

MEMBRES



Acacia Emma

Doctorante

| UCBL

@ Courriel



Delignette-Muller Marie-Laure

Professeure des universités

| VetAgro-Sup

@ Courriel

☎ 33 04 72 43 27 56



Dray Stéphane

Directeur de recherche

| CNRS

@ Courriel

☎ 33 04 72 43 27 57



Dussert Gaspard

Doctorant

| UCBL

@ Courriel

☎ 04 72 44 81 42



Fox Tom

Doctorant

| CNRS

@ Courriel

☎ 04 72 44 81 42



Gastebois Sabrina

Ingénieure de recherche CDD

| CNRS

@Courriel



Keurinck Lea

Doctorante

| UCBL

@Courriel

📞 04 72 44 81 42



Koffel Thomas

Maître de conférences

| UCBL

@Courriel

📞 04 72 44 81 42



Lacomme Laura

Doctorante

| UCBL

@Courriel



Legrand Remi

Stagiaire

| UCBL

@Courriel



Lobry Jean

Professeur des universités

| UCBL

@Courriel

📞 33 04 72 43 27 56



Moulin Lea

Stagiaire

| UCBL

@ Courriel



Mounier Anouk

Stagiaire

| UCBL

@ Courriel



Nicvert Lisa

Doctorante

| UCBL

@ Courriel

📞 04 72 44 81 42



Renard Timothé

Stagiaire

| UCBL

@ Courriel



Soltane Eve

Stagiaire

| UCBL

@ Courriel



Thioulouse Jean

Directeur de recherche

| CNRS

@ Courriel

📞 33 04 72 43 27 56



Tuffet Rémi

Doctorant

| UCBL

@Courriel

📞 04 72 44 81 42



Venner Marie-Claude

Maîtresse de conférences

| UCBL

@Courriel

📞 33 04 72 43 29 02



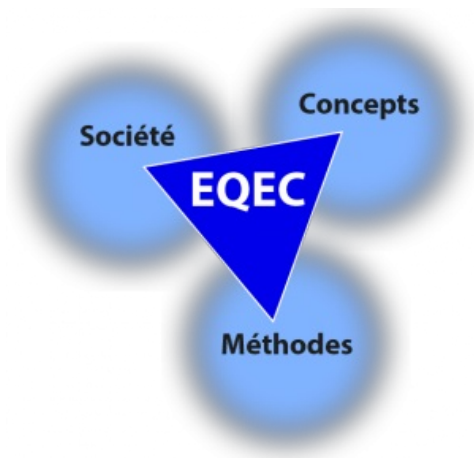
Venner Samuel

Maître de conférences

| UCBL

@Courriel

📞 33 04 72 43 29 02



Nos activités de recherche, centrées sur les interactions interspécifiques (écologie des communautés) visent à mieux comprendre les processus écologiques et évolutifs structurant les assemblages d'espèces et la biodiversité à différentes échelles temporelles et spatiales. Notre équipe aborde ces questions majeures à l'aide de modèles biologiques contrastés (communautés de grands mammifères africains, d'insectes, microbiote, plantes) sous 3 angles complémentaires :

- Nos travaux sont fortement ancrés dans **le cadre conceptuel de la biologie évolutive** en étudiant (i) la diversité des réponses adaptatives mises en œuvre par les organismes face aux pressions sélectives de leur environnement, (ii) leurs conséquences sur la démographie des populations et à terme (iii) la dynamique et la composition des communautés d'espèces.
- Notre recherche est étroitement liée à **des questions sociétales de conservation et de gestion de la biodiversité** en intégrant à la fois le fonctionnement des systèmes socio-écologiques et le contexte du changement climatique. Nous menons des études expérimentales, gérons et assurons le suivi à long terme de plusieurs réseaux d'observation de communautés.
- **La problématique méthodologique** occupe également une place centrale dans notre équipe, avec le développement de nouveaux outils de traitement statistique et de modélisation de données écologiques. Cette activité conduit à l'élaboration de méthodes et logiciels que nous développons et distribuons librement.

Les programmes de recherche de l'équipe:



Le fonctionnement des communautés des savanes africaines

Le programme de recherches interdisciplinaires à long terme mené dans la Zone Atelier

[Hwange](#) ↗

, au Zimbabwe, s'intéresse au fonctionnement des communautés animales et végétales au sein du parc national de Hwange et aux interactions entre cette aire protégée et les humains vivant à sa périphérie. Les recherches s'articulent autour de trois axes : (1) Dynamique de la population d'éléphants et effets de celle-ci et de sa gestion sur le fonctionnement du socio-écosystème ; (2) Interactions au sein et entre niveaux trophiques et réponses de ces interactions aux actions de gestion (e.g. chasse sportive, gestion de l'eau) et aux changements climatiques ; (3) Ecologie humaine et mécanismes de coexistence humains-faune sauvage pour une conservation intégrée et un fonctionnement durable du socio-écosystème. Ces recherches sont complétées par des travaux plus récents dans le parc de Hluhluwe-iMfolozi et la réserve de Madikwe, en Afrique du Sud, qui portent sur le rôle des conditions environnementales sur le succès de chasse des grands carnivores africains. Nous travaillons en collaboration étroite avec l'IRL (International Research Lab)

[Rehabs](#) ↗

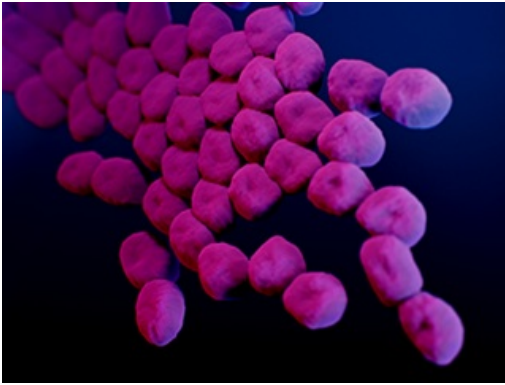
Membres de l'équipe impliqués : Alice Bernard, Laura Lacomme, Aïssa Morin, Lisa Nicvert, Elie Pedarros, Yolan Richard, Marion Valeix*



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 scénarii 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.

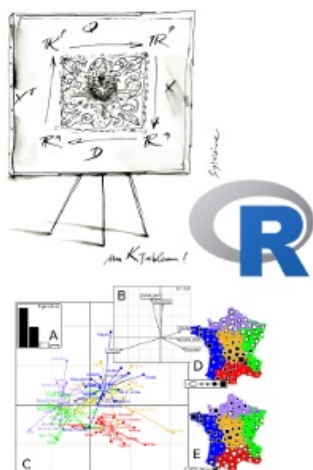
Membres de l'équipe impliqués : Marie-Claude Bel-Venner*, Emilie Fleurot, Léa Keurinck, Jean Lobry, Samuel Venner



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 : Stéphane Dray, Rémi Tuffet, Samuel Venner*



L'analyse statistique de données écologiques

L'étude de la structure et de la dynamique des assemblages d'espèces et la compréhension des processus qui en sont à l'origine nécessite la collecte de données dont la nature se complexifie avec les développements technologiques pour leur acquisition (e.g. GPS, loggers, imagerie satellite, données moléculaires). Les méthodes d'analyse de ces données offrent de nouvelles perspectives sur les processus écologiques à l'œuvre dans les communautés. Les méthodes d'analyse multivariée permettent ainsi d'analyser les structures spatiales, en intégrant des informations sur les espèces (traits fonctionnels, morphologie, phylogénie), la variation spatio-temporelle des relations espèces-environnement ou sur la diversité de la perception de la relation hommes-aïres protégées. Nous modélisons aussi des données multi-'omiques' de type dose-réponse au sein des communautés afin de mieux comprendre les chemins des effets adverses (Adverse Outcome Pathway) et mieux en apprécier les risques pour l'environnement. Ces innovations méthodologiques sont mises à la disposition de la communauté scientifique à travers le développement, la distribution et la maintenance de logiciels (bibliothèques pour le langage R :

[ade4](#)

, [adegraphics](#)

, [adephylo](#)

, [ade4TkGUI](#)

, [nlstools](#)

, [fitdistrplus](#)

, [DRomics](#)

, [seqinr](#)

).

Membres de l'équipe impliqués : Marie Laure Delignette-Muller, Stéphane Dray*, Jean Lobry, Jean Thioulouse.