



biogeco



Lettre de Biogeco N°158 Jan. Fev. 2026



Le transporteur *Monochamus galloprovincialis* ... de face, de dos et de profil (© Inge van Halder)

EDITO

Bonjour,

Cette fin d'année (3 nov. plus précisément) a été marquée par la détection d'un 1er foyer de nématode du pin dans le massif des Landes de Gascogne (commune de Seignosse dans les Landes). Plusieurs collègues de l'unité des équipes Gemfor, Biodiv, Xylomes et de la plate-forme Emergreen sont déjà sur le pont pour mieux comprendre cette interaction complexe qui implique le nématode pathogène, l'insecte vecteur (illustré ci-dessus), et des plantes hôtes vulnérables (de nombreux conifères dont le pin maritime). Je les remercie tout particulièrement pour la réactivité dont ils font preuve face aux nombreuses sollicitations auxquelles ils ont dû faire face ces dernières semaines. Les 15, 16 et 17 décembre, une dizaine de membres de l'unité ont pu accéder au foyer pour effectuer un survol drone et des échantillonnages leur permettant de répondre à de nombreux trous de connaissances, en collaboration avec nos collègues orléanais de l'unité de zoologie forestière :

- sur le *Monochamus* : date de l'invasion et de l'origine génétique du foyer, diversité génétique et taille efficace, connectivité locale et dispersion dans le peuplement, ...
- sur le *Nématode* : diversité génétique du pathogène introduit, dynamique d'infestation du pathogène au sein de l'arbre et du peuplement, ...

Pour en savoir plus sur cette invasion biologique, cf la FAQ INRAE ci-dessous.

Pour terminer, l'équipe de Direction se joint à moi pour vous souhaiter de très belles fêtes de fin d'année, riches en moments de partage et en temps de repos

ressourçant.

Christophe, Myriam, Sandrine, Fred, Virgil



The screenshot shows a news article from INRAE's website. The header includes the French Republic logo, the INRAE logo, and navigation links for "Apprendre et comprendre", "Nous connaître", "Collaborer avec nous", "Nous rejoindre", and "Europe & International". A search bar with a magnifying glass icon is also present. The main image is a photograph of a pine tree. The article title is "Qu'est-ce que le nématode du pin et comment lutter contre ce ravageur ?" (What is the pine rootworm and how to fight against this pest?). Below the title are several categories: "ESPÈCE INVASIVE", "NÉMATODE DES PINS", "FORÊT DE PINS", "SANTÉ DES FORÊTS", and "GESTION DE RISQUES". A small text below the title states: "FAQ - La détection du nématode du pin pour la première fois en France dans la forêt des Landes en novembre 2025 marque une étape clé. S'il n'était pas encore présent en France, il y avait un grand risque qu'il arrive tôt ou tard sur le territoire. Le point en 10 questions-réponses sur la base de 15 ans de travaux de recherche et de modélisation d'INRAE sur ce ravageur." The date "Publié le 24 novembre 2025" is at the bottom left, and a "Partager" button is at the bottom right.

DATES A RETENIR

- Journée des nouveaux arrivant.e.s (obligatoire)** : 29 janvier /Matin et déjeuner : Cestas-Pierroton - Après-midi : Talence). Les ancadrant.e.s sont bienvenu.e.s
- CU** : 12 janvier / 16 mars / 18 mai à 13h30 Arial - ouvert au personnel
- CoDir** : 2 février / 30 mars / 8 juin à 13h30 Arial
- Animation**

-projet structurant (analyse et gestion des risques multiples en forêt): 27 février 9-17h AIRIAL. Contacter Heidy et Hervé pour contribuer à ce séminaire.
- pensez à consulter les évènements à venir [ici](#) et retrouvez les enregistrements de la plupart des présentations sur le NAS.

Formation à GIT le 25 Février - Obligatoire pour les nouveaux arrivants que vous encadrez...merci de passer le message - Ben, Ludo, François seront les formateurs.

AG : 7 mai toute la journée - visite de l'écosystème dunaire animé par Olivier and co. (trajet en bus, depuis le B2 et Pierroton ; pique-nique à prévoir). Retrouver les présentations de l'AG du 24 novembre sur le GED.

Les lundis et vendredis sont non télétravaillables. En plus de ces jours le jeudi 7 mai sera un jour de présence obligatoire.

ARRIVEES et DEPARTS

► ARRIVEES

Nous accueillons plusieurs stagiaires de Master 2

- **Jade Geudin**, Master 2 Biodiversité, Écologie et Évolution à l'Université de Bordeaux, arrive le 6 janvier pour travailler sur les déformations du système racinaire du pin maritime planté avec Frédéric Danjon et Céline Meredieu.

- **Louison Beaudet** sera accueillie à compter du 19 janvier. Son sujet de stage s'intitule Analyse des mécanismes liées à la survie, la croissance et la régénération d'espèces herbacées dans un contexte de restauration. Elle sera encadrée par Soizig Le Stradic.
- **Soraya Black** sera accueillie à partir du 5 janvier avec Marta Benito Garzon. Son stage s'intitule Understanding the relationship between dormancy release and germination in *Pinus nigra* subspecies.
- **Ludivine Codoner** est accueillie à partir du 12 janvier avec Marie-Lise. Son stage porte sur l'étude de la corrélation entre diversité spécifique et diversité génétique dans les communautés végétales dunaires
- **Tess Colbeau** est accueillie à partir du 5 janvier avec Soizig Le Stradic. Son stage porte sur l'étude du rôle de l'endozoochorie dan la dynamique de recolonisation post-incendie des communautés végétales de la pinède landaise.
- **Martin Garnier**, accueilli le 5 janvier et encadré par Anouck Champion, son stage s'intitule Relier la diversité génétique souterraine et aérienne chez un champignon ectomycorhizien.
- **Marjorie Lucas** est accueillie le 5 janvier et encadrée par Laure Villate, Méline Saubin et Yannis Clavier. Son stage s'intitule Traits d'histoire de vie et interactions interspécifiques entre le nématode du pin, son espèce soeur, et un champignon pathogène
- **Bastien Richard** est accueilli à compter du 5 janvier et encadré par Benjamin Brachi. Son stage porte sur la diversité génétique et potentiel évolutif chez le chêne sessile : évolution de la variation du nombre de copies de gènes impliqués dans les défenses chimiques.

Chloé Robert est recrutée en Post-doctorat à compter du 1er février avec Benjamin Brachi. Son post-doc s'intitule Estimer le potentiel évolutif des forêts de chênes en combinant génétique quantitative et modélisation démogénétique.

►DEPARTS

Lucien Piat nous quitte fin janvier après 16 mois passés à Pierroton sur le projet Pangenoak, et notamment sur le développement d'un simulateur de pangénomes. Il s'en va transposer en Suisse où l'attend un stage facultatif de six mois centré sur l'assemblage et l'annotation du génome de *Lolium Multiflorum* afin d'étudier de la dynamique évolutive de ses éléments transposables. On lui souhaite de bien profiter et d'enchaîner sur une possible thèse. Bonne route!

MESSAGE DE LA DIRECTION

✓ Félicitation aux collègues qui ont été promus en cette fin d'année suite à la sélection professionnelle : **Léa** (TR-SUP), **Inge** (IE-HC), **Marc** et **Christian** (IR-HC), à la promotion au choix CVPP : **Catherine** (IR), aux concours : **Olivier** (DR2), **Jean-Paul** (IR). C'est une très belle reconnaissance de leur engagement, de leur travail et de leur contribution à la dynamique collective de l'unité.

Rappel sur la remontée aux services d'appui de **dysfonctionnements relatifs aux équipements, infrastructures de recherche, bâtiments** sur le site de Pierroton => contacter **Philippe Chaumeil** (correspondant travaux de l'unité pour les SDAR) qui saura identifier si la réparation relève de l'unité ou des SDAR.

Et si vous constatez un problème de performance de votre climatisation réversible, informer immédiatement Philippe....le coût carbone des fuites de gaz est équivalent à notre consommation carbone de nos déplacements annuels en véhicule de service en 2024 !!

Merci aux équipes pour la remontée des quatre **faits marquants** de l'unité pour l'année 2025. Ils ont été transmis à ECODIV et au Centre NAB comme en chaque fin d'année ... cf la section ACTU du site web de biogeco pour plus d'information sur leur contenu.

>Dispositif in situ d'exclusion de pluie pour évaluer l'adaptation des forêts au climat de demain

>Co-construction sur les indicateurs génétiques de la Convention sur la Diversité Biologique

>La dendrochronologie révèle le secret d'un parc historique en Ukraine

>Événement science-politique «When nature can do the job: Fostering co-benefits for people and the environment in view of the Nature Restoration Regulation »

La campagne d'**entretien professionnel** pour les **ITA Inrae** est lancée. Les entretiens devront être clôturés avant le 6 février 2026 idéalement et envoyé à Sandrine selon notre procédure maintenant bien rodée. La campagne des CVPP sera lancée en mai.

Jack Baker chargé innovation environnement de l'UB vous invite à échanger avec lui les jeudi 8 janvier @ 13h-16h et jeudi 5 février @ 13h-16h salle de pause du rdc au B2. C'est sans rendez-vous : passez quand vous avez quelques minutes pour discuter avec lui ! Vous pouvez le contacter également à jack.baker.1@u-bordeaux.fr

Webinaire Peer Community In & Peer Community Journal. Mardi 13 janvier 2026 13h30-16h. [Programme](#) et [Lien de connexion](#)

Cybersécurité : sensibilisation et bonnes pratiques sur la plateforme elearning d'INRAE : <https://elearning.formation-permanente.inrae.fr/course/view.php?id=693>

[Légitimation de l'IAg vs. Objection de conscience](#)

-[IA générative à INRAE : publication d'un Guide du bon usage](#)

-[Rapport](#) de la mission d'étude et de conseil sur l'usage de l'IA dans les activités de l'université de Bordeaux.

Humm ... [et si shitGPT](#) venez maintenant reviewer nos articles ? ou...[Face à l'IA générative, l'objection de conscience...!!](#)

- Convocation à la visite médicale : visite d'information et de prévention périodique (Art. R. 4624-16, code du travail)

-Personnel Inrae : La prévention vous propose un rdv de suivi tous les 5 ans en surveillance médicale simple, tous les 3 ans en surveillance médicale adaptée, ou tous les 2 ans pour une surveillance médicale renforcée. L'exposition potentielle à des risques définis détermine le type de surveillance.

Vous pouvez bien entendu modifier la date et l'heure de la convocation auprès du service "prévention et santé au travail" julie.faivre-d-arcier@inrae.fr, dans la mesure du possible. Toutes les infos pratiques disponibles [ici](#) et [là](#).

En parallèle de ce suivi, tout agent peut solliciter le service "prévention et santé au travail" julie.faivre-d-arcier@inrae.fr, son gestionnaire RH frederick.reytet@inrae.fr ou encore le prestataire AHI33 marie-pierre.boutin@ahi33.org pour une demande de visite.

-Personnel UB : fréquence 5 ans maximum (surveillance médicale simple) mais tout agent peut solliciter le service de santé au travail s'il en a besoin. Pour plus de détails et toutes les infos pratiques disponibles [ici](#) :

Dans les deux cas: merci de vous munir des documents médicaux en lien avec votre visite (comptes rendus, radiologie, bilan sanguin...), de votre carnet de vaccination et **SURTOUT de votre fiche individuelle d'exposition (FIE) aux risques.** **Rappel**: cette fiche doit obligatoirement être remise à sandrine.gardet@inrae.fr et mise à jour tous les ans (en début d'année) que vous soyez personnel permanent ou non, INRAE ou UB. Rendez-vous sur le GED d'unité pour télécharger une FIE. Pour les ITA Inrae, profitez de votre entretien annuel de début d'année pour la mettre à jour avec votre responsable.

NOS COUPS DE COEUR

- [Comment renouveler un peuplement dans le contexte du changement climatique ?](#) par le RMT AFORCE avec la participation de Céline Meredieu.
- [Journée FRB 2025](#) | Biodiversité, eau, alimentation, santé, climat : tout est lié !
- [MinuteEarth](#), une chaîne d'éducation scientifique cumulant plus de 500 millions de vues dans le monde.
- « La forêt n'est pas un simple décor : elle soigne, elle éduque, elle relie. » Avec [WWF France](#) et la philosophe Cynthia Fleury, [découvrez](#) en quoi la forêt est une école d'attention et de citoyenneté, essentielle à notre santé individuelle et collective.
- Les [fronts de science 2025](#) de la FRB
- les 8 [webinaire](#) du cycle "l'adaptation : enjeux, démarches, outils, donnée"
- La prudence nous invite à réfléchir à l'usage des outils numériques, notamment en situation de monopole.
Il existe, par exemple, des solutions de réunions visioconférence officielles à explorer :

<https://visio.numerique.gouv.fr>

<https://bbb.visio.inrae.fr/b>

Ce texte propose une réflexion plus large sur ces questions :

« Résister au mouvement anti-science américain: libérons-nous des GAFAM et sécurisons nos données scientifiques »

<https://hal.science/hal-05021729>

<https://hal.science/hal-05021727v1> (anglais)

Témoin de la vision faussé qu'on peut avoir de la croissance d'un arbre



VIE DE BIOGECO

1er Bilan Carbone de l'unité rapidement présenté par Philippe et Franck en AG, disponible [ici](#) pour 2024

Poursuite du terrain en Lozère, plusieurs vergers de châtaignier ont été prospectés entre deux averses, pour caractériser la distribution de la maladie de l'encre en France (projet Prosper ; **Cécile et Fanny**)



✓ 1ère saison de la partie terrain du projet ciblé REGEADAPT du PEPR FORESTT, menée en Forêt de Chantilly avec des membres de l'équipe E4E : **Benjamin Dencausse, Benjamin Brachi et Océane Leterrier.**

Dans le cadre, nous avons cartographié et mesuré des jeunes semis de chênes que nous suivrons ensuite 2 fois par an pendant 5 ans avec l'aide des bénévoles du PNR de l'Oise. Malgré la pluie et le froid nous avons réussi à mesurer près de 800 semis qui serviront à caractériser la diversité génétique de la régénération naturelle des chênes !





Le Muséum de Bordeaux a organisé en ce mois de novembre la 1ere édition du Mois de la Recherche. Cela a démarré par une journée inaugurale le dimanche 2 novembre où les partenaires scientifiques présentaient leurs travaux sous forme d'ateliers interactifs. Biogeco était représenté via les projets Oscar (**Céline Monetti, Bastien Castagnayrol**) et Spipoll (**Fred Revers**). Plus de 2000 visiteurs ont poussé les portes du Muséum dont une partie est venue nous rendre visite. Nos actions se sont poursuivies par des ateliers avec des scolaires et des conférences grand public.



DES METIERS - DES PORTRAITS

Pour cette dernière newsletter de l'année nous avons rendez-vous avec Jean-Paul, Franck et Jean-Marc. Merci pour leur contribution ! A venir pour 2026 Agnès, Zoé, Emilie, Fanny, Christophe, Adline, Erwan, Jennifer ... n'hésitez pas à vous prêter au jeu en contactant Sandrine.

► Jean-Paul Soularue, ingénieur de recherche

Jean-Paul réalise des travaux de recherche mobilisant modélisation et expérimentation au sein de l'équipe Gemfor (Génétique et Écologie des Maladies de la Forêt). Nous lui avons posé quelques questions relatives à son parcours et son métier.

Mots-clés : modélisation démo-génétique, plasticité phénotypique, écologie évolutive, épidémiologie évolutive, pathologie végétale, Python, R, Bash, Slurm, analyse de données, calcul intensif.

Pour commencer peux-tu nous décrire ton parcours et tes fonctions actuelles ?

Après un Master en informatique théorique et une première expérience dans une entreprise privée, j'ai rejoint l'INRAE et l'UMR Biogeco en 2008 en CDD comme développeur d'applications (projets européens Sumatecs, Evoltree, Motive).

J'étais très intéressé par les recherches sur l'évolution de la biodiversité menées à Biogeco ainsi que par la modélisation des processus biologiques. J'ai eu l'occasion de commencer en 2009 une thèse de doctorat intitulée "*Évolution de la phénologie des arbres à l'échelle d'un paysage forestier*" sous la direction d'Antoine Kremer. J'ai soutenu fin 2012.

En 2013, j'ai été recruté toujours en CDD comme ingénieur de recherche en calcul scientifique au sein de la plateforme de modélisation écologique du Labex COTE (Université de Bordeaux, UMR Biogeco). J'ai conçu, développé et simulé des modèles d'évolution de méta-populations naturelles d'arbres forestiers exposées à des variations climatiques.

En 2015 j'ai été recruté par l'INRAE et rejoint l'équipe Génétique et Écologie des Maladies de la Forêt (Gemfor) de l'UMR Biogeco en tant qu'ingénieur d'études titulaire. Au sein de cette équipe, je commençai à développer et utiliser la modélisation pour explorer les liens entre épidémiologie, évolution, et gestion des écosystèmes forestiers dans un contexte de changement global.

Au fil du temps, je me suis impliqué de façon croissante dans la définition et l'approfondissement des questions de recherche abordées par l'équipe. J'ai contribué au montage de projets dont j'étais parfois porteur, et progressivement intégré une activité expérimentale à mon activité de modélisation. Ce positionnement scientifique s'est matérialisé par la direction de la thèse de Clémence Bécans sur l'évolution d'*Hymenoscyphus fraxineus*, un champignon pathogène responsable de la chalarose du frêne (co-direction : Cécile Robin). Depuis 2022, je suis responsable de l'équipe Gemfor. Fin 2025 j'ai été promu ingénieur de recherche via un concours INRAE.

Quels sont tes principaux projets en cours ?

Je m'intéresse à l'évolution d'agents pathogènes responsables de maladies émergentes dans les écosystèmes forestiers, à l'évolution de la plasticité de leur traits d'histoire de vie en particulier.

La thèse de Clémence Bécans et le projet Dynaplast portent sur *Hymenoscyphus fraxineus*, l'agent causal de la chalarose du frêne, une épidémie en expansion en Europe. Nous avons obtenus différents résultats mettant par exemple en évidence l'évolution de la capacité d'*H. Fraxineus* à se développer dans des conditions de températures élevées au sud de l'Europe, une évolution à prendre en compte dans les prédictions de risque épidémique en relation avec le climat.

Je m'intéresse aussi à la relation entre conduite de peuplements d'arbres forestiers et fruitiers, dynamiques évolutives et épidémiologie. Par exemple, à l'aide de la modélisation démo-génétique, nous avons récemment montré que le déploiement d'arbres partiellement résistants aux maladies pouvait dans certaines conditions exacerber la sévérité d'épidémies malgré un coût d'adaptation du pathogène à son hôte. Ce résultat nouveau souligne la nécessité de caractériser avec précision la nature des interactions hôte-pathogène et l'efficacité des plants sélectionnés pour leur résistance avant d'envisager leur déploiement.

En parallèle, je travaille avec Sukanya Denni, ingénierie d'études en développement d'applications contractuelle, à la mise à disposition d'outils de modélisation prédictive pour l'acquisition et le transfert de connaissances sur l'émergence de maladies en forêt et en vergers dans un contexte de changements globaux (projets Grifon et Prosper). Ces travaux nécessitent des développements informatiques importants (conception, génie logiciel, calcul

intensif, gestion et analyse de données simulées, optimisation, test, validation, documentation), initiés depuis mon recrutement.

Qu'est-ce que tu apprécies le plus dans son métier et quelles sont les qualités nécessaires pour l'exercer ?

Je suis sensible à la finalité de mon activité professionnelle et attaché à l'environnement riche et stimulant que représente une unité de recherche. J'apprécie particulièrement de pouvoir inscrire mon activité dans des projets de recherche à fort enjeux, centrés sur la biodiversité et son évolution. Ce qui rend mon métier stimulant ce sont les défis propres à chaque projet de recherche, leur diversité, la nécessité d'un apprentissage continu, ainsi que les échanges positifs et constructifs avec les collègues.

Quelles sont tes dernières publications publications ?

Deux en 2025 :

Becans, C., Robin, C., Budde K.B., Ghelardini, L., Gross A., Lygis V., Nielsen L.R., Saint-Jean, G., & **Soularue, J. P.** Evolution of thermal plasticity in *Hymenoscyphus fraxineus* during ash dieback expansion in Europe. *Ecology and Evolution*. 15 (6), e71513

Soularue, J. P., Halkett, F., Saubin, M., Denni, S., Demené, A., Dutech, C., & Robin C. Quantitative resistance deployment can strengthen epidemics in perennial plants by selecting maladapted pathogen strains". *Evolutionary Applications*. 18 (7), e70123

► Franck Salin, Ingénieur biologiste en traitement de données

Franck est ingénieur d'études à Inrae. Il travaille en particulier sur l'analyse bio-informatique des microbiotes au sein de l'équipe Inrae/Inria Pleiade et s'implique dans la RSE et les sujets logistiques au sein de l'unité. Il s'est également prêté au jeu de question-réponse sur son parcours et son métier.

Quel a été ton parcours professionnel ?

A la sortie de ma thèse en biochimie/biologie moléculaire sur le métabolisme terpénoïque du pin maritime, j'ai voulu élargir mes connaissances au-delà de la biochimie et de la biologie moléculaire en réalisant un premier post-doc en chimie analytique ou j'ai pu approfondir mes connaissances en technologies d'analyses biologiques. Par la suite, j'ai intégré en tant qu'ingénieur un projet européen (Ecoslopes) ou j'ai pu explorer les frontières entre les lois de la mécanique et leur perception/expression chez les plantes à travers la thigmomorphogénèse, le géotropisme ou le phototropisme. Fort de ce savoir-faire multidisciplinaire, j'ai réussi en 2006 le concours de responsable plateforme de génomique à l'INRAE de Pierroton au sein de l'Unité Mixte de Recherche 1202 BIOGECO (poste d'IE). Pendant treize ans, j'ai assuré la direction technique de la PGTB, une plateforme en génomique adossée à notre UMR. C'est dans ce contexte que je me suis intéressé à la bioinformatique et à

l'analyse des données dans le big data. Début 2019, j'ai souhaité aller plus loin dans mon projet professionnel en m'orientant vers l'informatique et l'analyse de données. Pour cela, j'ai intégré une l'équipe **INRAE/INRIA**: Pléiade. Cette équipe se concentre sur le développement et l'application de méthodes informatiques avancées pour l'analyse et la modélisation des données biologiques et écologiques. Aujourd'hui, j'ai l'opportunité de mettre à profit l'ensemble de mes compétences et connaissances, tant dans le domaine de la biologie moléculaire que dans la bio-informatique.

Peux tu nous décrire ce que tu réalises au quotidien ?

Au quotidien, j'analyse et traite les données issues du séquençage NGS de microbiotes (Short reads/long reads) : trimming, denoising, mapping, assemblage, annotation) dans des approches de métabarcoding ou de métagénomique. L'objectif est de transformer ces données biologiques en un langage standard de description de modèles facilitant leur réutilisation et l'échange d'informations entre les biologistes et modélisateur (le sbml) comme par exemple , la modélisation des flux métabolique d'une bactérie. Pour cela j'utilise des langage de script comme le bash, ou bien du python et de nombreuses applications/pipeline. Je suis aussi datamanager au sein de mon équipe. J'assure le cycle de vie des données que nous gènerons et analysons : identification, recueil, organisation, sauvegarde, valorisation et mise à disposition de ces données en adéquation avec les différents PGD des projets.

Quels sont tes projets en cours ?

Mes activités se focalisent autour du PEPR Agroécologie et numérique (Inria) et notamment du projet [Mistic](#), porté par notre équipe et dont l'objectif est de concevoir de nouveaux outils d'analyse de données multi-omiques et des modèles spatio-temporels multi-échelle de communautés microbiennes dans les cultures de micro-organismes. Plus simplement, nous essayons de déchiffrer les liens entre la diversité, la structure des communautés et les fonctions biologiques afin d'identifier ceux qui peuvent intervenir dans la santé d'une culture et son adaptation aux stresss écologiques et environnementaux. Pour cela nous nous appuyons sur des données issues de projets transversaux INRAE comme VITAE et GETUP (PARSADA) qui développent des stratégies de lutte alternative contre le mildiou de la vigne en s'appuyant à la fois sur des stratégies de biocontrôle (microbiote) et de lutte par conservation Responsable. Toujours prêt pour de nouveaux défis tournés vers l'innovation, je participe depuis plus récemment à un projet EXPLOR'AE : TARGET qui vise à montrer que la combinaison d'approches de biologie des systèmes, d'ingénierie génomique et de culturomique peut permettre de lever le verrou de la non-cultivabilité d'une bactérie.

Mènes tu des activités transversales au sein de l'unité voire au delà ?

Je suis effectivement très impliqué dans le fonctionnement du collectif en tant que co-responsable de la démarche RSE et co-responsable des infrastructures des bâtiments de Pierrotin. Je contribue également à l'IOT

(Internet of things) en développement des logiciels en micropython, au développement d'infrastructures informatiques (hardware et software). Enfin, au delà de l'unité je participe à des jurys experts auprès du HCERES ou à des jurys de concours ITA.

Qu'appréciés-tu le plus dans ton métier et quelles sont les qualités nécessaires pour le réaliser ?

Ce que j'apprécie le plus dans mon métier, c'est la diversité des projets sur lesquels je suis amené à travailler. Qu'il s'agisse de génomique ou de modélisation, chaque nouveau sujet ouvre une nouvelle porte. Cette richesse thématique s'accompagne d'une forte interdisciplinarité, où se croisent biologie, informatique et data science, créant un terrain d'innovation particulièrement stimulant. Je suis passionné par l'usage d'outils technologiques de pointe, du big data à l'intelligence artificielle, qui permettent d'explorer et d'interpréter des volumes massifs de données biologiques. Ce contexte en constante évolution nourrit ma curiosité scientifique et mon envie d'apprendre. Mais ce sont aussi les collaborations humaines qui donnent du sens au quotidien : échanger avec des chercheurs, ingénieurs et étudiants venus d'horizons variés est une source d'enrichissement inestimable et le contexte de l'équipe mixte dans laquelle j'évolue est particulièrement propice à de riches interactions scientifiques.

Travailler à l'interface entre biologie et informatique demande à la fois des compétences techniques solides en bioinformatique (assemblage, annotation, traitement NGS), en programmation (Bash, Python, R) et en gestion de données complexes. Il faut savoir s'adapter rapidement à de nouveaux outils, rester en veille sur les évolutions technologiques (IA, big data), tout en gardant une rigueur scientifique constante. Mais au-delà des aspects techniques, ce qui est particulièrement motivant c'est aussi la possibilité de travailler en équipe, à dialoguer avec des profils scientifiques très variés, et à être capable de faire le lien entre les données et leur sens biologique.

Quelles sont tes publications récentes ?

je citerais en 2025 dans le domaine de l'IoT ma participation au développement d'un réseau de Stations Instrumentées Évolutives Modulables et Déplaçable en IoT hal-04967053 ; la construction de méta-génomique du microbiome tellurique ; hal-05340126 ; le développement d'une puce microfluidique de PCR quantitative hal-05108055.

►Jean-Marc FRIGERIO, Expert en calcul scientifique.

Jean-Marc est ingénieur de recherche à Inrae. Il est membre de l'équipe Pléiade. Pour le rencontrer cherchez le bâtiment Pingouin au 1er étage de la Pagode !

En quoi consiste ton métier d'ingénieur de recherche, expert en calcul scientifique ?

Il s'agit plus précisément de développer des logiciels et des outils informatiques pour aider les chercheurs à analyser des données biologiques. Je mets en place des méthodes et des techniques pour créer des ressources numériques utiles pour la communauté scientifique.

Quelle est ton parcours ?

J'ai une thèse en Biochimie, spécialisée en biologie moléculaire. Au cours de ma trajectoire professionnelle j'ai toujours été passionné par l'informatique, passion que je concrétisé par un diplôme 'Informatique en Biologie' de l'Institut Pasteur (Paris). J'ai également suivi de nombreuses formations en informatique, notamment en programmation, gestion de bases de données et analyse de données biologiques.

Dans la pratique, quelles sont tes missions au quotidien et avec qui travailles-tu ?

Mon quotidien alterne entre des réunions en présentiel pour discuter et réfléchir avec mes collègues, et des périodes de télétravail pour développer et tester les outils. Je travaille en étroite collaboration avec des chercheurs pour les questions de recherche et avec des collègues informaticiens pour la veille technologique et la formation continue.

Quelles sont les qualités nécessaires pour les exercer ?

J'en citerai deux principales : 1/ des compétences Techniques. En termes de programmation je maîtrise plusieurs langages de programmation (Python, R, Bash) pour développer des outils et des applications. J'ai également de bonnes connaissances des systèmes de gestion de bases de données (SQL, HDF5, Parquet) pour stocker et manipuler des données biologiques ainsi qu'une pratique avancée des méthodologies Agile, Scrum, etc., pour gérer efficacement les projets de développement informatique dans lesquels je suis impliqué. 2/ des compétences Interpersonnelles car le travail en équipe avec des chercheurs et des collègues informaticiens est primordial.

Quels sont vos projets en cours ?

Je valorise actuellement plusieurs travaux de recherche menés avec Alain Franc (DR INRAE) : **yapsh** : commande en ligne avec quelques fenêtres pop'up, interface d'une librairie de metabarcoding ; **diosh**: commande en ligne avec quelques fenêtres pop'up, interface d'une librairie de réduction de dimension linéaire.

Quels sont les aspects que tu aimes le plus dans ton métier ?

Les aspects que j'apprécie le plus dans mon métier sont la possibilité de i/ travailler à l'intersection de la biologie et de l'informatique ce qui me permet de combiner deux domaines que j'aime passionnément. Cela enrichit mon travail et me permet de voir des problèmes sous différents angles, ii/ créer des

applications et des outils informatiques sur mesure pour répondre aux besoins spécifiques des chercheurs. Utiliser des langages de programmation comme Python, R, et Bash pour développer des solutions robustes et efficaces est une partie très stimulante de mon travail, iii/ concevoir des architectures logicielles complexes et évolutives. Que ce soit en utilisant des microservices, des architectures orientées services (SOA), ou d'autres approches, la conception d'une architecture solide est essentielle pour le succès des projets. Je suis soutenu dans ce domaine par des collègues INRIA de notre équipe; et iv/ apprendre toujours apprendre ! La technologie et les méthodes en informatique évoluent rapidement. Être constamment à jour avec les dernières avancées et acquérir de nouvelles compétences est un aspect très enrichissant de mon métier.

Rencontres-tu parfois des difficultés dans ton travail ?

Oui, comme dans tout métier, il y a des défis et des difficultés que je rencontre régulièrement dans mon travail. Les données biologiques sont souvent complexes et hétérogènes, ce qui peut rendre leur analyse et leur interprétation difficiles. Il faut parfois beaucoup de temps et de ressources pour nettoyer, structurer et analyser ces données de manière efficace. La technologie et les méthodes en informatique évoluent rapidement. Il est donc crucial de rester à jour avec les dernières avancées : ça prend du temps ! Le développement de logiciels et d'applications peut être imprévisible. Des bugs, des incompatibilités de systèmes ou des problèmes de performance peuvent survenir à tout moment. Il faut y faire face constamment sans se décourager.

Qu'est-ce que le travail au sein d'une unité de recherche t'apporte au quotidien ?

L'unité biogeo est un environnement dynamique et stimulant ; travailler avec des chercheurs de différentes disciplines (biologie, mathématique, informatique) constitue une source constante d'apprentissage continu à laquelle je tiens beaucoup. Voir les outils et les solutions que je développe être utilisés par des chercheurs pour avancer dans leurs projets est extrêmement gratifiant. Cela donne un sens concret à mon travail et montre son impact direct sur la recherche.

Quelles sont tes publications récentes ?

Les logiciels pydiodon hal-05021182 et cppdiodon hal-04971369 ainsi qu'un article de Marie-Josée Cros, Jean-Marc Frigerio, Nathalie Peyrard, Alain Franc. Simple approaches for evaluation of OTU quality based on dissimilarity arrays. *Metabarcoding and Metagenomics*, 2024, 8, [⟨10.3897/mbmg.8.108649⟩](https://doi.org/10.3897/mbmg.8.108649)

NOUVELLES DES PLATEFORMES



Projets

Quelques exemples de projets en ce début d'année :

- Du metabarcoding pour caractériser les communautés fongiques associées à la propagation du nématode du pin *Bursaphelenchus xylophilus*, et optimiser les méthodes de prélèvement et d'analyse pour détecter précocement l'infection. Ce travail se fait en collaboration avec Méline et Yannis à BIOGECO.
- Toujours sur le nématode du pin, du génotypage SSRseq pour identifier l'origine géographique des insectes vecteurs (*Monochamus galloprovincialis*) qui sont interceptés dans les zones à risque en France, afin d'améliorer la surveillance du territoire et la gestion de la crise. Ce travail se fait en collaboration avec l'Unité de Recherche de Zoologie Forestière d'Orléans.
- Du génotypage SSRseq pour identifier les principaux déterminants de l'exposition humaine aux piqûres d'acariens ornithophiles du genre *Dermanyssus*. Dans ce cadre, les collègues de l'UMR CEFE de Montpellier cherchent à mesurer l'effet de différents facteurs sur la circulation des acariens et leur potentiel à transiter entre nids d'oiseaux et habitations humaines.
- Du metabarcoding bactérien à partir d'ARN pour caractériser l'influence des conditions de température et de nutriments sur les interactions entre cyanobactéries et leur bactéries hétérotrophes. Ce travail se fait en collaboration avec l'UR EABX de Gazinet.

Symposium

France Génomique, dont la PGTB est membre, et le réseau national GREENomics, organisent les 18, 19 et 20 février un symposium international sur la génomique environnementale et agronomique, à Paris. Le programme est désormais disponible et les inscriptions encore possible !

Qualité

Les 26 et 27 janvier nous aurons notre audit externe dans la cadre de la certification ISO 9001 et NFX 50:900.



NOUVEAUX PROJETS

COMEKO- Les communautés écologiques du campus TPG : coopérer pour vivre dans une métropole-nature (coord. **Marie-Lise Benot** et **Emmanuelle Bonneau**)

FR-IDGE : projet de recherche-action coopératif financé dans le cadre de la convention OFB-INRAE (AAP de l'OFB sur le cadre mondial de Biodiversité et conservation de la diversité génétique en France: Indicateurs génétiques en France hexagonale et dans les Outre-mer). Ce [projet est porté par Myriam Heuertz](#) pour Biogeco et Guillaume Gigot pour l'OFB et permettra de mettre en place des flux de travail pour assister le ministère de la transition écologique au rapportage des indicateurs génétiques correspondant à la Cible 4 du Cadre Mondial de Biodiversité. Il visera aussi à développer de tels flux de travail pour les outre-mer avec la Guyane comme région pilote.

HARMONICA : second projet financé dans le cadre d'Explor'ae. Toward High Accuracy Real-time Monitoring of Non-structural Carbohydrate using Mid-InfraRed Spectroscopy. Ce [projet est porté par Régis Burlett](#) en partenariat avec le laboratoire LETI du CEA de Grenoble.

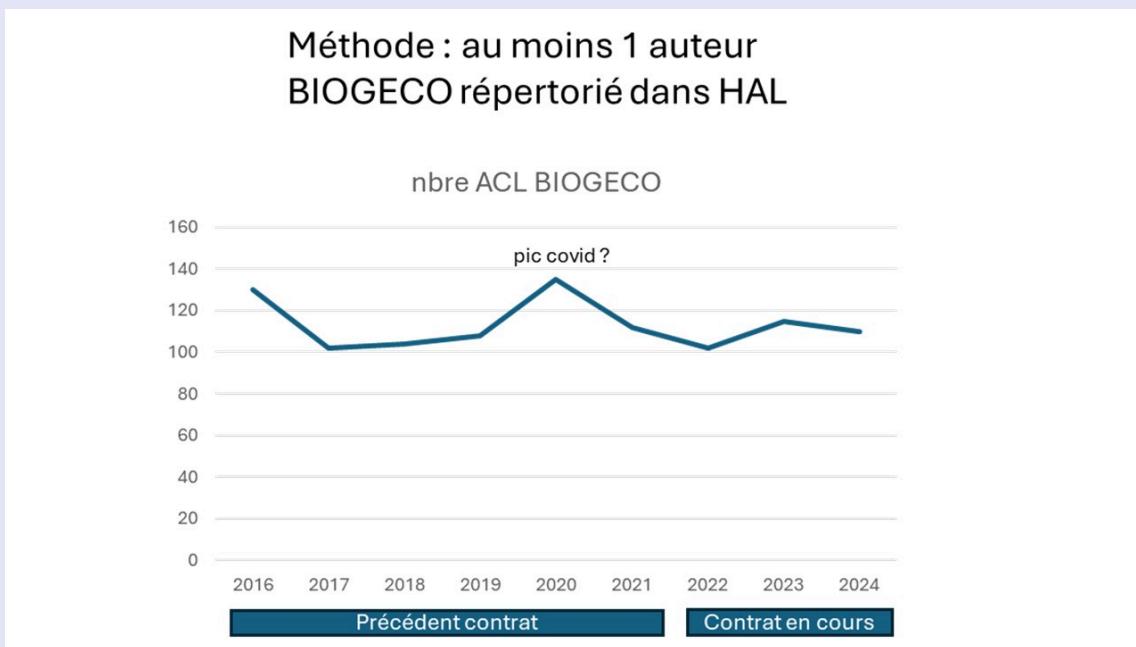
DES NOUVELLES DES ANCIENS

DERNIERES PUBLICATIONS

Chaque semaine une requête sur le WOS avec les mots clés "pin maritime"

et "pinus pinater" est exécutée. (WOS = Web Of Science, Base de données internationale multidisciplinaire d'articles scientifiques). **Céline Meredieu** redistribue ce résultat (0 à 10 références) à des collègues inscrits sur une liste de diffusion réservée à cet usage. Envoyez-lui un message si vous souhaitez recevoir ce mail hebdomadaire, idem si vous souhaitez vous désabonner. celine.meredieu@inrae.fr

Dynamique de publication depuis 2016



Analyse en fonction des catégories du WoS sur 3 périodes de 5 ans. Le profil de l'unité en terme de publication à comité de lecture reste stable : environ 70% des ACL dans les 3 mêmes catégories depuis 15 ans. Quelques inflexions (à la hausse ou à la baisse) sont toutefois à noter.

	périodes	2011-2016	2016-2020	2021-2025
moyenne ACL/an		68.2	105.8	102
%ACL = %catégories du WOS)				
Ecology	33.431	34.594	31.041	
Plant Sciences	21.994	26.276	21.415	
Forestry	18.182	16.635	17.289	
Biodiversity Conservation	8.211	8.129	12.574	
Environmental Sciences	12.317	11.531	12.181	
Evolutionary Biology	11.144	13.233	9.43	
Multidisciplinary Sciences	5.572	4.537	8.055	
Genetic Heredity	11.73	7.94	7.073	
Geography Physical	3.812	3.403	4.912	
Entomology	4.106	2.647	4.126	
Biochemistry Molecular Biology	7.038	6.049	3.733	
Agronomy	2.346	3.97	3.34	
Microbiology	0	1.323	2.75	
Biology	2.053	2.079	1.768	
Environmental Studies	0	0.567	1.768	
Horticulture	3.519	2.079	1.768	
Soil Science	1.173	1.89	1.572	
Zoology	0	0	1.572	
Agriculture Multidisciplinary	0.587	0	1.375	
Marine Freshwater Biology	0.88	0.756	1.375	
Meteorology Atmospheric Sciences	1.173	1.323	1.375	
Biotechnology Applied Microbiology	4.985	1.134	1.179	
Geosciences Multidisciplinary	2.933	0.567	0.982	
Urban Studies	0	0	0.982	
Biochemical Research Methods	1.466	0.756	0.589	
Mycology	1.76	1.512	0	
Engineering Environmental	0.587	1.512	0	
Agricultural Engineering	0.587	0	0	

Globalement, nous maintenons nos deux grandes lignes de force disciplinaires. >D'un côté, l'**écologie**, avec son corpus théorique et expérimental, qui nous permet d'explorer la diversité des espèces ainsi que la complexité des interactions entre les organismes et leur environnement.

>De l'autre, l'**évolution**, qui éclaire sur l'origine de cette biodiversité et les processus qui la transforment au cours du temps.

Au sein de l'unité, nous observons une intégration croissante de ces deux approches, qui partagent un même objet central : la **biodiversité**. En effet, sur le plan temporel, la mise en évidence de processus évolutifs agissant sur la diversité génétique à l'échelle de quelques générations, voire d'une seule, entre en résonance avec la rapidité des dynamiques écologiques des communautés dans un contexte de dérèglement global accéléré.

Ribémont R., Dupouey J.L., Richard B., Lenoir J., Le Roncé I., Boulanger V., Alard D., Beaufils T., Begeot C., Camaret S., Closset-Kopp D., Corcket E., Decocq G., Eynard-Machet R., Gillet F., Mouly A., Ruffaldi P., Spicher F., Ulrich E., Nicolas M., Langlois E., Aubert M. Understory plant indicator values poorly perform at monitoring temporal changes in French forest soil chemical properties. Ecological Indicators, Volume 182, 2026, 114490, ISSN 1470-160X. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2025.114490>

Une publication dans le cadre du réseau national RENECOFOR piloté par l'ONF qui compile les données flores (25 années de suivi) et des données sur la chimie des sols forestiers sur les mêmes stations.

Lepais, O., & Paz-Vinas, I. (2025). Counting the Invisible: New Tools to Estimate the Number of Contributors From Sequence-Based Microsatellite Genotyping of Environmental DNA Samples. Molecular Ecology Resources, 25(8), e70051. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.70051>

Un court article de mise en perspective d'un article décrivant deux nouveaux packages R permettant d'estimer le nombre de contributeurs à partir de génotypage de microsatellite par séquençage (SSRseq) d'ADN environnemental. Accéder à la diversité intraspécifique d'échantillons environnementaux permet une estimation de la taille absolue du nombre d'individus fréquentant un site, un aspect quantitatif qui est nouveau par rapport à ce qui peut se faire par des approches de métabarcoding. Une nouvelle possibilité pour aller vers des suivis génétiques simplifiés. Bien positionné grâce à l'expertise de la PGTB sur le SSRseq, plusieurs projets sont en cours pour tester et appliquer ces nouvelles méthodes qui semblent prometteuses.

Soliani, C., Sekely, J., Zamora-Ballesteros, C., Heer, K., Lepais, O., Mondino, V., Opgenoorth, L., Pastorino, M., Marchelli, P. (2025). Restricted Dispersal in the Late Successional Forest Tree Species *Nothofagus Pumilio*: Consequences Under Global Change. Ecology and Evolution, 15(5), e71002. <https://doi.org/10.1002/ece3.71002>

Une étude sur le système de reproduction et les capacités de dispersion d'un arbre des forêts tempérées d'Amérique du sud *Nothofagus pumilio* réalisé à partir

EMPLOI

Postez et retrouvez toutes les offres [ici](#)

ACTIVITES SOCIALES