisés mais leur importance les rendra bientôt indispensables, telles les bases de données de la biodiversité qui devront interfacer efficacement données d'échantillonnage, barcodes avec la taxonomie et les collections traditionnelles existantes (herbiers, collections zoologiques et collections vivantes). A cet égard, les méta-analyses (métagénomique, méta-acoustique) devraient prendre également une importance croissante. Ces analyses permettent d'obtenir rapidement des vues globales de la biodiversité à l'échelle de communautés. Leur interaction avec le barcoding se développera également rapidement, permettant des allers et retours entre échantillonnages à l'échelle des communautés et données spécifiques.

Les approches de la biodiversité des temps profonds ont donc été renouvelées par l'utilisation de plusieurs outils et méthodes. L'analyse phylogénétique moléculaire a permis d'apporter des éléments nouveaux dans l'histoire profonde des adaptations, par exemple chez les microorganismes ou chez les Chordés. On a pu ainsi récemment retracer les caractéristiques de LUCA en matière de préférences environnementales (hyperthermophilie). Des caractéristiques nouvelles pour l'ancêtre des Chordés ont aussi pu être inférées. Les Tuniciers étant en fait le plus proche parent des Chordés, la crête neurale et les placodes

olfactifs des vertébrés sont en fait des spécialisations bâties sur des organes ancestraux préexistants.

De nouvelles analyses de la biodiversité et une réévaluation du cadre chronologique ont permis de mettre en évidence la rapidité insoupçonnée de la phase de récupération de certains organismes marins (e.g. céphalopodes ammonoïdes), après des changements majeurs de leur environnement comme ceux qui sont à l'origine de la crise permo-triassique il y a 253 Ma. La découverte de nouveaux fossiles a également permis des percées fondamentales dans la connaissance et la diversification des organismes. Ainsi en est-il de l'encéphalisation chez les vertébrés, avec la caractérisation précise et en 3D du cerveau minéralisé d'un vertébré de 300 millions d'années, grâce au rayonnement synchrotron. Ce sont aussi de nouvelles découvertes sur le terrain qui ont révélé, grâce à des méthodes phylogénétiques et de rayonnement synchrotron, que le berceau des primates anthropoïdes ne se situait pas en Afrique comme on le supposait jusqu'à présent, mais probablement en Asie.

En ce qui concerne des périodes plus récentes de la biodiversité, l'étude biogéographique et évolutive revisitée de berceaux fameux de la biodiversité (Madagascar, Nouvelle-Calédonie) avec des méthodes phylogénétiques et écologiques ont permis de montrer que les modèles anciens étaient souvent caricaturaux. Le timing des diversifications est souvent plus rapide qu'il n'était envisagé autrefois, avec une importance manifeste des phénomènes de dispersion à courte et à longue distance qui ont permis le peuplement des zones à forte biodiversité (« hot spots ») notamment même dans des îles d'origine continentale supposée. L'utilisation des méthodes de modélisation de niche couplées avec des études phylogénétiques et génétiques de la spéciation a amené également à concevoir des spéciations rapides dans ce cadre biogéographique, que cela soit sur un mode fondamentalement adaptatif ou par conservatismisme de niche. La dispersion est aussi un paradigme qui permet de tester l'origine et les modalités de construction des assemblages d'espèces. Ce paradigme s'applique également aux espèces invasives dont l'importance sociétale est considérable. Des études moléculaires ont permis de montrer que les invasions résultent très souvent d'ensemencements multiples, avec une variabilité génétique importante de départ.

La destruction des habitats naturels, l'exploitation excessive des ressources et l'introduction d'espèces exotiques ont été identifiées comme les principales causes de disparition d'espèces observées depuis 1700, engendrant des taux d'extinction comparables à ceux des cinq grands événements d'extinction du passé géologique. S'y ajoute aujourd'hui le changement global, sous ses différentes composantes. La conservation de la Biodiversité représente maintenant une priorité en matière de politique de l'environnement. Or l'humanité domine, ou mène une gestion directe ou indirecte sur presque tous les écosystèmes de la planète: l'exploitation des ressources associée à cette domination est responsable de la « crise de la biodiversité » aux échelles locales, régionales et planétaire. Les activités humaines, depuis des siècles mais à un rythme qui s'est accéléré récemment, entraînent en effet deux modifications majeures : la dégradation

quantitative et qualitative des habitats naturels, issue des changements d'usage des terres (déforestation, agriculture), et un réchauffement climatique, largement issu de l'utilisation massive des énergies fossiles et de l'émission de divers polluants. Ainsi, la gestion des ressources naturelles est aujourd'hui considérée comme incontournable par les politiques publiques, et constitue l'un des piliers du développement durable, objectif du prochain millénaire par ses retombées économiques, sociales et biologiques. Le sommet de la Terre à Rio (1992), puis le sommet mondial pour le Développement Durable tenu à Johannesburg en 2002, ont consacré la gestion viable des ressources naturelles comme condition préalable au développement économique et social. Poursuivant cette dynamique, et respectant les engagements pris lors de ces deux sommets, la France a adopté une « Stratégie Nationale du Développement Durable ». Progrès économique et social d'un côté, et maintien de la qualité de l'environnement de l'autre (incluant la biodiversité) constituent la clé de voûte de cette stratégie, qui a pour objectif de concilier besoins sociétaux immédiats sans compromettre la gestion future des ressources.

Quelles sont les conséquences prévisibles du changement global sur la biosphère, dans le temps et dans l'espace, quels sont les processus impliqués, et quelles alternatives et solutions la société pourrait-elle engager ? Ce sont aujourd'hui les questions posées par les citoyens aux politiques, les politiques aux experts, et les experts aux chercheurs. L'Écologie, la science qui étudie les relations entre les êtres vivants (homme compris) et leur environnement, se place tout naturellement au carrefour des préoccupations sociétales majeures qui découlent des conséquences des activités de l'homme. Par son approche évolutive qui autorise la prédiction par la compréhension des mécanismes, par sa place centrale dans les sciences de l'environnement et par son caractère transdisciplinaire, l'écologie apparaît comme la discipline scientifique privilégiée qui aidera à identifier les processus en jeu (biologiques ou même sociaux), et par là même, à transposer des mesures de gestion appropriées au niveau sociétal.

Les contraintes environnementales que subissent les organismes varient souvent de manière stochastique à une échelle locale, mais il existe aussi des tendances à long terme sous l'effet principal de l'action de l'homme sur la biosphère. Cette action entraîne des évolutions de la distribution et de l'abondance des animaux ou des plantes bien plus rapides que par la plupart des mécanismes naturels, fournissant donc des conditions quasi-expérimentales pour les recherches dans ce domaine, mais posant également des questions à la société, notamment sur la conservation de la biodiversité, et plus généralement sur le rôle de la biodiversité dans le fonctionnement des anthropo-systèmes (rôle de la biodiversité dans les agro-écosystèmes par exemple).

Le champ des recherches fondamentales portant sur la composition, l'histoire et la dynamique de la biodiversité est un préalable indispensable à la compréhension des processus à l'origine des capacités de réponses des organismes et des communautés aux changements de nature anthropique. Cette compréhension permet ensuite la mise en oeuvre d'action de conservation, de gestion et de valorisation de la biodiversité, en couvrant aussi bien la gestion des espaces que celle des espèces, qu'il

s'agisse d'espèces menacées, invasives ou exploitées (chasse, agriculture, pêche). L'ambition est ici quadruple : développer une recherche fondamentale sur l'origine et le maintien de la diversité ; à partir d'une meilleure compréhension des mécanismes et processus impliqués, élaborer des modèles prédictifs (projection, simulations, prédictions) de l'évolution de la biodiversité dans le cadre des effets du changement anthropique ; fournir ensuite une expertise, un diagnostic et donc des pistes de remédiation (écologie de la remédiation, biologie de la conservation).

2.4 ECOLOGIE FONCTIONNELLE : COMPRENDRE LES MECANISMES QUI AFFECTENT LA BIODIVERSITE

L'approche classique en biologie évolutive postule que les gènes codent pour le phénotype, que le phénotype détermine la performance d'un organisme dans son environnement naturel en réponse à des stimulus écologiques ou évolutifs, que la performance détermine la valeur sélective de génotypes alternatifs et enfin, que la valeur sélective détermine la fréquence des génotypes dans la génération future, le tout selon un processus récurrent. Ainsi en biologie évolutive, les différences observées entre les traits d'histoire de vie des espèces sont considérées comme ayant une base génétique et reflétant l'optimisation des phénotypes dans un environnement particulier. Les études sur les traits d'histoire de vie se sont traditionnellement intéressées à la démographie et au comportement, en se concentrant sur le succès de la recherche alimentaire ou d'appariement, le succès reproducteur et la survie qui représentent tous le résultat de l'interaction entre l'organisme et son environnement. Dans cette approche, la physiologie de l'individu a traditionnellement été considérée comme supportant plutôt que contrôlant la réponse des différents traits d'histoire de vie en réponse à l'environnement. Or la biologie évolutive a pour but d'expliquer non seulement le pourquoi de la biodiversité, mais aussi le comment de la pluralité des traits d'histoire de vie, lesquels englobent les caractéristiques morphologiques, physiologiques et comportementales des organismes vivants.

Cette constatation a conduit au développement récent d'études mécanistiques évolutives, qui ont montré que la réponse des individus aux variations de leur environnement est médiée par des réponses morphologiques, comportementales et physiologiques tels que le métabolisme de repos, la dépense énergétique totale ou encore l'action pléiotropique des régulations hormonales. De ces interactions va résulter la valeur sélective des individus, et le cadre dans lequel ces interactions vont pouvoir varier est limité par des contraintes définies par l'histoire évolutive des espèces. Ces contraintes restreignent donc les capacités de réponse des individus aux changements environnementaux et se répercutent in fine sur les capacités dynamiques des populations. L'appréhension avec justesse de ces interactions apparaît de plus en plus importante dans le contexte de l'impact des activités humaines sur la biodiversité, qu'il soit direct à travers la surexploitation des ressources et la destruction des habitats, ou indirect par le réchauffement climatique.

Pour comprendre les mécanismes impliqués, l'écologie est en train d'évoluer vers une approche plus fonctionnelle. En effet, au delà d'une solide approche en biologie évolutive, la prédiction des conséquences des changements globaux sur les organismes vivants ne peut être envisagée sans avoir déterminé au préalable les capacités d'acclimatations des populations à ces changements, ce qui passe par la définition des limites des réponses à l'échelle de l'individu. Les réponses individuelles ne dépendent pas uniquement de processus physiologiques, elles sont également liées à des caractéristiques telles que l'âge ou l'expérience ; caractéristiques qui participent tout autant à la valeur sélective individuelle. Cette recherche des processus écologiques se place donc d'abord à l'échelle des individus, à travers l'étude des effets de l'environnement sur les phénotypes, l'ontogenèse et les traits d'histoire de vie. En effet, l'information environnementale (climat, ressources) est traduite en réponse éco-physiologique et écologique (condition reproductrice, date de reproduction, taille et qualité des pontes, succès reproducteur) via une cascade de processus hormonaux dans un premier temps, qui déterminent en partie le degré d'adaptation des organismes aux modifications de l'environnement. Ce degré d'adaptation peut se manifester à court terme sur la plasticité des phénotypes, les comportements et les taux décrivant les transitions démographiques dans les cycles de vies des espèces. La physiologie évolutive essaye de découvrir les étapes permettant de lier la réception d'un stimulus écologique ou évolutif (stress) par une population et la manifestation de sa réponse (sélection, extinction ou autre) en termes de traits physiologiques. La physiologie de la restauration, quant à elle, offre des perspectives intéressantes pour étudier les réponses de l'individu (et in fine de la population) aux contraintes de l'environnement, en particulier celles générées lors de la dégradation et de la restauration de l'habitat.

A moyen ou long terme, des changements environnementaux directionnels peuvent aussi entraîner une réponse génétique avec des processus microévolutifs. De nombreuses études sur les vertébrés ont par ailleurs révélé la disparité des contributions individuelles aux générations futures, ainsi que les conséquences concrètes de cette disparité sur la dynamique et la persistance des populations. Cette hétérogénéité individuelle est largement associée aux différences de qualité individuelle directement impliqués dans l'acquisition et l'utilisation des ressources. Au cours des dernières années, des études mécanistiques ont commencé à se développer sur la base de suivi, à long terme et sur de grands échantillons d'individus dont les histoires de vie sont connues et dont l'activité sensu lato est appréhendée par le truchement de systèmes de suivi automatiques ou par la mise au point de méthodes de biologie moléculaire adaptée à la mesure d'un grand nombre d'échantillons biologiques. Cette nouvelle voie d'investigation a énormément bénéficié des développements technologiques de ces dernières décennies. L'étude des compromis entre les différents traits d'histoire de vie s'est complexifiée par la mise en place d'études fonctionnelles par opposition au seul recours aux corrélats phénotypique ou génétique pour identifier, par exemple, l'existence de compromis dans les allocations d'énergie en fonction des contraintes environnementales. La combinaison d'approches génétiques, environnementales,

populationnelles, physiologiques et moléculaires dans une approche écophysiological et pluridisciplinaire a montré leur puissance dans l'étude des traits d'histoire de vie classique. L'un des progrès les plus remarquables procède des avancées réalisées en micro-électronique qui permettent de développer des systèmes embarqués (biologgers) de plus en plus performants. De tels appareils, attachés sur des animaux évoluant librement dans leurs milieux naturels, collectent de nombreuses variables biotiques (température corporelle, comportement alimentaire, accélération, positions, profondeurs de plongée, etc.) et abiotiques (température ambiante, gradients de salinité, etc.) à des échelles de temps et d'espace très fines. Ces outils, associés au suivi satellitaire, révolutionnent actuellement l'écologie animale.

2.5 ASSEMBLAGE DES COMMUNAUTÉS : NOUVEAU CADRE CONCEPTUEL POUR L'ÉCOLOGIE DES COMMUNAUTÉS

Pourquoi certaines régions abritent-elles plus d'espèces que d'autres ? Pourquoi, dans ces régions, certains peuplements contiennent-ils plus d'espèces que les autres ? Comment se maintient la diversité dans ces peuplements riches en espèces ? Pourquoi une espèce n'exclue-t-elle pas toutes les autres ? Des espèces ont-elles plus de chances d'être redondantes du point de vue de leur rôle dans l'écosystème si elles sont évolutivement proches ? Ces questions fondamentales ne sont pas nouvelles, ce sont même certaines des questions classiques de l'écologie, mais elles revêtent aujourd'hui une importance toute particulière dans un contexte de changement global et d'érosion de la biodiversité. L'écologie des communautés (ou des peuplements) cherche donc à comprendre quels sont les déterminants de la présence et de l'abondance des espèces en fonction de leur environnement tant biotique qu'abiotique. Jusqu'à la fin du 20ème siècle, le cadre conceptuel au sein duquel cette sous-discipline de l'écologie a tenté d'être comprise a été celui de la théorie des niches écologiques. Dans cette perspective, la niche fondamentale est définie comme la capacité d'un organisme à persister dans un environnement, compte tenu des conditions environnementales. Une espèce peut être absente de régions de sa niche fondamentale, parce qu'elle en a été exclue par voie de compétition, ou parce que ces régions correspondent aussi à des régions géographiques dans lesquelles elle n'est pas encore parvenue à se disperser. L'une des raisons principales du succès de la théorie des niches réside dans sa capacité à offrir une interprétation compétitive au déplacement de caractères entre espèces apparentées, un mécanisme pouvant conduire à la diversification écologique des lignages et potentiellement aussi à l'évolution de la niche.

Bien que conceptuellement importante et riche, la théorie des niches ne manque pas d'ambiguïtés parce qu'il est difficile de documenter précisément les exigences écologiques de toutes les espèces d'une communauté écologique. Ainsi, malgré de nombreuses tentatives, les mises à l'épreuve de la théorie se sont longtemps heurtées aux manques d'outils pour générer des hypothèses

acceptables, mais aussi à l'absence du canevas phylogénétique approprié pour valider les interprétations écologiques relatives à l'histoire évolutive des espèces coexistant dans un même milieu. Pour ces raisons, la recherche en écologie des communautés a connu une crise d'une vingtaine d'années à la fin du 20ème siècle, au profit de l'écologie des populations, plus clairement ancrée dans l'approche expérimentale, et mieux formalisée au plan mathématique.

La réémergence de l'écologie des communautés depuis une dizaine d'années peut être comprise à la lumière de plusieurs changements. D'une part, l'écologie des communautés répond aujourd'hui à une demande de plus en plus pressante de comprendre la structure de la biodiversité, en particulier les déterminants de la distribution spatiale des espèces et des « points chauds » de la biodiversité, ainsi que la rareté des espèces à différentes échelles d'espace et de temps. La biologie des populations se focalise par définition sur une ou quelques espèces modèles, dont la biologie et l'écologie ne reflètent pas nécessairement la complexité des assemblages d'espèces que l'on rencontre dans la nature. D'autre part, les conférences internationales sur la biodiversité et le Millenium Ecosystem Assessment ont convaincu la société et les chercheurs de la nécessité de savoir dans quelle mesure la biodiversité est garante du bon fonctionnement des écosystèmes et de la biosphère. Enfin, les outils issus de la biologie moléculaire ont connu de tels développements qu'il est maintenant possible d'élargir les questions au-delà de la diversité génétique de quelques espèces modèles, pour prendre en compte l'ensemble des espèces coexistant localement dans une communauté écologique.

Ce transfert de méthodes et de concepts entre la génétique des populations et l'écologie des communautés a largement motivé l'émergence d'une nouvelle théorie « neutraliste » de la biodiversité où les communautés sont vues comme suivant une marche aléatoire et les espèces au sein d'une communauté considérées comme fonctionnellement équivalentes. Cette théorie qui s'inspire explicitement de la théorie neutraliste de l'évolution moléculaire offre aujourd'hui des outils robustes pour mettre à l'épreuve différentes alternatives en présence, notamment identifier la part de la variabilité due aux phénomènes stochastiques liés à la démographie et à la dispersion et celle due aux processus complexes de niche et de compétition. Elle permet également d'intégrer les dimensions locale et régionale des interactions entre espèces et de tirer parti des nouveaux modèles de « métacommunautés », qui sont des extensions du concept de métapopulation aux communautés d'espèces, pour estimer par exemple la taille du réservoir régional d'espèces qui influence la dynamique locale des communautés. Cependant, l'analyse fine des motifs d'abondances d'espèces révèle que l'importance des phénomènes stochastiques peut varier selon l'échelle spatiale. Dans les communautés d'arbres des forêts tropicales, par exemple, des dynamiques non neutres détectées à l'échelle locale (processus de niche) disparaissent dès lors que l'analyse est réalisée à des échelles régionales, voire continentales. La prise en compte d'autres types d'information que la seule abondance des espèces, par exemple sur les réseaux

d'interactions mutualistes, trophiques ou parasitaires, qui ont potentiellement un impact considérable sur la dynamique des communautés, et le développement de modèles explicitant mieux la dynamique et/ou les mécanismes en jeu à différentes échelles spatiales restent des enjeux cruciaux pour la modélisation des communautés écologiques.

Récemment, l'avènement du séquençage de l'ADN ultra-haut débit et les progrès de la systématique moléculaire ont favorisé l'émergence d'une nouvelle thématique appelée phylogénétique des communautés, dont l'objectif principal est d'évaluer les modalités d'assemblage des communautés sans faire le présupposé que les espèces étroitement apparentées sont nécessairement proches au plan écologique. Outre la reconstruction des trajectoires biogéographiques et des événements de spéciation, la prise en compte de l'histoire évolutive des espèces en interaction permet d'obtenir des informations inédites sur les processus d'assemblage des communautés. Ainsi, l'analyse de la structure phylogénétique des communautés pour lesquelles on dispose d'informations sur les traits des espèces et la variabilité environnementale à différentes échelles d'espace permet d'identifier les situations où les processus de niche et de compétition jouent un rôle important dans l'édification des communautés. Des résultats récents indiquent également que l'intégration de l'information phylogénétique permet de mieux estimer les paramètres des modèles neutres. Par ailleurs, divers travaux ont montré que la diversité phylogénétique des communautés fournit une mesure plus intégrative de la biodiversité et qu'elle est aussi un meilleur prédicteur de la diversité fonctionnelle que la diversité taxinomique. Cependant la thématique est encore jeune et de nombreux points conceptuels et méthodologiques restent à éclaircir : intégration statistique des mesures de diversité pour mieux tester les hypothèses sur la diversification des organismes, prise en compte des processus stochastiques de structuration des communautés, recherche de critères et d'indicateurs nouveaux pour évaluer l'impact des changements globaux sur la biodiversité écologique, phylogénétique et fonctionnelle.

Les nouveaux développements de l'écologie des communautés aux interfaces entre écologie, évolution, et génétique sont particulièrement appropriés pour l'étude des communautés hyperdiversifiées, notamment les communautés microbiennes. Les premières analyses des motifs de distribution de la biodiversité microbienne à différentes échelles d'espace suggèrent que ces communautés sont loin d'être ubiquistes et que la limitation de la dispersion et le contrôle environnemental sont mêmes des forces importantes dans leur structuration géographique à petite échelle. Des approches expérimentales très novatrices commencent également à voir le jour. Par exemple, des travaux récents d'évolution expérimentale de métacommunautés de la bactérie *Pseudomonas fluorescens* ont permis de proposer, pour la première fois, une explication mécaniste à la relation entre biodiversité et productivité observée dans de nombreux écosystèmes.

3. THEMES TRANSVERSAUX: EVOLUTION, RESEAUX, MODELISATION ET BIOINFORMATIQUE, SERVICES ECOSYSTEMIQUES, INGENIERIE ECOLOGIQUE

Les thématiques développées par les chercheurs de la 29 répondent directement ou indirectement à des questions sociétales sur le maintien de la Biodiversité terrestre et marine. En retour, la société pose à la science des questions transdisciplinaires. Cette pression nécessite que les chercheurs se positionnent d'urgence sur :

- la façon dont ils s'approprient (volontairement ou non, consciemment ou non) ou pas ces questions, à titre individuel (éthique), à titre collectif (stratégies de recherche, programmation, fléchages...) et sur le plan historique (rôle des modes scientifiques, de la pression de la valorisation, etc.). Exemple en écologie : les environnements anthropisés, écologie urbaine,...
- la façon dont ces questions transversales posent – ou pas – des questions de recherche originales et recevables. Exemple disciplinaire : domestication et coévolution hôtes-parasites en écologie de la santé ; exemple très interdisciplinaire : les services écosystémiques.
- les équilibres entre le maintien et le développement des compétences disciplinaires et le développement des priorités trans-disciplinaires, et les éventuelles spécificités de programmation et de formation.
- la façon de s'organiser collectivement face à la demande sociétale, sans préjuger de la réponse (services de prospective ; demandes sociétales émanant des directions scientifiques)

A titre d'exemple, quelques grands enjeux transversaux qui demandent une réflexion stratégique inter-instituts du CNRS et inter-organismes peuvent être mentionnés :

- biodiversité : si le concept de biodiversité est utile sur le plan médiatique et politique ; l'est-il sur le plan scientifique ?
- changement climatique : implique des liens directs avec des questions disciplinaires plus classiques en écologie évolutive (structures des communautés, variations relatives des temps évolutif et temps écologique, influence sur les interactions, plasticité phénotypique vs. variabilité génétique, trade-offs et coûts, contexte écologique de la biologie de l'invasion ou des émergences, etc.)
- changement d'usage des terres (écologie spatiale et échanges-migrations, emboîtements d'échelles, transferts énergétiques et structure de la ressource, gradients d'anthropisation : urbanisation ou intensification agricole, etc.)
- écotoxicologie : interfaces entre les gradients de niveau d'organisation, d'intensité, de nature, de durée des contaminations et les processus écologiques et évolutifs, écologie chimique des processus de remédiation
- services écosystémiques (SE) : nature, quantification et hiérarchisation entre eux (synergies, trade-offs) ; relations socio-culturelles (les SE et leur

hiérarchie ne sont pas les mêmes dans différents pays, notamment Nord versus Sud, ou à différentes époques de l'histoire...)

- la prise en compte des risques (naturels ou liés aux stratégies de gestion) est-elle de la science ou de l'ingénierie ?

- l'ingénierie écologique et sa place dans la recherche fondamentale en écologie et évolution : un moteur économique et/ou un moteur sociétal (au sens de service public) ?

De la réponse à ces questions transversales découle une autre série de questionnements sur, par exemple, quelles seront les modifications ou priorités à apporter aux concepts, modèles, méthodes et outils d'expérimentation (exemple des zones ateliers, des observatoires de la biodiversité, des réseaux d'acquisition de données, des écotrons, des plateformes de modélisation, de phénotypage, etc.).

3. LES MOYENS

3.1 Ingénieurs, techniciens et personnels administratifs (ITA)

Les ITA sont des acteurs à part entière de la recherche. Assurant le maintien et le transfert des savoir-faire technologiques, ils ont un rôle incontournable dans les programmes de recherche des disciplines couvertes par notre section. Cependant, la diminution du nombre de personnels techniques titulaires en particulier en catégorie C (par exemple les personnels de maintenance) a entraîné une nette augmentation de la précarité (contrats, vacations, prestataires sous-traitants, etc.). Cette diminution entraîne une perte des compétences spécifiques (naturalistes, botanistes, entomologistes...), induit un investissement en temps pour la formation des personnels précaires et pose des problèmes de suivi des travaux de recherche. Un effort doit être fait pour inverser cette tendance qui nuit au bon fonctionnement des équipes et structures de recherche.

La recherche en biologie environnementale fait appel de plus en plus à l'acquisition de données à long terme qui résultent ou impliquent la création d'observatoires et de stations de terrain et à l'acquisition du très grand nombre de données issues des nouvelles technologies (pyroséquençage, barcoding ...). Dans les unités, il existe un manque crucial de personnels pour gérer et exploiter l'ensemble de ces données. Un recrutement de personnels spécialisés, notamment dans les domaines de la bioinformatique et de la modélisation, apparaît indispensable.

La tendance actuelle à la création de plateformes techniques peut permettre la mutualisation des moyens et des compétences entraînant de ce fait une baisse du nombre de personnels affectés directement aux équipes. Dans le meilleur des cas, ceci peut se traduire par plus de responsabilités et d'autonomie mais aussi par un éloignement des contextes scientifiques dans lesquels ils ne sont qu'en partie impliqués. Il faut veiller à ce que le travail ne soit pas essentiellement des travaux de « routine ». Par ailleurs, la mise aux normes des laboratoires ou des protocoles pour répondre aux exigences nationales,

européennes, ou des travaux en réseaux, va demander une implication de plus en plus poussée dans des processus de démarche qualité-sécurité-environnement. Ces processus demanderont la création de postes d'ingénieurs spécialisés dans le domaine.

La faible évolution des carrières et le trop petit nombre de promotions des ITA est un problème récurrent au CNRS et c'est un facteur de démotivation. Bien qu'actuellement efficaces, les plans de formation devront s'adapter à l'évolution continue des métiers et des fonctions dans le domaine des sciences du vivant. Des formations adéquates devront être mises en place, depuis les techniques d'études environnementales (télédétection spatiale, systèmes d'acquisition de données, ...) jusqu'aux techniques de la génétique et de la biologie moléculaire. L'internationalisation de la recherche et la gestion de contrats européens implique la connaissance de textes et outils en constante évolution qui impose des formations particulières pour les personnels administratifs et de gestion (marchés, gestion financière, anglais etc.).

3.2 Plateformes

La création de plateformes techniques et la mutualisation des compétences techniques se sont largement intensifiées au sein des laboratoires de la 29 au cours de ce dernier quadriennal. Ces plateformes ont permis le renforcement de l'interdisciplinarité et l'accès à des moyens techniques innovants. Deux types de plateformes sont nécessaires pour le développement de nos recherches : les plateformes analytiques (analyses chimiques, séquençage, ...) mais aussi des plateformes expérimentales telles les Ecotron et les stations de terrain.

3.3 Outils

Les outils déployés par INEE (et avant EDD) ont permis d'apporter un soutien conséquent aux recherches engagées par les chercheurs de la Section 29, notamment pour les suivis à long terme, base indispensable pour des travaux pertinents sur les effets des changements globaux sur la Biodiversité

- Base de données

De nombreux laboratoires de la section 29 hébergent des collections et des bases de données indispensables au développement de leurs propres travaux mais aussi pour la mise à disposition à l'ensemble de la communauté scientifique. Si la mise en place au niveau local relève d'initiatives ponctuelles, il existe un besoin pour centraliser ces bases au niveau de la communauté scientifique de la 29. Cette centralisation des bases de données engagées récemment par INEE permettra d'alimenter et de maintenir ces structures qui sont des référentiels indispensables pour l'étude de la Biodiversité et à sa modélisation. Elles seront aussi utiles pour de futures applications biotechnologiques sur les ressources naturelles.

- Zones ateliers (ZA) et Observatoires Hommes-milieux (OHM)

Les recherches engagées par les chercheurs de

la 29 s'inscrivent souvent dans le long terme. L'existence de ces études à différentes échelles de temps nécessite des dispositifs spécifiques dédiés à aux études sur la dynamique de la Biodiversité. Une telle approche a pu être développée grâce à la mise en place par INEE de Zones Ateliers (ZA) ou des observatoires Hommes-milieux (OHM). Ces plateformes de recherche sont des outils indispensables et uniques pour répondre à des questions sociétales, déclinées à l'échelle des territoires, les échelles spatiales sur lesquelles se déroulent les processus environnementaux (gestion de l'eau, conservation de la biodiversité). Le réseau actuel des Zones Atelier est riche de 9 plateformes sur l'ensemble du territoire national, de quelques milliers d'hectares à l'ensemble du bassin versant de la Loire.

- Les stations expérimentales

Indispensable à la recherche en écologie ; les stations expérimentales permettent de mener grâce à des équipements choisis des expériences en conditions contrôlées ou semi-contrôlées. Ces stations sont situées dans des environnements contrastés et permettent l'accès à une grande variété de biotopes comme les milieux de montagne, de grande plaine, la méditerranée, ou encore les récifs coralliens.

- Les Ecotrons

Les Ecotrons sont des instruments nouveaux qui permettent de remplir un vide scientifique entre des expériences trop simplifiées en laboratoire et trop complexes en milieu naturel. Ils constituent un nouveau challenge technologique pour la mise au point de simulateurs expérimentaux d'écosystèmes permettant dans des conditions de contrôle optimal de mesurer les variables biologiques, physiques et chimiques en continu. Deux Ecotrons existent actuellement en France celui de Montpellier (en fin de phase de mise au point) et celui de Follejuif (encore en phase d'étude et de construction). Les Ecotrons sont maintenant inscrits dans les grands équipements du CNRS.

chimique, l'informatique, non seulement pour le traitement des données issues des expériences à « haut débit » mais également pour la modélisation des réseaux, les Sciences de l'Homme et de la Société.

Une des spécificités de la Section 29 est de travailler sur une échelle allant de la molécule à l'écosystème, en tenant compte de la composante environnementale, notamment à travers les changements climatiques de nature anthropiques ou non. Ceci permet donc d'aborder les différentes facettes de la biodiversité aussi bien à travers sa description que de la compréhension de sa genèse, de son maintien, de sa dynamique.

4. RECOMMANDATIONS : RECHERCHE FONDAMENTALE ET INDEPENDANTE ; INTERDISCIPLINARITE

L'ensemble de ces développements montrent à l'évidence que les recherches dans les domaines de l'écologie et de l'évolution nécessitent plus que jamais d'avoir une vision globale des questions dans la mesure où les solutions passent vraisemblablement par la compréhension des interfaces entre partenaires que ce soit au niveau moléculaire ou spécifique. Cela met en évidence la nécessité et l'importance des approches fondamentales et sans a priori, car il n'est pas toujours simple d'identifier les partenaires et de déterminer leur position dans un réseau.

Les développements cruciaux pour les années à venir, vont donc clairement, dans nos domaines comme dans bien d'autres, vers des approches systémiques. Ceci nous amène donc naturellement à des interactions entre disciplines comme la chimie notamment à travers l'écologie