
Assessing biodiversity trends in a quasi-permanent non-equilibrium state: bridging theory and application

Etienne Lalechère^{*1,2}, Jonathan Lenoir³, Ronan Marrec³, Franz Essl⁴, Ingolf Kühn^{5,6,7}, and Torbjørn Ergon²

¹Centre for Computational and Data Science, University of Oslo, Norway – Norvège

²Center for Ecological and Evolutionary Synthesis, Department of Biosciences, University of Oslo, Norway – Norvège

³Ecologie et Dynamique des Systèmes Anthropisés - UMR CNRS 7058 UPJV – Université de Picardie Jules Verne, Centre National de la Recherche Scientifique – France

⁴Division of Bioinvasions, Global Change Macroecology, Department of Botany and Biodiversity Research, University of Vienna, Vienna 1030, Austria – Autriche

⁵Department of Community Ecology, Helmholtz Centre for Environmental Research-UFZ, Halle, Germany – Allemagne

⁶German Centre for Integrative Biodiversity Research (iDiv) Halle-Jena-Leipzig, Leipzig, Germany – Norvège

⁷Institute of Biology, Martin Luther University Halle-Wittenberg, Halle, Germany – Allemagne

Résumé

Recent years have been marked by a lively debate on the diverging observations of both declining and increasing biodiversity trends over time. Such discrepancies in biodiversity trends can be partly due to an unchallenged belief that spatial patterns in biodiversity distribution during a given time period are in equilibrium with contemporary conditions. This assumption prevents us from accounting for the long-term effects of past dynamics on current biodiversity trends. Existing frameworks aiming to tackle this issue still rely on the equilibrium assumption because non-equilibrium biodiversity dynamics are only considered as transient phases between successive equilibrium states.

Here, we propose to abandon the quest for an existing baseline, sometime in the past, during which biodiversity is considered to be in equilibrium with its environment. Instead, we propose a new conceptual framework considering multiple trajectories of long-term changes and disturbance events that push biodiversity into a quasi-permanent non-equilibrium state. Based on this conceptual framework, we developed a non-equilibrium Species Distribution Modelling (SDM) approach in order to quantify the temporal extent that must be taken into account to capture the effect that a given time series of past environmental conditions has on the current distribution of a focal species.

This non-equilibrium SDM approach was applied on the distribution of 92 European forest birds in response to past trajectories of change in forest cover and climate. Non-equilibrium SDMs suggested unprecedented long-lasting effects of past global changes (average time lag

*Intervenant

extents ranged from 9 to 231 years). Accounting for these time lagged-effects, future projections of species distribution indicated that biodiversity surplus and deficit (*i.e.*, ecological debt and credit) will increase until the end of the century, impacting different biodiversity facets (species richness, phylogenetic and functional diversity).

To conclude, we here propose a paradigm shift through a conceptual and a modelling framework that can hindcast past and project future non-equilibrium biodiversity trends. By embracing the quasi-permanent non-equilibrium state between biodiversity and its drivers, we can contribute to clarify the current debate on biodiversity trends.

A cautionary note on using species distribution models to estimate the effects of harvest-related pressures on species and communities

Bastien Mourguiart^{*1}, Mathieu Chevalier¹, and Martin Marzloff¹

¹Ifremer, DYNECO, F-29280 Plouzané, France – Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER), Unité Dynamiques des Ecosystèmes Côtiers (DYNECO) – France

Résumé

The ubiquitous presence of human activities worldwide likely modifies species distributions across all realms. Ecologists often investigate these human-induced range changes by incorporating anthropogenic variables into species distribution models (SDMs). Such analysis implies causality in the relationship between human variables and species distributions. However, targeting of species in harvested communities may invalidate this assumption, which in turn may affect the accuracy of predictions and ecological conclusions. For instance, including fishing intensity when modelling the distribution of fished species may induce positive non-causal relationships between target species and fishing, because fishers spatially track the target species. In this presentation, we will use a case study of trawled marine benthic invertebrates to investigate the ability of SDMs to estimate the effects of harvest-related pressures on species and communities. We will compare species-trawling relationships estimated by SDMs with expected relationships based on expert knowledge of species' sensitivity to trawling and fishers' targeting habits. Specifically, (i) we expect three types of causal relationships between trawling and species: negative for sensitive species, positive for opportunistic species and neutral for resistant species; but (ii) we also expect positive associations between trawling and species inhabiting areas targeted by fishers (i.e., target species and associated communities). Overall, we highlight that disentangling causal relationships from target-induced associations will limit the use of SDM to study the effects of harvesting on species distributions.

^{*}Intervenant

ZI - PLN - PCA : Modelling abundance data with missing data in ecology

Barbara Bricout*¹, Sophie Donnet*², and Stéphane Robin*³

¹Laboratoire de Probabilités, Statistique et Modélisation – Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Université Paris Cité, Sorbonne Université :

UMR_s001, *Centre National de la Recherche Scientifique : UMR_s001, Université Paris Cité : UMR_s001 – France*

²Mathématiques et Informatique Appliquées – AgroParisTech, Université Paris-Saclay, Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement, Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement : UMR0518 – France

³Laboratoire de Probabilités, Statistique et Modélisation – Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Université Paris Cité, Sorbonne Université :

UMR_s001, *Centre National de la Recherche Scientifique : UMR_s001, Université Paris Cité : UMR_s001 – France*

Résumé

Count data are regularly used in ecology, particularly for species monitoring with conservation purposes. However, these data can present several challenges. Indeed, they often contain missing data due to a lack of resources, as well as high variance and a large proportion of zeros, particularly when monitoring rare species.

We have developed a new model aimed at imputing missing data in abundance datasets. This model is based on the Poisson Log Normal model (Chiquet, J., Mariadassou, M., & Robin, S. (2021)), which provides more flexibility in the variance of counts than a Poisson model. Another latent variable was added to account for the zero-inflation in the data. Finally, missing data imputation is made possible through dimensionality reduction (Chiquet, J., Mariadassou, M., & Robin, S. (2018)) and the inclusion of a large number of spatial and temporal covariates.

For this model, parameter estimation using maximum likelihood is not possible. We therefore used a variational lower bound on the likelihood, which we maximized using a variational expectation-maximization algorithm (Chiquet, J., Mariadassou, M., & Robin, S. (2021)). Finally, we obtained confidence intervals for the estimators using the sandwich variance estimator (Westling, T., & McCormick, T. H. (2019)).

This model was tested on simulated data as well as complete real-world abundance data of waterbirds in France and Italy, which were artificially degraded by introducing missing values. Subsequently, this model was applied to count data of rare waterbird species (such as the Common Pochard) in North Africa to estimate their long-term trends.

*Intervenant

Comparing two approaches for a long-term monitoring of the great crested newt (*Triturus cristatus*) in the Grand Est region, France: site occupancy vs. N-mixture models

Jean-Pierre Vacher^{*1}, Vincent Clément², and Amélie Vaniscotte³

¹Conservatoire d'espaces naturels de Lorraine – je n'ai pas de tutelle – France

²Association BUFO – je n'ai pas de tutelle – France

³LPO Bourgogne-Franche-Comté – pas de tutelle – France

Résumé

While a decline of great crested newt (*Triturus cristatus*) populations is well documented in some regions of France, its status in the Grand Est region (north-eastern France) is not precisely known. A long-term monitoring program has started in 2021 in order to assess its abundance variation over time through a randomised sample of 172 ponds within nine natural regions where the species occurs. Two different statistical models have been confronted back-to-back, one solely based on occurrences (site occupancy model), and another integrating multiple counts at each site (N-mixture model), with the aim of obtaining two indicators to track trends of the species at a local and global scale. In 2021 and 2024, we found an occupancy rate of 0.68 and 0.67 associated with a detection probability of 0.73 with the first model, and a total population estimated at 1850 newts with a maximum detection probability of 0.32 with the second model. Distance to the nearest occupied ponds negatively influences occupancy, whereas it positively influences abundance within ponds. Bigger and isolated ponds seem to bear the highest density of newts, whereas in metapopulation-structured systems, abundance in ponds is lower but there are more occupied ponds within the pond network.

We discuss the core differences between the two approaches, from the sampling design to the model construction, and focus on potential limits associated with these modelling techniques, particularly when applied to newts. This comparative study should allow to improve the efficiency of the long-term monitoring of this endangered species.

*Intervenant

Evaluating Experimental Design to Sample Mosquitoes in Cambodia

Heloise Rozier*¹

¹UBS – Université de Bretagne Sud [UBS] – France

Résumé

Mosquito collection is essential for public health, research, and vector control. We evaluated four understudied aspects of experimental design: global efficiency of trapping devices (BG-Sentinel (BG) vs. CDC light traps (LT)), temporal efficiency of the traps on a three day sampling basis, effect of sampling on assessment of presence and abundance dynamics, and site visit frequency for biodiversity assessment. Both traps were deployed across 10 Cambodian provinces, collecting mosquitoes every 24 hours over three days between 2019 and 2021. A total of 1,992 collections yielded 181,798 mosquitoes across 153 identified species. A hurdle generalized linear mixed model analyzed species diversity, presence, and abundance, addressing data overdispersion and zero inflation. Among 54 species studied, trap type significantly influenced 21 species: 15 were more attracted by LT, and 6 by BG. Anthropophagous species, including vectors such as {*Aedes aegypti*} and {*Aedes albopictus*}, preferred BG, while LT captured better species richness and zoophagic species, including vectors. The day index was significant for 6 of our 13 main vector species and indicated a decrease in the capture efficiency over time. Regarding the sampling effort, we saw that either if we sample on one, two or three days, the yearly trend of the presence and abundance of 6 vector species was the same. Finally, we quantify the probability of meeting a new species for a new mission. We show that this quantity declines with the number of mission, with decay rates depending on trap type and sampling effort. This allows us to provide guidelines for necessity of a new mission on a given site.

*Intervenant

Ecological diagnostic tool for metal contaminated soils: use of functional traits of bacteria and invertebrates

Vincent Laderriere*¹, Aliénor Duval², Margot Jans², Aurélie Cebron¹, Philippe Usseglio-Polatera¹, and Florence Maunoury-Danger¹

¹Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux – Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux LIEC - UMR 7360 CNRS Université de Lorraine - UFR Sci FA – France

²Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux – Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux LIEC - UMR 7360 CNRS Université de Lorraine - UFR Sci FA – France

Résumé

In the environment, a key question in community ecology is to understand how abiotic (*e.g.* climate), biotic (*e.g.* species interactions) such as anthropogenic factors (*e.g.* contamination) interacts with biological communities (Lajoie and Kembel, 2019). For instance, metallic soil contamination is known to cause changes in the taxonomic structure of communities living in soils. However, soil functions (*e.g.* organic matter degradation) are not systematically affected by metal contamination (Lecerf et al., 2021). To highlight the responses of invertebrates such as microbial assemblages to these ecological factors, we developed a generalizable approach using morphological, physiological, and genomic traits as proxies of functions. On the field, we sampled 40 sites in the Grand-Est region of France characterized by different physico-chemical properties and degrees of both, metallic and polycyclic aromatic hydrocarbon (PAH) contaminations. In our soil samples, microbial assemblages were identified through high-throughput sequencing of 16S rDNA while invertebrates' communities were assessed using optical identification depending on their sampling method (*i.e.* monolith *vs* pit-fall). Following a similar methodology than Cébron et al. (2021), we compiled two traits databases for microbial (BacDive) and invertebrates (BETSI) organisms containing respectively 41 and 65 traits. Based on different attributes, trait profiles of these two communities were inferred from the list of found taxa and their abundance within the assemblage. Preliminary results showed that abiotic factors such as soil texture, dissolved organic carbon or nutrients influenced the trait profiles of the bacterial communities. Regarding the invertebrates and with the example of beetle communities, metals and PAHs selected taxa with specific traits such as year-long life cycle expectancy, highly variable fecundity level or herbivorous/decomposer feeding habits. Ultimately, all these functional and taxonomic diversity data will be used as predictors of models based on random forests and conditional tree forests. These models will make it possible to estimate a probability of impact level (low *vs.* significant) of metal contamination for each site of interest.

*Intervenant

Les macrophytes peuvent-ils améliorer l'évaluation écologique des cours d'eau dans un contexte de pressions multiples ? Développement d'un nouvel outil diagnostique.

Thibault Leboucher^{*1}, Jérémy Bacon^{1,2}, Christian Chauvin³, Elise Billoir¹, Maud Pierre³, Augustine Fulcrand¹, Bastien Bourillon⁴, and Philippe Usseglio-Polatera¹

¹Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux – Institut Ecologie et Environnement - CNRS Ecologie et Environnement, Institut National des Sciences de l'Univers, Observatoire Terre et Environnement de Lorraine – France

²Laboratoire d'Ecologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés – Université Claude Bernard Lyon 1, Ecole Nationale des Travaux Publics de l'Etat, Centre National de la Recherche Scientifique – France

³Ecosystèmes aquatiques et changements globaux – Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement : UR1454 – France

⁴RiverLy - Fonctionnement des hydrosystèmes – Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – France

Résumé

Malgré les objectifs initiaux de bon état écologique fixés par la DCE à l'horizon 2015, 60% des masses d'eau européennes ne parviennent toujours pas à atteindre ce bon état écologique. Cela s'explique notamment par des difficultés à identifier précisément les causes effectives de dégradation des masses d'eau, en particulier dans un contexte de pressions multiples. Si les indices biotiques sont des outils essentiels pour évaluer l'état écologique global, ceux-ci n'ont en effet pas toujours été développés pour démêler l'effet des pressions anthropiques co-occurentes en cours d'eau. Des outils diagnostiques récemment développés ont justement cet objectif. Ils reposent sur l'observation des combinaisons de taxons et d'adaptations sélectionnés au sein des communautés sous la contrainte de différentes catégories de pression impactant la qualité de l'eau et/ou l'intégrité de l'habitat. Les macrophytes, considérés comme de bons indicateurs de l'état écologique des cours d'eau, peuvent servir de support au développement de ce type d'outil. Sur la base de 518 métriques explorant les traits biologiques, les préférences écologiques et la structure taxonomique et fonctionnelle des assemblages de macrophytes, 20 modèles performants ont été développés pour évaluer les risques spécifiques de dégradation significative des cours d'eau. Les résultats des modèles ont été explorés à diverses échelles spatiales et temporelles pour mieux identifier les causes de la dégradation de tronçons de cours d'eau. Une grille originale d'interprétation des résultats, basée sur plusieurs métriques de performance devrait permettre aux gestionnaires de déterminer plus facilement les actions de restauration à mener pour assurer l'amélioration de l'état écologique des cours d'eau.

*Intervenant

Les réseaux d'association pour identifier des effets d'échelle dans les mécanismes d'assemblage des communautés d'espèces.

Jeanne Tous^{*1}, Julien Chiquet^{*1}, and Anne Magurran²

¹Mathématiques et Informatique Appliquées – AgroParisTech, Université Paris-Saclay, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement : UMR0518 – France

²University of St. Andrews – Royaume-Uni

Résumé

Les données de distribution d'espèces décrivent la distribution d'un certain nombre d'espèces sur un ensemble de sites spatio-temporels. Identifier les motifs présents dans ces données et déchiffrer les processus sous-jacents constitue, de longue date, un objectif en écologie (Connor and Simberloff, 1979, Diamond, 1975). Trois grands types de mécanismes sont à l'œuvre (Guisans and Thuiller, 2005, Poggiato et al., 2021) : les effets abiotiques, les interactions biotiques et la dispersion. Leur complexité et leurs influences mêlées rendent les données riches d'information et complexes à analyser. Mieux comprendre les effets de ces différents mécanismes peut notamment aider à prédire la réponse de communautés d'espèces à des changements environnementaux.

À cette fin, les Joint Species Distribution Models (JSDM) (Chiquet et al., 2021, Pollock et al., 2014) évaluent d'une part l'effet de facteurs abiotiques sur les communautés d'espèces et produisent d'autre part des réseaux d'associations décrivant les dépendances statistiques résiduelles entre abondances d'espèces. Combinés aux connaissances écologiques des espèces étudiées, ces réseaux peuvent permettre d'identifier certains mécanismes écologiques influant sur la distribution des espèces et de formuler de nouvelles hypothèses à leur sujet.

De nombreux JSDM ne modélisent pas directement des données discrètes zéro-inflées, forme sous laquelle se présentent souvent les données de distribution d'espèces (Wilkinson et al., 2019). Nous proposons un nouveau JSDM, ZIPLN-network, un modèle Poisson log-normal (Aitchison and Ho, 1989) conçu à partir des approches de PLN-network (Chiquet et al., 2019) et de ZIPLN (Batardière et al., 2024). ZIPLN-network modélise des données de comptage et tient compte de leur zéro-inflation, deux propriétés qui permettent de mieux analyser l'information qu'elles contiennent.

Nous appliquons ce modèle à des communautés de poissons tropicaux d'eau douce de Trinidad-et-Tobago et analysons les résultats à partir de connaissances écologiques pré-existantes sur les espèces en jeu.

Nous comparons les associations statistiques identifiées aux effets abiotiques et biotiques connus pour émettre des hypothèses sur les mécanismes à l'œuvre. Enfin, la comparaison de

*Intervenant

deux jeux de données, à deux échelles géographiques différentes nous permet de montrer comment les réseaux d'association mettent en évidence des effets d'échelle dans les mécanismes qui guident la distribution des espèces (Viana and Chase, 2019).

Assessing the effect of abiotic predictors on river diatom co-occurrence networks' metrics in the context of bioindication

Philippe Le Noac'h^{*1}, Philippe Usseglio-Polatera¹, Sakina-Dorothee Ayata^{2,3}, and Martin Laviale¹

¹Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux (LIEC) - UMR 7360 CNRS-Université de Lorraine, 57000 Metz, France – Université de Lorraine, Centre National de la Recherche Scientifique - CNRS – France

²Laboratoire d'Océanographie et du Climat : Expérimentations et Approches Numériques – Sorbonne Université, Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN), Centre National de la Recherche Scientifique - CNRS, Institut de recherche pour le développement [IRD] – France

³Institut Universitaire de France (IUF) – Institut Universitaire de France (IUF) – France

Résumé

Community composition is shaped by abiotic conditions and is sensitive to environmental changes and anthropogenic pressures on ecosystems. Existing ecological diagnostic tools already make use of integrative community features, such as taxonomy- or trait-based diversity metrics. However, information about taxa co-occurrence that could offer a more complete picture of community organization is rarely considered.

As part of the Water Framework Directive (WFD) implementation, biotic and abiotic data are routinely collected to monitor the environmental quality of French river systems and are openly available. Those datasets offer a unique opportunity to investigate whether co-occurrence networks of freshwater taxa, more specifically benthic diatoms, can be used to predict the ecological quality of rivers.

We have at our disposal river benthic diatom inventories for close to 60,000 distinct sampling events collected from 2007 to 2023 over 10,000 sites across metropolitan France, with associated measurements of environmental parameters (water physico-chemistry, hydro-morphology). To evaluate if co-occurrence networks could be leveraged to improve diatom-based diagnostic tools of river ecological quality, we need to:

1. Derive co-occurrence metrics that can be estimated at the scale of local diatom sampling events. To this end, we propose to (i) estimate "regional" co-occurrence networks of benthic diatoms using sampling events from ecologically coherent geographical areas, (ii) generate "local" graphs relevant to individual diatom inventories from those regional networks and (iii) compute various topology metrics on the local graphs.

2. Assess whether diatom co-occurrence networks' features are indeed sensitive to environmental predictors. To do this, we are investigating how local graph metrics relate to

*Intervenant

classical diversity metrics and whether graph metrics' variability can be explained by the environment using multivariate statistics (redundancy analyses, RDA).

We found that the environment explained a significant portion of the variability of metrics derived from benthic diatom co-occurrence networks. Our results highlight the importance of sampling event typology when estimating co-occurrences, as global networks built from diatom inventories drawn from the same hydro-ecological region yielded better results than networks built at larger and less ecologically coherent geographical scales. This work shows that information derived from co-occurrence networks has the potential to improve existing bioindication tools.

Habitat-mediated associations: how marine foundation species structure Australian marine ecosystems

Thomas Benoit*¹, Aurélien Boyé , Mathieu Chevalier , Stéphane Robin , Camille Albouy , Cédric Bacher , and Martin Marzloff

¹Unité Dynamiques des Écosystèmes Côtiers – Institut français de Recherche pour l’Exploitation de la Mer – France

Résumé

Marine foundation species, such as reef-forming bivalves or canopy-forming algae, play a pivotal role in coastal ecosystems by creating biogenic habitats that structure the seafloor. These unique habitats can modify environmental gradients (e.g. temperature, hydrodynamic) and hence strongly influence ecosystem functioning. As global changes drive coastal habitat degradation and induce both local and global changes in foundation species, understanding the cascading effects of habitat changes on associated species diversity is critical. Yet, while the biodiversity-supporting role of a subset of emblematic foundation species is well-studied at local spatial scales, major knowledge gaps remain about foundation species-biodiversity relationships, namely about: the facilitation, or exclusion, role of rare less-studied foundation species; the dependency of individual taxa to single or multiple habitats, as well as ecological mechanisms underlying habitat-fauna interactions. Using the Reef Life Survey dataset, which includes visual diver-based censuses of marine fauna across biogenic habitats, we first applied a range of complementary network inference approaches to investigate associations between foundation species and benthic taxa (macroinvertebrates and fishes) along Australia’s temperate coastlines. Then, to comprehensively investigate habitat-biodiversity relationships, we reconstruct a multilayer network that combines (i) this bipartite network linking foundation species to their associated fauna, and ii) a size-based trophic interaction network. The latter enables us to explore potential trophic cascades resulting from primary extinctions identified by the bipartite network. Through extinction simulations of foundation species, we identify: (i) the benthic taxa that are most vulnerable to habitat loss as highly dependent on specific foundation species; and (ii) foundation species that are most critical for maintaining biodiversity (either directly or indirectly through trophic cascades) and that constitutes management priorities for temperate reef biodiversity conservation. This work will overall quantify the importance of marine foundation species in structuring coastal biodiversity and shed light on the cascading impacts of future habitat losses or changes to reef communities.

*Intervenant

How to link morphological and taxonomic mesozooplankton data with information about carbon export fluxes to study pelagic ecosystems?

Margaux Perhirin^{*1}, Hannah Gossner², Jessica Godfrey², Rodney Johnson, Leocadio Blanco-Bercial, and Sakina-Dorothee Ayata

¹LOCEAN-IPSL – LABORATOIRE D’OCEANOGRAPHIE ET DU CLIMAT - LOCEAN – France

²Bermuda Institute of Ocean Sciences – Bermudes

Résumé

Marine mesozooplankton is a very diverse group of small animals ranging in size from 0.2 to 20 mm not able to swim against ocean currents. It is a key component of pelagic ecosystems through its roles in the trophic networks and the biological carbon pump. Traditionally studied through microscopes, recent methods have been developed to rapidly acquire large amounts of data (morphological, molecular) at the individual scale, making it possible to study mesozooplankton using a trait-based approach.

With metabarcoding and quantitative imaging time-series data obtained in the Sargasso Sea at the Bermuda Atlantic Time-series Study (BATS) site, we linked mesozooplankton morphological and taxonomic variations to carbon export intensity. First, we identified four main morphological traits by building a Principal Component Analysis (PCA) with 18 morphological descriptors extracted from 69,949 individual mesozooplankton images. We showed that organisms’ transparency might be an important trait to also consider regarding mesozooplankton impact on carbon export, contrary to the common assumption that just size is the master trait directing most mesozooplankton-linked processes. Then, using a Principal Coordinate Analysis (PCoA) followed by a hierarchical clustering, three distinct communities were defined based on taxonomic composition. They succeeded one another throughout the study period, with changing levels of transparency among the community.

A co-occurrences’ network was built from positive significant Spearman’s correlations among the 225 most abundant DNA sequences. Six modules, or groups of taxa strongly correlated, were identified based on the modularity of the network. These were related to changes in the functioning of the ecosystem and/or in the community’s morphology. The importance of Diel Vertical Migration at BATS was confirmed by the existence of a group made of taxa known to be strong migrators. Finally, we assessed if metabarcoding can provide a quantitative approach to biomass and/or abundance of certain taxa. Knowing more about mesozooplankton diversity and its impact on ecosystem functioning would allow to better represent them in biogeochemical models.

Based on Perhirin, M., Gossner, H., Godfrey, J., Johnson, R., Blanco-Bercial, L., & Ayata, S.-D. (2023). Morphological and taxonomic diversity of mesozooplankton is an important driver of carbon export fluxes in the ocean.

*Intervenant

Un modèle paramétrique pour expliquer la richesse isotopique

Angelo Alcaraz^{*1}, Gilles Durrieu , and Audrey Poterie²

¹Université de Bretagne Sud - Vannes – Université de Bretagne Sud – France

²Laboratoire de Mathématiques de Bretagne Atlantique – Université de Bretagne Sud [UBS] – France

Résumé

Les mesures de la diversité du régime alimentaire de certaines espèces animales peuvent reposer sur la détermination et l'étude de signatures isotopiques en Carbone et en Azote. Ce calcul de la diversité trophique trouve ses origines méthodologiques dans la quantification de la diversité fonctionnelle, un domaine fournit qui a donné naissance à des concepts phares comme les densités de probabilité de trait. En reprenant ce formalisme, nous proposons un modèle paramétrique basé sur la régression quantile permettant d'expliquer la variabilité des signatures isotopiques. On fait le choix de perdre en précision sur l'estimation de la densité de probabilité de trait par rapport aux approches non paramétriques classiquement utilisées pour relier explicitement nos variables d'intérêts à des covariables environnementales ou biotopiques. Une mesure robuste de la diversité trophique peut aussi être proposée à partir de notre modèle. La diversité trophique, comme la diversité comportementale en général, est liée à l'adaptation aux changements environnementaux et identifier des espèces généralistes (ou spécialistes) est un enjeu de conservation. Quantifier l'effet de paramètres environnementaux ou biotopiques sur la diversité fonctionnelle pourrait permettre d'identifier les variables les plus cruciales à prendre en compte dans les stratégies de conservation.

*Intervenant

Phénologie d'un cortège de papillons en Dordogne

Floren Hugon^{*1}, Pierre-Yves Gourvil², and Mickaël Guillon^{*3,4}

¹BioDivAct – Aucune – France

²Conservatoire des espaces naturels de Nouvelle-Aquitaine – CEN NAq – France

³Centre d'Études Biologiques de Chizé - UMR 7372 – La Rochelle Université, Centre National de la Recherche Scientifique, Institut National de Recherche pour l'Agriculture, l'Alimentation et l'Environnement – France

⁴Cistude Nature – Association Cistude Nature – France

Résumé

De 2009 à 2023, un suivi du cortège de papillons a été mené dans un jardin de particulier en Dordogne, par un ancien bénévole du CEN Nouvelle-Aquitaine. Chaque année, de février à novembre, le nombre d'individus par espèce a été compté tous les 2 jours en moyenne, permettant de réaliser des analyses phénologiques du cortège. Pour les espèces les plus observées, hors espèces migratrices, il est possible de caractériser le comportement de vol (nombre de pics, précocité) et d'identifier la date du / des pic.s de vols. Quelques méthodes sont évoquées dans la littérature mais semblent plutôt adaptées à des espèces monovoltines - des espèces plurivoltines ont été également suivies. Par ailleurs, certaines espèces présentent des cycles de vie sur plusieurs années, invitant à d'autres réflexions sur l'analyse. Enfin, il est intéressant d'étudier l'évolution du / des pic.s au cours des années et en fonction des conditions météorologiques (degrès jour, aridité, humidité relative). Les premiers résultats de cette étude seront présentés afin d'engager les discussions sur des méthodes / idées d'analyses.

*Intervenant

Exploring taxonomic and functional diversity of zooplankton and phytoplankton using a long-term monitoring dataset from the Iroise Marine Natural Park (NE Atlantic)

Laetitia Drago^{*1}, Caroline Cailliau², Patrick Pouline³, and Sakina-Dorothee Ayata^{*4,5}

¹Sorbonne Université, MNHN, CNRS, IRD, Laboratoire d'Océanographie et du Climat : Expérimentations et Approches Numériques, LOCEAN, F-75005 Paris, France – Muséum National d'Histoire Naturelle, Institut de Recherche pour le Développement, Sorbonne Université, Centre National de la Recherche Scientifique – France

²Parc Naturel Marin d'Iroise, Office Français de la Biodiversité, F-29217 Le Conquet, France – Office Français de la Biodiversité (OFB), Parc naturel marin d'Iroise-OFB – France

³Parc Naturel Marin d'Iroise, Office Français de la Biodiversité, F-29217 Le Conquet, France – Office Français de la Biodiversité (OFB), Parc naturel marin d'Iroise-OFB – France

⁴Sorbonne Université, MNHN, CNRS, IRD, Laboratoire d'Océanographie et du Climat : Expérimentations et Approches Numériques, LOCEAN, F-75005 Paris, France – Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN), Institut de recherche pour le développement [IRD], Sorbonne Université UPMC Paris VI, Centre National de la Recherche Scientifique - CNRS – France

⁵Institut Universitaire de France, F-75005 Paris, France – Institut Universitaire de France (IUF) – France

Résumé

We present an analysis of taxonomic and morphological diversity of zooplankton and phytoplankton communities in the Iroise Marine Natural Park (NE Atlantic), using a comprehensive long-term dataset (2010-2023) that combines traditional microscopy-based counts of phytoplankton (557 phytoplankton taxa) and imaging data of zooplankton (103 zooplankton taxonomic/morphological groups) from the ZooScan system. This dataset captures both spatial (coastal-offshore) and temporal (seasonal) dynamics of plankton communities across two transects and three coastal stations in this Marine Protected Area.

Our research examines two key questions: (1) Do we observe similar patterns in plankton biomass and oceanographic frontal structures? (2) Can we predict plankton diversity from CMEMS (Copernicus Marine Environment Monitoring Service) model outputs?

Our analysis explores both taxonomic diversity (species richness, Shannon, Simpson and Evenness) and functional diversity based on morphological traits derived from ZooScan images. Morphological traits were estimated using a Principal Component Analysis (PCA) on 655,930 zooplankton images described by 19 morphological variables characterizing size, transparency and grey level, shape and complexity. Morphological diversity was then estimated by exploring functional diversity indices (richness, evenness, and divergence) and trait

*Intervenant

correlation networks throughout space and time.

We employ machine learning approaches to investigate relationships between environmental parameters (e.g., sea surface temperature, sea surface salinity, surface chlorophyll concentration) and plankton diversity metrics.

By leveraging this unique dataset collected at the intersection of the English Channel and Atlantic Ocean, and characterized by the Ushant thermal front, we aim to better understand how environmental drivers influence marine plankton biodiversity patterns in protected waters.

Going round in cycles, but going somewhere: Deciphering cyclical dynamics using Ecological Trajectory Analysis

Nicolas Djeghri*¹, Miquel De Cáceres², Anthony Sturbois¹, Pierre Hélaouët³, Quentin Geissmann⁴, Peggy Rimelin-Maury⁵, Aurélien Boyé⁶, and Olivier Gauthier¹

¹LEMAR – Université de Bretagne Occidentale (UBO), Université de Bretagne Occidentale [UBO] – France

²CREAF – Espagne

³MBA – Royaume-Uni

⁴QGG – Danemark

⁵IUEM – CNRS – France

⁶DYNECO – Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – France

Résumé

Earth's ecological dynamics are largely rhythmic, tied to regular cycles such as seasons, days, or tides. Sub-disciplines of ecology such as phenology have developed specific concepts and metrics adapted to describe and study cyclical dynamics, but they operate in a largely unidimensional framework. We therefore lack suitable tools for describing cyclical dynamics of multidimensional objects (e.g. ecological communities). Here, we introduce Cyclical Ecological Trajectory Analysis (CETA), an extension of Ecological Trajectory Analysis, allowing describing and comparing cyclical dynamics in a multidimensional context. CETA provides metrics to quantify cycles' geometry and resemblance in a multidimensional space and offers a multidimensional equivalent of the concept of phenological advance and delays. We illustrate the use of CETA on a multiannual zooplankton community dataset in the North Sea.

*Intervenant

Ten quick tips to get you started with Bayesian statistics

Olivier Gimenez^{*1}, Andy Royle , Marc Kéry , and Chloé Nater

¹CEFE – CNRS, CNRS : UMR5175 – France

Résumé

Bayesian statistics is a framework in which our knowledge about unknown quantities of interest (especially parameters) is updated with the information in observed data, though it can also be viewed as simply another method to fit a statistical model. It has become popular in many branches of ecology. Bayesian statistics is particularly valuable because it allows researchers to incorporate prior knowledge, handle complex systems, and work effectively with limited or messy data. However, most biologists are trained in frequentist techniques, and the learning curve to become fluent in Bayesian statistics may be perceived as too time-consuming to undertake, or the prospect of adopting an unfamiliar statistical framework can simply appear too daunting. We provide a list of 10 tips to help you get started with Bayesian statistics. This contribution isn't just for newcomers; even those with some experience in Bayesian methods may find it a useful roadmap to design, conduct, and publish Bayesian analyses. We've drawn mainly on our experience teaching and working with ecologists, but we hope these tips will be relevant to a broader audience of biologists. For those seeking to deepen their understanding, we point to more comprehensive resources that offer in-depth exploration of Bayesian statistics.

*Intervenant

Application de ” close-kin mark-recapture ” pour estimer la taille de la population d’ours noirs Américains

Sévêque Anthony^{*1,2}, Robert Lonsinger³, Lisette Waits⁴, Kristin Brzeski⁵, Caitlin Ott-Conn⁶, Sarah Mayhew⁶, Cody Norton⁶, Tyler Petroelje⁶, Anais Tallon⁷, and Dana Morin²

¹Senckenberg Climate and Research – Allemagne

²Mississippi State University [Mississippi] – États-Unis

³United States Geological Survey – États-Unis

⁴University of Idaho [Moscow, USA] – États-Unis

⁵Michigan Technological University – États-Unis

⁶Michigan Department of Natural Resources – États-Unis

⁷Helmholtz institute for functional marine biodiversity – Allemagne

Résumé

Les modèles de ” close-kin mark-recapture ” (CKMR) utilisent les informations sur la parenté génétique entre individus pour estimer des paramètres démographiques tels que l’abondance de la population, son taux de croissance, ou les taux de survie. En traitant le génotype d’un individu comme une ” recapture ” du génotype de chacun de ses parents, le CKMR utilise la fréquence de paires apparentées détectées dans un échantillon de la population pour estimer les paramètres démographiques. Un avantage notable de cette méthode est qu’elle ne nécessite pas de recapturer les individus, permettant ainsi l’utilisation d’échantillons létaux tels que ceux issus de la chasse ou de collisions routières. Le CKMR compare la parenté ” réelle ” entre deux individus (confirmée par génotypage) à leur probabilité de parenté estimée a priori en fonction de certaines variables. Les facteurs liés à la biologie reproductive de l’espèce et au protocole d’échantillonnage influencent le choix des variables et des paramètres démographiques intégrés aux modèles de probabilité de parenté. Dans cette étude, nous présentons des modèles CKMR appliqués à une population d’ours noirs Américains (*Ursus americanus*) dans le Michigan, utilisant des échantillons issus de la chasse pour estimer la taille de la population et son taux de croissance. Nos modèles utilisent les relations entre parents et enfants, et intègrent diverses caractéristiques reproductives telles que la variabilité de l’âge de première reproduction, la fécondité par l’âge, et la reproduction non-annuelle. Nous proposons également une formulation spatialement-explicite qui corrige les biais associés à la structure de la population et l’échantillonnage hétérogène en incorporant les distances de dispersion natale dans les probabilités de parenté. En conclusion, nos résultats démontrent que le CKMR a un grand potentiel comme outil de suivi des populations, mais sa mise en œuvre efficace nécessite une adaptation rigoureuse aux caractéristiques de la population cible et la prise en compte des biais d’échantillonnage potentiels.

*Intervenant

Sur l'identifiabilité des modèles espace-état linéaires stochastiques

Julien Gibaud*¹ and Frédéric Barraquand¹

¹Institut de Mathématiques de Bordeaux – Université de Bordeaux, Institut polytechnique de Bordeaux, Centre National de la Recherche Scientifique – France

Résumé

Les modèles espace-état (SSMs) sont des systèmes dynamiques définis par deux processus. Le processus d'état, qui n'est pas directement observé, modélise la transformation des états au cours du temps. D'autre part, le processus d'observation produit les observables sur lesquels l'ajustement du modèle et la prédiction sont basés. L'écologie utilise fréquemment des SSMs stochastiques pour représenter la dynamique imparfaitement observée de la taille des populations ou du mouvement des animaux. Cependant, des problèmes d'identifiabilité des paramètres sont rencontrés par les écologues. Dans le contexte des SSMs linéaires déterministes, l'identifiabilité peut être déterminée à l'aide de plusieurs concepts comme la fonction de transfert. Plus récemment, il a été proposé d'étudier l'identifiabilité des SSMs au moyen d'*exhaustive summaries*, qui sont des représentations simplifiées du modèle. Un *exhaustive summary* est un vecteur de combinaisons de paramètres qui détermine de manière unique le modèle. Toutefois, les SSMs se présentent sous différentes formes et les écologues s'intéressent particulièrement aux versions stochastiques en temps discret. Si le caractère discret du temps ne constitue pas un défi, la définition d'un bon *exhaustive summary* pour un SSM stochastique nécessite plus de réflexion. En effet, les approches proposées dans la littérature ne permettent pas de prendre en compte la dépendance possible entre les paramètres de variance et les paramètres du processus. Pour évaluer correctement l'identifiabilité des SSMs en écologie, nous devons construire des *exhaustive summaries* qui reflètent les interactions possibles entre tous les paramètres. La densité spectrale joue un rôle équivalent à la fonction de transfert pour l'identifiabilité des SSMs stochastiques. Dans ce travail, nous définissons ainsi un nouvel *exhaustive summary* basé sur cette dernière. Si le temps le permet, cette théorie sera appliquée à un modèle de dynamique des populations (vanneau huppé) et un modèle de mouvement (ours polaire).

*Intervenant

Modélisation de données génétiques pour informer la gestion des pêches

Verena Trenkel*¹

¹Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer - Nantes (IFREMER Nantes) – Institut Français de Recherche pour l'Exploitation de la Mer (IFREMER) – Rue de l'Île d'Yeu - BP 21105 - 44311 Nantes Cedex 03, France

Résumé

La disponibilité accrue des données génétiques a permis d'obtenir des tailles d'échantillons suffisantes pour des applications à l'échelle des populations et donc pour la gestion de la pêche. Dans cette présentation, j'aborderai l'estimation d'abondance basée sur le nombre d'individus apparantés. Diverses hypothèses simplificatrices peuvent être formulées pour pallier les limites des données, telles que l'absence d'informations sur l'âge des individus échantillonnés. L'approche est appliquée à deux cas d'étude, la raie bouclée et le maigre, dont la biologie diffère sur plusieurs aspects.

*Intervenant

Dynamique de population de *Dreissena polymorpha* : un indicateur pour la biosurveillance des milieux aquatiques

Chloe De Vernisy*^{1,2}, Lucas Gualandi², Clement Bojic², Manon Bain^{1,2}, Claire Caillard²,
Bénédicte Sohm², Sandrine Pain-Devin^{1,2}, and Simon Devin^{1,2}

¹LTSER France, Zone Atelier du Bassin de la Moselle, F-57000 Metz, France – LTSER Zone Atelier du
Bassin de la Moselle – France

²Université de Lorraine, CNRS, LIEC, F-57000 Metz, France – Université de Lorraine, Centre National
de la Recherche Scientifique - CNRS – France

Résumé

L'étude des dynamiques de population d'espèces sentinelles, telles que *Dreissena polymorpha* (moule zébrée), fournit des données précieuses pour évaluer les impacts environnementaux et anthropiques sur les écosystèmes d'eau douce. Grâce à sa stratégie de reproduction et son comportement filtreur, cette espèce est un bioindicateur clé en biosurveillance aquatique. Le suivi temporel de la taille des individus et de leur nombre, basé sur les données de croissance, de fécondité et de survie issues de prélèvements répétés dans le milieu naturel, permet d'obtenir les données nécessaires à l'élaboration d'un modèle matriciel. Ces modèles sont essentiels pour prédire les fluctuations des effectifs et mieux comprendre la structuration des populations en classes d'âge. La construction de ce modèle repose sur l'estimation de l'âge des individus, en utilisant le modèle de croissance individuel de Von Bertalanffy, qui permet de calculer la vitesse maximale de croissance d'une espèce en fonction du temps. Ce modèle est issu de la décomposition plurimodale des données de taille de la moule zébrée selon la méthode de Bhattacharya, qui a permis d'identifier les différentes cohortes (classes de taille) et de réaliser un suivi diachronique des prélèvements effectués à différentes dates.

Une fois les suivis diachroniques effectués, les constantes du modèle de croissance individuel peuvent être déterminées, ce qui permet de déduire l'âge des individus selon leur taille et de calculer les paramètres essentiels à la construction du modèle matriciel.

Dans le bassin Rhin-Meuse, les réponses biochimiques mesurées chez *Dreissena polymorpha* révèlent une variabilité spatio-temporelle, soulignant son utilité dans l'étude des impacts des contaminants. L'étude de ces marqueurs chimiques et de leur variabilité permet de mieux comprendre les interactions, entre l'échelle individuelle et populationnelle, et d'approfondir l'analyse des pressions environnementales.

L'intégration de marqueurs biochimiques, renseignant sur le niveau de stress ressenti par les organismes, aux paramètres démographiques a pour objectif d'enrichir les stratégies de biosurveillance. Cette approche intégrative, reliant les réponses subindividuelles et populationnelles, offre une meilleure compréhension de l'état des populations et des pressions environnementales exercées sur celles-ci, tout en orientant les stratégies de gestion et de protection durable.

*Intervenant

Unravelling transcriptomic response dynamics in ecotoxicology

Ellis Franklin^{*1,2}, Sophie Prud'homme³, JÉRÉMIE Ohanessian³, Billoir Elise³, and Marie-Laure Delignette-Muller²

¹Université de Lorraine, CNRS, LIEC, F-57000 Metz, France – Université de Lorraine, CNRS, LIEC, F-57000 Metz, France – France

²Université de Lyon, CNRS, VetAgro Sup, LBBE, F-69622, Villeurbanne, France – Université de Lyon, CNRS, VetAgro Sup, LBBE, F-69622, Villeurbanne, France, Université de Lyon, CNRS, VetAgro Sup, LBBE, F-69622 Villeurbanne, France – France

³Université de Lorraine, CNRS, LIEC, F-57000 Metz, France – Université de Lorraine, CNRS, LIEC, F-57000 Metz, France – France

Résumé

Ecotoxicology examines how toxic substances, whether of anthropogenic or natural origin, impact ecosystems, linking fundamental research with environmental risk assessment. Despite being overlooked in global change ecology, pollution remains a leading cause of biodiversity loss.

To investigate the effects of substances on biological systems, omics technologies are increasingly used in ecotoxicology. A typical ecotoxicogenomic study assesses the impact of a compound at different dose levels, often at a single exposure time. However, gene expression is dynamic, and observing only one time point may obscure key mechanisms of action. Therefore, incorporating time as a variable in such studies is essential.

When designing experiments across multiple doses and time points, a major challenge lies in identifying gene alteration patterns that correlate with both factors. Most ecotoxicogenomics analysis methods analyse molecular changes at each time point separately, making it difficult to capture dynamic, time-dependent dose-response (DR) relationships. We hypothesise that a detailed time-dose-response (TDR) analysis is crucial for identifying toxicant modes of action.

In this study, we use a TDR transcriptomic dataset with *Daphnia magna*, a model organism in ecotoxicology, exposed to dibutyl phthalate, an endocrine disruptor ubiquitous in freshwater systems and classified as reprotoxic by the European CHEMicals Agency (ECHA). This dataset provides an ideal framework to examine transcriptomic response dynamics across both dose and time gradients.

We evaluate the integration of time as a variable in DR trend tests employed by DRomics, an R package for DR analysis. These tests rely on the DESeq2 R package to identify deregulated transcripts, using rough parametric models for linear and quadratic DR trends. DESeq2 analyses RNA sequencing count data using a negative binomial (Gamma-Poisson) generalized

*Intervenant

linear model (GLM). By extending these trend tests to include time, we can better explore how dose influences expression kinetics in both linear and quadratic patterns. To this end, we explored various trend tests to evaluate the effects of dose on expression kinetics, identifying transcripts with time-dose-dependent responses. Coupled with custom TDR visualisations and biological annotations, our approach highlights the importance of integrating time into experimental designs and data analysis in ecotoxicogenomic studies.

Simuler des trajectoires d'oiseaux marins conditionnées par l'environnement : une approche basée sur l'intelligence artificielle générative

Julien Patras*¹, Ronan Fablet², Adrien Brunel¹, and Lanco Sophie¹

¹MARine Biodiversity Exploitation and Conservation - Station Ifremer Sète – Institut de Recherche pour le Développement – France

²Lab-STICC, UMR 6285 – IMT Atlantique, Brest, France, Centre national de la recherche scientifique - CNRS (France) – France

Résumé

Les oiseaux marins sont des indicateurs de l'état de santé des écosystèmes marins où ils se nourrissent et évoluent. Grâce à des capteurs de position, nous avons désormais accès à des données détaillées sur leurs trajectoires, permettant notamment d'observer leurs trajectoires, d'inférer leurs états comportementaux et d'identifier des zones de pêche. Cependant, la modélisation de l'importance des facteurs environnementaux sur ces comportements reste largement à explorer et est cruciale pour l'évaluation d'impacts de scénarios futurs sur ces espèces, déjà largement menacées. La simulation de trajectoires conditionnées par l'environnement émerge comme une approche prometteuse, déjà exploitée dans des domaines tels que les véhicules autonomes (voitures, bateaux) et les déplacements humains en milieu urbain grâce à l'intelligence artificielle générative, permettant des simulations réalistes dans des environnements variés. Dans ce contexte, nous proposons deux modélisations des trajectoires d'oiseaux marins et des conditions environnementales associées, et développons des modèles d'intelligence artificielle générative permettant la simulation de trajectoires réalistes.

*Intervenant