



Inférer les flux d'arthropodes dans les écotones entre milieux (semi-) naturels et cultivés

Contacts

Franck Jabot

franck.jabot@inrae.fr

Fabien Laroche

fabien.laroche@inrae.fr

Mots clés

Paysages hétérogènes

Lisières/écotones

Flux d'organismes

Méta-écosystème

Barcoding moléculaire massif

Disciplines impliquées

Mathématiques/statistiques

Écologie des communautés

Biologie moléculaire

Départements concernés

ACT

AQUA

BAP

ECODIV

SPE

Unités impliquées

UREP

UMR DYNAFOR

UR HYCAR

UR ZF

UMR BAGAP

UMR IGEPP

UE Saint-Laurent-de-la-Prée

Contexte et enjeux

De nombreux travaux empiriques ont documenté le lien entre structure du paysage et biodiversité et donnent des pistes concrètes pour l'intensification écologique des paysages agricoles. Néanmoins, elles reposent sur des processus écologiques encore mal compris, qui façonnent la réponse des organismes à la multiplication des écotones d'origine anthropique. Parmi ces processus, le mouvement des organismes (prospection alimentaire, dispersion, spill-over) et leurs préférences d'habitat jouent un rôle central. Quantifier ces processus permettrait de mieux prédire les effets du paysage et des infrastructures écologiques (haies, bandes enherbées).



© F. Jabot, image produite par IA (DALL-E)

Objectifs

Nous proposons d'œuvrer pour une meilleure compréhension des processus écologiques influençant la dynamique des organismes au sein de paysages hétérogènes, 1) en réunissant un consortium interdisciplinaire (mathématiques, écologie, biologie moléculaire) de partenaires intéressés par les écotones et 2) en réalisant un projet pilote pour servir de preuve de concept. Ce projet visera à développer des méthodes d'inférence originales des flux d'arthropodes à l'interface entre habitats, à partir de données de distribution spatiale des espèces à haute résolution, tant spatialement (transects métriques) que taxonomiquement (barcoding ADN massif), en se focalisant sur des taxons prédateurs (coléoptères et araignées) pour leur potentiel de contrôle biologique.

Nous concentrerons nos efforts sur trois types d'interfaces : cultures de blé d'un côté, forêts, prairies ou ripisylves de l'autre. Ces trois interfaces permettent d'étudier le rôle des habitats semi-naturels (forêts/prairies/ripisylves) dans la fourniture de services écosystémiques pour l'agriculture (régulation de ravageurs). Des réunions du consortium en amont et en aval de ce projet permettront de préparer le montage d'un projet type ANR d'ici la fin de ce parcours, en capitalisant sur les résultats du projet exploratoire.

Démarches

Nous échantillonnerons les communautés d'invertébrés terrestres le long de transects perpendiculaires à l'interface, via des méthodes d'aspiration "suction-sampling" pour un spectre large d'arthropodes - en se focalisant sur les invertébrés prédateurs ayant un rôle potentiel de contrôle biologique. Les organismes échantillonnés seront déterminés à l'espèce par barcoding ADN massif, afin de déterminer les profils d'abondance le long des transects pour chaque population constituant les communautés. Ces profils d'abondances (clines) permettront d'alimenter le développement au sein du projet de méthodes d'inférence nouvelles, inspirées de la génétique des populations, afin d'estimer les flux d'invertébrés entre parcelles. L'originalité du projet est donc double. D'un point de vue biologique, il s'agira d'aller au-delà des analyses de patrons (distance et magnitude d'effet lisière) et d'approfondir les processus spatiaux impliqués en estimant et en intégrant de façon explicite les flux d'organismes entre habitats. D'un point de vue technique, il s'agira de mettre en œuvre des méthodologies récentes et innovantes dites de "méGabarcoding" qui consistent à barcoder de manière massive des dizaines de milliers d'individus, ce qui permet d'accéder non seulement à la diversité des communautés (comme le méTabarcoding), mais aussi d'accéder à l'abondance des individus de chaque espèce, voire à un certain niveau de polymorphisme intraspécifique. En couplant cette approche de méGabarcoding à l'acquisition de photographies des individus échantillonnés, nous participerons au développement en cours de systèmes de reconnaissances automatiques à partir d'images (et d'IA) des invertébrés terrestres, afin d'aller vers des méthodes de monitoring non létales. Ces développements méthodologiques contribueront à moderniser les méthodes de "monitoring" de la biodiversité et nous permettront de faire un bond en avant dans la compréhension de l'écologie des écotones.