



Identification des pollinisateurs sur les fleurs d'adventices de la vigne par ADN environnemental : implication pour les réseaux plantes-pollinisateurs

Durée du Stage : 6 mois à partir d'Avril 2025 (+/- 1 mois)

Responsables : Mélodie Ollivier, Magalie Pichon, Kamila Canale-Tabet

UMR DYNAFOR et UMT GENPHYSE
24 chemin de Borde-Rouge - Auzeville CS 52627
31326 Castanet-Tolosan

Elena Kazakou, Laure Martin-Lefèvre

UMR CEFE
1919 route de Mende,
F-34293 Montpellier cedex 5

Mots clefs : Pollinisateurs, Adventices, Ecologie des communautés, Métabarcoding par ADN

Contexte et objectifs du stage :

Les adventices des cultures, plus particulièrement ici celles des systèmes viticoles, sont à l'interface entre la fourniture de services écosystémiques et de dis-services. Dans le projet FLOR-ID, nous souhaitons 1) développer une méthodologie innovante basée sur le métabarcoding de l'ADN environnemental (ADNe) pour détecter les espèces de pollinisateurs ayant visité les fleurs des adventices et ainsi 2) mieux qualifier le potentiel qu'offre la flore présente en inter-rang des vignes pour les pollinisateurs suivant son mode gestion.

L'identification spécifique des pollinisateurs par ADNe issu des fleurs est une approche prometteuse, car rapide et non destructive (Johnson et al. 2023), mais elle s'est jusqu'alors principalement cantonnée à des substrats comme le sol et l'eau. Les protocoles moléculaires et procédures de traitements bio-informatiques restent à adapter pour que cette pratique se déploie sur l'ADN résiduel provenant de fleurs et améliore notre capacité à détecter les interactions plantes-pollinisateurs. Par des approches fonctionnelles, nous souhaitons tester l'hypothèse que les communautés adventices des vignobles conduits sous un régime de gestion moins intensif seraient plus diversifiées que dans les vignobles où la flore spontanée est gérée mécaniquement ou chimiquement, offrant une plus large plage de floraison et des fleurs aux morphologies variées, potentiellement favorables à une diversité de pollinisateurs (Genty et al. 2025). Nous souhaiterions montrer que ces changements se répercutent aussi sur les réseaux d'interactions mutualistes plantes-pollinisateurs grâce à la détection des interactions par ADNe. Le projet FLOR-ID permettra d'identifier les systèmes agricoles conciliant les objectifs de production aux impératifs de durabilité, en déterminant les pratiques de gestion des adventices susceptibles d'optimiser le processus de pollinisation.

Le sujet de stage proposé est adossé à un projet plus large débuté en novembre 2023, qu'est la thèse de Laure Martin-Lefèvre portant sur le rôle de la diversité fonctionnelle florale des adventices le long d'un gradient de pratiques dans les vignobles d'Occitanie. Le/la stagiaire recruté sera plus spécifiquement focalisé sur le développement et l'application d'un protocole d'ADNe à partir des fleurs d'adventices afin de caractériser les réseaux plantes-pollinisateurs des vignobles. Ainsi, la personne recrutée sera localisée à Toulouse sur le site INRAE de Castanet-Tolosan et réalisera des missions sur Montpellier pour l'échantillonnage du matériel biologique.

Déroulement du stage :

1/ Bibliographie

Phase d'analyse bibliographique sur 1) l'approche par ADNe pour la détection des pollinisateurs à partir des fleurs, ainsi que sur 2) les réponses des réseaux plantes-pollinisateurs aux pratiques agricoles (gestion de l'enherbement, usage de produits phytosanitaires, ...).

2/ Collecte du matériel biologique

Phase de terrain, impliquant un ou plusieurs séjours (3-4 jours) sur Montpellier pour la collecte des échantillons de fleurs dans les parcelles viticoles. Coordination des opérations de collecte en collaboration avec Laure Martin-Lefèvre. Gestion des échantillons jusqu'à leur traitement moléculaire.

3/ Traitement des échantillons en biologie moléculaire

Formation et prise en main progressive des différentes étapes du protocole : extraction de l'ADN à partir des traces laissées sur les fleurs à l'aide du kits DNeasy (Quiagen), amplification PCR des marqueurs barcoding 16S et CO1, préparation des bibliothèques de séquençage à adresser au prestataire réalisant le séquençage (Illumina MiSeq, 2 x 250 bp). Collaboration avec l'ingénieure chargée de l'analyse bio-informatique.

4/ Analyse des données

A l'issue de l'analyse bio-informatique, reconstruction des réseaux plantes-pollinisateurs en mobilisant les packages R adaptés (*bipartite*, *igraph*...) (possibilité de travailler sur un jeu de données connexe selon le temps nécessaire au traitement bio-informatique). Mobilisation des concepts d'écologie des communautés (calcul d'indices écologiques et de métriques de réseaux), puis analyses statistiques des données pour évaluer l'influence des pratiques agricoles sur les interactions plantes-pollinisateurs.

Profil souhaité :

Ce stage est tout à fait adapté pour un étudiant recherchant une césure de 6 mois et souhaitant diversifier ses missions.

- Savoir être : autonomie, esprit d'initiative, compétences organisationnelles et rigueur
- Compétences en biologie moléculaire, une expérience (stage, projet étudiant) sera un plus
- Connaissances en écologie des communautés et agronomie
- Compétence en statistiques et maîtrise du langage R
- Goût pour la botanique, le travail de terrain et de laboratoire
- Maîtrise de l'anglais
- Mobilité : Permis B

Lieu du stage :

UMR DYNAFOR et UMT GENPHYSE : 24 chemin de Borde-Rouge - Auzeville CS 52627, 31326 Castanet-Tolosan. Déplacement sur Montpellier : UMR CEFE et parcelles viticoles de l'Hérault.

Gratification : gratification en vigueur, soit 15% du plafond de la sécurité sociale (4.35€/h) et calculé suivant le nombre de jours travaillés dans le mois.

Personnes à contacter (renseignements, candidature) :

melodie.ollivier@toulouse-inp.fr ; magalie.pichon@inrae.fr

Transmettre CV, lettre de motivation et lettres de recommandation avant le **22 novembre 2024**.

Bibliographie :

Genty L, Metay A, Kazakou E, et al (2025) Agricultural practices in olive groves modify weeds floral traits and resources throughout the year. *Agriculture, Ecosystems & Environment* 377:109280. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2024.109280>

Johnson MD, Katz AD, Davis MA, et al (2023) Environmental DNA metabarcoding from flowers reveals arthropod pollinators, plant pests, parasites, and potential predator-prey interactions while revealing more arthropod diversity than camera traps. *Environmental DNA* 5:551-569. <https://doi.org/10.1002/edn3.411>