

# **Développement d'outils de surveillance multi-échelles de la diversité fongique dans les espaces forestiers en libre évolution**

**Type de contrat** : CDD (contrat post-doctoral)

**Durée** : 16 mois

**Prise de fonction** : septembre 2026

**Localisation** : Toulouse, France

**Rémunération mensuelle** : 3 000 euros brut

## **1/ Contexte général et objectifs du projet**

L'Office National de Forêts (ONF) est engagé dans un suivi à long terme de la diversité de la fonge dans 55 Réserves Biologiques forestières dont elle a la charge (dispositif BiodiverSylva) sur lesquels des dispositifs de suivi sont développés dans diverses disciplines (habitat, flore, fonge etc.). Le metabarcoding de l'ADN environnemental (ADNe) offre une opportunité unique pour un tel suivi à large échelle, en s'appuyant sur le réseau mycologique de l'ONF et ses agents (projet MétaMyco). En mettant à profit des évolutions technologiques récentes en termes de séquençage de l'ADNe et des jeux de données acquis dans plusieurs sites forestiers en libre évolution en France métropolitaine, ce projet vise à :

- tester si le séquençage en marqueurs longs améliore la détection des espèces patrimoniales à partir de l'ADNe des sols pour valider le choix de la méthode de séquençage pour l'ensemble du suivi,
- évaluer le potentiel de l'ADNe à renseigner les indicateurs de suivi mycologique utilisés pour la surveillance de la fonge dans les espaces protégés ;
- estimer des indicateurs à différentes échelles spatiales, à partir du metabarcoding de l'ADNe.

Ce recrutement s'effectue dans le cadre du projet FungiDiv-SCALE, financé par l'Office Français de la Biodiversité.

## 2/ Etat de l'art

Le récent développement du séquençage haut débit et notamment du metabarcoding a révolutionné nos connaissances de l'écologie des micro-organismes, ainsi que de leur diversité, en particulier dans les écosystèmes forestiers. L'évaluation à large échelle des communautés fongiques a ainsi permis de montrer l'importance des champignons ectomycorhiziens pour la croissance des forêts européennes, constituant un tipping point pour l'équilibre de ces écosystèmes. En France, des réseaux d'observations s'appuient sur ces nouveaux outils, soulignent la biodiversité fongique et son importance dans la connectivité des forêts par exemple. Néanmoins ces outils restent encore discutés pour la surveillance de la fonge – et peu connectés aux observatoires ciblant les carpophores.

En effet, les études en metabarcoding sur la fonge ont peu mobilisé les outils d'analyses des inventaires mycologiques par carpophores, ni les bases de données associées, et ont encore peu transféré leurs protocoles dans un contexte de surveillance de la biodiversité terrestre. Plusieurs études ont par ailleurs montré les limites du metabarcoding de l'ADNe pour détecter tant des espèces de la liste rouge particulièrement menacées (Copoț et al., 2024) que des espèces saproxyliques et souvent patrimoniales (Frøslev et al., 2019). Pour les champignons au moins, les inventaires par carpophores et l'usage de l'ADNe sont ainsi maintenus en parallèle, et vus comme des outils complémentaires (Cazabonne et al., 2022) pour la description taxonomique de la diversité.

L'usage du metabarcoding de l'ADNe pour décrire la diversité de la fonge pourrait néanmoins apporter des données centrales pour le suivi des espèces en France, d'autant plus si les limites de résolution taxonomique étaient levées. En effet l'une des critiques du metabarcoding de l'ADNe porte sur la faiblesse des conclusions lorsqu'il s'agit de discuter d'espèces : l'usage de marqueurs courts conduit souvent à des conclusions sur la distribution des ordres, familles, genres, et dans une moindre mesure, des espèces. Chez les champignons, les modes de vie trophiques sont relativement conservés au niveau du genre (Nguyen et al., 2016; Pölme et al., 2020) et permettent de réaliser des conclusions écologiques. Mais une assignation taxonomique trop large ne permet pas de faire le lien avec l'aire de distribution, le statut de protection, ou l'association à un hôte.

Le développement récent de séquençage en marqueurs longs (Guerra et al., 2022; Tedersoo & Lindahl, 2016) pourrait permettre une coopération plus étroite entre experts taxonomistes des champignons et écologues. L'état de dégradation de l'ADNe dans les sols pourrait néanmoins limiter l'usage de marqueurs longs - et ce paramètre nécessite d'être testé pour évaluer la couverture d'échantillonnage obtenue avec un tel séquençage.

Enfin, les inventaires mycologiques par carpophores ont jusqu'ici permis l'évaluation d'indicateurs au niveau des réserves, et la description de l'aire de distribution des espèces. Dans l'optique d'une surveillance des forêts en libre évolution, des indicateurs reflétant la dynamique de ces écosystèmes, ainsi que leur contribution à l'hétérogénéité globale seraient complémentaires, et peuvent être décrits en mobilisant l'écologie des communautés à partir

des données ADNe. Pour caractériser l'état et la dynamique de la biodiversité face aux changements globaux, McGill et al. (2015) soulignent la nécessité de développer une vision multi-échelles spatiales et multi-métriques. Ceci afin de dépasser l'approche la plus répandue et la plus simple de mise en œuvre, qui consiste à estimer la diversité alpha d'une communauté (Hillebrand et al, 2018). Le taux de changement entre des communautés (ou diversité bêta), que ce soit dans l'espace ou dans le temps, ainsi que l'abondance ou la biomasse sont souvent complémentaires dans le diagnostic de tendance de la biodiversité. L'intérêt de la diversité bêta pour établir des stratégies de conservation de la biodiversité a plus particulièrement été mis en avant par Socolar et al. (2016).

### **3/ Missions**

La personne recrutée sera mobilisée pour analyser des données déjà acquises, avec des marqueurs courts et des marqueurs longs, pour comparer le niveau taxonomique, ainsi que les outils d'assignations disponibles pour assurer le lien avec les bases de données sur l'écologie des taxons. L'assignation par placement phylogénétique des données sera testée à partir des fragments longs. Cette étape permettra d'évaluer si l'ADNe séquencés en marqueurs long est à la fois suffisamment conservé pour rester représentatif et informatif taxonomiquement.

Un autre volet du travail concernera le calcul de différentes métriques de diversité beta en analysant leur sensibilité à la quantification des MOTU (ou espèce) et le poids donné aux MOTUs (ou espèces) rares dans le jeu de données. L'objectif est de pouvoir identifier les processus écologiques à l'œuvre dans les tendances constatées en termes d'évolution de la diversité globale et aux différentes échelles spatiales. Une analyse de sensibilité sera conduite pour évaluer l'influence, sur ces différentes métriques, de l'effort d'échantillonnage déployé à différentes échelles spatiales.

Enfin, la personne recrutée participera activement au développement du dispositif MétaMyco et œuvrera à son déploiement à l'ONF, avec l'aide des membres du réseau mycologie de l'ONF.

### **4/ Activités :**

- Analyser les données
- Rédiger deux publications scientifiques sur la base des résultats obtenus
- Collaborer avec les différents partenaires du projet
- Participer à plusieurs mission de terrain pour des prélèvements de sol, d'abord en tant qu'opérateur, puis en tant que formateur.

## 5/ Compétences et profil :

- Traitement bio-informatique de données issues de séquençage haut-débit
- Maîtrise des concepts de base d'écologie des communautés
- Maîtrise des analyses statistiques classiques de l'écologie des communautés et potentiellement des outils de phylogénie
- Capacité à interagir avec un public non-académique
- Maîtrise du français

## 6/ Contexte de travail :

Le projet se déroulera au sein de l'UMR DYNAFOR, avec un hébergement à l'Ecole d'Ingénieurs de PURPAN (Université de Toulouse). Le travail sera réalisé en étroite collaboration avec Mélanie ROY (UMR CRBE, Université de Toulouse) et Arnaud Giraudel (Office National des Forêts, réseau mycologique et recherche / développement). Un comité de suivi du projet, incluant d'autres experts mycologiques, est également prévu.

**7/ Contact :** antoine.brin@purpan.fr, melanie.roy@utoulouse.fr

**Candidature** à envoyer au plus tard le 15/04, accompagnée d'une lettre de motivation et d'un CV.

## 8/ Bibliographie

Cazabonne, J., Bartrop, L., Dierickx, G., Gafforov, Y., Hofmann, T. A., Martin, T. E., Piepenbring, M., Rivas-Ferreiro, M., & Haelewaters, D. (2022). Molecular-Based Diversity Studies and Field Surveys Are Not Mutually Exclusive : On the Importance of Integrated Methodologies in Mycological Research. *Frontiers in Fungal Biology*, 3, 860777. <https://doi.org/10.3389/ffunb.2022.860777>

Copot, O., Löhmus, A., Abarenkov, K., Tedersoo, L., & Runnel, K. (2024). Contribution of environmental DNA toward fungal Red Listing. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 22(9), e2791. <https://doi.org/10.1002/fee.2791>

Frøslev, T. G., Kjøller, R., Bruun, H. H., Ejrnæs, R., Hansen, A. J., Læssøe, T., & Heilmann-Clausen, J. (2019). Man against machine : Do fungal fruitbodies and eDNA give similar biodiversity assessments across broad environmental gradients? *Biological conservation*, 233, 201-212.

Guerra, C. A., Berdugo, M., Eldridge, D. J., Eisenhauer, N., Singh, B. K., Cui, H., Abades, S., Alfaro, F. D., Bamigboye, A. R., & Bastida, F. (2022). Global hotspots for soil nature conservation. *Nature*, 610(7933), 693-698.

Hillebrand, H., Blasius, B., Borer, E.T., Chase, J.M., Downing, J.A., Erickson, B.K., Filstrup, C.T., Harpole, W.S., Hodapp, D., Larsen, S., Lewandowska, A.M., Seabloom, E.W., Van de Waal, D.B., Ryabov, A.B. (2018) Biodiversity change is uncoupled from species richness trends:

Consequences for conservation and monitoring. *J Appl Ecol.*; 55: 169–184. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12959>

McGill, B., Dornelas, M., Gotelli, N. J., Magurran, A. E. (2015) Fifteen forms of biodiversity trend in the Anthropocene. *Trends in Ecology & Evolution*, 30, 2, 104-113. DOI: 10.1016/j.tree.2014.11.006

Nguyen, N. H., Song, Z., Bates, S. T., Branco, S., Tedersoo, L., Menke, J., Schilling, J. S., & Kennedy, P. G. (2016). FUNGuild : An open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. *Fungal Ecology*, 20, 241–248. <https://doi.org/10.1016/j.funeco.2015.06.006>

Põlme, S., Abarenkov, K., Henrik Nilsson, R., Lindahl, B. D., Clemmensen, K. E., Kauserud, H., Nguyen, N., Kjøller, R., Bates, S. T., Baldrian, P., Frøslev, T. G., Adojaan, K., Vizzini, A., Suija, A., Pfister, D., Baral, H.-O., Järv, H., Madrid, H., Nordén, J., ... Tedersoo, L. (2020). FungalTraits : A user-friendly traits database of fungi and fungus-like stramenopiles. *Fungal Diversity*, 105(1), 1–16. <https://doi.org/10.1007/s13225-020-00466-2>

Socolar, J. B., Gilroy, J. J., Kunin, W. E., & Edwards, D. P. (2016). How should beta-diversity inform biodiversity conservation? *Trends in ecology & evolution*, 31(1), 67–80.

Tedersoo, L., & Lindahl, B. (2016). Fungal identification biases in microbiome projects. *Environmental microbiology reports*, 8(5), 774–779.