ECOLOGIE EVOLUTIVE

EQUIPE ECOLOGIE QUANTITATIVE ET EVOLUTIVE DES COMMUNAUTÉS

**VENNER Samuel**

MAÎTRE DE CONFÉRENCES

UCBL

43 bd du 11 novembre 1918
69622 VILLEURBANNE cedex (http://maps.google.com/maps?q=43%20bd%20du%2011%20novembre%201918+69622+%20VILLEURBANNE%20cedex)

33 04 72 43 29 02

Courriel

## Recherches en cours

### La reproduction des plantes pérennes : comprendre ses mécanismes et ses conséquences à l'échelle des communautés

La reproduction des plantes pérennes est souvent caractérisée par des fructifications hautement fluctuantes dans le temps et synchronisées à l'échelle de la population (*masting*). Nos suivis interannuels menés sur les chênes tempérés (*Quercus spp*), combinés à des travaux de modélisation, visent à mieux comprendre les causes proximales et évolutives du masting et à proposer des scenarii sur le devenir de la régénération des chênaies dans le contexte du changement climatique (Programme ANR 'FOREPRO'). Le masting a d'importants effets en cascade (dynamiques et assemblage des espèces de plantes pérennes, de consommateurs de graines -insectes, oiseaux, mammifères-, jusqu'à l'épidémiologie de certaines maladies humaines). La modélisation explicite du masting nous permettra alors d'évaluer certaines des conséquences écosystémiques du changement climatique dans les forêts de régions tempérées. Ce programme, piloté par notre équipe, se développe en collaboration avec deux autres équipes du département d'écologie évolutive (Ecoépidémiologie Evolutionniste, Biodémographie Evolutive), trois Universités (Montpellier-CNRS-, Bordeaux-INRAE-, Paris-Saclay) et l'Office National des Forêts.

Membres de l'équipe impliqués : MC Bel-Venner, E Fleurot, L Keurinck, J Lobry, S Venner

### La propagation des gènes d'antibiorésistance chez les bactéries

L'antibiorésistance est reconnue comme l'une des plus grandes menaces actuelles pour la santé humaine, et les éléments génétiques mobiles (MGEs) qui circulent dans les populations et communautés bactériennes en sont les principaux véhicules. Pour comprendre la dynamique et la diversité des MGEs dans les pangénomes bactériens et l'émergence des gènes d'antibiorésistance, nous proposons de dépasser le cadre de la génomique conventionnelle en considérant les pangénomes comme des communautés écologiques complexes. Dans le programme Ab-One, nous mobilisons les concepts et outils développés en écologie des communautés en nous appuyant sur une approche intégrative (suivis de populations/communautés bactériennes évoluant dans des environnements contrastés -approches One-Health-, analyses pangénomiques, expérimentation en microbiologie moléculaire et cellulaire, modélisation mathématique). Ce programme est actuellement centré sur la dynamique des MGEs chez *Acinetobacter baumannii*, un micro-organisme antibiorésistant classé prioritaire par l'OMS. D'autres approches plus généralistes illustreront la pertinence de ce nouveau cadre conceptuel pour comprendre la dynamique et diversité des MGEs dans les pangénomes bactériens. Ce programme, co-piloté par notre équipe et une équipe du CIRI (Horigene) implique la participation de 9 organismes (6 lyonnais -LBBE, CIRI, MMSB, HCL, LEM, VetAgro Sup-, Institut Pasteur (Paris), LMGM (Toulouse), Robert Koch Institut (Allemagne)).

Membres de l'équipe impliqués S Dray, R Tuffet, S Venner

## Liste de publications :

https://scholar.google.fr/citations?user=0KckCcAAAAAJ&hl=fr&oi=sra

URL of the page: https://lbbe.univ-lyon1.fr/fr/annuaires-des-membres/venner-samuel