

**Titre : Identification d'indicateurs biologiques du
fonctionnement des écosystèmes miniers restaurés**

Acronyme : Bioindic

I. RENSEIGNEMENTS GENERAUX

Titre de l'appel à projet	Identification d'indicateurs biologiques du fonctionnement des écosystèmes miniers restaurés.
Thématique scientifique choisie Rayer celles non retenues	1- Nickel et Société 2- Nickel et Technologie 3- Nickel et Environnement naturel
Interdisciplinarité La plupart des appels à projets correspondent à un questionnement pluridisciplinaire, parfois à cheval entre les sciences technologiques et/ou naturelles et/ou humaines. Les équipes qui soumettront veilleront donc à intégrer cette pluridisciplinarité Barrer les disciplines non concernées par le projet	A- Sciences du vivant B- Sciences de la terre C- Physique – Chimie (du sol) – Mathématiques et STIC (analyses bioinformatiques) D- Sciences humaines et sociales
Regroupement Rayer celui qui est non retenu	- Association avec des partenaires extérieurs - Non association avec des partenaires extérieurs
<i>Les partenaires peuvent appartenir au secteur public, au secteur privé (laboratoires, bureau d'étude) et au secteur associatif. Vous pouvez rajouter autant de partenaires, équipes, réseaux ou chercheurs, enseignant-chercheurs, ingénieurs de recherche que vous souhaitez.</i>	

Nom du Responsable du projet	Fabian CARRICONDE
Organisme d'appartenance (CNRS, INSERM, Université etc.)	Institut Agronomique néo-Calédonien (IAC)
Fonction	Chercheur, écologie moléculaire et mycologie
Intitulé de l'Unité de recherche	Axe 2 « Diversités biologique et fonctionnelle des écosystèmes terrestres »
Adresse	Centre IRD de Nouméa – BP 18239 – 98857 Nouméa Sud – Nouvelle-Calédonie
Téléphone(s)	+687 26 07 59
Courriel	carriconde@iac.nc
Nom des personnes de l'équipe (accompagné de : - leur spécialité, - leur organisme d'appartenance et - leur domaine de recherche	1) CARRICONDE Fabian Ecologie moléculaire, mycologie IAC, Axe 2
	2) FOGLIANI Bruno Ecologie des semences IAC, Axe 2
	3) LETELLIER Kelly Biologie moléculaire IAC, Axe 2
	4) L'HUILLIER Laurent Ecologie végétale IAC
	5) MAGGIA Laurent Ecologie, Génétique des populations CIRAD – IAC, Axe 2

	6) VEA Casimir Ecologie des semences IAC, Axe 2
	7) DUCOUSSO Marc Microbiologie, mycologie LSTM-CIRAD
	8) HANNIBAL Laure Microbiologie, biologie moléculaire LSTM – IRD
	9) JOURAND Philippe Ecologie, biochimie et biologie moléculaire LSTM – IRD
	10) LEBRUN Michel Biologie moléculaire et biochimie LSTM – Univ. Montpellier
	11) NAVARRO ELISABETH Génomique environnementale LSTM – IRD
	12) AMIR Hamid Ecologie microbienne UNC – LIVE
	13) CAVALOC Yvon Biologie moléculaire UNC – LIVE
	14) Valérie MEDEVIELLE Biologie végétale UNC-LIVE

Nom du Gestionnaire du crédit	Laurent L'HUILLIER
Courriel	luillier@iac.nc
Intitulé de l'unité/établissement gestionnaire du crédit Si différente de celle du porteur du projet	
Adresse	BP73 – Païta – Nouvelle-Calédonie
Téléphone	+687 43 74 27
Courriel	

II. RESUME DU PROJET

- **Contexte et positionnement du projet**

Les espèces s'éteignent aujourd'hui à un rythme supérieur à celui du bruit de fond de l'extinction naturelle (MEA, 2004) et de nombreux milieux subissent les pressions exercées par les activités anthropiques (Ellis & Ramankutty, 2008). Face à ces constats, une prise de conscience internationale a émergé sur la nécessité de préserver la diversité du monde du vivant et de restaurer les écosystèmes dégradés (Couvét & Teyssèdre-Couvét, 2010).

Dans ce contexte global, qu'en est-il de la Nouvelle-Calédonie ? La mise en place au cours des temps géologiques de sols issus de l'altération des roches ultramafiques, qui se caractérisent notamment par de faibles teneurs en éléments nutritifs ainsi que par de fortes concentrations en métaux lourds, est en partie à l'origine d'une richesse biologique riche et exceptionnelle. Les teneurs extrêmement élevées en nickel de ces sols ont également pour conséquence une exploitation minière intensive qui risque de s'intensifier dans les prochaines années (L'Huillier & Jaffré, 2010). L'exploitation minière, couplée à d'autres menaces, est responsable d'une forte dégradation des milieux terrestres. La Nouvelle-Calédonie n'échappe donc pas à la règle.

Depuis les années 1970, des actions de revégétalisation visant à remettre en place un couvert végétal ont été développées. Au cours de ces dernières décennies, les pratiques de revégétalisation ont largement évolué. Ces changements résultent en partie d'une meilleure connaissance de la biologie des espèces végétales, ainsi que de la volonté de développer des actions de restauration écologique, *i.e.* d'essayer de rétablir au plus proche la diversité, la structure et les fonctions des écosystèmes d'origines. La dynamique et le rétablissement de fonctions vont tout particulièrement dépendre du paysage dans lequel se situe la zone restaurée, ainsi que de la connectivité fonctionnelle (*i.e.* la dispersion efficace) entre les différents éléments du paysage. Afin de déterminer le statut d'un écosystème restauré et sa dynamique, un nombre croissant de travaux utilisent, les végétaux et les microorganismes du sol comme indicateurs biologiques (Banning *et al.*, 2011 ; Harris, 2003 ; Jaunâtre *et al.*, 2013).

- **Description scientifique et technique du projet**

- **Etat de l'art**

La restauration écologique a pour but de rétablir la structure, la diversité et la dynamique d'écosystèmes dégradés, au regard d'écosystèmes considérés comme « originels » (SER, 2004). L'optimisation de pratiques de restauration nécessite de mieux appréhender le fonctionnement des écosystèmes.

Les microorganismes du sol jouent des rôles essentiels dans divers processus, tels que la régulation des cycles des éléments, la stabilisation des sols et la nutrition hydrominérale des plantes (Smith & Read, 1997). Néanmoins, malgré ces rôles majeurs on ne connaît que très peu leurs diversités taxonomique, phylogénétique et fonctionnelle. Le développement récent de techniques de séquençage en masse a permis de faire un bond en avant. En effet, une diversité jusque-là insoupçonnée a été révélée (*e.g.* Buée *et al.*, 2009) et de nombreuses fonctions restent à découvrir (*e.g.* Fierer *et al.*, 2012). En fonction des milieux rencontrés et de la dynamique de ces milieux, les communautés et populations microbiennes vont varier (*e.g.* Fierer *et al.*, 2012 ; Gryta *et al.*, 2006).

Ces modifications environnementales, et la capacité des microorganismes à répondre à ces changements, font d'eux des indicateurs biologiques d'intérêts majeurs pour définir l'état des écosystèmes (Harris, 2009). En Nouvelle-Calédonie, des travaux se sont intéressés et s'intéressent aux champignons mycorhiziens, *i.e.* formant une association à bénéfices réciproques avec les racines de plantes. Certains travaux se sont notamment intéressés et s'intéressent à la caractérisation de la diversité taxonomique et sa structure (Perrier *et al.*, 2006 ; Amir et Ducouso, 2010 ; Carriconde et al, 2013). Toutefois, aucune des études menées n'a, à ce jour, réalisé une approche comparative sites restaurés *versus* écosystèmes « naturels ».

La reproduction, la dispersion et la germination sont des processus largement impliqués dans la dynamique des populations et des communautés végétales. En effet, ils participent au cycle de vie des plantes, en permettant aux individus nouvellement créés de s'installer dans de nouveaux milieux. La caractérisation de traits d'histoire de vie, tels que les modes de dispersion (*e.g.* anémochorie et zoochorie) et la dormance des graines, permet de mieux appréhender les capacités de disséminations des espèces végétales. Ces capacités de dispersion, et par conséquent les échanges entre individus, ont également été largement étudiées par des approches de génétique des populations. L'étude de la variabilité intra-spécifique permet de définir, de façon indirecte, les distances de dispersion, mais également les liens de parentés entre les individus et l'impact de la fragmentation sur les flux de gènes (Ortego *et al.*, 2010). En Nouvelle-Calédonie, des travaux ont été conduits tout particulièrement sur la germination et la dormance des graines dans un but de transfert technique pour la production de plants pour des actions de restauration (*e.g.* Wulff *et al.*, 2012), mais aucune étude n'a réellement portée sur la dynamique des écosystèmes en lien avec l'évolution de sites restaurés. En ce qui concerne les approches de génétiques, les travaux ont par exemple portés sur les rôles de facteurs dans la structuration des populations (projet CNRT « Biotop ») ou l'établissement de priorités de conservation (*e.g.* Wulff *et al.*, 2012 ; Maggia & Ollivier, 2011).

- **Objectifs, caractère ambitieux/novateur et pertinence du projet**

Dans le cadre de ce projet de recherche, nous nous proposons de comparer des écosystèmes restaurés à des écosystèmes « naturels » adjacents sur substrats ultramafiques. Cette comparaison sera réalisée au travers de divers grands modèles biologiques : les microorganismes du sol (bactéries et champignons) et les plantes, via des approches d'écologie des communautés, de génétique des populations et de l'expression de gènes fonctionnels. Il nous sera ainsi possible de développer des indicateurs biologiques de l'état d'un système restauré et de son évolution en terme de trajectoires de « récupération ». Ce travail se replacera également dans un contexte d'écologie du paysage. La dynamique d'un système va, en effet, en partie dépendre du paysage dans lequel il se situe, notamment aux niveaux des aspects de connectivités et de capacités de dispersion (connectivité fonctionnelle).

Les objectifs principaux de cette étude sont donc **(i)** de caractériser les diversités génétique, taxonomique et fonctionnelle des bactéries, champignons et plantes de zones restaurées et d'écosystèmes « naturels » dans un paysage donné, **(ii)** de déterminer les processus écologiques à l'origine de la structure observée (*e.g.* connectivité fonctionnelle) et **(iii)** de mettre en place des indicateurs biologiques du statut des écosystèmes restaurés.

- **Programmation scientifique et technique**

- **Programme scientifique et structuration du projet**

Comme indiqué précédemment, le projet de recherche CNRT « Bioindic » combinera des approches allant de l'écologie des communautés à l'expression de gènes de fonctions, en passant par la génétique des populations chez divers modèles d'organismes. Les travaux porteront plus précisément sur :

- L'écologie des communautés des microorganismes du sol (bactéries et champignons) et des plantes ;
- L'écologie des semences ;
- La génétique des populations de plantes modèles ;
- Et finalement, l'expression de gènes chez les champignons ectomycorhiziens impliqués dans le fonctionnement des écosystèmes.

Il est important de noter que le projet proposé dans cet appel d'offre vient dans la continuité et en complément d'autres travaux en cours de réalisation. En effet, il s'inscrit dans un contexte global de recherche largement développé par l'Institut Agronomique néo-Calédonien (IAC), l'Université de la Nouvelle-Calédonie (UNC) et l'UMR LSTM avec l'ensemble des opérateurs miniers présents sur le territoire (KNS, SLN, ValeNC et Xstrata).

- **Coordination du projet**

- Le projet sera coordonné par Fabian Carriconde, chercheur à l'IAC en écologie moléculaire et mycologie.
- Ce projet est structuré autour de trois tâches interconnectées et complémentaires décrites par la suite. Pour chacune des sous-tâches, en fonction de leurs compétences dans le domaine traité, des responsables ont été définis.
- Des réunions de coordination seront organisées. Une réunion de démarrage aura lieu en début de projet afin de définir les sites d'études et les méthodologies d'échantillonnage à appliquer. Des réunions tous les 6 mois seront également organisées pour faire le point sur l'avancée des travaux en fonction du calendrier établi.
- Des rapports annuels sur l'avancement des travaux de recherche la première et deuxième année seront rendus, ainsi qu'un rapport final au bout des 3 ans.
- Il est envisagé d'organiser après le rendu du rapport final, un workshop sur les résultats obtenus en les replaçant dans un cadre plus général prenant en compte les travaux réalisés dans d'autres projets de recherche. Ce workshop pourra, par conséquent, porter sur la diversité, le fonctionnement et la restauration des écosystèmes miniers de Nouvelle-Calédonie.

- **Description des travaux par partie et par tâche**

Afin de répondre aux objectifs globaux, trois tâches distinctes et complémentaires ont été définies. Les tâches (hors tâche 1) ont été organisées en fonction des modèles d'études et des compétences selon les structures de recherche impliquées, tout en conservant une forte synergie entre les participants.

- Tâche 1 : « Appui aux tâches 2 et 3 ». Cette tâche vient en appui aux deux autres tâches : acquisition des données disponibles sur les sites d'étude, prospections terrain et

échantillonnage, complément d'inventaire floristique et analyses physico-chimiques du sol (responsable : Amir H.).

- Tâche 2 : « Microflore du sol : diversité et fonctionnalité ».
 - Sous-tâche 2.1 : caractérisation et structure de la diversité globale en bactéries et champignons.
 - Sous-tâche 2.2 : fonctionnalité des champignons endomycorhiziens, expérimentations en serres.
 - Sous-tâche 2.3 : expression de gènes fonctionnels chez les champignons ectomycorhiziens.
- Tâche 3 : « Communautés et populations végétales : des semences à la génétique des populations ».
 - Sous-tâche 3.1 : composition floristique et écologie des semences : dispersion et dynamique des communautés.
 - Sous-tâche 3.2 : génétique des populations d'espèces modèles : dispersion, cohortes et liens de parentés.

• Calendrier des tâches et des livrables

Le projet de recherche proposé sera réalisé sur trois années. Un calendrier synthétique regroupant l'ensemble des tâches est présenté ci-dessous.

	Année 1				Année 2				Année 3			
Trimestres	T1	T2	T3	T4	T1	T2	T3	T4	T1	T2	T3	T4
Bibliographie, choix sites et modèles échantillonnage												
Acquisition de données terrain et laboratoire												
Analyses des données et interprétation												
Rédaction rapports												

• Stratégie et valorisation des résultats et mode de protection et d'exploitation des résultats

Les résultats seront valorisés, aux niveaux scientifiques et techniques, *via* :

- Des communications à des congrès nationaux et internationaux ;
- La soumission pour publication dans des revues scientifiques internationales à comités de lecture ;
- La formation d'étudiants et de personnel impliqué ;
- L'établissement de recommandations pratiques pour les acteurs de la restauration en Nouvelle-Calédonie (collectivités et miniers). En effet, des indicateurs biologiques (floristiques et microbiens) sur la dynamique des écosystèmes, par conséquent sur l'état et les trajectoires de « récupération » des écosystèmes restaurés, seront proposés aux gestionnaires ;
- La réalisation d'un workshop sur la diversité, le fonctionnement et la restauration des écosystèmes miniers de Nouvelle-Calédonie.

- **Organisation du projet**

- **Qualification du porteur du projet**

Fabian CARRICONDE est chercheur à l'IAC, au sein de l'Axe 2 « Diversités biologique et fonctionnelle des écosystèmes terrestres ». Ses travaux de recherche portent sur les interactions plantes-microorganismes avec pour finalité la conservation et la restauration des écosystèmes sur substrats ultramafiques *via* la mise en place d'indicateurs biologiques. Il est actuellement responsable scientifique de deux projets. Le premier porte sur les champignons ectomycorhiziens de différentes formations forestières des terrains miniers, le second sur les interactions plantes-microorganismes sur une large échelle spatiale. D'un point de vue collaborations, il travaille avec des miniers (Vale NC et SLN) et différents partenaires scientifiques (Monash University (Australie), UMR EDB (CNRS-Université Toulouse III), UMR AGAP, UMR LSTM et Université de Lille 2). Il co-encadre deux thèses, dont l'une bénéficie du Prix d'Encouragement à la Recherche du Gouvernement de la Nouvelle-Calédonie.

- **Description, adéquation et complémentarité des participants**

Les personnes impliquées dans ce projet présentent des compétences dans des disciplines convexes nécessaires à la caractérisation des différents niveaux de diversités (communautés, populations et expressions de gènes) pour les modèles étudiés. Pour exemple, les champs de compétences portent sur l'écologie moléculaire, la microbiologie environnementale, l'écologie des semences et la génétique des populations de plantes.

Par ailleurs, une grande partie des participants a déjà travaillé en collaboration dans plusieurs études (*e.g.* ANR Ultrabio, CNRT Biotop). Ce projet se situe donc dans la continuité d'interactions scientifiques déjà mises en place depuis plusieurs années.

- **Les dimensions interdisciplinaires, interinstitutionnelles (si partenariat), et/ou internationales**

Comme indiqué précédemment, l'« équipe » est composée de membres travaillant dans diverses disciplines (*e.g.* écologie moléculaire, écologie des semences et génétiques des populations de plantes). Ce large spectre disciplinaire résulte de la collaboration entre des personnes appartenant à différentes structures de recherche : l'IAC, le CIRAD, l'UNC, l'IRD et l'Université de Montpellier 2. Certains d'entre eux font partis d'unités mixtes de recherche (UMR AGAP et l'UMR LSTM).

II. VERSION COMPLETE DU PROJET

1. Contexte et positionnement du projet

Au cours des deux derniers siècles, la population mondiale humaine a été multipliée par sept, passant de 1 à 7 milliards d'habitants (Nations Unies, 2012). Une telle augmentation démographique a des conséquences directes et indirectes sur notre environnement. En effet, l'impact de l'homme sur notre planète est tel que certains scientifiques commencent à parler de la sixième crise d'extinction majeure (*e.g.* Barnosky *et al.* 2011 ; Wake & Vredenburg, 2008), et désignent même une nouvelle époque géologique, l'anthropocène (*e.g.* Crutzen, 2002 ; Steffen *et al.*, 2007). Bien que ceci reste soumis à débat, il n'en est pas moins vrai que les espèces s'éteignent à un rythme supérieur à celui du bruit de fond de l'extinction « naturelle » (MEA, 2004) et que de nombreux milieux, dans des proportions variables, subissent les pressions exercées par les activités anthropiques (<http://sedac.ciesin.columbia.edu/data/collection/wildareas-v2>; Ellis & Ramankutty, 2008). Ce déclin de la diversité biologique, également appelée biodiversité, a en retour des conséquences potentielles sur les sociétés humaines et leur bien être, que ce soit aux niveaux économique, social, sanitaire et culturel (Couvét & Teyssèdre-Couvét, 2010). Face à ces constats et dans un souci de développement durable, une prise de conscience internationale a émergé sur la nécessité de préserver la biodiversité dans ses différentes composantes, d'enrayer cette perte de biodiversité et de restaurer les écosystèmes dégradés (Couvét & Teyssèdre-Couvét, 2010).

Dans ce contexte global, qu'en est-il de la Nouvelle-Calédonie ? La Nouvelle-Calédonie, de par notamment son isolement géographique et son histoire géologique complexe, présente une biodiversité riche et originale (*e.g.* Chazeau, 1993 ; Jaffré *et al.*, 2001 ; Meyer *et al.*, 2000). L'ensemble des menaces qui pèsent sur cette diversité biologique, font de cet archipel une zone prioritaire de conservation (Myers *et al.*, 2000) ; elle n'échappe donc pas à la règle. Cette richesse biologique, et de façon concomitante les pressions anthropiques existantes, résulte en grande partie de la formation au cours des temps géologiques de sols issus de l'altération de roches ultramafiques. Ces sols recouvrent environ un tiers du territoire et se caractérisent en partie par de faibles teneurs en éléments nutritifs (N, P, K et Ca), ainsi que par de fortes concentrations en métaux lourds (Ni, Co, Cr et Mg). La nature intrinsèque des substrats ultramafiques constitue donc un des facteurs ayant favorisé l'évolution des espèces et leur diversification (Pillon *et al.*, 2009). Les teneurs extrêmement élevées en nickel sont également à l'origine d'une exploitation minière ayant débuté il y a plus d'un siècle et qui, dans les prochaines années, risque de fortement s'accroître (L'Huillier & Jaffré, 2010). L'exploitation minière intensive, couplée aux feux dévastateurs, entraîne une forte dégradation de l'environnement terrestre en détruisant et fragmentant les formations végétales, et en mettant à nu les sols.

En Nouvelle-Calédonie, depuis les années 1970, afin de limiter les pollutions engendrées par l'exploitation minière, des moyens techniques de gestion des déchets (stockage des stériles) et des écoulements d'eaux ont été mis en place. En parallèle, des actions de revégétalisation visant à restaurer un couvert végétal, et ainsi limiter l'érosion des sols, ont également été développées. Au cours de ces 40 dernières années, les méthodes et pratiques de revégétalisation ont largement évolué. Ces changements résultent en partie d'une meilleure appréhension des traits d'histoire de vie de certaines espèces de plantes (*e.g.* dormance des graines, adaptations particulières), ainsi que de la volonté de développer des actions de restauration écologique, par conséquent de rétablir au

niveau d'un système dégradé la structure et le fonctionnement les plus proches d'un écosystème préexistant. Afin d'optimiser les actions de restauration écologique, il apparaît donc primordial de prendre en compte le paysage dans lequel s'inscrit la zone à restaurer (Bell *et al.*, 1997). La dynamique et le rétablissement de fonctions vont en partie dépendre de la structure paysagère dans son ensemble et de la connectivité entre les différentes unités du paysage. La comparaison, à l'aide d'indicateurs biotiques, d'un système restauré à des écosystèmes adjacents de références permet d'évaluer le statut du système et la trajectoire de celui-ci (Banning *et al.*, 2011 ; Harris, 2003). Il est ainsi possible de déterminer si la zone étudiée présente une trajectoire de « récupération » ou non, et a terme développer des modèles de prédictions (Banning *et al.*, 2011).

2. Description scientifique et technique

2.1. État de l'art

La restauration écologique a pour but de rétablir la structure, la diversité et la dynamique d'écosystèmes dégradés, au regard d'écosystèmes considérés comme « originels » (SER, 2004). Par définition, les écosystèmes sont la résultante de diverses composantes, aussi bien abiotiques que biotiques, et des interactions spatiales et temporelles qui existent entre ces composantes. L'optimisation de pratiques de la restauration nécessite donc de mieux appréhender la diversité à différents niveaux (communautés, populations et gènes) et la dynamique de cette diversité au sein d'écosystèmes restaurés et d'écosystèmes définis comme « originels ». Il apparaît donc primordial de s'intéresser à divers types de grands groupes d'organismes, à leurs interrelations et à leurs rôles fonctionnels.

2.1.1 La microflore du sol

Le sol abrite une très grande diversité de microorganismes, un seul gramme de sol pouvant contenir plusieurs milliers d'espèces (Fierer *et al.*, 2012). Néanmoins, nous ne connaissons qu'une infime partie de leur diversité taxonomique et des fonctions dans lesquelles ils sont impliqués. Pour exemple, d'un point de vue taxonomique, les mycologues s'accordent pour estimer le nombre d'espèces de champignons à la surface du globe à 1,5 million (Hawksworth, 2001), or seulement 100 000 espèces ont été décrites à ce jour (Kirk *et al.*, 2008). Au cours des deux dernières décennies le développement d'outils moléculaires s'intéressant au polymorphisme de l'ADN, a permis de faire un bond en avant dans l'identification et la caractérisation des communautés et des populations des microorganismes (*e.g.* Horton & Bruns, 2001 ; Carriconde *et al.*, 2008). Très récemment, l'apparition de techniques de séquençage en masse a permis de générer d'énormes jeux de données et de révéler une diversité jusque là insoupçonnée (*e.g.* Buée *et al.*, 2009). Un nombre croissant de travaux s'intéresse également à l'expression des gènes chez ces organismes, en se focalisant aussi bien sur les communautés que sur des espèces modèles (*e.g.* Fierer *et al.*, 2012 ; Majorel *et al.*, 2012). Ces approches permettent de mieux appréhender leurs rôles fonctionnels, notamment dans les interactions sol-plantes-microorganismes. De par les processus connus dans lesquels ils interviennent (*e.g.* nutrition hydrominérale des plantes et stabilisation des sols) (Smith & Read, 1997), une meilleure caractérisation de leurs diverses fonctions est en effet essentielle.

Les changements environnementaux peuvent entraîner des modifications rapides des communautés microbiennes (Harris, 2009). Cette caractéristique fait des microorganismes un indicateur biologique d'intérêt majeur pour définir l'état des écosystèmes (Harris, 2009). De plus en plus de travaux,

comparent des systèmes restaurés à des écosystèmes « naturels » (*e.g.* Harris, 2003 ; Banning *et al.*, 2011). Banning et ses collaborateurs (2011) ont par exemple montré que la dégradation des écosystèmes par l'activité minière altère la composition des communautés microbiennes. Leurs résultats indiquent également pour les bactéries une similarité croissante des communautés par rapport aux écosystèmes de références selon la chronoséquence. Il est ainsi possible d'envisager de mettre en place des modèles de prédiction de la dynamique des communautés microbiennes. L'évolution d'un système restauré va également dépendre de la proximité de formations végétales non dégradées. En effet, la présence de réseaux mycéliens ou de sources d'inoculum pourrait favoriser le recrutement de nouvelles espèces de plantes (*e.g.* Nara, 2006 ; Teste & Simard, 2008). Le paysage dans lequel s'inscrit un site dégradé est donc un des principaux éléments à prendre en compte.

En Nouvelle-Calédonie, des travaux se sont intéressés et s'intéressent aux champignons mycorhiziens, *i.e.* formant une association à bénéfices réciproques avec les racines de plantes. En fonction de leurs caractéristiques morphoanatomiques, et des associés fongiques qu'ils impliquent, plusieurs types de mycorhizes sont distinguées. Les deux principaux sont les champignons endomycorhiziens et ectomycorhiziens. Ces microorganismes sont connus pour être impliqués, par exemple, dans la nutrition hydrominérale des plantes ou encore la résistance des plantes aux pathogènes (Smith & Read., 1997). Ils interviennent donc dans la productivité et la dynamique des communautés végétales (Smith & Read, 1997). Leurs rôles fonctionnels primordiaux font donc de ces organismes des modèles d'intérêts majeurs. Les travaux menés en Nouvelle-Calédonie suggèrent notamment l'existence d'une forte diversité au sein de formations sur substrats ultramafiques chez ces deux types (Perrier *et al.*, 2006 ; Amir et Ducouso, 2010 ; Carriconde *et al.*, 2013). Néanmoins, ces études sont très récentes et n'ont fait qu'effleurer cette diversité et les processus à l'origine de cette diversité et de sa structure. Des études par une approche de séquençage haut-débit sur les bactéries et les champignons viennent d'être mises en place au travers de deux thèses de doctorat (thèses de Laurent Bordez et de Véronique Gourmelon). La première s'intéresse tout particulièrement au potentiel microbien des topsoils (*i.e.* sols de surfaces) et à leur gestion, sur le massif du Koniambo situé dans le Nord de la Nouvelle-Calédonie. La seconde est réalisée sur une plus large échelle spatiale (quatre sites localisés sur l'île principale, appelée Grande Terre), et a pour principal objectif de définir le rôle des microorganismes dans la dynamique des communautés végétales des terrains miniers dans un contexte de mosaïque paysagère (en relation avec les aspects de sources d'inoculum et de dispersions). Toutefois, aucun des travaux menés n'a, à ce jour, porté sur des sites restaurés.

2.1.2 Les communautés et populations végétales

La fragmentation d'un paysage génère une mosaïque d'unités de végétation, assimilables à des communautés végétales, dont la composition et la biomasse varient de proches en proches. Dans le cas extrême d'activités minières cette fragmentation peut aboutir à une alternance entre des secteurs périphériques encore végétalisés jouxtant d'autres secteurs exploités de densité quasiment nulle.

La reconstruction de ces milieux, dans des délais les plus courts possibles, passe nécessairement par l'établissement de « plantations starters », composées d'espèces choisies notamment pour leur caractère pionnier. Elles ont également pour rôle de soutenir des dynamiques évolutives liées à 1)

une augmentation de la biomasse végétale, 2) une diversification en espèces recrutées, 3) un maintien, voir une augmentation, de la diversité génétique des espèces présentes. Réels indicateurs, parmi d'autres, d'une dynamique de restauration qui sont aujourd'hui reformulés dans de nouveaux indices synthétiques de résilience et succès de restauration (Jaunâtre *et al.*, 2013).

La modification de la composition floristique introduite par plantation est de fait très dépendante de la relation qui lie les capacités de germination et de dispersion de graines et pollen, avec les distances et superficies des sources d'approvisionnement, que sont les aires naturelles non impactées avoisinantes. Ainsi, l'isolement spatial des fragments de milieux préservés ou reconstitués, n'entraîne pas directement et uniformément un isolement fonctionnel en préservant une connectivité écologique (Taylor *et al.*, 1993 ; With *et al.*, 1995 ; Tischendorf *et al.*, 2000a, 2000b ; D'Eon *et al.*, 2002, Spaggiari *et al.*, 2010). Lorsque cette connectivité est rompue, l'impact de la fragmentation se traduit par une dérive floristique et génétique. Le modèle extrême de cette rupture revient à considérer chaque fragment d'un paysage forestier comme une île dont le fonctionnement est indépendant des autres îles et des massifs attenants (MacArthur and Wilson, 1967; Cantrell *et al.*, 2001; Lomolino and Weiser 2001; Fahrig 2003).

Dispersion et la germination des semences apparaissent donc comme des facteurs clés pour la restauration des milieux dégradés. Ils soutiennent à eux deux le renforcement en individus de la biodiversité végétale des sites dégradés. Ils sont également porteurs de diversité du niveau intra-spécifique en compléments des flux de pollen à l'échelle des aires considérées. Les plasticités dispersive (Thompson *et al.*, 2010; Augspurger, 1986; Burrows, 1975; Howe and Smallwood, 1982) et germinative (Zongo, 2010) des espèces, influent sur leur adaptabilité, leur capacité à participer à la recolonisation des ouvertures, et de fait participent à garantir la dynamique des écosystèmes. La dispersion et la germination des graines ont été largement étudiées de par le monde et de grandes tendances ont été identifiées pour chacune d'elle vis-à-vis de leurs contributions propres dans les processus de colonisation végétale (Gautier-Hion *et al.*, 1985; Howe and Smallwood, 1982 ; Thompson *et al.*, 2011; Zongo, 2010; Fenner and Thompson, 2005).

L'effet de la fragmentation sur la diversité génétique des espèces, largement étudié dans le monde grâce essentiellement à l'avènement de nouvelles techniques d'investigations moléculaires, est reconnu comme délétère. Récemment, Ortego et ses collègues (2010) montrent que la fragmentation a réduit les flux de gènes de cohortes plus jeune aux regards des niveaux de diversités constatés chez les individus reproducteurs, générant ainsi une différenciation génétique entre classes d'âges. Toutefois, des modèles prédictifs fiables ne peuvent toujours pas être élaborés du fait du peu de données disponibles à ce jour (Lowe *et al.*, 2005).

La Nouvelle-Calédonie fait partie d'une des régions les plus riches en espèces dans le monde avec, comme corollaire, une concentration exceptionnelle en espèces endémiques, dont certaines sont aujourd'hui menacées (Myers *et al.*, 2000). Parmi elles, les espèces confinées aux substrats ultramafiques, sont particulièrement sensibles aux impacts de la fragmentation forestière et font face à des risques considérables d'extinction. Pourtant, il n'y a aujourd'hui encore que très peu d'études de génétiques des populations, axées essentiellement structuration et/ou conservation, sur les espèces endémiques (Bottin *et al.*, 2005 ; Caujapé-Castells *et al.*, 2008a ; Caujapé-Castells *et al.*, 2008b ; Caujapé-Castells et coll., 2010, Maggia et Ollivier, 2011). Il en est de même pour celles concernant la dispersion et la germination de semences en lien avec la dynamique des communautés

végétales, notamment dans un contexte de sites restaurés. A noter cependant qu'en Nouvelle-Calédonie des projets, sans liens avec la dynamique des communautés, ont été conduits sur la germination et la dormance des graines, ainsi que sur la réponse de ces dernières aux stress liés à l'ultramafisme (Fogliani *et al.*, 2004 ; Rabier *et al.*, 2009 ; L'huillier *et al.*, 2010 ; Zongo, 2010 ; Wulff *et al.*, 2012) ; comme d'autres ont abordé succinctement les phénomènes de dispersion des semences d'espèces endémiques (Charles-Dominique, 2003 ; L'huillier *et al.*, 2010 ; Zongo, 2010 ; Wulff, 2012). Dernièrement, de nouveaux projets sont initiés sur la structuration de la diversité génétique de *Tristaniaopsis calobuxus* en fonction des types de substrats fréquentés (projet « Biotop ») et sur *Agathis ovata* dans un contexte de fragmentation du paysage (projet « Corifor »). Une étude sur la dispersion/germination en lien avec la dynamique des maquis miniers sur le massif du Koniambo a également récemment démarré (projet IAC, XSTRATA).

2.2. Objectifs, caractère ambitieux/novateur et pertinence du projet

La volonté de travailler avec des espèces endémiques et de façon croissante avec des espèces présentes localement (L'Huillier *et al.*, 2010), traduit la prise en compte de l'environnement immédiat pour des actions de restauration en Nouvelle-Calédonie. Néanmoins, extrêmement peu d'études sur le Territoire se sont intéressées aux liens potentiels entre la restauration écologique et l'écologie du paysage, en particulier au niveau des terrains miniers. Une telle approche est par conséquent relativement novatrice pour la Nouvelle-Calédonie, mais également au niveau international où très peu de travaux portent sur ce sujet (e.g. Marzluff & Ewing, 2001).

Dans le cadre de ce projet de recherche, nous nous proposons de comparer les diversités génétique, taxonomique et fonctionnelle d'écosystèmes restaurés à des écosystèmes « naturels » adjacents sur substrats ultramafiques. Pour se faire, divers modèles biologiques, aux niveaux communautés et populations, seront étudiés : les microorganismes du sol (bactéries et champignons) et les végétaux. Il s'agit en fait d'évaluer le statut de la zone restaurée, *i.e.* de définir si le système présente une diversité et une structure biologique se rapprochant d'écosystèmes de références (écosystèmes « naturels » juxtaposés) (Banning *et al.*, 2011 ; Harris, 2003) (Figure 1). Ce statut rend lui-même compte de la dynamique au sein de l'écosystème considéré, par conséquent de son fonctionnement. Cette même dynamique, au niveau microbien ou végétal, va dépendre des communautés initialement présentes sur le site et des communautés avoisinantes pouvant servir de sources d'inoculum et de propagules. Les changements au cours du temps de l'abondance des espèces et de la composition de l'assemblage au niveau spécifique dépendent donc, en grande partie, des capacités de dispersion des espèces et de leur environnement. L'hétérogénéité spatiale au niveau du paysage et la connectivité entre les différentes unités paysagères va en effet influencer sur la dispersion et l'établissement des individus. Ce projet permettra donc de potentiellement développer des indicateurs biologiques traduisant l'état d'un système et son évolution en termes de trajectoires de « récupération » (Figure 1). En ce qui concerne l'optimisation des actions de restauration, les résultats obtenus pourront contribuer à l'établissement des stratégies à adopter dans la mise en place de nouveaux programmes (Bell *et al.*, 1997).

Les objectifs principaux de cette étude sont donc :

- (i) De caractériser les diversités génétique, taxonomique et fonctionnelle des bactéries, champignons et plantes de zones restaurées et d'écosystèmes « naturels » dans un paysage donné ;

- (ii) De déterminer les processus écologiques à l'origine de la structure observée (e.g. connectivité fonctionnelle) ;
- (iii) Et de mettre en place des indicateurs biologiques de l'état des écosystèmes restaurés.

Les objectifs proposés peuvent de plus se situer au-delà de la réponse à l'appel d'offre 2 du CNRT « Nickel & son environnement ». En effet, les indicateurs développés pourront, potentiellement dans le futur, être utilisés pour l'évaluation des succès/échecs de programmes de restauration, aspect inscrit dans l'appel d'offre 1 du CNRT.

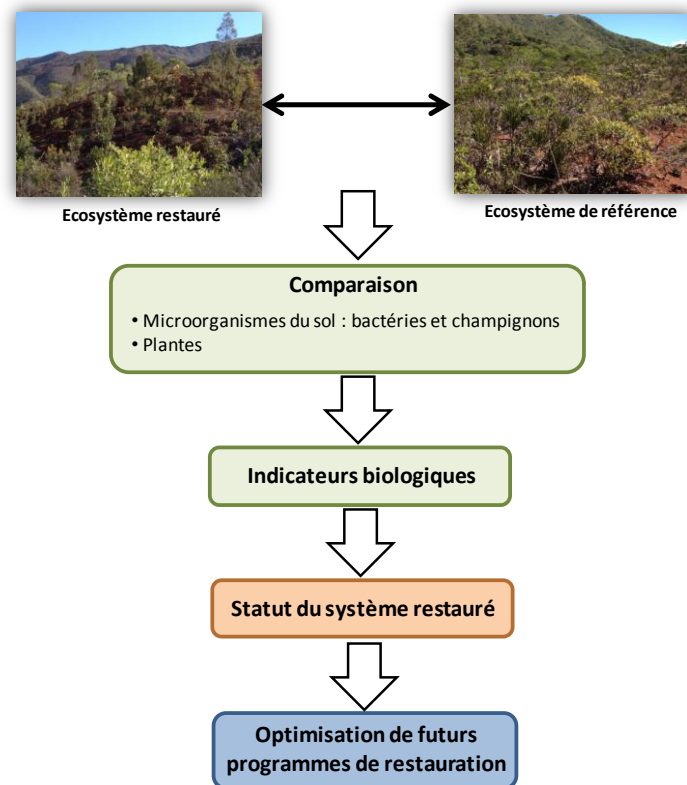


Figure 1 : schéma explicatif sur l'évaluation du statut d'un système restauré et les implications pratiques attenantes.

3. Programme scientifique et technique, organisation du projet

3.1. Programme scientifique et structuration du projet

3.1.1 Des communautés à l'expression des gènes

Comme indiqué précédemment, l'idée est ici de combiner des approches allant de l'écologie des communautés (assemblage des espèces et composition) à l'expression de gènes de fonctions, en passant par la génétique des populations. Ces différentes approches permettront de caractériser la diversité, la structure de cette diversité et les processus impliqués au sein d'écosystèmes sur substrats ultramafiques. Il sera ainsi possible de mieux appréhender, à l'échelle du paysage, notamment la dispersion aux niveaux des communautés et des populations, par conséquent la dynamique selon différents niveaux hiérarchiques, et les processus relatifs aux interactions entre les différentes composantes biotiques et abiotiques. Trois grands types de modèles biologiques seront

étudiés : les bactéries, les champignons et les végétaux. Les travaux porteront (voir Figure 2), de façon complémentaire, plus précisément sur :

- L'écologie des communautés des microorganismes du sol (bactéries et champignons) et des plantes ;
- L'écologie des semences ;
- La génétique des populations de plantes modèles ;
- Et finalement, l'expression de gènes impliqués dans le fonctionnement des écosystèmes, en se focalisant sur un groupe d'intérêts de champignons associés symbiotiquement aux plantes, les champignons ectomycorhiziens.

A ces analyses de biodiversité viendra se coupler la caractérisation physico-chimique des sols.

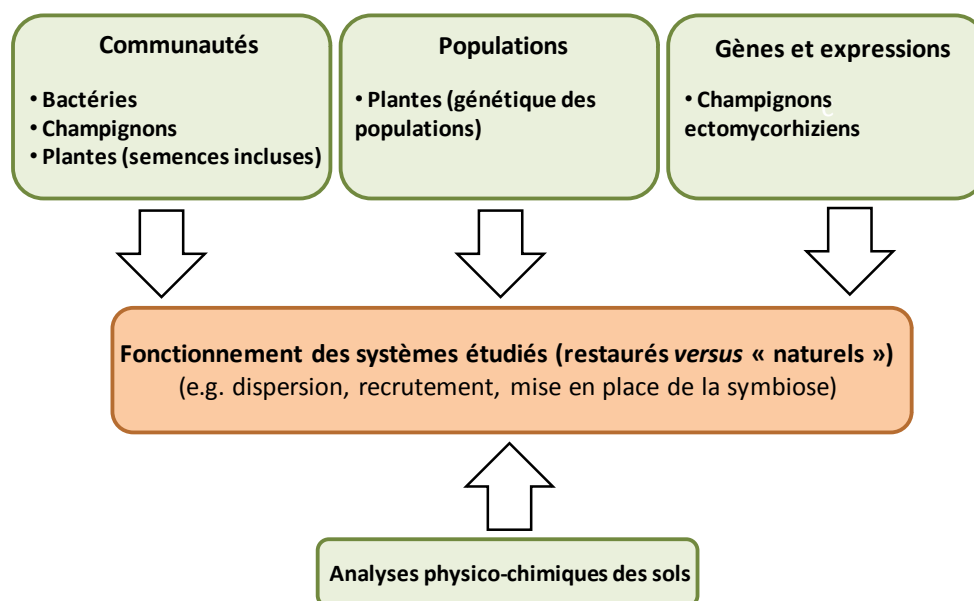


Figure 2 : Schéma synthétique des différentes approches entreprises permettant de caractériser directement et indirectement le fonctionnement des écosystèmes étudiés.

3.1.2 Aspects techniques

Dans un souci de complémentarité, nous nous proposons de travailler dans le Sud de la Grande Terre au sein de la zone étudiée dans le cadre du projet CNRT Corifor intitulé « Caractérisation des connectivités structurelles et fonctionnelles des paysages fragmentés sur sols ultramafiques ». Ce projet se focalise sur les forêts sur substrats ultramafiques et cherche à caractériser la connectivité écologique entre les fragments forestiers. Bien que cette étude ne s'intéresse pas aux aspects de restauration écologique en lien avec l'écologie du paysage, l'approche spatiale se rapproche dans une certaine mesure de celle envisagée dans notre étude. De plus, la réalisation de différentes études dans une même aire géographique pourrait faire émerger cette région comme une zone atelier de référence. Néanmoins, il est important de noter que le choix définitif de la zone d'étude dépendra des modalités de restaurations préalablement utilisées sur les sites pressentis d'intérêts (voir ci-après).

En ce qui concerne les sites restaurés, de façon optimale le choix se portera sur des zones dégradées, plantées, sans apport de topsoil. Ne disposant pas d'un état avant restauration du système, ce choix permettrait de bien discerner ce qui provient de la zone restaurée par rapport aux apports externes issus des milieux « originels » avoisinants. Il sera ainsi possible de clairement caractériser le rôle des processus (*e.g.* dispersion et recrutement) dans la dynamique des écosystèmes. Le choix des formations « naturelles » s'orientera préférentiellement vers les maquis miniers. En effet, la proportion d'espèces pionnières pouvant être actives dans les processus de recolonisation de la zone replantée est beaucoup plus importante que dans des formations forestières.

Pour ce qui est des stratégies et méthodes d'échantillonnages, celles-ci seront définies en fonction des sites sélectionnés et de la surface spatiale totale couverte (point discuté en réunion de démarrage du projet). Néanmoins, une orientation vers l'utilisation de parcelles est envisagée. Dans tous les cas, des carottes de sols de 10cm de diamètre par 10cm de profondeurs seront prélevées et regroupées en échantillons composites. Ces mêmes prélèvements serviront à l'ensemble des sous-tâches 2 et pour partie à la sous-tâche 3.1 (voir ci-après). Les missions de terrains seront donc concertées et réalisées conjointement.

3.1.3 Liens avec les autres projets de recherche en cours

Le projet proposé dans cet appel d'offre vient dans la continuité et en complément d'autres travaux en cours de réalisation. En effet, il s'inscrit dans un contexte global de recherche largement développé par l'Institut Agronomique néo-Calédonien (IAC), l'Université de la Nouvelle-Calédonie (UNC) et l'UMR LSTM avec l'ensemble des opérateurs miniers présents sur le territoire (KNS, SLN, ValeNC et Xstrata). Pour ce qui est de l'écologie du paysage, des interactions plantes-microorganismes, de la métagénomique et de la mise en place d'indicateurs sur l'état des écosystèmes des terrains miniers (zones restaurées exclues) des travaux ont débuté à l'IAC depuis début 2013 dans le cadre notamment d'une thèse de doctorat (financement : Prix d'Encouragement à la Recherche Gouvernement de la Nouvelle-Calédonie et de l'IAC). Une autre thèse CIFRE (KNS) traitant en partie des aspects de métagénomique, et impliquant plusieurs des partenaires et instituts de recherche présents dans ce projet, a démarré en 2012. La figure 3 ci-dessous présente l'ensemble des projets en cours de réalisation et leurs liens possibles avec le projet CNRT « Bioindic ».

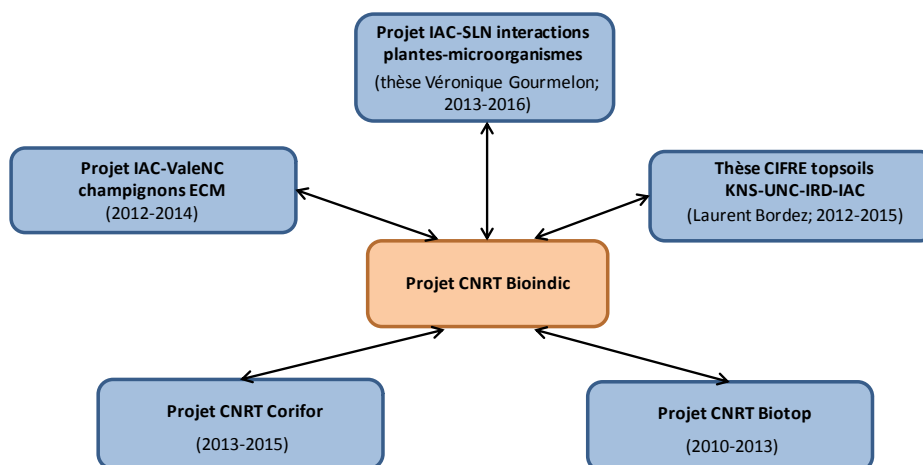


Figure 3 : liens potentiels entre le projet CNRT « Bioindic » et les autres projets de recherche en cours. Les relations entre ces derniers ne sont pas, ici, indiquées.

3.2. Coordination du projet

- Le projet sera coordonné par Fabian Carriconde, chercheur à l'IAC en écologie moléculaire et mycologie (voir point 5.2).
- Ce projet est structuré autour de trois tâches et de différentes sous-tâches interconnectées et complémentaires décrites par la suite (voir point 3.3 ; Figure 4). Selon l'organisation du projet établie, des responsables sont définis pour chacune des sous-tâches, ainsi que pour les différents points abordés dans la tâche 1 « Appui aux tâches 1 et 2 ». Les points relatifs à l'acquisition de données, aux prospections de terrain et à l'échantillonnage seront en grande partie réalisés via le recrutement d'un Volontaire au Service Civique (VSC) (demande de financement dans le cadre de ce projet). Le volontaire sera affecté à l'IAC, sous la responsabilité de Carriconde F. Les travaux réalisés par celui-ci serviront à plusieurs des participants. Pour de plus amples informations sur le VSC, se référer à la sous-tâche 2.1.
- Des réunions seront organisées selon le planning suivant :
 - Réunion de démarrage en début de projet. Cette réunion conviera l'ensemble des participants à ce projet (si présents sur le Territoire), ainsi que les opérateurs miniers. Elle aura pour objet d'établir si des données sont disponibles sur la zone (modalités de restauration, botanique et historique), de définir des sites d'intérêts qui seront prospectés et de discuter les méthodologies d'échantillonnage envisagées dans un souci de synergie. Une visite commune des sites sélectionnés sera réalisée pour une validation finale.
 - Réunions tous les 6 mois afin de faire le point sur l'avancée des travaux en fonction du calendrier établi. Des ajustements pourront être réalisés et des solutions trouvées selon les difficultés qui pourront être rencontrées.
- Des rapports annuels sur l'avancement des travaux de recherche la première et deuxième année seront rendus, ainsi qu'un rapport final au bout des 3 ans.
- Il est envisagé d'organiser après le rendu du rapport final, selon un délai qui reste à déterminer, un workshop sur les résultats obtenus en les replaçant dans un cadre plus général prenant en compte les travaux réalisés dans d'autres projets de recherche. Ce workshop pourra, par conséquent, porter sur la diversité, le fonctionnement et la restauration des écosystèmes miniers de Nouvelle-Calédonie.

3.3. Description des travaux par partie et par tâche

Afin de répondre aux objectifs globaux, trois tâches distinctes et complémentaires ont été définies. Les tâches (hors tâche 1) ont été organisées en fonction des modèles d'études et des compétences selon les structures de recherche impliquées, tout en conservant une forte synergie entre les participants (Figure 4). Pour chacune de ces tâches, il s'agit bien de comparer les deux grands systèmes étudiés (restaurés versus « naturel »), pour définir à terme des indicateurs biologiques au niveau végétal et microbien.

- **Tâche 1 : « Appui aux tâches 2 et 3 »**
Cette tâche vient en appui aux deux autres tâches. Pour celle-ci, aucune sous-tâche n'a été définie. Néanmoins, des responsables ont été identifiés. Elle comprend les points suivants :
 - L'acquisition des données disponibles sur les sites d'étude (responsables : Carriconde F. & Fogliani B.) ;

- Les prospections terrain et l'échantillonnage (responsable : Carriconde F.) ;
 - Le complément d'inventaire floristique (responsables : Fogliani B. et Maggia L.) ;
 - Et les analyses physico-chimiques du sol (responsable : Amir H.).
- **Tâche 2 : « Microflore du sol : diversité et fonctionnalité ».**
 Cette tâche cherche à caractériser la diversité en bactéries et champignons du sol, la structure de cette diversité et les aspects fonctionnels liés à ces organismes. Pour répondre à cet objectif, trois sous-tâches interconnectées ont été établies :
- **Sous-tâche 2.1** : caractérisation et structure de la diversité globale en bactéries et champignons. (responsable : Carriconde F.)
 - **Sous-tâche 2.2** : fonctionnalité des champignons endomycorhiziens, expérimentations en serres. (Responsables : Amir H. et Cavaloc Y.)
 - **Sous-tâche 2.3** : expression de gènes fonctionnels chez les champignons ectomycorhiziens. (Responsable : Jourand P.)
- **Tâche 3 : « Communautés et populations végétales : des semences à la génétique des populations ».**
 Cette tâche s'intéresse elle à la diversité floristique, à la dispersion des graines, à la banque de graines du sol et à la génétique des populations d'espèces modèles. Deux sous-tâches, selon le niveau hiérarchique de biodiversité ont été définies :
- **Sous-tâche 3.1** : Composition floristique et écologie des semences : dispersion et dynamiques des communautés. (Responsable : Fogliani B.)
 - **Sous-tâche 3.2** : Génétique des populations d'espèces modèles : dispersion, cohortes et liens de parentés. (Responsable : Maggia L.)

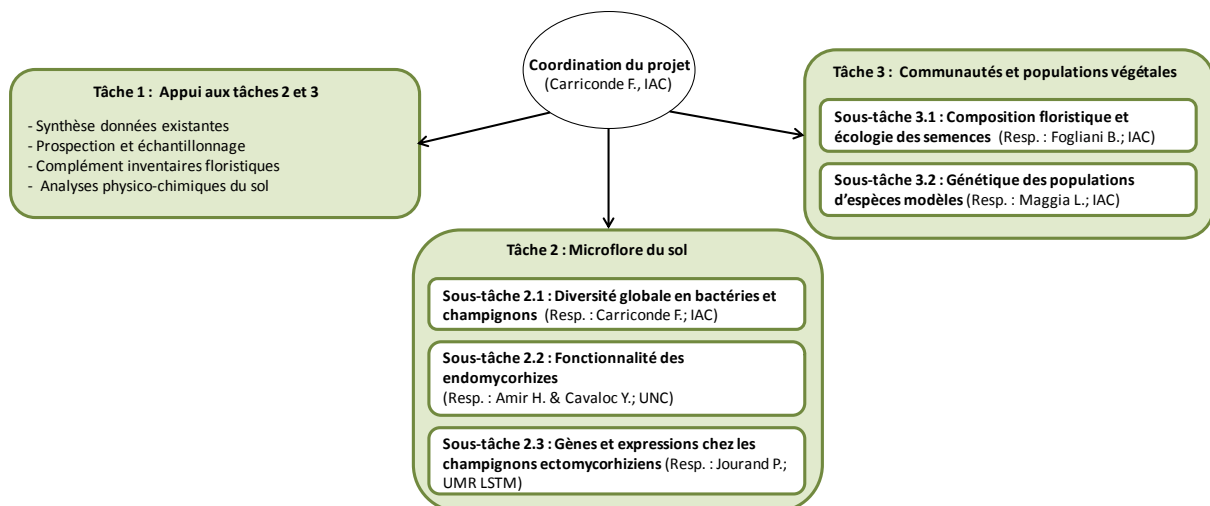


Figure 4 : Représentation de la structure organisationnelle du projet par tâches et sous-tâches.

3.3.1 tâche 1

La tâche 1 présente différents éléments venant en appui aux tâches 2 et 3 et étant nécessaires à la bonne réalisation de ces dernières. Quatre principaux points ont été identifiés :

- L'acquisition des données disponibles sur les sites d'étude. Les informations sur les plantations (dates de réalisation, espèces utilisées, nombre de plants, traitement,

espacement et répartition spatiale, données de suivi ou non), les inventaires botaniques (liste d'espèces, types de végétations, cartographies) et l'historique des sites d'études sélectionnés (perturbations antérieures, type feux) seront synthétisées.

- Les prospections de terrain et l'échantillonnage. Afin de définir les sites d'études, les prospections de terrain seront réalisées en fonction des données recueillies auparavant sur la zone. Les stratégies d'échantillonnage dépendront des données synthétisées et de la réalité du terrain. Par la suite, l'échantillonnage sera réalisé en synergie : échantillonnage de sol servant à différentes sous-tâches (sous-tâches 2.1, 2.3 et 3.1), relevés des populations naturelles des espèces modèles pour la génétique des populations (sous-tâche 3.2), etc.
- Le complément d'inventaire floristique. Afin de compléter les données floristiques qui auront été synthétisées lors de l'acquisition des données, il est envisagé de faire appel à un sous-traitant.
- Les analyses physico-chimiques du sol. Des analyses générales des sols des sites restaurés et naturels (pH, C, N, P, K, Ca, Mg, Fe, Mn, Ni, Co, Cr) seront effectuées par le groupe de l'UNC et serviront en particulier pour l'interprétation des résultats de microbiologie (diversité et abondance des bactéries et champignons). Ainsi, il est possible que le sol restauré se soit appauvri en carbone et éléments minéraux du fait de sa plus faible productivité générale ; il importera alors de tenir compte de ces facteurs abiotiques dans les discussions sur les interactions sol – plantes – micro-organismes.

3.3.2 Tâche 2 « Microflore du sol : diversité et fonctionnalité ».

3.3.2.1 Sous-tâche 2.1 « Diversité globale en bactéries et champignons »

Contexte :

La microflore du sol joue des rôles essentiels dans divers processus, tels que les cycles du carbone et de l'azote, la nutrition hydrominérale des plantes ou encore la dynamique des communautés végétales (*e.g.* Smith & Read, 1997). En terme de diversité, un seul gramme de sol peut abriter plusieurs milliers d'espèces de microorganismes (*e.g.* Fierer *et al.*, 2012). Néanmoins, dû au grand nombre d'espèces non-cultivables, nous ne connaissons qu'une infime partie de cette diversité. Le développement récent de nouvelles techniques moléculaires de séquençage haut-débit (Metzker, 2010) et des analyses bio-statistiques associées (*e.g.* Kumar *et al.*, 2011) permet de générer de larges jeux de données et d'accéder à un niveau de caractérisation des communautés qui n'était pas imaginable il y a quelques années. A partir d'échantillons environnementaux, un nombre croissant de travaux utilisant ces techniques accède ainsi rapidement à un ensemble de paramètres, tels que la diversité taxonomique, phylogénétique et fonctionnelle des bactéries et champignons du sol (*e.g.* Blaalid *et al.*, 2011 ; Buée *et al.*, 2009 ; Fierer *et al.*, 2012). En parallèle à l'émergence de cette approche de génomique environnementale, encore appelée métagénomique, les communautés microbiennes sont de plus en plus utilisées comme marqueurs de l'état d'un écosystème dans un contexte de restauration de milieux dégradés (*e.g.* Harris 2003, 2009).

Objectifs :

Il s'agit ici par une approche de métagénomique :

- (i) de caractériser la diversité globale en bactéries et en champignons des sols issus de l'altération des roches ultramafiques de Nouvelle-Calédonie,
- (ii) de définir le rôle de certains processus à l'origine des structures qui pourront être observées,
- (iii) d'établir des indicateurs microbiens de l'état et des trajectoires empruntées par les milieux restaurés.

Méthodologie :

A partir des extraits d'ADN total de sol, les régions correspondant au gène codant pour ADN ribosomal 16S et à une portion de l'espaceur intergénique, l'ITS2, seront amplifiées, ce qui permettra d'accéder respectivement à la biodiversité en bactéries et champignons. Ces deux régions sont communément utilisées pour l'identification de ces microorganismes au niveau spécifique (*e.g.* Gardes & Bruns, 1996 ; Stackebrandt & Goebel, 1994). De nombreuses données de séquences ont donc été générées et sont disponibles via des bases de données internationales, comme NCBI et UNITE. L'ITS est également définie comme la région de référence pour le barcoding chez les champignons (Schoch *et al.*, 2012). Néanmoins, cette région n'est pas adaptée pour un groupe de champignons d'intérêts, les champignons endomycorhiziens. Celle-ci présente en effet un niveau de divergence trop important chez les glomérormycètes. Une analyse moléculaire de l'ADNr 18S, définie comme plus adaptée pour ce groupe, sera donc réalisée en complément à l'ITS. La technique du pyroséquençage 454 en parallèle sera utilisée.

A partir des données générées, diverses analyses seront réalisées, tels que :

- la définition des OTUs (« Operational Taxonomic Unit »),
- la définition de groupes fonctionnels en fonction des groupements taxonomiques (*e.g.* selon le mode de vie : saprophytes, symbiotiques et pathogènes).
- le calcul d'indices de diversité,
- la réalisation de courbes de raréfaction et de graphiques rangs-abondances,
- des analyses multifactorielles,
- et la construction d'arbres phylogénétiques et des analyses de la structure phylogénétique des communautés (compte tenu des régions moléculaires utilisées, ce point ne concerne que les bactéries).

Il est à noter que la partie correspondant aux bactéries et à la diversité globale en champignons, via l'utilisation de la région ITS2 sera réalisée par l'IAC (Resp. : F. Carriconde), et celle correspondant aux endomycorhizes (ADNr 18S) par l'UNC (Resp. : H. Amir & Y. Cavaloc).

Une demande de financement est faite pour le recrutement d'un Volontaire au Service Civique (VSC). Celui-ci, sous la responsabilité de F. Carriconde, aura pour principales missions de :

- 1) Synthétiser les données relatives aux sites d'études sélectionnés ;
- 2) Participer aux prospections et à l'échantillonnage du sol. Le prélèvement de carottes de sols servira conjointement sous-tâches 2.1 et 3.1 (microorganismes et banque de graines).

- 4) Réaliser les manipulations en laboratoire : extraction ADN total de sol et amplifications PCRs de l'ADNr 16S et de l'ITS2.
- 5) Contribuer aux analyses des données de métagénomiques sur les bactéries (ADNr 16S) et champignons (ITS2).
- 6) Venir en appui au complément de relevé floristique si cela s'avère nécessaire (tâche 1).

3.3.2.2 Sous-tâche 2.2 : « Fonctionnalité des endomycorhizes »

Les résultats obtenus depuis peu montrent que les communautés fongiques sont différentes selon les sols. Il est donc important de pouvoir mettre en évidence les fonctionnalités propres aux différents taxons présents et de vérifier en quoi cette diversité est nécessaire à l'équilibre de l'écosystème.

Objectif :

Cette étude s'attachera à évaluer, à l'aide d'expérimentations réalisées en serre, les caractéristiques fonctionnelles des principales souches fongiques isolées à partir des études de diversité. Un focus particulier portera sur les capacités à stimuler la croissance des plantes. Les aspects dynamiques de structuration des communautés fongiques au cours de la colonisation racinaire seront également investigués.

Méthodologie :

Pour se faire, diverses souches isolées à partir de l'analyse de la diversité seront testées en serre pour mesurer leur aptitude à stimuler la croissance végétale. Ces analyses seront réalisées avec les souches isolées, mais aussi en réalisant des assemblages d'espèces d'endomycorhizes, ainsi qu'avec la diversité totale, récupérée à partir de tamis de sols et de racines broyées. Ces traitements seront réalisés pour le milieu restauré et pour le milieu naturel, avec un nombre de répétitions suffisant pour tester statistiquement l'existence de différences entre les 2 milieux pour ces facteurs.

Nous mesurerons ainsi l'impact de ces assemblages sur la croissance végétale et étudierons également la dynamique de la mise en place des interactions entre plante hôte et endomycorhizes. Ainsi, un suivi régulier de la croissance et de la mycorhization des plantes sera réalisé ; puis les plants seront sacrifiés ; des mesures de biomasses, des éléments minéraux essentiels (N,P,K, Ca), Mg et des métaux (Fe, Ni, Cr, Co, Mn) seront réalisées. Il n'est pas nécessaire d'utiliser plusieurs espèces végétales dans ce cas précis, le comportement des endomycorhizes étant plus variable selon les souches elles-mêmes que selon les espèces végétales (les endomycorhizes sont peu spécifiques). Nous testeront deux espèces à définir selon les cortèges présents sur les sites et en lien si possible avec la tâche 3.2 de génétique des populations de plantes.

3.3.2.3 Sous-tâche 2.3 « Gènes et expressions chez les champignons ectomycorhiziens »

Les champignons ectomycorhiziens sont capables d'établir des relations symbiotiques au niveau des racines de leur plante hôte. L'organe mixte plante-champignon, appelé ectomycorhize, joue un rôle primordial dans la nutrition, la croissance et la protection de leur plante hôte vis-à-vis de stress biotiques et abiotiques tel que la présence de métaux lourds (Marschner, 2012). Les plantes qui forment des ECM sont taxonomiquement peu nombreuses (environ 3 % des taxa) ; malgré cette apparente rareté, cette symbiose a une importance majeure dans la plupart des écosystèmes

forestier où ces espèces sont grégaires et dominantes de la canopée. Les principales familles de plantes impliquées dans la symbiose ectomycorhizienne sont les Pinaceae, les Fagaceae, les Dipterocarpaceae, les Salicaceae, les Betulaceae, les Mimosaceae (*Acacia*), une partie des Myrtaceae (e.g. : *Melaleuca*, *Tristania*, *Sannantha*) et les Sarcolaenaceae (Amir & Ducousso, 2010).

Des travaux récents (Perrier *et al.*, 2006 ; Carriconde *et al.*, 2013) mettent en évidence l'importance des ectomycorhizes dans les écosystèmes miniers naturels de Nouvelle-Calédonie. Les champignons ectomycorhiziens de ces plantes appartiennent notamment aux genres *Russula*, *Lactarius*, *Boletus*, *Amanita*, *Cantharellus*, *Thelephora*, *Tomentella*, *Ramaria*, *Pisolithus*, *Cortinarius*, *Sebacina*, etc. Les sols des terrains miniers décapés (même anciens) ne comportent pas ces propagules et l'activité microbienne globale y est réduite (Héry *et al.*, 2005 ; Amir et Ducousso, 2010). Lors d'études menées dans le cadre des projets ANR Ultrabio (2007-2010) et CNRT Ecomine Biotop (2010-2013), une collection de souches de champignons ectomycorhiziens sensibles et hypertolérants au nickel a été caractérisée démontrant (i) l'existence d'un écotype ultramafique (Jourand *et al.*, 2010a), (ii) le rôle de ces champignons dans l'adaptation de la plante hôte à la toxicité au nickel (Jourand *et al.*, 2010b) et enfin, (iii) l'existence de déterminants moléculaires spécifiques de l'adaptation à la toxicité au nickel (Majorel *et al.*, 2012).

Objectif :

Dans le cadre de ce projet CNRT, nous proposons de rechercher et d'identifier la présence et l'expression de marqueurs moléculaires fongiques dans les écosystèmes naturels ultramafiques non dégradés et de les comparer à ceux des zones restaurées après exploitation minière.

Méthodologie :

Deux grandes catégories de marqueurs moléculaires seront recherchées:

- la première catégorie concernera les marqueurs moléculaires reflétant l'établissement, le fonctionnement et la vitalité de la symbiose ectomycorhizienne. Il s'agit principalement des gènes impliqués dans des métabolismes caractéristiques (i) de la mise en place et (ii) de la vitalité de la symbiose ectomycorhizienne (Duplessis *et al.*, 2005 ; Morel *et al.*, 2005).
- la seconde catégorie concernera les marqueurs de l'adaptation à la contrainte édaphique tels que la déficience en nutriment majeurs NPK, le déséquilibre du ratio Ca/Mg et la tolérance aux métaux lourds (Majorel *et al.*, 2012).

La comparaison des données obtenues devrait nous permettre de mettre en évidence des marqueurs moléculaires fongiques pouvant être en lien avec la physiologie et dynamique de la symbiose ectomycorhizienne et pouvant servir d'indicateurs biologiques du fonctionnement des écosystèmes.

A ce jour, nous disposons du transcriptome (ensemble des gènes transcrits) d'une souche représentative du champignon *Pisolithus albus* hypertolérant au nickel. Ce transcriptome constitue une base de métadonnées génétiques.

Pour mener à bien l'action de recherche sur les bio-indicateurs fongiques ectomycorhiziens :

1) Un nombre restreint de gènes de fonctions physiologiques (tels que les gènes d'intérêt potentiel pour les fonctions d'établissement de la symbiose ectomycorhizienne et de la nutrition minérale)

sera pré-sélectionné dans le transcriptome de *Pisolithus albus* sur la base de critères : (i) d'abondance, (ii) de niveau différentiel d'expression selon les conditions, (iii) de spécificité selon les conditions, (iv) d'analyse de la littérature et de connaissances sur d'autres organismes, (v) de présence de séquences homologues dans les bases de données. Cette analyse sera réalisée par traitement de données bioinformatique et par l'utilisation d'outils informatiques pour l'interrogation de bases de données.

2) Des échantillons d'ectomycorhizes et des carpophores seront prélevés séparément pour l'identification macroscopique et moléculaire du (ou des) champignons ectomycorrhiziens par voie classique (voir protocole décrit dans Jourand *et al.*, 2010). Les autres ectomycorhizes seront rassemblées en échantillon référencé par site et les ARN totaux seront extraits et conservés à -80°C pour des analyses des niveaux de l'expression des marqueurs sélectionnés par la technique de la PCR quantitative (q-PCR).

3.3.3 tâche 3 « Communautés et populations végétales : des semences à la génétique des populations »

3.3.3.1 Sous-tâche 3.1 « Composition floristique et écologie des semences : dispersion et dynamique des communautés. »

- Caractérisation de la zone restaurée :

Objectif :

Il s'agit d'évaluer le cortège des espèces qui ont recolonisé la zone restaurée depuis la mise en place de la plantation. Cela permettra ainsi d'évaluer l'évolution de la colonisation de l'espace par les graines issues des espèces plantées et/ou provenant des milieux « originels » avoisinant. Certaines graines étant dormantes, il apparaît également indispensable d'évaluer le contenu de la banque de graines de la zone revégétalisée, qui potentiellement conduira à la mise en place future de plantules et donc à la dynamique du milieu.

Méthodologie :

Une fois la zone de l'étude déterminée, et en fonction de la surface de la zone restaurée, il s'agira de mettre en place un nombre suffisamment de parcelles permettant de caractériser statistiquement la composition floristique de la zone revégétalisée. La taille et le nombre des parcelles ne pourront être établis qu'après sélection de la zone. Ce point sera discuté et défini lors de la première réunion de démarrage du projet. Cependant, chacune d'entre-elles feront l'objet de la collecte des données suivantes :

- densité globale (nombre de plants/m²) et spécifique (nombre de plants par espèce/m²),
- diversité spécifique (liste des espèces présentes),
- taille des individus, diamètre au collet et recouvrement.

Au sein de ces parcelles, du topsoil sera collecté, selon une méthode mise en place depuis plusieurs années à l'IAC et permettant de caractériser la banque de graines. Succinctement, dix prélèvements aléatoires sont effectués sur la zone à étudier à l'aide d'un tube en PVC de 10 cm de diamètre et

d'une truelle sur une profondeur de 3 cm délivrant un volume de 236 cm³ de sol. Ces 10 prélèvements sont ensuite homogénéisés, tamisés puis une partie étalée en terrines au dessus d'une couche de vermiculite pour un meilleur drainage. Ces terrines sont placées en serre sous arrosage régulier et à température ambiante. La partie restante peut alors être utilisée pour les tests d'analyse de sol.

- Corrélation avec les zones « originelles » alentours :

Objectif :

Il s'agit dans un premier temps d'évaluer les caractères de dispersion, dormance et germination des graines du cortège floristique relevé sur la zone restaurée (essentiellement des espèces pionnières). Puis par comparaison avec le cortège floristique des zones « originelles » environnantes, il s'agira d'évaluer si des espèces potentiellement pionnières sont présentes dans ces zones alentours et tenter d'expliquer (mode de dispersion, type de sol, condition d'humidité...), pourquoi elles n'ont pas colonisé la zone revégétalisée.

Méthodologie :

Un travail de bibliographie sur la liste des espèces pionnières, qu'elles soient présentes sur la zone revégétalisée ou sur les zones alentours, sera indispensable afin d'évaluer les connaissances acquises sur leur mode de dispersion, leur type de dormance et de germination. Après cette analyse, il conviendra de renforcer ces données existantes ou manquantes par des observations sur les planches d'herbiers de l'IRD Nouméa ou sur leur site en accès libre mais aussi par des observations de terrain. Ces dernières nécessiteront la mise en place d'un parcours phénologique. Il permettra de définir les périodes optimales de collecte des fruits des espèces considérées, de caractériser leur type de fruit, d'observer leur consommation éventuelle par des disperseurs et de collecter leurs graines. Ces dernières feront alors l'objet d'expérimentations de germination afin d'évaluer la présence potentielle de dormance. Quand cela sera possible leur caractère orthodoxe ou récalcitrant sera évalué.

L'ensemble des données obtenues pourra être largement utilisé par les entreprises minières dans le cadre de leurs programmes de restauration.

Il est à noter que le développement de cette tâche est étroitement lié à l'inventaire floristique qui devra être mené dans les zones « originelles » alentours (tâche 1).

3.3.3.1 Sous-tâche 3.2 « Génétique des populations d'espèces modèles : dispersion, cohortes et liens de parentés »

Contexte :

Dans le but d'évaluer et de mieux comprendre les dynamiques d'évolution de la colonisation de l'espace par des plants issus d'espèces plantées et/ou provenant des milieux « originels » avoisinant, en continuité avec l'étude sur l'évaluation de niveau plurispécifique du cortège d'espèces colonisatrices ci-dessus cité (tâche 3.1), une approche de niveau infra-spécifique est proposée. Elle a pour objet de définir, par espèce, la part en plants recrutés post-plantation attribuable à ces

dernières, de celle due à des effets d'entrants. En effet, les populations observées sur sites revégétalisés, ne sont pas nécessairement issues de la simple réussite des plantations établies. Différentes dynamiques colonisatrices, indicatrices de l'état des sites, peuvent se mettre en place avec le temps. C'est ainsi que des individus recrutés hors plantations, par exemple par dissémination de semences provenant de zones naturelles alentours, ou par germination de graines préexistantes dans le sol, ou encore par la reproduction d'individus plantés, ou non, avec des flux de pollen entrants, peuvent apparaître dans les effectifs de ces populations constatées sur des sites initialement revégétalisés.

Objectif :

Il s'agit, dans cette partie du travail, d'évaluer, à un niveau infra-spécifique, la part de régénération incombant aux « plantations starter » de celle due aux intrants naturels, et/ou semis préexistants sur site. Pour se faire, il convient, pour chacune des espèces étudiées, d'esquisser, à partir de l'ensemble des individus présents sur sites plantés, comme pour ceux des alentours naturels, les pourtours des pseudo-cohortes génétiques (groupes de similitudes génétiques les plus cohérents) caractérisant des ensembles d'individus concernés par un même événement (espace-temps) reproductif. De la comparaison de ces ensembles il sera possible de déduire une structuration mettant en évidence les relations de parentés qui pourraient les lier, et donc définir les parts dues au préexistant, de celles dues aux entrants, et enfin de celles liées aux plantations devenues matures.

Par espèces, des distances de dissémination de graines pourront être également abordées.

Méthodologie :

Contraint par le temps et les moyens, deux espèces modèles au maximum seront choisies en fonction de critères tels que (1) espèces couramment utilisées en revégétalisation et (2) présentes naturellement sur les sites qui seront sélectionnés. Ces deux espèces devront aussi permettre de couvrir des caractères écologiques et biologiques différents.

Pour chacune des deux espèces choisies :

- un géo-référencement des individus et une collecte d'informations les caractérisant seront opérés sur les sites revégétalisés comme au niveau de leurs alentours proches (action commune avec les inventaires floristiques conduits par ailleurs),
- des échantillonnages représentatifs des populations observées seront conduits et conservés au laboratoire (jeunes feuilles).

L'analyse infra-spécifique des diversités de chacune des deux espèces modèles, implique la caractérisation génétique de leurs individus échantillonnés. Les marqueurs choisis sont des microsatellites particulièrement adaptés à ce type d'étude du fait de leur polymorphisme élevé, leur héritabilité biparentale pour ceux issus du génome nucléaire, et de leur caractère neutre vis-à-vis de la sélection naturelle. Leur utilisation est conditionnée à la mise en œuvre de différentes techniques de laboratoire telles que : l'amplification *in vitro* de fragments d'ADN (PCR) et l'électrophorèse d'ADN (gel d'agarose, migration et lecture automatisées sur genotyper, ...). Des étapes préliminaires tels que :

- l'identification de locus microsatellites,
- la définition d'amorces qui leurs sont spécifiques en vue de leur amplification ultérieure par PCR,
- l'évaluation de leur variabilité,

sont nécessaires à cette première phase de "calibration de l'outil". Ne seront utilisés dans la suite de l'étude que les locus les plus variables afin d'optimiser les résultats à venir.

A partir des cartes génétiques individuelles obtenues pour chacun des individus génotypé, l'identification de groupes génétiques cohérents (partageant un même pool d'allèles pour des locus choisis) pourra être fait et l'analyse comparative des ensembles ainsi identifiés conduite (aspect qualitatif et quantitatif des allèles partagés).

3.3.3 Calendrier des tâches

		Année 1				Année 2				Année 3			
	Trimestres	T1	T2	T3	T4	T1	T2	T3	T4	T1	T2	T3	T4
Tâche 1													
Synthèse des données													
Prospection, choix des sites et des modèles													
Echantillonnage terrain													
Complément inventaire floristique en milieux "naturels"													
Tâche 2													
Extraction ADN du sol													
Amplification ADN sur locus choisis													
Pyroséquençage													
Extraction ARN mycorhizes													
Expression des gènes (q-PCR)													
Expérimentations en serre													
Analyses des données et interprétation													
Tâche 3													
Relevés floristiques zones revégétalisées													
Etude des traits biologiques des fruits et graines													
Etude de la banque de graines													
Suivi phénologique, collectes et essais de germination													
Mise au point outils moléculaires													
Amplification ADN et génotypage													
Analyses des données et interprétation													
Rédaction rapports													

4. Stratégie de valorisation des résultats et mode de protection et d'exploitation des résultats

Les résultats seront valorisés, aux niveaux scientifiques et techniques, *via* :

- Des communications à des congrès nationaux et internationaux ;
- La soumission pour publications dans des revues scientifiques internationales à comités de lecture ;
- La réalisation d'un workshop sur la diversité, le fonctionnement et la restauration des écosystèmes miniers de Nouvelle-Calédonie ;
- La formation d'étudiants et de personnel impliqué ;
- L'établissement de recommandations pratiques pour les acteurs de la restauration en Nouvelle-Calédonie (collectivités et miniers). En effet, des indicateurs biologiques (floristiques et microbiens) sur la dynamique des écosystèmes, par conséquent sur l'état et les trajectoires de « récupération » des écosystèmes restaurés, seront proposés aux gestionnaires. Ces indicateurs, en plus d'avoir des implications dans l'optimisation des pratiques, pourront potentiellement servir à terme à l'évaluation des succès/échecs des actions de restauration.

5. Organisation du projet

5.1. Description, adéquation et complémentarité des participants

Les personnes impliquées dans ce projet présentent des compétences dans les domaines de l'écologie moléculaire, la microbiologie environnementale, la génomique environnementale, l'écologie des semences, la génétique des populations, la biochimie et la biologie moléculaire. Le tableau présenté dans le point 5.3, synthétise les principales disciplines d'étude de chaque participant. L'ensemble des aspects abordés dans ce projet est donc couvert en ce qui concerne les compétences scientifiques.

Par ailleurs, une grande partie des participants a déjà travaillé en collaboration dans plusieurs études (*e.g.* ANR Ultrabio, CNRT Biotop). Ce projet se situe donc dans la continuité d'interactions scientifiques déjà mises en place depuis plusieurs années.

5.2. Qualifications du porteur du projet

Fabian CARRICONDE est chercheur à l'IAC, au sein de l'Axe 2 « Diversités biologique et fonctionnelle des écosystèmes terrestres ». Celui-ci travaille principalement dans les domaines de l'écologie moléculaire et de la mycologie. Il s'intéresse plus précisément à (i) la caractérisation de la diversité en microorganismes dans les écosystèmes naturels des terrains miniers, (ii) aux rôles de ces mêmes organismes dans la dynamique des communautés végétales, et finalement (iii) à la mise en place de bio-indicateurs permettant d'appréhender l'état des écosystèmes et d'identifier des souches d'intérêts (mise en place d'une souchothèque) pour l'inoculation de plants. L'ensemble des travaux qu'il réalise a donc comme finalités la conservation et la restauration écologique des formations végétales sur substrats ultramafiques. Il est actuellement responsable scientifique de deux projets. Le premier, porte sur les champignons ectomycorhiziens des différents types de forêts sur terrains miniers (financements MOM et Convention biodiversité (Vale NC)), le second sur les interactions plantes-microorganismes sur une large échelle spatiale (Grande Terre) (financement SLN). Il a également largement travaillé sur les aspects de dispersion chez les champignons. Au niveau

collaborations, il travaille avec des miniers (Vale NC et SLN) et différents partenaires scientifiques (Monash University (Australie), UMR EDB (CNRS-Université Toulouse III), UMR AGAP, UMR LSTM et Université de Lille 2). Il co-encadre deux thèses, dont l'une bénéficie du Prix d'Encouragement à la Recherche du Gouvernement de la Nouvelle-Calédonie.

5.3. Qualification, rôle et implication des participants

Le tableau ci-dessous regroupe l'ensemble des personnes qui seront impliquées dans ce projet en indiquant : leurs instituts d'origines, leurs disciplines, les tâches dans lesquelles ils seront impliqués et finalement le pourcentage équivalent temps plein sur les 3 ans (ETP). Les parts pour CDD et autres

Participants	Qualifications/disciplines	Tâche 1	Tâche 2	Tâche 3	ETP
Carriconde F. (IAC)	Ecologie moléculaire, mycologie	X	X		25%
Fogliani B. (IAC)	Ecologie de semences	X		X	10%
Letellier K. (IAC)	Biologie moléculaire		X		20%
L'Huillier L. (IAC)	Ecologie végétale	X		X	2%
Maggia M. (IAC-CIRAD)	Ecologie, Génétique des populations	X		X	15%
Vea C. (IAC)	Ecologie de semences	X		X	30%
Ducouso M. (LSTM-CIRAD)	Microbiologie, mycologie	X	X		20%
Hannibal L. (LSTM-IRD)	Microbiologie, biologie moléculaire	X	X		20%
Jourand P. (LSTM-IRD)	Ecologie, biochimie et biologie moléculaire	X	X		20%
Lebrun M. (LSTM-Univ.)	Biologie moléculaire et biochimie	X	X		10%
Navarro E. (LSTM-IRD)	Génomique environnementale	X	X		20%
Amir H. (UNC)	Ecologie microbienne	X	X		15%
Cavaloc Y. (UNC)	Biologie moléculaire	X	X		20%
Medevielle V.	Biologie végétale		X		10%
VSC tâche 2.1	Ecologie moléculaire, microbiologie environnementale	X	X	X	100%
VSC (6mois) (Fogliani B)	Ecologie des semences			X	50%
VSC (3 mois) (Maggia L.)	Génétique des populations			X	25%

Remarque : Charly Zongo (Chercheur contractuel à l'IAC) apportera son expertise dans la le domaine de l'écologie des semences, de par le projet XSTRATA auquel il participe (dispersion et germination des espèces du massif du Koniambo).

6. Justification scientifique des moyens demandés selon l'exemple annexé au dossier de candidature

6.4.1 Budget par institut

IAC (Tâches 1, 2 et 3)	Aide demandée CNRT		Autre financement		Montant Global	
	Euros	FCFP	Euros	FCFP	Euros	FCFP
Fonctionnement						
Consommables laboratoire (pyroséquençage)	15,312.00	1,827,180.96	6,000.00	715,980.00	21,312.00	2,543,160.96
Consommables laboratoire (génétique)	16,336.00	1,949,374.88			16,336.00	1,949,374.88
Mise au point banques (génétique)	5,000.00	596,650.00			5,000.00	596,650.00
Pyroséquençage (service externe)	23,000.00	2,744,590.00			23,000.00	2,744,590.00
Prestation de service (complément d'inventaire floristique)	6,000.00	715,980.00			6,000.00	715,980.00
Consommables laboratoire (semences)	5,028.00	599,991.24			5,028.00	599,991.24
Petit matériel de terrain, de serre et de laboratoire (semences)	3,771.00	449,993.43			3,771.00	449,993.43
Bibliographie (semences)	419.00	49,999.27			419.00	49,999.27
Missions						
Missions terrains (per diems et carburant)	10,190.00	1,215,972.70	6,000.00	715,980.00	10,000.00	1,193,300.00
1 mission analyses des données	3,000.00	357,990.00	4,000.00	477,320.00	7,000.00	835,310.00
Mission extérieure (colloque)	3,352.00	399,994.16			3,352.00	399,994.16
Rémunérations personnels permanents						
25% ETP Chercheur IAC			42,671.00	5,091,930.43	42,671.00	5,091,930.43
10% ETP Chercheur IAC			35,967.00	4,291,942.11	35,967.00	4,291,942.11
2% ETP Chercheur IAC			6,034.00	720,037.22	6,034.00	720,037.22
20% ETP chercheur IAC-CIRAD			81,000.00	9,665,730.00	81,000.00	9,665,730.00
30% ETP Technicien IAC			27,353.00	3,264,033.49	27,353.00	3,264,033.49
20% ETP Technicien IAC			30,404.00	3,628,109.32	30,404.00	3,628,109.32
Rémunérations personnels non permanents						
VSC 3 ans (appui et microflore)	48,605.00	5,800,034.65			48,605.00	5,800,034.65
VSC 3 mois (génétique)	6,076.00	725,049.08			6,076.00	725,049.08

VSC 6 mois (semences)	12,570.00	1,499,978.10			12,570.00	1,499,978.10
Stagiaire	3,017.00	360,018.61	9,017.00	1,075,998.61	12,034.00	1,436,017.22
Frais de gestion IAC (8%)	12,934.08	1,543,423.77			12,934.08	1,543,423.77
Totaux	174,610.08	20,836,220.85	248,446.00	29,647,061.18	423,056.08	50,483,282.03
Remarque : les coûts salariaux sont calculés sur le salaire réel des personnes impliquées.						

UNC (Tâches 1 et 2)	Aide demandée CNRT		Autre financement		Montant Global	
	Euros	FCFP	Euros	FCFP	Euros	FCFP
Fonctionnement						
Pyroséquençage (service externe)	15,000.00	1,789,950.00			15,000.00	1,789,950.00
Produit, petit matériel	3,900.00	465,387.00			3,900.00	465,387.00
Analyses des sols	8,000.00	954,640.00			8,000.00	954,640.00
Gratifications stagiaires	9,096.00	1,085,425.68			9,096.00	1,085,425.68
Missions						
Missions terrains	2,000.00	238,660.00			2,000.00	238,660.00
Rémunérations personnels permanents						
Professeur Université 15%			92,250.00	11,008,192.50	92,250.00	11,008,192.50
Maître de Conférences 20%			98,880.00	11,799,350.40	98,880.00	11,799,350.40
Technicien de recherche 10%			25,920.00	3,093,033.60	25,920.00	3,093,033.60
Rémunérations personnels non permanents						
Frais de gestion UNC (8%)	3,039.00	362,643.87			3,039.00	362,643.87
Totaux	41,035.00	4,896,706.55	217,050.00	25,900,576.50	258,085.00	30,797,283.05
Remarque :						

IRD, UR 040 LSTM (tâche 2)	Aide demandée CNRT	Autre financement	Montant Global
-----------------------------------	---------------------------	--------------------------	-----------------------

	Euros	FCFP	Euros	FCFP	Euros	FCFP
Fonctionnement						
Consommables de laboratoire	5,360.00	639,609	4,000.00	477,320	9,360.00	1,116,929
q-PCR et séquençages	11,000.00	1,312,630	4,000.00	477,320	15,000.00	1,789,950
Analyses bioinformatiques	1,000.00	119,330	4,000.00	477,320	5,000.00	596,650
Missions						
4 missions métropole vers NC	8,000.00	954,640	10,000.00	1,193,300	18,000.00	2,147,940
Rémunérations personnels permanents						
10% ETP Enseignant Chercheur (PR1)			25,500.00	3,042,915	25,500.00	3,042,915
20% ETP Chercheur CIRAD (DR)			49,200.00	5,871,036	49,200.00	5,871,036
20% ETP Chargé de Recherche (CR1)			39,600.00	4,725,468	39,600.00	4,725,468
20% ETP Ingénieur de Recherche (IR1)			48,000.00	5,727,840	48,000.00	5,727,840
20% ETP Ingénieur d'Etude (INE2)			30,600.00	3,651,498	30,600.00	3,651,498
Rémunérations personnels non permanents						
Stagiaires (3 x 6 mois)	5,000.00	596,650	5,500.00	656,315.00	10,500.00	1,252,965
Frais de gestion (8%)	2,640.00	315,031			2,640.00	315,031
Totaux	33,000.00	3,937,890	220,400.00	26,300,332	253,400.00	30,238,222
Remarque : les couts salariaux moyens de références sont ceux de la grille du CNRS pour les demandes des projets de type ANR (coûts URSSAF chargés et taxés /DRH CNRS, 2013)						

6.4.2 Budget global

IAC-UNC-LSTM (IRD)	Aide demandée CNRT		Autre financement		Montant Global	
	Euros	FCFP	Euros	FCFP	Euros	FCFP
Fonctionnement						
Consommables de laboratoire	53,036.00	6,328,786	14,000.00	1,670,620	67,036.00	7,999,406
Services extérieurs	58,000.00	6,921,140	4,000.00	477,320	62,000.00	7,398,460
Petit matériel	7,671.00	915,380			7,671.00	915,380
Bibliographie	419.00	49,999			419.00	49,999
Missions						
Missions terrains	12,190.00	1,454,633	6,000.00	715,980	18,190.00	2,170,613
Missions internationales	14,352.00	1,712,624	14,000.00	1,670,620	28,352.00	3,383,244
Rémunérations personnels permanents						
Chercheurs, Enseignants-chercheurs			471,102.00	56,216,602	471,102.00	56,216,602
Ingénieurs et techniciens			162,277.00	19,364,514	162,277.00	19,364,514
Rémunérations personnels non permanents						
VSC	67,251.00	8,025,062			67,251.00	8,025,062
Stagiaires (3 x 6 mois)	17,113.00	2,042,094	14,517.00	1,732,314	31,630.00	3,774,408
Frais de gestion (8%)	18,613.08	2,221,099			18,613.08	2,221,099
Totaux	248,645.08	29,670,817	685,896.00	81,847,970	934,541.08	109,297,688
Remarque :						

7. Annexes

7.1. Références bibliographiques

Amir H, Ducouso M. 2010. Les bactéries et les champignons du sol sur roches ultramafiques . In : L'Huillier L, Jaffré T, Wulf A (eds) Mines et environnement en Nouvelle-Calédonie : les milieux sur substrats ultramafiques et leur restauration. IAC Ed, Noumea, New Caledonia, pp 129-145.

Amir H, Lagrange A, Hassaine N, Cavaloc Y. 2013. Arbuscular mycorrhizal fungi from New Caledonian ultramafic soils improve tolerance to nickel of endemic plant species. *Mycorrhiza*, 23: 585-595.

Banning NC, Gleeson DB, Grigg AH, Grant CD, Andersen GL, Brodie EL, Murphy DV. 2011. Soil microbial community successional patterns during forest ecosystem restoration. *Applied and environmental microbiology*, 77: 6158-6164.

Barnosky AD, Matzke N, Tomiya S, Wogan GOU, Swartz B, Quental TB, Marshall C, McGuire JL, Lindsey EL, Maguire KC, Mersey B, Ferrer EA. 2011. Has the Earth's sixth mass extinction already arrived? *Nature*, 471: 51-57.

Bell SS, Fonseca MS, Motten LB. 1997. Linking restoration and landscape ecology. *Restoration Ecology*, 5: 318-323.

Blaalid R, Carlsen T, Kumar S, Halvorsen R, Ugland KI, Fontana G, Hauserud H. 2011. Changes in the root-associated fungal communities along a primary succession gradient analysed by 454 pyrosequencing. *Molecular Ecology*, 21: 1897-1908.

Bottin L, Verhaegen D, Tassin J, Olivieri I, Vaillant A, Bouvet JM. 2005. Genetic diversity and population structure of an insular tree, *Santalum austrocaledonicum* in New Caledonian archipelago. *Molecular Ecology*, 14: 1979-1989

Buée M, Reich M, Murat C, Morin E, Nilsson RH, Uroz S, Martin F. 2009. 454 Pyrosequencing analyses of forest soils reveal an unexpectedly high fungal diversity. *New Phytologist*, 184: 449-456.

Burrows FM. 1975. Wind-borne seed and fruit movement. *New Phytol*, 75: 405-418

Cantrell RS, Cosner C, Fagan WF. 2001. How predator incursions affect critical patch size: the role of the functional response. *Am Nat* 158: 368–375.

Carriconde F, Gourmelon V, Letellier K, McCoy S, Goxe J, Nicolas C, Gardes M, Read J, Maggia L. 2013. Ectomycorrhizal fungi from New Caledonian rainforests on ultramafic soils, implication for ecological restoration. ASM-AMS conference, Adelaïde, Australie, 10-12 juillet.

Carriconde F, Gryta H, Jargeat P, Mouhamadou B, Gardes M. 2008. High sexual reproduction and limited contemporary dispersal in the ectomycorrhizal fungus *Tricholoma scalpturatum*: new insights from population genetics and spatial autocorrelation analysis. *Molecular Ecology*, 17: 4433-4445.

Caujapé-Castells J, Baccarani-Rosas M, Cabrera-Garcia N, Naranjo Suárez J, Santana I, Marrero M, Carqué E, Mesa-Coello R. 2008a. Population genetic suggestions to offset the extinction ratchet in the endangered Canarian endemic *Atractylis preauxiana* (Asteraceae). *Plant Syst. Evol.*, 273: 191–199.

- Caujapé-Castells J, Marrero-Rodríguez A, Baccarani-Rosas M, Cabrera-García N, Vilches-Navarrete B. 2008. Population genetics of the endangered Canarian endemic *Atractylis arbuscula* (Asteraceae): implications for taxonomy and conservation. *Plant Syst. Evol.*, 274(1-2): 99-109.
- Caujapé-Castells J, Tye T, Crawford DJ, Santos-Guerra A, Sakai A, Castor K, Lobin W, Florens V, Moura M, Jardim R, Gomes I, Kueffer C. 2010. Conservation of oceanic island floras: Present and future global challenges. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution, and Systematics*, 12: 107-129.
- Charles-Dominique, P. 2003. Le Rôle de la faune sur la régénération forestière naturelle. *Revue Forestière Française - numéro spécial, ENGREF, Ecole nationale du génie rural, des eaux et des forêts, Nancy, France*, p 195-205.
- Chazeau J. 1993. Research on New Caledonian terrestrial fauna: achievements and prospects. *Biodiversity Letters*, 1: 123-129.
- Convention on Biological Diversity. 2011. Ways and means to support ecosystem restoration, 17 pp, Accessible à : <http://www.cbd.int/doc/meetings/sbstta/sbstta-15/official/sbstta-15-04-en.pdf>
- Couvet D, Teyssèdre-Couvet A. 2010. *Ecologie et biodiversité*. Belin éd. Paris. 336pp.
- Crutzen PJ. 2002. Geology of mankind: the anthropocene. *Nature*, 415: 23.
- D'Eon RG, Glenn SM, Parfitt I, Fortin, M-J. 2002. Landscape Connectivity as a Function of Scale and Organism Vagility in a Real Forested Landscape. *Conservation ecology*, 6: 10.
- Duplessis S, Courty PE, Tagu D, Martin F. 2005. Transcript patterns associated with ectomycorrhiza development in *Eucalyptus globulus* and *Pisolithus microcarpus*. *New Phytologist*, 165: 599-611.
- Ellis EC, Ramankutty N. 2008. Putting people in the map: anthropogenic biomes of the world. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 6: 439-447.
- Fahrig L. 2003. Effects of habitat fragmentation on biodiversity. *Annu Rev Ecol Evol Syst*, 34: 487-515
- Fenner M, Thompson K. 2005. *The ecology of seeds*. Cambridge university press. New York. 250 pp.
- Fierer N, Leff JW, Adams BJ, Nielsen UN, Bates ST, Lauber CL, Owens S, Gilberte JA, Wall DH, Caporaso JG. 2012. Cross-biome metagenomic analyses of soil microbial communities and their functional attributes. *PNAS*, 109: 21390-21395.
- Fogliani B, Bouraïma-Madjèbi S, Medevielle V, Pineau R. 2004. Methods to promote germination of two Cunoniaceae species, *Cunonia macrophylla* and *Geissois pruinosa*, from New Caledonia. *Seed Sci. Technol.*, 32: 703-715.
- Gardes M, Bruns TD. 1996. Community structure of ectomycorrhizal fungi in *Pinus muricata* forest: above- and below-ground views. *Canadian Journal of Botany*, 74: 1572-1583.
- Gautier-Hion A, Duplantier JM, Quris R, Feer F, Sourd C, Decoux JP, Dubost G, Emmons L, Erard C, Heckestweiller P, Mounrazi A, Roussillon C, Thiollay JM. 1985. Fruits characters as a basis of fruit choice and seed dispersal in a tropical forest vertebrate community. *Oecologia*, 65: 324-337.

- Gryta H, Carriconde F, Charcosset J-Y, Jargeat P, and Gardes M. 2006. Population dynamics of the ectomycorrhizal fungal species *Tricholoma populinum* and *Tricholoma scalpturatum* associated with black poplar under differing environmental conditions. *Environmental Microbiology*, 8: 773-786.
- Harris JA. 2003. Measurements of the soil microbial community for estimating the success of restoration. *European Journal of Soil Science*, 54: 801-808.
- Harris JA. 2009. Soil microbial communities and restoration ecology. *Science*, 325, 573-574.
- Hawksworth DL. 2001. The magnitude of fungal diversity: the 1.5 million species estimate revisited. *Mycological Research*, 105: 1422-1432.
- Héry M, Herrera A, Vogel TM, Norman, P, and Navarro E. 2005. Effect of carbon and nitrogen input on the bacterial community structure of Neocaledonian nickel mine spoils. *FEMS Microbiol. Ecol.*, 51: 333-340.
- Horton TR, Bruns TD. 2001. The molecular revolution in ectomycorrhizal ecology: peeking into the black-box. *Molecular Ecology*, 10: 1855-1871.
- Howe HF, Smallwood PD. 1982. Ecology of seed dispersal. *Annu. Rev. Ecol. Syst.*, 13: 201–228.
- Jaffré T, Morat P, Rigault F, Veillon JM and Dagostini G (2001) Composition et caractérisation de la flore indigène de Nouvelle-Calédonie. Nouméa: IRD.
- Jaunâtre J, Buisson E, Muller I, Morlon H, Mesléard F, Dutoit T. 2013. New synthetic indicators to assess community resilience and restoration success. *Ecological Indicators*, 29: 468–477.
- Jourand P, Ducousso M, Majorel C, Hannibal L, Santoni S, Prin Y, Lebrun M. 2010. Ultramafic soils from New Caledonia structure *Pisolithus albus* in ecotype. *FEMS Microbiology Ecology*, 72:238-249.
- Kirk PM, Cannon PF, Minter DW, Stalpers JA. 2008. *Dictionary of the Fungi*, 10th ed. CABI, Wallingford, UK.
- Kumar S, Carlsen T, Mevik B-H, Enger P, Blaaid R, Shalchian-Tabrizi K, Kauserud H. 2011. CLOTU: An online pipeline for processing and clustering of 454 amplicon reads into OTUs followed by taxonomic annotation. *BMC Bioinformatics*, 12: 182.
- L'Huillier L, Jaffré T. 2010. L'exploitation des minerais de Nickel en Nouvelle-Calédonie. In. *Mine et environnement en Nouvelle-Calédonie : les milieux sur substrats ultramafiques et leur restauration*. L'Huillier L, Jaffré T & Wulff A eds.
- L'Huillier L, Wulff A, Gâteblé G, Fogliani B, Zongo C, Jaffré T. 2010. La restauration des sites miniers. In. *Mine et environnement en Nouvelle-Calédonie : les milieux sur substrats ultramafiques et leur restauration*. L'Huillier L, Jaffré T & Wulff A eds.
- Lomolino MV, Weiser MD. 2001. Towards a more general species-area relationship: diversity on all islands, great and small. *J Biogeogr*, 28:431–445

- Lowe AJ, Boshier D, Ward M, Bacles CE, Navarro C. 2005. Genetic resource impacts of habitat loss and degradation; reconciling empirical evidence and predicted theory for neotropical trees. *Heredity* 95: 255–273
- MacArthur RH, Wilson EO. 1967. The theory of island biogeography. Princeton University Press, Princeton.
- Maggia L, Ollivier A. 2011. Diversité génétique et dynamique des populations de *Neocallitropsis pancheri* (décembre 2011) - Convention de partenariat DENV-IAC-SLN du 05/05/2009, rapport, 24pp.
- Majorel C, Hannibal L, Soupe M-E, Carriconde F, Ducouso M, Lebrun M, Jourand P. 2012. Tracking nickel-adaptative biomarkers in *Pisolithus albus* from New Caledonia using a transcriptomic approach. *Molecular Ecology*, 21: 2208-2223.
- Marschner P. 2012. Mineral nutrition of higher plants. London, UK: Academic Press Limited.
- Marzluff JM, Ewing K. 2001. Restoration of fragmented landscapes for the conservation of birds : a general framework and specific recommendations for urbanizing landscapes. *Restoration Ecology*, 9: 280-292.
- MEA. 2004. Millenium Ecosystem Assessment. Chapter 4, Biodiversity. 78-121
- Metzker ML. 2010. Sequencing technologies - the next generation. *Nature Reviews*, 11: 31-46.
- Morel M, Jacob C, Kohler A, Johansson T, Martin F, Chalot M, Brun A. 2005. Identification of genes differentially expressed in extraradical mycelium and ectomycorrhizal roots during *Paxillus involutus*–*Betula pendula* ectomycorrhizal symbiosis. *Applied Environmental Microbiology*, 71: 382-391.
- Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG, da Fonseca GAB, Kent J. 2000. Biodiversity hotspot for conservation priorities. *Nature*, 403: 853-858.
- Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG, da Fonseca GAB, Kent J. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, 403: 853-858.
- Nara K. 2006. Pioneer dwarf willow may facilitate tree succession by provinding late colonizers with compatible ectomycorrhizal fungi in primary successional volcanic desert. *New Phytologist*, 171: 187-198.
- Nations Unies. 2012. Division de la Population, World Population Prospects: the 2012 Revision (<http://esa.un.org/unpd/wpp/>).
- Ortego J, Bonal RI, Munoz A. 2010. Genetic conservation of habitat fragmentation in long-lived tree species: the case of the mediterranean holm oak (*Quercus ilex*, L.). *Journal of Heredity*, 101: 717-726.
- Perrier N, Amir H, Colin F. 2006. Occurrence of mycorrhizal symbioses in the metal-rich lateritic soils of the Koniambo Massif, New Caledonia. *Mycorrhiza*, 16:449-458.
- Pillon Y, Munzinger J, Amir H, Hopkins HCF, Chase MW. 2009. Reticulate evolution on a mosaic of soils: diversification of the New Caledonian endemic genus *Codia* (Cunoniaceae). *Molecular Ecology*, 18: 2263-2275.

- Rabier J, Laffont-Schwob I, Notonier R, Fogliani B, Bouraïma-Madjèbi S. 2009. Anatomical element localization by EDXS in *Grevillea exul* var. *exul* under nickel stress. *Environmental Pollution*, 156: 1156–1163.
- Schoch CL, Seifert KA, Huhndorf S, Robert V, Spouge JL, Levesque CA, Chen W, Consortium FB. 2012. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi, *PNAS*: 109, 6241-6246.
- SER. 2004. SER International Primer on Ecological Restoration, version 2. Society for Ecological Sciences and Policy Working Group. Disponible à : http://www.ser.org/content/ecological_restoration_primer.asp
- Smith SE, Read DJ. 1997. *Mycorrhizal Symbiosis* 2nd edn. UK: Academic Press, London.
- Spaggiari J, Ichter J, Lefeuvre J-C. 2010. Mise au point d'une méthode d'identification des continuités écologiques dans le Grand Sud de la Nouvelle-Calédonie. Synthèse bibliographique et proposition d'une démarche. Rapport final, Conservation internationale (Convention cadre pluriannuelle d'études n° C.347-10), 99p.
- Stackebrandt E, Goebel BM. 1994. Taxonomic note: A place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 44: 846-849.
- Steffen W, Crutzen PJ, McNeill JR. 2007. The anthropocene: are humans now overwhelming the great forces of nature. *Ambio*, 36: 614-621.
- Taylor PD, Fahrig L, Henein K, Merriam G. 1993. Connectivity Is a Vital Element of Landscape Structure. *Oikos*, 68: 571-573.
- Teste FP, Simard SW. 2008. Mycorrhizal Networks and Distance from Mature Trees Alter Patterns of Competition and Facilitation in Dry Douglas-Fir Forests. *Oecologia*, 158: 193-203.
- Thomson FJ, Moles AT, Auld TD, Ramp D, Ren S, Kingsford RT. 2010. Chasing the unknown: predicting seed dispersal mechanisms from plant traits. *Journal of Ecology*, 98: 1310–1318.
- Tischendorf L., Fahrig L. 2000b. How should we measure landscape connectivity? *Landscape Ecology*, 15: 633–641.
- Tischendorf, L. & Fahrig, L. 2000a. On the usage and measurement of landscape connectivity. *Oikos*, 90, 7-19.
- Wake DB, Vredenburg VT. 2008. Are we in the midst of the sixth mass extinction? *PNAS*, 105: 11466-11473.
- With, K.A. & Crist, T.O. (1995) Critical thresholds in species' responses to landscape structure. *Ecology*, 76, 2446-2459.
- Wulff AS, Turner SH, Fogliani B, L'Huillier L. 2012. Smoke stimulates germination in two divergent Gondwanan species (*Hibbertia pancheri* and *Scaevola montana*) endemic to the biodiversity hotspot of New Caledonia. *Seed science research*, 22: 1-6.

Wulff, A. 2012. Le micro-endémisme dans un hotspot de biodiversité : approche globale sur la flore vasculaire de la Nouvelle-Calédonie et analyse comparative au sein du genre *Scaevola*. Thèse de doctorat en physiologie et biologie des organismes de la Nouvelle-Calédonie, 220 pp.

Zongo C. 2010. Données biologiques et physiologiques sur les semences de quelques espèces de milieux ultramafiques neo-calédoniens. Thèse de doctorat de l'Université de la Nouvelle-Calédonie. 228 pp.

7.2. Biographies / CV résumés

NOM :	AMIR Hamid
DATE DE NAISSANCE :	26 décembre 1955
DOMAINE DE COMPÉTENCE :	Ecologie microbienne des sols, champignons mycorhiziens à arbuscules, interactions bactéries/métaux.
ADRESSE :	Laboratoire Insulaire du Vivant et de l' Environnement (LIVE) , EA 4243, Université de la Nouvelle-Calédonie, BP R4, 98851 Nouméa cedex, Nouvelle-Calédonie Tel. 687 26 58 20, Fax: 687 25 48 29
TITRES ET DIPLOMES :	• Habilitation à Diriger des Recherches: Université de Rennes 1, 2003. • Doctorat d'Etat en écologie microbienne, Université d'Alger, 1991.
STATUT PROFESSIONNEL :	Professeur des Universités en microbiologie, (section 68), Université de la Nouvelle-Calédonie.
PUBLICATIONS RECENTES (5 max en abrégé) :	• Amir H., Hassaine N, Lagrange A. 2013. Arbuscular mycorrhizal fungi, from New Caledonian ultramafic soils, improve tolerance to nickel of endemic plant species. <i>Mycorrhiza</i>, 23 : 585-595. • Lagrange A, Amir H., L'Huillier L. 2013. Mycorrhizal status of Cyperaceae from New Caledonian ultramafic soils: effects of phosphorus availability on arbuscular mycorrhizal colonisation of <i>Costularia comosa</i> in field conditions, <i>Mycorrhiza</i> , 23 :655-661. • Lagrange A., Ducouso M., Jourand P., Majorel C. and Amir H. 2011. New insights into the mycorrhizal status of Cyperaceae from ultramafic soils in New Caledonia. <i>Canadian Journal of Microbiology</i>, 57:21-28. • Amir H, Ducouso M. 2010. Les bactéries et les champignons du sol (chap. 5). In : Mine et Environnement en Nouvelle-Calédonie. Les milieux sur substrat ultramafiques et leur restauration. Ed. by L. L'Huillier, T. Jaffré, A. Wulf; IAC Ed.; Nouméa; pp 129-145. • Pillon Y., Munzinger J., Amir H., Lebrun M. 2010. Ultramafic soils and species sorting in the flora of New Caledonia. <i>Journal of Ecology</i>, 98:1008-1116.
RESPONSABILITÉS :	Directeur du LIVE, élu au Conseil Scientifique de l'UNC, au Conseil de l'Ecole Doctorale UNC/UPF et au Conseil de département Sciences et techniques.
DIVERS :	

NOM :	CAVALOC Yvon
DATE DE NAISSANCE :	17 juillet 1968
DOMAINE DE COMPÉTENCE :	Biologie Moléculaire, Phylogénie des champignons endomycorhiziens
ADRESSE :	Laboratoire Insulaire du Vivant et de l' Environnement (LIVE) , EA 4243, Université de la Nouvelle-Calédonie, BP R4, 98851 Nouméa cedex, Nouvelle-Calédonie Tel. 687 26 58 20, Fax: 687 25 48 29
TITRES ET DIPLOMES :	Doctorat en Biologie Moléculaire – Université Louis Pasteur de Strasbourg (1995)
STATUT PROFESSIONNEL :	Maître de Conférences – Section 64 du CNU
PUBLICATIONS RECENTES (5 max en abrégé) :	• Amir H, Lagrange A, Hassaïne N, Cavaloc Y. 2013. Arbuscular mycorrhizal fungi from New Caledonian ultramafic soils improve tolerance to nickel of endemic plant species. <i>Mycorrhiza</i>, 23, 585-595. • Gensous S, Veron V, Amir H, Cavaloc Y. 2013. Ultramafic soils of New Caledonia exhibit original AMF assemblages. Manuscrit en préparation.
RESPONSABILITÉS :	• Membre élu du Conseil Scientifique de l'Université de la Nouvelle-Calédonie (depuis 2013) • Membre élu du Conseil d'Administration de l'Université de la Nouvelle-Calédonie (2009-2013) • Chargé de Mission « Vie Etudiante » à l'Université de la Nouvelle-Calédonie (2007-2013)
DIVERS :	

NOM :	CARRICONDE Fabian
DATE DE NAISSANCE :	22 septembre 1979
DOMAINE DE COMPÉTENCE :	Ecologie moléculaire et mycologie.
ADRESSE :	IAC, Axe 2 « Diversités biologique et fonctionnelle des écosystèmes terrestres », Centre IRD de Nouméa – BP 18239 – 98857 Nouméa Sud – Nouvelle-Calédonie
TITRES ET DIPLOMES :	Doctorat en Ecologie, Biodiversité et Evolution. Université Paul Sabatier (Toulouse III) (2008)
STATUT PROFESSIONNEL :	Chercheur à l'Institut Agronomique néo-Calédonien (IAC), Axe 2.
PUBLICATIONS RECENTES (5 max en abrégé) :	• Majorel C., Hannibal L., Soupé M.E., Carriconde F., Ducouso M., Lebrun M., Jourand P. 2012. Tracking nickel-adaptive biomarkers in <i>Pisolithus albus</i> from New Caledonia using a transcriptomic approach. <i>Molecular Ecology</i>, 21:2208-2223. • Carriconde F., Gilgado F., Arthur, I., Ellis D., Malik R., van de Wiele N., Robert V., Currie B. J., Meyer W. 2011. Clonality and α-a recombination in the Australian <i>Cryptococcus gattii</i> VGII population - an emerging outbreak in Australia. <i>PLoS ONE</i> 6: e16936. • Carriconde F., Meyer W. 2010. Dispersal in fungi. In K. V. Urbano (ed.). <i>Advances in Genetics Research</i> (vol. 3). Nova Science Publishers, New York. • Jargeat P., Martos F., Carriconde F., Gryta H., Moreau P.-A., Gardes M. 2010. Phylogenetic limits of fungal ectomycorrhizal species: the case of the <i>Tricholoma scalpturatum</i> complex (Basidiomycota). <i>Molecular Ecology</i> 19: 5216-5230. • Carriconde F., Gryta H., Jargeat P., Mouhamadou B., and Gardes M. 2008. High sexual reproduction and limited contemporary dispersal in the ectomycorrhizal fungus <i>Tricholoma scalpturatum</i>: new insights from population genetics and spatial autocorrelation analysis. <i>Molecular Ecology</i> 17: 4433-4445.
RESPONSABILITÉS :	• Responsable scientifique du projet « Contribution à la connaissance des champignons ectomycorhiziens des forêts sur substrats ultramafiques de Nouvelle-Calédonie – Implications pour la restauration écologique ». (financements : MOM et Convention Biodiversité (ValeNC)) • Responsable scientifique du projet « Caractérisation de la diversité en microorganismes au sein de différentes formations des terrains miniers (forêts, maquis, terrains dénudés) ». (Financements : SLN et Prix d'Encouragement à la Recherche du Gouvernement de la Nouvelle-Calédonie).
DIVERS :	Président de la Société Mycologique de Nouvelle-Calédonie (SMNC) Encadrement de thèses

NOM :	DUCOUSSO Marc
DATE DE NAISSANCE :	8 Novembre 1961
DOMAINE DE COMPÉTENCE :	Microbiologiste et mycologue spécialiste des endo et des ectomycorhizes tropicales.
ADRESSE :	Équipe « Symbioses et Résilience Ecosystémiques », Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes UMR 113 (Cirad/IRD/Inra/Agro-M/UM2 et IAC), Campus international de Baillarguet, F-34398 Montpellier Cedex 5, France Tel. 33+0467593862, Fax: 33+0467593802.
TITRES ET DIPLOMES :	• Habilitation à Diriger des Recherches, Université de Montpellier II, Ecole doctorale SIBAGHE (2007). • Doctorat en Microbiologie et Écologie microbienne. Université Claude Bernard, Lyon I (1990)
STATUT PROFESSIONNEL :	Cadre Scientifique en contrat à durée indéterminée (CDI) avec le Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (Cirad), 42 rue Scheffer, 75116 Paris depuis 1986.
PUBLICATIONS RECENTES (5 max en abrégé) :	
• Klonowska A., Chaintreuil C., Tisseyre P., Miché L., Melkonian R., Ducousso, M., Laguerre G., Brunel B., L. Moulin (2012) - New Caledonia soils host nickel-tolerant <i>Cupriavidus taiwanensis</i> strains symbiotic of <i>Mimosa pudica</i>. <i>FEMS Microbiology Ecology</i>, FEMSEC-12-02-0073. • Gonin M., Gensous S., Lagrange A., Ducousso M., Amir H., Jourand P. (2012) - Diversity and functional characterization of cultivable bacteria from <i>Costularia</i> spp. rhizosphere, pioneer plants of ultramafic soils in New Caledonia. <i>Canadian Journal of Microbiology</i>. • Majorel C., Hannibal L., Soupé M.E., Carriconde F., Ducousso M., Lebrun M., Jourand P. (2012) - Tracking nickel-adaptive biomarkers in <i>Pisolithus albus</i> from New Caledonia using a transcriptomic approach. <i>Molecular Ecology</i>, 21:2208-2223. • Bakkali Yakhlef S.E., Abourouh M., Ducousso M., Duponnois R., Delaruelle C., Mousain D. (2011) - Intraspecific variability of <i>Pisolithus</i> spp. as a response to changes in soil characteristics in a Moroccan cork oak plantation. <i>Mycology</i>, 4:283–290. • Lagrange A., Ducousso M., Jourand P., Majorel C., Amir H. (2011) - New insights into the mycorrhizal status of Cyperaceae from ultramafic soils in New Caledonia. <i>Canadian Journal of Microbiology</i>, 57:21–28.	
RESPONSABILITÉS :	
Directeur de thèse de C. Henry (Agro Paris Tech et école doctorale Sibaghe ; 2013-2016) et A. Houlès (école doctorale Sibaghe ; 2014-2017).	
DIVERS :	
Président fondateur de la Société Mycologique de Nouvelle-Calédonie (www.smnc.nc)	

NOM :	FOGLIANI Bruno
-------	-----------------------

DATE DE NAISSANCE : 27 février 1972

DOMAINE DE COMPÉTENCE : Biologie végétale appliquée, en particulier dans le domaine des semences.

ADRESSE : IAC, Axe 2 « Diversités biologique et fonctionnelle des écosystèmes terrestres »
- BP73 – Païta - Nouvelle-Calédonie.

TITRES ET DIPLOMES :

- Habilitation à Diriger les Recherches, Université de Provence (2008)
- Doctorat en Physiologie végétale et Phytochimie, Université de la Nouvelle-Calédonie (2002).

STATUT PROFESSIONNEL : Directeur adjoint et chercheur en bio-écologie végétale appliquée au sein de l'axe 2 de l'IAC.

PUBLICATIONS RECENTES:

- Amborella Genome Project (2013). The Amborella Genome and the Evolution of Flowering Plants. Science, In press.
- Wulff A., Hollingsworth P.M., Ahrends A., Jaffré T., Veillon J.-M., L'Huillier L., **Fogliani B.** (2013). Conservation priorities in a biodiversity hotspot: analysis of narrow endemic plant species in New Caledonia. PLOS ONE, 8(9), e73371.
- Wulff A., Turner S.R., **Fogliani B.**, L'Huillier L. (2012). Smoke stimulates germination in two divergent Gondwanan species (*Hibbertia pancheri* and *Scaevola montana*) endemic to the biodiversity hotspot of New Caledonia. Seed Science Research, 22(4): 1-6.
- Bombarda I., Zongo C., McGill C.R., Doumenq C., **Fogliani B.** (2010). Fatty acids profile of *Alphitonia neocaledonica* and *Grevillea exul* var. *rubiginosa* seed oils, occurrence of an $\omega 5$ series. Journal of the American Oil Chemists' Society, 87: 981-986.
- Rabier J., Laffont-Schwob I., Notonier R., **Fogliani B.**, Bouraïma-Madjèbi S. (2009) Anatomical element localization by EDXS in *Grevillea exul* var. *exul* under nickel stress. Environmental Pollution, 156: 1156–1163.

RESPONSABILITÉS :

Board Member de la « Society for Ecological Restoration Australasia » (SERA)

Encadrement de thèse

DIVERS :

NOM : **HANNIBAL Laure**

DATE DE NAISSANCE : 16 juillet 1963

DOMAINE DE
COMPÉTENCE : Microbiologie, Biologie Moléculaire.

ADRESSE : Équipe « Adaptation et Ultramafisme », Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes UMR 113 (Cirad/IRD/Inra/Agro-M/UM2), Campus International de Baillarguet, TA-A82/J - 34398 Montpellier cedex 5, France

TITRES ET DIPLOMES : Baccalauréat F7 Biologie (option biochimie) 1980.

STATUT
PROFESSIONNEL : Ingénieur d'Etudes, **IRD**.

PUBLICATIONS RECENTES:

- Jourand P., **Hannibal L.**, Majorel C., Mengant S., Ducousso M. and Lebrun M. 2013. Ectomycorrhizal *Pisolithus albus* inoculation of *Acacia spirorbis* and *Eucalyptus globulus* grown in ultramafic topsoil enhances plant growth and mineral nutrition while limits metal uptake. Journal of Plant Physiology (in press).
- Majorel C., **Hannibal L.**, Soupe M.E., Carriconde F., Ducousso M., Lebrun M. & Jourand P. 2012. Tracking nickel adaptive biomarkers in *Pisolithus albus* from New Caledonia using a transcriptomic approach. Molecular Ecology 21:2208-2223.
- Jourand P., Ducousso M., Majorel C., **Hannibal L.**, Santoni S, Prin Y. & Lebrun M. 2010. Ultramafic soils from New Caledonia structure *Pisolithus albus* in ecotype. FEMS Microbiology Ecology 72:238-249.
- Bonaldi K, Gourion B, Fardoux J, **Hannibal L**, Cartieaux F, Boursot M, Vallenet D, Chaintreuil C, Prin Y, Nouwen N, Giraud E. 2010. Large-scale transposon mutagenesis of photosynthetic Bradyrhizobium sp. strain ORS278 reveals new genetic loci putatively important for nod-independent symbiosis with Aeschynomene indica. Mol Plant Microbe Interact. 23:760-70.

RESPONSABILITÉS :

DIVERS :

NOM :	JOURAND Philippe
DATE DE NAISSANCE :	16 Juin 1966
DOMAINE DE COMPÉTENCE :	Interactions symbiotiques plantes-microorganismes (bactéries et champignons) : biologie, écologie, biochimie et biologie moléculaire.
ADRESSE :	Équipe « Adaptation et Ultramafisme », Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes (UMR LSTM Cirad/IRD/Inra/Agro-M/UM2), Campus International de Baillarguet, TA-A82/J - 34398 Montpellier cedex 5, France
TITRES ET DIPLOMES :	• Habilitation à Diriger les Recherches, Université Montpellier II (2012) • Doctorat de Biologie Intégrative, Université Montpellier II (2003). • Ingénieur Biochimiste INSA, INSA de Lyon (1990).
STATUT PROFESSIONNEL :	Ingénieur de Recherche (IR), IRD.
PUBLICATIONS RECENTES:	• Jourand P., Hannibal L., Majorel C., Mengant S., Ducousso M. and Lebrun M. 2013. Ectomycorrhizal <i>Pisolithus albus</i> inoculation of <i>Acacia spirorbis</i> and <i>Eucalyptus globulus</i> grown in ultramafic topsoil enhances plant growth and mineral nutrition while limits metal uptake. <i>Journal of Plant Physiology</i> (in press). • Gonin M., Gensous S., Lagrange A., Ducousso M., Amir H. and Jourand P. 2013. Rhizosphere bacteria of <i>Costularia</i> spp. from ultramafic soils in New Caledonia: diversity, tolerance to extreme edaphic conditions, and role in plant growth and mineral nutrition. <i>Canadian Journal of Microbiology</i> 59:164-174. • Marx C., Chistoserdova L., Moulin L., Ul Haque M.F., Fleischman D.E., Gruffaz C., Jourand P., et al. 2012. Complete genome sequences of six strains of the genus <i>Methylobacterium</i>. <i>Journal of Bacteriology</i> 194: 4746-4748. • Majorel C., Hannibal L., Soupe M.E., Carriconde F., Ducousso M., Lebrun M. & Jourand P. 2012. Tracking nickel adaptive biomarkers in <i>Pisolithus albus</i> from New Caledonia using a transcriptomic approach. <i>Molecular Ecology</i> 21:2208-2223. • Lagrange A., Ducousso M., Jourand P., Majorel C., Amir H. 2011. New insights into the mycorrhizal status of <i>Cyperaceae</i> from ultramafic soils in New Caledonia. <i>Canadian Journal of Microbiology</i> 57:21-28.
RESPONSABILITÉS :	Responsable équipe ACE, UMR LSTM
DIVERS :	

NOM :	LETELLIER Kelly
DATE DE NAISSANCE :	12 Mars 1986
DOMAINE DE COMPÉTENCE :	Biologie moléculaire
ADRESSE :	Axe II « Diversités biologique et fonctionnelle des écosystèmes terrestres » Centre IRD de Nouméa – BP 18239 98 857 Nouméa Sud – Nouvelle-Calédonie
TITRES ET DIPLOMES :	DEUST Revégétalisation et Gestion de l'Environnement Minier (RGEM) à l'Université de Nouvelle-Calédonie (UNC)
STATUT PROFESSIONNEL :	Technicienne supérieure en écologie moléculaire à l'IAC « Institut Agronomique néo-Calédonien » (CDI)
PUBLICATIONS RECENTES (5 max en abrégé) :	• Carriconde F., Gourmelon V., Letellier K., McCoy S., Goxe J., Nicolas C., Gardes M., Read J., Maggia L. 2013. Ectomycorrhizal fungi from New Caledonian rainforests on ultramafic soils, implication for ecological restoration. ASM-AMS conference, Adelaïde, Australie, 10-12 juillet.
RESPONSABILITÉS :	
DIVERS :	

NOM :	L'HUILLIER Laurent
DATE DE NAISSANCE :	1 ^{er} Novembre 1963
DOMAINE DE COMPÉTENCE :	Biologiste végétal, écologie des milieux miniers, relations sol – plante.
ADRESSE :	Institut Agronomique néo-Calédonien, IAC, B.P. 73, 98890 Païta, Nouvelle-Calédonie. Tel. 687 43 74 15, Fax. 687 43 74 16. email: lhuillier@iac.nc
TITRES ET DIPLOMES :	Doctorat en Physiologie végétale et agro-environnement. Université Montpellier II (1994).
STATUT PROFESSIONNEL :	Directeur général de l'Institut Agronomique néo-Calédonien (IAC) , chercheur en bio-écologie végétale appliquée au sein de l'axe 2 (temps partiel).
PUBLICATIONS RECENTES (5 max en abrégé) :	• Wulff A.S., Hollingsworth P.M., Ahrends A., Jaffré T., Veillon J.-M., L'Huillier L. & Fogliani B. 2013. Conservation Priorities in a Biodiversity Hotspot: Analysis of Narrow Endemic Plant Species in New Caledonia. PLoS ONE 8(9). • Lagrange A., L'Huillier L., Amir H. 2013. Mycorrhizal status of Cyperaceae from New Caledonian ultramafic soils: effects of phosphorus availability on arbuscular mycorrhizal colonization of <i>Costularia comosa</i> under field conditions. Mycorrhiza, Online may 2013, p. 1-7. • Wulff A., Turner S., Fogliani B., L'Huillier L. 2012. Smoke stimulates germination in two divergent Gondwanan species (<i>Hibbertia pancheri</i> and <i>Scaevola montana</i>) endemic to the biodiversity hotspot of New Caledonia. Seed science research, FirstView Articles, pp 1-6. • Wulff, Hollingsworth, Piquet, L'Huillier & Fogliani. 2012. Ten nuclear microsatellites markers cross-amplifying in <i>Scaevola montana</i> and <i>S. coccinea</i> (Goodeniaceae), a locally common and a narrow endemic plant species of ultramafic scrublands in New Caledonia. Cons. Gen. Res. 4:725–728. • Losfeld G., Escande V., Jaffré T., L'Huillier L. and Grison C. 2012. The chemical exploitation of nickel phytoextraction: an environmental, ecologic and economic opportunity for New Caledonia. Chemosphere 89: 907–910.
RESPONSABILITÉS :	Membre du comité scientifique de la Conférence Internationale Serpentine Ecology 2014 (ICSE) Membre du conseil d'administration du CNRT "Nickel et son environnement". Membre du conseil scientifique de l'« Oeil » (Observatoire de l'environnement en Nouvelle-Calédonie).

NOM :	LEBRUN Michel
DATE DE NAISSANCE :	19 Septembre 1955
DOMAINE DE COMPÉTENCE :	biologie moléculaire, biochimie des plantes et des ectomycorhizes tropicales.
ADRESSE :	Équipe « Adaptation et Ultramafisme », Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes (UMR LSTM Cirad/IRD/Inra/Agro-M/UM2), Campus International de Baillarguet, TA-A82/J - 34398 Montpellier cedex 5, France
TITRES ET DIPLOMES :	Habilitation à Diriger des Recherches , Université Joseph Fourier, Grenoble (1994). Doctorat en Biologie Cellulaire et Moléculaire, Université Joseph Fourier, Grenoble (1984).
STATUT PROFESSIONNEL :	Professeur, Université Montpellier2
PUBLICATIONS RECENTES (5 max en abrégé) :	
1- Jourand P., Ducouso M., Loulergue-Majorel C., Hannibal L., Santoni S., Prin Y. and Lebrun M. (2010) Ultramafic soils from New Caledonia structure <i>Pisolithus albus</i> in ecotype. FEMS Microbiol. Ecol., 72, 238-249. 2- Jourand P., Ducouso M., Reid R., Majorel C., Richert C., Riss J. and Lebrun M. (2010) Nickel-tolerant ectomycorrhizal <i>Pisolithus albus</i> ultramafic ecotype isolated from nickel mines in New Caledonia strongly enhance growth of the host plant <i>Eucalyptus globulus</i> at toxic nickel concentrations. Tree Physiol., 30, 1311-1319. 3- Pillon Y., Munzinger J., Amir H. and Lebrun M. (2010) Ultramafic soils and species sorting in the flora of New Caledonia. J. Ecol., 98, 1108-1116. 4- Baohanta R., Thioulouse J., Ramanankierana H., Prin Y., Rasolomampianina R., Baudoin E., Rakotoarimanga N., Galiana A., Randriambanona H., Lebrun M. and Duponnois R. (2012) Restoring native forest ecosystems after exotic tree plantation in Madagascar: combination of the local ectotrophic species <i>Leptolena bojeriana</i> and <i>Uapaca bojeri</i> mitigates the negative influence of the exotic species <i>Eucalyptus camaldulensis</i> and <i>Pinus patula</i> . Biological Invasions, 14, 2407-2421. 5- Majorel C., Hannibal L., Soupe ME., Carriconde F., Ducouso M., Lebrun M. and Jourand P. (2012) Tracking nickel-adaptive biomarkers in <i>Pisolithus albus</i> from New Caledonia using a transcriptomic approach. Mol. Ecol., 21, 2208-2223.	
RESPONSABILITÉS :	
Directeur UMR113-LSTM	
DIVERS :	
Directeur Ecole Doctorale SIBAGHE	

NOM :	MAGGIA Laurent
DATE DE NAISSANCE :	19 Mars 1958
DOMAINE DE COMPÉTENCE :	Génétique des populations, écologie moléculaire des formations végétales tropicales terrestres.
ADRESSE :	IAC-Axe II, Centre IRD de Nouméa, B.P. 18239, 98857 Nouméa sud, Nouvelle-Calédonie. Tel. 687 26 08 06, Fax: 687 26 42 26.
TITRES ET DIPLOMES :	• Habilitation à Diriger des Recherches, Université des Antilles-Guyane, Biologie, Médecine Santé (2005). • Doctorat en Génétique des populations et évolution. Université Paris 7 (1991).
STATUT PROFESSIONNEL :	Cadre Scientifique en contrat à durée indéterminée (CDI) avec le Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (Cirad) , 42 rue Scheffer, 75116 Paris
PUBLICATIONS RECENTES (5 max en abrégé) :	• Maggia L. (2011) « Les espèces, leurs populations, leurs environnements, et leurs devenir - Dynamiques spatiales d'espèces forestières et revégétalisation ». In « Mines et environnement : la restauration écologique de la couverture végétale des sites miniers de Nouvelle-Calédonie » L'Huillier L., Jaffré T., Wulff A. (eds), IAC, Nouméa, Nouvelle-Calédonie. • Barthe S., Gugerli F., Barkley N.A., Maggia L., Cardi C., Scotti. I (2012). Always Look on Both Sides: Phylogenetic Information Conveyed by Simple Sequence Repeat Allele Sequences. PLoS ONE 7(7): e40699. doi:10.1371/journal.pone.0040699. • Barrabé L., Buerki S., Mouly A., Davis A.P., Munzinger J., Maggia L. (2012) Delimitation of the genus <i>Margaritopsis</i> (Rubiaceae) in the Asian, Australasian and Pacific region, based on molecular phylogenetic inference and morphology. <i>Taxon</i> 61(6): 1251-1268. • Verhaegen D, Assoumane A., Serret J., Noe S., Favreau B., Vaillant A., Gâteblé G., Pain A., Papineau C., Maggia L., Tassin J., Bouvet J.-M. (2012). Structure and genetic diversity of <i>Ixora margaretae</i> an endangered species: a baseline study for conservation and restoration of natural dry forest of New Caledonia. <i>Tree Genetics and Genomes</i>, DOI 10.1007/s11295-012-0575-7. • Barrabé L., Maggia L., Pillon Y., Rigault F., Mouly A., Davis A. P., Buerki S.. New Caledonian lineages of <i>Psychotria</i> (Rubiaceae) reveal different evolutionary histories and the largest documented plant radiation for the archipelago. <i>Mol. Phylogene. Evol.</i> (in press), http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2013.10.02.
RESPONSABILITÉS :	Représentant du Cirad en Nouvelle-Calédonie Responsable de l'axe II, « Diversité biologique et fonctionnelle des milieux terrestres » de l'IAC Co-pilotage de la « Plate-forme du vivant de Nouvelle-Calédonie » Coordination de projet
DIVERS :	

NOM : **Navarro Elisabeth**

DATE DE
NAISSANCE : 30 Mars 1959

DOMAINE DE
COMPÉTENCE : Adaptation des communautés bactériennes. Génomique environnementale

ADRESSE : Équipe « Adaptation et Ultramafisme », Laboratoire des Symbioses Tropicales et Méditerranéennes (UMR LSTM Cirad/IRD/Inra/Agro-M/UM2), Campus International de Baillarguet, TA-A82/J - 34398 Montpellier cedex 5, France

TITRES ET
DIPLOMES : **Doctorat** en Microbiologie et Écologie microbienne. Université Claude Bernard, Lyon I (1992)

STATUT
PROFESSIONNEL : Chargé de Recherche (CR), IRD.

PUBLICATIONS RECENTES:

Maynaud G., Brunel B., Mornico D., Durot M., Severac D., Dubois E., **Navarro E.**, Cleyet-Marel J.C., Le Quéré A. 2013. Genome-wide transcriptional responses of two metal-tolerant symbiotic Mesorhizobium isolates to zinc and cadmium exposure. BMC Genomics. 14: 292

Larose C., Berger S., Ferrari C., **Navarro E.**, Dommergue A., Schneider D., Vogel T.M. 2010. Microbial sequences retrieved from environmental samples from seasonal arctic snow and meltwater from Svalbard, Norway. Extremophiles. 14: 205-212

Demanèche S., Philippot L., *David M.M.*, **Navarro E.**, Vogel T.M., Simonet P. 2009. Soil bacteria denitrification gene cluster characterization via a metagenomic approach. Applied Environ. Microbiol. 75 : 534-537

Demanèche S., Sanguin H., Poté J., **Navarro E.**, Bernillon D., Mavingui P., Wildi W., Vogel T.M., Simonet P. 2008. Antibiotic-resistant soil bacteria in transgenic plant fields. Proc Natl Acad Sci U S A. 105:3957-62

Herrera A., Héry M., Stach J.E.M., Jaffre T., Normand P., **Navarro E.** 2007. Species richness and phylogenetic diversity comparisons of soil microbial communities affected by nickel-mining and revegetation efforts in New Caledonia. . Eur. J. Soil. Biol 43 : 130-139

•

RESPONSABILITÉS :

DIVERS :

7.3. Implication des personnes dans d'autres contrats

Le tableau ci-dessous indique les différents projets dans lesquels les participants sont impliqués.

Participants	ANR Adaspir (2012-2015)	ANR Opportunité E4 (2012-2015)	ANR Evome-tonick (2014-2018)	Microorganismes IAC-SLN (2013-2016)	Champ. ECM Vale NC-MOM (2012-2014)	CNRT Biotop (2010-2013)	CNRT Corifor (2013-2015)	Semences Xstrata
Carriconde F.				X	X			
Maggia L.				X	X	X	X	
Fogliani B.		X	X			X		X
L'Huillier L.		X				X		
Jourand P.	X					X		
Hannibal L.	X					X		
Ducousso M.	X					X		
Lebrun M.	X					X		
Navarro E.								
Amir H.	X					X		
Cavaloc Y.	X					X		
Medevielle V.	X					X		

Diverses conventions avec les entreprises minières ou de restauration écologique dans lesquels les chercheurs ont un faible pourcentage d'occupation ne sont ici pas indiquées.

Publications significatives de l'équipe ayant trait au projet (10 références max.)
1. Jourand P., Carriconde F., Ducouso M., Majorel C., Hannibal L., Prin. Y and Lebrun M. 2013. Diversity and adaptation of ectomycorrhizal symbioses to ultramafic soils in New Caledonia. In : Ectomycorrhizal Symbioses in Tropical and Neotropical Forests. Amadou M. Bâ, Krista L. McGuire, Abdala G. Diédhiou (eds). CRC Press, FL, USA. pp 100-125.
2. Majorel C., Hannibal L., Soupe M.E., Carriconde F., Ducouso M., Lebrun M. & Jourand P. 2012. Tracking nickel adaptive biomarkers in <i>Pisolithus albus</i> from New Caledonia using a transcriptomic approach. <i>Molecular Ecology</i> 21:2208-2223.
3. Carriconde, F., Gryta, H., Jargeat, P., Mouhamadou, B., and Gardes, M. 2008. High sexual reproduction and limited contemporary dispersal in the ectomycorrhizal fungus <i>Tricholoma sculpturatum</i>: new insights from population genetics and spatial autocorrelation analysis. <i>Molecular Ecology</i> 17: 4433-4445.
4. Amir H., Lagrange A, Hassaïne N, Cavaloc Y. (2013) Arbuscular mycorrhizal fungi from New Caledonian ultramafic soils improve tolerance to nickel of endemic plant species. <i>Mycorrhiza</i>, 23, 585-595.
5. Gonin M., Gensous S., Lagrange A., Ducouso M., Amir H., Jourand P. (2012) - Diversity and functional characterization of cultivable bacteria from <i>Costularia</i> spp. rhizosphere, pioneer plants of ultramafic soils in New Caledonia. <i>Canadian Journal of Microbiology</i>.
6. Fogliani B., Bouraïma-Madjèbi S, Medevielle V, Pineau R (2004). Methods to promote germination of two Cunoniaceae species, <i>Cunonia macrophylla</i> and <i>Geissois pruinosa</i> from New Caledonia. <i>Seed Science and Technology</i> 32 (3), 703-715.
7. Wulff A, Turner SR, Fogliani B, L'Huillier L (2012). Smoke stimulates germination in two divergent Gondwanan species (<i>Hibbertia pancheri</i> and <i>Scaevola montana</i>) endemic to the biodiversity hotspot of New Caledonia. <i>Seed Science Research</i>, 22(4): 1-6.
8. Fogliani B, L'Huillier L, Medevielle V, Laurent A, Vea C (2013). <i>In situ</i> and <i>ex-situ</i> storage and longevity of seeds used for revegetation in New Caledonia. International conference on Seed Ecology IV. 27-30 July, Shenyang, China.
9. D. Verhaegen, A. Assoumane, J. Serret, S. Noe, B. Favreau, A. Vaillant, G. Gâteblé, A. Pain, C. Papineau, L. Maggia, J. Tassin, J-M Bouvet (2012). Structure and genetic diversity of <i>Ixora margaretae</i> an endangered species: a baseline study for conservation and restoration of natural dry forest of New Caledonia. <i>Tree Genetics and Genomes</i>, DOI 10.1007/s11295-012-0575-7.
10. Barthe S, Gugerli F, Barkley NA, Maggia L, Cardi C, and Scotti I (2012). Always Look on Both Sides: Phylogenetic Information Conveyed by Simple Sequence Repeat Allele Sequences. <i>PLoS ONE</i> 7(7): e40699. doi:10.1371/journal.pone.0040699.