Proposition d'Amélioration du Système de Suivi de la biodiversité FORestière

Phase 2 du projet, 2019-2022

Partie II.

Principaux travaux scientifiques et techniques

Partie II. - Principaux travaux scientifiques et techniques

Sommaire

II-A Protocole d'élaboration des maquettes de suivi de la biodiversité en forêt
II-B Les Grilles d'analyse des objectifs de suivi 1, 2, 3, 4
II-C Proposition de plan d'échantillonnage multi-taxons pour l'objectif 1
II-D Objectif 1 – Sous-maquette Ecosystèmes
II-D Objectif 1 – Protocole de relevés Ecosystèmes
II-E Objectif 1 – Sous-maquette Arbres
II-E Objectif 1 – Protocole de relevés Abondance des arbres
II-F Objectif 1 – Sous-maquette Flore vasculaire (hors arbres)
II-F Objectif 1 – Protocole de relevés Flore vasculaire (hors arbres)
II-G Objectif 1 – Sous-maquette Bryophytes
II-G Objectif 1 – Protocole de relevés Bryophytes
II-H Objectif 1 – Sous-maquette Chiroptères
II-H Objectif 1 – Protocole de relevés Chiroptères
II- i Objectif 1 – Sous-maquette Oiseaux
II- i Objectif 1 – Protocole de relevés Oiseaux
II-J Objectif 1 – Sous-maquette Gastéropodes
II-J Objectif 1 – Protocole de relevés Gastéropodes
II-K Objectif 1 – Sous-maquette Champignons ectomycorhiziens
II-K Objectif 1 – Protocole de relevés Champignons ectomycorhiziens
II-L Proposition de maquette pour le suivi de l'état et l'évolution de [pans] de la biodiversité en forêt (objectif 1)
II-M Synthèse bibliographique sur la gouvernance des systèmes de suivi environnementaux (principes)
II-N Note sur le système de suivi de l'environnement en Suisse
II-N Note sur le système de suivi en Suède
II-N Note sur le projet de suivi de la biodiversité en Nouvelle-Zélande
II-0 Synthèse bibliographique : Suivis de biodiversité par la reconnaissance automatique des espèces à partir des sons
II-P Synthèse bibliographique : suivis de biodiversité par la reconnaissance automatique des espèces sur photographie
II-Q Synthèse bibliographique : suivi de biodiversité par la reconnaissance des espèces basée sur l'ADN
II-R Notice explicative – fiches « Pratiques de gestion »
II-S Fiches de suivi des pratiques de gestion – Rubriques 1, 2, 4
II-S Application aux coupes
II-T Méta-analyse de l'effet de la diversité des essences forestières sur la biodiversité

II-A

Protocole d'élaboration des maquettes de suivi de la biodiversité en forêt

Il s'agit d'expliciter ici comment les maquettes de suivi de biodiversité vont être construites pour chacun des objectifs retenus. Nous rappelons que les objectifs de ces suivis sont d'estimer un état ou une tendance et de suggérer des liens mais pas de prouver. C'est pourquoi des liens avec la recherche seront mentionnés dans la maquette. L'idée générale est bien sûr de reprendre la grille d'analyse des objectifs et de sélectionner les dispositifs –sur la base de leur grille - suivant qu'ils répondent ou pas aux différentes attentes de la grille objectif.

Objets visés :

- On propose de **faire une sous-maquette par type d'objet** (partie ou composante de biodiversité suivie : le « quoi » ; exemple : les types d'habitats ou leur qualité, un groupe taxonomique...) **et par objectif** : en effet, on ne pourra « associer » les données (ex : cœur-complément) de dispositifs aux caractéristiques différentes (avec des approches telles que celle testée dans le M2 de P. Bouchet) que s'il s'agit du même objet.
- Pour ne pas avoir à répéter les mêmes éléments entre les sous-maquettes d'un même type d'objet entre objectifs, on produira un « protocole » pour chaque type d'objet (cf. fin du fichier).
- **Pour chaque objectif, en plus des sous-maquettes par type d'objet**, on produira – a priori dans le fichier de la maquette – **une proposition de plan d'échantillonnage multi-taxon** auquel les différentes sous-maquettes pourront se référer.
- **Pour chaque objectif, on travaillera sur les niveaux :**
    - **écosystémique** (correspondant aux EBVs : Ecosystem Functioning & Ecosystem Structure : types d'habitats – extension et turnover - et variables de structure et de composition : cf. rapportage Natura 2000),
    - **Spécifique et interspécifiqu**e (correspondant aux EBVs : species populations ; species traits ; community composition) pour les **7 groupes d'espèces** isolés par la tâche C – **chiroptères**, **oiseaux**, avec une attention particulière pour les pics, **arbres**, **flore vasculaire hors arbres** – avec une attention particulière pour les ptéridophytes, **champignons ectomycorhiziens**, **gastéropodes terrestres**, **bryophytes** et les éventuels groupes taxonomiques mentionnés dans les grilles objectif pour cet objectif.
        - Pour les groupes d'espèces pour lesquels il n'y a pas aujourd'hui de suivi connu, on pourra les regrouper en une seule sous-maquette.
    - Le niveau génétique (correspondant à l'EBV Genetic composition) sera traité à part en multi-objectifs.

Préambule au niveau des maquettes / objectif

Hiérarchisation des attentes

Pour chaque objectif, **hiérarchiser** dans la grille Objectifs les **caractéristiques** – issues entre autres des réponses aux questions du premier séminaire (cf. seconde colonne de la matrice) – suivant qu'elles sont plus essentielles que d'autres (qui seront mis en gras) et notamment les critères indispensables (qui seront mis en gras souligné) pour qu'un dispositif soit mis dans le cœur de la maquette. Cette hiérarchisation n'apparaît pas directement dans la sous-maquette : il s'agit d'un travail préalable.

Question à laquelle la maquette souhaite répondre (et celles identifiées auxquelles elle ne répondra pas)

En premier lieu, en lien avec l'objectif, il s'agit de préciser le plus possible la ou les questions auxquelles on souhaite répondre, ainsi que celles identifiées auxquelles il n'est pas envisagé de répondre [cf. CR du webinaire du 01/02/22].

↳ Préciser notamment à ce stade **les attentes en termes temporels** [cf. CR du webinaire du 01/02/22] : à la fois en termes de profondeur temporelle (en tant que telle ou en terme de décalage temporel entre une pression ou une réponse et la dynamique de la biodiversité), de fréquence de passage et d'échéance à laquelle on souhaite des résultats.

↳ C'est aussi en partie à ce stade qu'on doit préciser quelles sont les attentes en matière de **qualité de l'échantillonnage spatial** par exemple. [cf. CR du webinaire du 01/02/22]

↳ Préciser ce qui est visé en termes de **métriques de biodiversité** (ex : moyenne géométrique d'abondance des espèces communes ; ou tendances temporelles issues d'analyses statistiques ex JSDM ; ou tendance temporelle des espèces les plus fréquentes…)

↳ Bien rappeler les grands choix de PASSIFOR-2 :

- On suit la **biodiversité en forêt** et pas uniquement la biodiversité forestière en forêt.
- Multi-espèces et écosystème: pas de propositions mono-espèces ni génétique dans PASSIFOR-2.
- Le niveau spatial de restitution prévu est l'**échelle métropolitaine** et les **grandes régions** ou grands contextes.
- Bien dire qu'on n'inclut **pas d'expérimental** dans nos maquettes. On vise dans PASSIFOR-2 de l'estimation et éventuellement de la corrélation.
- Les objectifs >=2 sont faits pour estimer et suivre l'évolution du lien entre pressions, réponses et biodiversité.
- Les pressions et réponses sont davantage traités dans les objectifs, que comme des EBVs.

↳ Bien préciser à ce stade ce qu'on inclut dans le **périmètre forêt** : forêts hors production, forêts très récentes, landes, bosquets voire alignements d'arbres ou parcs… [cf. CR du webinaire du 01/02/22]

↳ On peut aussi si possible préciser ici le **type de tendance** qu'on souhaite pouvoir détecter quand les métriques visées sont des métriques temporelles

Méthode de constitution des sous-maquettes

Dans le rapport de PASSIFOR2, une sous-maquette sera constituée de quatre parties (en plus de la partie *Question à laquelle la maquette souhaite répondre* ; cf. ci-dessus) :

- **1ère partie : analyse de l'existant (longueur : maximum un recto-verso) :**
  - un tableau synthétique résumant les qualités des dispositifs existants au regard des attentes pour l'objectif
  - un tableau détaillé associé (en annexe)
  - un texte commentant/justifiant synthétiquement les appréciations faites
- **2ème partie : proposition d'un cœur de sous-maquette** comprenant l'existant, ainsi que les propositions d'améliorations (longueur : essayer un recto-verso ; max 4 pages)
  - Un texte justifiant ces propositions d'amélioration (A définir : différentes parties du texte).
  - Préciser les EBVs associées à ce niveau de biodiversité et données de biodiversité mesurées ainsi que les types d'analyses/indicateurs pouvant être produits à partir de ces suivis.
- **3ème partie : proposition d'un complément de sous-maquette** comprenant l'existant (essentiellement) (longueur : un recto-verso)
- **4ème partie : développements méthodologiques et de recherche nécessaires**

- Dans les versions résumées (au sein de la maquette), on aurait pour chaque maquette – correspondant à un objectif de suivi - 2 pages pour la 2ème partie (cœur) par sous-maquette – correspondant au croisement objectif partie de biodiversité - et une partie de proposition de compléments (3ème parties) et de développements (4ème parties) résumées au niveau maquette.

Les sous-maquettes stricto sensu seront produites sous forme de fichiers Word contenant des images issues de Powerpoint (pour les synthèses des tableaux colorés).

Méthode pour les premières parties des sous-maquettes (analyse de l'existant)

Méthode de production du tableau détaillé des 1ères parties de chaque sous-maquettes :

Dans le fichier Excel de la grille Objectifs, ajouter une colonne par dispositif apportant de l'information de type suivi sur le type d'objet avec ses caractéristiques (les réponses aux questions posées dans les interviews) en face des attentes définies pour cet objectif. **Colorer les cases suivant que le dispositif répond complètement à la demande de l'objectif (couleur verte), répond imparfaitement à la demande tel quel et demande des corrections (couleur jaune), enfin, ne peut de toute façon pas répondre à la demande (couleur rouge). Ne pas mettre de couleur rouge si l'attente est faible (pas en gras) sur cette ligne pour cet objectif. Ne pas mettre de couleur du tout si la question est jugée non pertinente pour l'Objectif.**

Ce tableau détaillé sera fourni en annexe de la sous-maquette, sous forme d'un fichier Excel, mais ne sera pas copié tel quel dans le fichier Word de la sous-maquette.

Méthode de production des tableaux synthétiques :

Proposition de regroupement des questions pour les tableaux synthétiques en **6 critères** :

- Echantillonnage spatial
- Echantillonnage temporel
- Types de placette
- EBVs et types de données de biodiversité
- Mesure de la biodiversité
- Variables environnementales et de gestion

Il s'agit de produire un tableau coloré avec en ligne les 6 critères, en colonne les dispositifs concernés et dans les cellules des camemberts issus de la synthèse du tableau détaillé. Pour chaque critère et chaque dispositif, les camemberts montrent la proportion des trois couleurs (verte, jaune, rouge) dans le tableau détaillé. Ces proportions prennent en compte les fréquences des couleurs dans le tableau détaillé (en excluant les questions, c'est à dire les lignes du tableau détaillé, considérées comme non pertinentes) mais aussi l'importance de chaque ligne en prenant un poids de 3 pour les questions soulignées gras, 2 pour les question en gras simplement et 1 sinon (deux exemples de camembert sont fournis dans le fichier Camemberts_Passifor2.pptx ; pour modifier la proportion des couleurs il suffit de cliquer droit dessus et de choisir Modifier les données). **Pour le critère « Variables environnementales et de gestion »,** les couleurs attribuées aux dispositifs dans les matrices détaillées et les camemberts qui en sont issus seront validés par la tâche D de PASSIFOR-2.

Ce tableau synthétique coloré sera fait en fichier Powerpoint (fichier Annexe) et collé sous forme d'image dans le fichier Word de la sous-maquette.

Ce tableau sera accompagné d'un texte justifiant les couleurs retenues dans le tableau synthétique.

Méthode pour les secondes parties (cœurs de sous-maquettes)

Pour l'existant :

On produira en début de partie le tableau synthétique ci-dessus restreint aux dispositifs retenus en cœur de sous-maquette, suivi d'un texte justifiant le choix effectué pour le cœur et synthétisant leurs caractéristiques sur les 6 critères du tableau synthétique dont notamment :

- **les variables de biodiversité suivies**, en lien avec les variables essentielles de biodiversité. Pour les suivis de groupes d'espèces, on propose de mettre dans le cœur au moins les données de présence-absence, d'abondance et les données permettant d'estimer la qualité de ces mesures (détectabilité…)
- **la couverture et la précision taxonomique** (en lien avec le point précédent)
- **la profondeur et la résolution temporelle** (à la fois des données et des indicateurs qui peuvent être produits à partir des données) qui va très probablement varier entre dispositifs

On complétera ce texte par :

- les types d'analyses de données envisagées et les types d'indicateurs visés
- si plusieurs dispositifs, préciser les complémentarités/positionnements des dispositifs les uns par rapport aux autres

Enfin, on précisera les propriétés sous-optimales ou problèmes de ces dispositifs, si possible à améliorer (par exemple avec les Tâches D et E, peut-être aussi C).

- ↳ faire des propositions de travail commun/gouvernance, soit à ce niveau de la sous-maquette soit au niveau de l'objectif global (= au niveau de la maquette ; en lien avec la Tâche B)

Et pour les améliorations dans les secondes parties (cœurs de sous-maquettes) :

- ↳ Faire des propositions sur les protocoles (en se référant pour les détails au fichier protocole du taxon), les dispositifs existants ou à créer, et où les déployer (en se référant si nécessaire au fichier de proposition de plan d'échantillonnage multi-taxon correspondant à l'Objectif traité). D'éventuels projets méthodologiques ou de recherche utiles pour produire certaines de ces améliorations seront mentionnés dans la quatrième parte relative aux développements méthodologiques ou de recherche nécessaires à la sous-maquette.
- ↳ Préciser les raisons de ces propositions
- ↳ Faire des propositions sur les experts/personnels pouvant les déployer
- ↳ … autres points oubliés

Finir par un paragraphe sur les moyens, l'organisation et la gouvernance de ce cœur de maquette, à la fois sur l'existant et les améliorations (ou le « à créer »). Ces points pourront aussi être évoqués dans le protocole associé à la sous-maquette.

Méthode pour les troisièmes parties (compléments de sous-maquettes) :

On produira un **texte précisant quels compléments** en termes de suivis ces dispositifs apportent au cœur de la sous-maquette (notamment en termes de variables de biodiversité suivies qui peuvent être différentes de celles fournies par le cœur et donc le compléter, de quantité de données…).

Méthode pour les quatrièmes parties (développements méthodologiques ou de recherche) :

On fera ici une liste des développements méthodologiques et de recherche nécessaires pour la sous-maquette en justifiant rapidement leur intérêt et le cas échéant quelle partie de la sous-maquette ils concernent.

A traiter au niveau maquette/objectif (en plus des éléments préliminaires ci-dessus) :

- **Résumé des sous-maquettes (notamment cœurs)**
  - **Dont multi-taxons (cf. suite)**

- **Réfléchir à l'opportunité d'avoir des suivis de plusieurs parties de biodiversité sur les mêmes lieux, éventuellement « en même temps », vs sur des lieux différents :**
  ↳ Quels objectifs? Pour répondre à quelles questions? Est-ce important?
  - Economie d'échelles sur variables explicatives- Economie globale de déplacements
  - Possibilité d'analyser les liens entre taxons de groupes différents

↳ Description du plan d'échantillonnage multi-taxon associé à l'Objectif.

↳ Préciser la manière d'avoir des intensités d'échantillonnage variées entre groupes taxonomiques suivant contraintes d'experts disponibles, de capacités de traitement, de coût de traitement.

- **Préciser sous quelles conditions des intensifications locales d'observation – soit des mêmes données qu'au national soit d'autres données - peuvent être intégrées à la maquette**.
  ↳ Indiquer aussi comment jointer les dispositifs identifiés dans PASSIFOR-2 avec des dispositifs locaux dont nous n'aurions pas connaissance (cf. CR webinaire 01/02).

- **[Pour l'objectif 3 principalement] Envisager de mesurer des variables dendro-écologiques ou de gestion supplémentaires sur les dispositifs existants (Tâche D, méthode à discuter) :**
  ↳ Préciser les raisons de ces propositions (éventuellement en précisant les parties de biodiversité concernées)
  ↳ Faire des propositions sur les protocoles, les dispositifs existants ou à créer où les déployer
  ↳ Faire des propositions sur les experts/personnels ou infrastructures pouvant les déployer
  ↳ … autres points oubliés

- **Envisager des modalités d'organisation/gouvernance en multi-dispositifs (Tâches B et peut-être E) :**
  ↳ Idée de co-construire ces propositions avec les dispositifs
  ↳ Préciser les raisons de ces propositions

- **Donner des pistes de liens de la maquette avec la recherche, synthétisant les besoins de recherche mentionnés dans les sous-maquettes puis précisant de manière plus générale comment approfondir les résultats trouvés par le suivi et comment incorporer dans le suivi les avancées issues de travaux de recherche qui pourraient l'enrichir.**

A traiter au niveau global/inter-objectif :

- Ecrire un fichier de proposition **d'éléments de protocole** par groupe taxonomique qui pourra servir de référence pour les différentes sous-maquettes faisant référence à ce taxon. Ces protocoles devraient inclure des éléments sur le relevé de la biodiversité sur le terrain, le traitement de la donnée hors du terrain avant d'arriver dans la base de données, la constitution et le maintien de la base de données, la prise en charge des échantillons, leur éventuel traitement en laboratoire et éventuellement leur stockage et éventuellement l'analyse des données (à discuter car pourrait être multi-groupes et pourrait dépendre de l'objectif).

- Ecrire un fichier décrivant les inflexions/améliorations proposées par dispositif, qui fera référence pour l'existant à nos fichiers Excel d'interview de dispositif et sera une collation des propositions des sous-maquettes et des propositions de plans d'échantillonnage multi-taxon.

-

- **Envisager des développements méthodologiques sur des pans de biodiversité potentiellement importantes pour l'objectif (Tâche C, méthode à discuter) :**
  ↳ Préciser les raisons de ces propositions (ne pas oublier la biodiversité infra spécifique, fonctionnelle et écosystémique)
  ↳ Faire des propositions sur les méthodes à investiguer

- **Expliquer comment on envisage l'articulation des différentes sous-maquettes d'un même type d'objet entre objectifs différents [cf. CR du 01/02/22]**

↳ A priori devrait être réglé via la cohérence entre Objectifs des plans d'échantillonnages multi-taxons.

- **Si possible, essayer de produire une analyse de puissance sur données réelles pour donner des idées de méthode [mais non garanti].**

Remarques valables pour tous les niveaux de documents mentionnés ci-dessus

– La biodiversité dont il est question dans tous ces documents est la biodiversité terrestre en forêt. Ainsi, On ne se traitera pas par exemple de la biodiversité se trouvant dans des milieux aquatiques en forêt.

– Si l'on souhaite citer des références bibliographiques, on les regroupera par ordre alphabétique d'auteur puis chronologique d'année de publication à la fin du document dans une partie intitulée « Références bibliographiques », et on prendra le format du journal Ecological Indicators (sous Citavi).

II-B

Les Grilles d'analyse des objectifs de suivi 1, 2, 3, 4

Note préalable :

En **<u>Gras & Souligné</u>** - Les éléments jugés indispensables
En **Gras**, les éléments plus importants que les autres

Objectif 1 : Suivi de l'état et de la dynamique [de pans] de la biodiversité en forêt à l'échelle de la France métropolitaine

n°	Qualités	Question	Réponse	Eléments de justification
1	**Echantillonnage**	Pour cet objectif, a-t-on besoin d'être représentatif de l'ensemble ou d'une partie des forêts métropolitaines?	**<u>La représentativité des forêts métropolitaines est nécessaire dans un contexte de surveillance générale du territoire.</u>** La représentativité des forêts anciennes est souhaitable, (notamment dans la région Grand Est).	Dans un contexte d'incertitude liés aux effets possibles du changement climatique, il est intéressant de suivre toutes les forêts métropolitaines sans distinction. Les forêts anciennes sont intéressantes à suivre car elles représentent le facteur "temps" sur l'aspect "occupation du sol", le facteur "temps" étant crucial en forêt et le caractère ancien ayant un "impact" assez bien connu sur la biodiversité (mais pas forcément sur sa dynamique). Malgré leurs spécificités, ces forêts anciennes (relativement plus présentes dans le Grand-Est) sont peu ou pas suivies à l'heure actuelle.
2		Pour cet objectif, a-t-on besoin de surreprésenter certains types de forêts métropolitaines dans l'échantillon afin d'avoir une précision suffisante pour ces types ?	Il n'est pas considéré comme nécessaire (mais il est néanmoins possible) de surreprésenter certains types de forêts pour cet objectif. **Il serait utile de pouvoir densifier le réseau, par exemple à la demande des territoires locaux (en prenant en compte l'engagement de ces territoires à maintenir cette sur-densification dans le temps).**	
3		A l'inverse, faut-il exclure certains types de forêts de l'échantillon?	Non, pas de raison d'exclure certains types.	
4		Pour cet objectif, est-il nécessaire d'avoir des facteurs de stratification du plan d'échantillonnage ? Si oui, lesquels ?	La stratification du plan d'échantillonnage n'est pas considérée comme nécessaire pour cet objectif. L'intérêt d'éventuellement utiliser de telles strates dépendra du gain prévu en précision des estimateurs et des métriques de biodiversité finales visées (et de la capacité à avoir des strates qui bougent dans le temps pour ces métriques). Ont été mentionnés comme facteurs de stratification lors du séminaire de décembre: Ancienneté des forêts, maturité, type d'habitats.	Dans le cadre des suivis à long terme, il y a une vraie difficulté à stratifier un plan d'échantillonnage sur la base de types qui peuvent être amenés à évoluer dans le temps (des types d'habitats, de station, de propriété, de gestion...). On peut par contre envisager de stratifier sur des objets qui ne bougeront pas dans le temps, par exemple l'altitude, les grands climats...
5	**Placettes**	Pour cet objectif, a-t-on besoin de placettes de référence?	Non	
6		Pour cet objectif, faut-il que l'échantillon ait des placettes permanentes? (Oui/non? Pourquoi?)	Il n'est pas indispensable que l'échantillon comprenne **des placettes permanentes, mais possible. Cela peut être requis pour certaines métriques de biodiversité**.	Il y a un vrai intérêt à avoir (au moins en partie) des placettes permanentes pour appréhender des dynamiques dans le temps (notamment au regard du changement climatique). Il faut cependant veiller à rester représentatif de toute la forêt métropolitaine dans le temps. Si le but est d'avoir des estimateurs les plus précis à nombre total de placettes constant, la réponse semble dépendre du niveau relatif d'autocorrélation spatiale et temporelle dans les données (voir M2 Echantillonnage de la tâche E de Passifor-2).

				Sauf si la métrique de biodiversité visée nécessite des mesures de biodiversité répétées au même endroit.
n°	**Qualités**	**Question**	**Réponse**	**Eléments de justification**
7		Si oui, quelle proportion de placettes permanentes faut-il?	Question trop précise à ce stade. Devrait dépendre des niveaux d'autocorrélation spatiale et temporelle.	
8		Pour cet objectif, peut-on accepter une forme de biais dans le positionnement des placettes/échantillons (et biais par rapport à quoi: routes; occupation du sol; lieu de résidence des observateurs…)?	**Pour la surveillance à long terme, il s'agit d'éviter au maximum ces différents types de biais pour au moins une partie de l'échantillonnage. Et éviter absolument des placettes "choisies" d'une manière ou d'une autre**.	Pour ne pas risquer de voir apparaitre, dans 20-30 ans, une dynamique de la biodiversité différente selon le gradient à la base du biais.
9	**Composantes de biodiversité suivies**	Pour cet objectif, quelles composantes de la biodiversité est-il le plus pertinent de suivre parmi les grandes catégories : génétique, spécifique, écosystémique, fonctionnelle ?...	Toutes ces composantes sont importantes (**le niveau écosystémique ne doit pas être omis**). **Il est difficile de donner priorité à une composante plutôt qu'à une autre. Le suivi des populations d'espèces (aspect démographique) est tout autant important.**	Ces catégories sont liées entre elles : les examiner l'une sans l'autre, c'est se priver d'informations.
10		Pour cet objectif, quels types de données de biodiversité sont pertinents (présence seule, présence-absence, identification individuelle, comptage d'individus, biomasse d'une espèce, classes d'abondance …)?	Pour le "cœur" de la maquette, (**1) exclure les données de présence seule ; (2) essayer au maximum de coupler des données de présence/absence et d'abondance (mais accepter présence/absence seule quand les protocoles ne permettent pas d'accéder à de l'abondance)**.	Le plus possible, on essayera d'avoir des informations à la fois sur l'aire de répartition des espèces et la taille des populations. Les données de présence seule (relevant de l'observation naturaliste, et renseignant assez peu) sont exclues du "cœur" de la maquette. Note = cette remarque n'est valable que pour les suivis spécifiques, puisqu'on ne parle pas d'abondance au niveau écosystémique.
11	**Mesure de la biodiversité (notamment interspécifique)**	Pour cet objectif, est-il nécessaire d'avoir un protocole pour la mesure de la biodiversité?	**Oui pour le "cœur" de la maquette de suivi qui sera proposée dans le cadre du projet PASSIFOR-2**	D'après les propositions de PASSIFOR-2, les dispositifs au cœur de la maquette doivent être protocolés pour que cette partie des données soit rigoureuse. La périphérie de la maquette pourra contenir des données non protocolées (opportunistes).
12		Pour cet objectif, est-il important que les espèces suivies dans les groupes taxonomiques/écologiques soient choisies sans biais?	**Oui pour la partie suivie de groupes d'espèces. Mais possibilité de suivre des espèces "emblématiques" ou "modèle" en plus des groupes d'espèces.**	Forte réaction négative du Webinaire sur un choix des espèces au sein des groupes. Mais possibilité de suivre des espèces "emblématiques" ou "modèle" en dehors des groupes d'espèces.
13		Au regard de l'objectif du suivi, est-il important de pouvoir estimer la détectabilité des espèces recensées ou plus largement la qualité de la mesure de biodiversité ?	**Oui, en visant l'estimation de la détectabilité par espèce et le cas échéant par observateur, et le fait que cette détectabilité puisse varier en fonction des conditions du relevé (typiquement plus faible lors du premier passage pour le STOC).**	Il y a de nombreux exemples de suivis écologiques où cette composante n'est pas estimée et empêche des interprétations sereines des tendances observées (ex: IGN-flore). A répartir dans le temps.

14	**Variables explicatives suivies (gestion, dendrométriques, climatiques, écologiques…)**	Pour l'objectif du suivi, quelles potentielles variables environnementales explicatives de la biodiversité est-il important de connaître au niveau de chaque placette? (yc variables de gestion)	Il est important d'avoir un minimum de variable écologiques, dont des variables liées à la gestion (ne serait-ce que de savoir si la forêt est gérée ou non) et à l'herbivorie. Le suivi du "bruit de fond" peut être envisagé et donner de nombreuses informations complémentaires.	Ces covariables sont particulièrement importantes pour expliquer les tendances observées.
n°	**Qualités**	**Question**	**Réponse**	**Eléments de justification**
15	**Temporel:**	Pour cet objectif, à quelle fréquence minimale faut-il inventorier les placettes?	**(1) Au niveau du dispositif, passage régulier tous les ans ;** (2) Au niveau de chaque placette: les éléments dont nous disposons ne permettent pas encore de répondre.	Pour déterminer cette fréquence de passage au niveau des placettes, des tests en cours ou nécessaires. L'intervalle de temps entre deux passages ne doit pas être trop long, sinon il faudra attendre plusieurs décennies pour observer des tendances.
16		Pour cet objectif, à quelle échéance temporelle souhaite-t-on détecter des choses ou estimer avec précision un indicateur?	**PASSIFOR-2 propose une période du type 5 ans ou 10 ans (avoir de bonnes estimations de tendances sur 5 à 10 ans).**	L'échéance temporelle à laquelle on peut espérer détecter des changements est très dépendante des taxons (mouvements au bout de 2-3 ans pour certains et pour d'autres après 10-15 ans) et de leur rareté. Plus globalement, elle est aussi dépendante de la précision des estimations. Ceci étant, la question est ici de savoir ce qu'on souhaite - indépendamment du dispositif mis en place. PASSIFOR-2 propose une période du type 5 ans ou 10 ans (avoir de bonnes estimations de tendances sur 5 à 10 ans).

Questions complémentaires				
n°	**Qualités**	**Question**	**Réponse**	**Eléments de justification**
1	**Espèces ciblées:**	Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces comportant une proportion importante d'espèces forestières (ou d'espèces forestières de forêt mature)?	Plutôt oui : privilégier des groupes d'espèces plutôt spécialistes forestiers (bois mort, etc.) mais ne pas sélectionner des espèces en particulier dans les groupes taxonomiques choisis.	Les espèces forestières sont intéressantes pour suivre l'impact de la gestion forestière (un aspect important du suivi, même si la forêt ne peut être réduite à la gestion forestière). En outre, avoir des données d'ensemble au sein des groupes peut aider aussi à dire quelles espèces sont forestières (et suivre la dynamique du lien à la forêt).
2		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces comportant une proportion importante d'espèces connues pour être sensibles à la gestion forestière (ou à une autre pression)?	Plutôt oui.	D'un point de vue dynamique, et suivant le fonctionnement du lien entre pression, état et réponse on pourrait tout à fait observer des augmentations d'espèces forestières ou sensibles à la gestion forestière (ou une décélération de la baisse). A noter que pour les groupes d'espèces retenus, le suivi lui-même pourra produire des informations sur le sujet.
3		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces dont l'écologie: est bien connue (e.g. bases de traits)?	La réponse à cette question varie selon l'objectif du suivi. Pour l'objectif 1 "Surveillance", c'est moins important.	Plutôt oui, sur une partie des espèces, si l'on souhaite avoir une interprétation riche et fine et proposer un lien avec des mécanismes ou théories ; pas forcément si on souhaite utiliser le suivi pour apprendre des choses sur l'écologie de ces espèces et utiliser cette information dans l'analyse des données (en faisant attention aux problèmes de circularité du raisonnement).
4		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces dont l'écologie est homogène au sein du groupe ou au contraire hétérogène?	Pas de réponse claire à cette question. On noter qu'il faut (en partie) des groupes à l'écologie hétérogène pour avoir un point de vue large, inter-milieux.	
5		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces à rôle fonctionnel très significatif et reconnu?	Oui, pour une partie des espèces/groupes suivies, pour les gestionnaires.	
6		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces comportant une forte proportion d'espèces à enjeux (protégées, faisant l'objet d'un PNA, classées comme menacées d'extinction, endémiques...)?	Non, ne pas cibler spécialement sur des espèces à enjeux.	Dans le cadre d'un suivi de type "surveillance" à l'échelle nationale, c'est là qu'il faut aller sur un suivi large, global, incluant des espèces à enjeu et des espèces ordinaires, en insistant sur des compartiments souvent oubliés et notamment les sols. Les espèces à enjeux peuvent être suivies dans le cadre de dispositifs dédiés (ex des Plans d'action pour les espèces menacées).
7		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces sur la base d'autres caractéristiques?	NA	

Objectif 2 : Suivre et Comparer l'état et la dynamique [de pans] de la biodiversité en forêt exploitée (et non protégée) versus en forêt non -exploitée et protégée (Réserves intégrales)				
n°	**Qualités**	**Question**	**Réponse**	**Eléments de justification**
1	**Echantillonnage**	Pour cet objectif, a-t-on besoin d'être représentatif de l'ensemble ou d'une partie des forêts métropolitaines?	**Non: Proposition d'un plan d'échantillonnage apparié calé sur la strate des forêts non-exploitées et à statut de protection (ex: RBI, à voir si les îlots de sénescence intègrent cette strate), garantissant un maintien de la non-exploitation dans le futur.** **Les forêts non protégées et a priori exploitées seraient appariées une à une aux placettes non exploités et protégées, en contrôlant le type de milieu et l'espace (distance maximum entre deux placettes appariées à déterminer : entre 5 et 30 km).** **Il faudra déterminer (1) comment les placettes de forêts non-exploitées seront choisies (a priori pas totalement représentatives pour par exemple maximiser la diversité d'habitats dans cette strate ou, au contraire, pouvoir assembler les placettes non-exploitées en groupes suffisamment nombreux) et (2) comment le nombre de placettes est alloué entre réserves.** **Une réflexion devra avoir lieu pour savoir si de nouvelles placettes seront installées au fur et à mesure que de nouvelles zones protégées et en évolution naturelle seront installées, afin de représenter la gamme de durée de la mise en réserve, et si cette installation de nouvelles placettes se fait à la création de la réserve ou après un délai d'attente minimal.**	Différences très marquées entre régions
2		Pour cet objectif, a-t-on besoin de surreprésenter certains types de forêts métropolitaines dans l'échantillon afin d'avoir une précision suffisante pour ces types ?	Oui : Les forêts non-exploitées seront forcément surreprésentées (cf. ci-dessus).	
3		A l'inverse, faut-il exclure certains types de forêts de l'échantillon?	Les forêts protégées dans des habitats non présents en forêt non protégées environnantes seront exclues. Les forêts non protégées éloignées de zones protégées ou ayant un type d'habitat non présent dans la zone protégée seront aussi de facto exclues.	

n°	Qualités	Question	Réponse	Eléments de justification
4		Pour cet objectif, est-il nécessaire d'avoir des facteurs de stratification du plan d'échantillonnage ? Si oui, lesquels ?	**Oui, au minimum une strate "forêts en libre évolution statutaire (et garantie pour le futur)".** **A cela peut s'ajouter une stratification sur les types de forêts en libre évolution suivis (cf. ci-dessus: RBI, îlots de sénescence...).** Les forêts non protégées et a priori exploitées seraient appariées une à une aux placettes non exploitées et protégées, en contrôlant le type de milieu et l'espace (distance d'un maximum à déterminer entre 5 et 30 km).	Sinon il n'y aura pas assez de points dans la strate "en libre évolution".
5	**Placettes**	Pour cet objectif, a-t-on besoin de placettes de référence?	"- Les placettes en zone protégée peuvent être considérées comme des placettes de référence (ou strate de référence) pour cet objectif"	
6		Pour cet objectif, faut-il que l'échantillon ait des placettes permanentes? (Oui/non? Pourquoi?)	Plutôt oui si l'on souhaite suivre de manière précise la dynamique de la biodiversité en forêt en libre évolution depuis le dernier acte de gestion. Sinon, pas forcément.	Il y a un vrai intérêt à avoir (au moins en partie) des placettes permanentes pour appréhender des dynamiques dans le temps (notamment au regard du changement climatique). Il faut cependant veiller à rester représentatif de toute la forêt métropolitaine dans le temps. Si le but est d'avoir des estimateurs les plus précis à nombre total de placettes constant, la réponse semble dépendre du niveau relatif d'autocorrélation spatiale et temporelle dans les données (voir M2 Echantillonnage de la tâche E de Passifor-2). Sauf si la métrique de biodiversité visée nécessite des mesures de biodiversité répétées au même endroit.
7		Si oui, quelle proportion de placettes permanentes faut-il?	Question trop précise à ce stade. Devrait dépendre des niveaux d'autocorrélation spatiale et temporelle.	
8		Pour cet objectif, peut-on accepter une forme de biais dans le positionnement des placettes/échantillons (et biais par rapport à quoi: routes; occupation du sol; lieu de résidence des observateurs…)?	**Eviter au maximum ces différents types de biais pour au moins une partie de l'échantillonnage. <u>Eviter absolument des placettes "choisies" d'une manière ou d'une autre (autrement que par la définition de strates).</u>**	Pour ne pas risquer de voir apparaitre, dans 20-30 ans, une dynamique de la biodiversité différente selon le gradient à la base du biais.

n°	Qualités	Question	Réponse	Eléments de justification
9	**Composantes de biodiversité suivies**	Pour cet objectif, quelles composantes de la biodiversité est-il le plus pertinent de suivre parmi les grandes catégories : génétique, spécifique, écosystémique, fonctionnelle ?...	Toutes ces composantes sont importantes et donc il est difficile d'établir des priorités. **Ajouter aussi l'aspect démographique pour des espèces focales. Le niveau écosystémique (e.g. type d'habitats) doit faire l'objet d'un suivi ad hoc.**	
10		Pour cet objectif, quels types de données de biodiversité sont pertinents (présence seule, présence-absence, identification individuelle, comptage d'individus, biomasse d'une espèce, classes d'abondance …)?	"- **Pour le cœur de la maquette, exclure la présence seule** (qui relève de l'observation naturaliste et qui renseigne peu ; a minima, présence/absence); - **essayer au maximum de coupler détection/non-détection et abondance**, **mais accepter détection/non-détection seule quand les protocoles et la pertinence de l'échelle d'observation ne permettent pas d'accéder à de l'abondance**".	Note = cette remarque n'est valable que pour les suivis spécifiques, puisqu'on ne parle pas d'abondance au niveau écosystémique
11	**Mesure de la biodiversité (notamment interspécifique)**	Pour cet objectif, est-il nécessaire d'avoir un protocole pour la mesure de la biodiversité?	**Oui pour le cœur de la maquette.**	Cette réponse concerne le cœur de la maquette, qui d'après les propositions de PASSIFOR2 doit être protocolé afin d'avoir cette partie des données qui soit rigoureuse. La périphérie de la maquette pourra contenir des données non protocolées (opportunistes)
12		Pour cet objectif, est-il important que les espèces suivies dans les groupes taxonomiques/écologiques soient choisies sans biais?	**Oui pour la partie suivie de groupes d'espèces (globalement ne pas sélectionner les espèces dans les groupes taxonomiques choisis). Mais possibilité de suivre des espèces "emblématiques" ou "modèle" en plus des groupes d'espèces.**	
13		Au regard de l'objectif du suivi, est-il important de pouvoir estimer la détectabilité des espèces recensées ou plus largement la qualité de la mesure de biodiversité ?	**Oui, en visant l'estimation de la détectabilité par espèce et le cas échéant par observateur, et en tenant compte du fait que cette détectabilité puisse varier en fonction des conditions du relevé (typiquement plus faible lors du premier passage pour le STOC).**	Nombreux exemples de suivis écologiques où cette composante n'est pas estimée et empêche des interprétations sereines des tendances (ex: IGN-flore). A répartir dans le temps.

n°	Qualités	Question	Réponse	Eléments de justification
14	**Variables explicatives suivies (gestion, dendrométriques, climatiques, écologiques…)**	Pour l'objectif du suivi, quelles potentielles variables environnementales explicatives de la biodiversité est-il important de connaître au niveau de chaque placette? (yc variables de gestion)	Surface terrière et composition en essences (pour lien avec lumière/ habitat), si possible sur la **base de relevés spatialisés des arbres dans le cas de placettes permanentes** Age des arbres Quantité de bois mort et de très gros arbres Dendro-microhabitats Sol/humus/couverture Météo/climat (mais données accessibles) Micro-climat et lumière (sur un sous-échantillon) **Données de station habituelles et types d'habitats** **Position du relevé par rapport à la parcelle (lisière ou pas), au massif, à la RBI...** **Variables de gestion : Historique de protection, de non-exploitation ou d'exploitation...**	
15	**Temporel:**	Pour cet objectif, à quelle fréquence minimale faut-il inventorier les placettes?	"- **Au niveau du dispositif, passage régulier tous les ans**; - Au niveau de chaque placette: les éléments disponibles ne permettent pas de répondre à la question (tests en cours ou nécessaires) - Importance de ne pas avoir que des relevés tous les 10 ans sinon on ne pourra parler de tendance que dans 20, 30, 40 ou 50 ans!"	
16		Pour cet objectif, à quelle échéance temporelle souhaite-t-on détecter des choses ou estimer avec précision un indicateur?	**PASSIFOR-2 propose une période du type 5 ans ou 10 ans (avoir de bonnes estimations de tendances sur 5 à 10 ans).**	

Questions complémentaires				
n°	**Qualités**	**Question**	**Réponse**	**Eléments de justification**
1	**Composantes de biodiversité interspécifiques**	Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces comportant une proportion importante d'espèces forestières (ou d'espèces forestières de forêt mature)?	Globalement ne pas sélectionner les espèces dans les groupes taxonomiques choisis. **Par contre pour la sélection des groupes, c'est important que certains des groupes suivis aient une proportion importante d'espèces forestières et aient une proportion non négligeable d'espèces liées aux stades pionniers et d'espèces liées aux stades matures.** A noter que le caractère forestier peut évoluer dans le temps.	
2		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces comportant une proportion importante d'espèces connues pour être sensibles à la gestion forestière (ou à une autre pression)?	Globalement ne pas sélectionner les **espèces** dans les groupes taxonomiques choisis. **Par contre pour la sélection des groupes, c'est important que certains des groupes suivis aient une proportion importante d'espèces sensibles à la gestion.** A noter que pour les groupes d'espèces retenus, la sensibilité à la gestion forestière peut évoluer dans le temps et que le suivi pourra produire des informations sur ce sujet.	
3		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces dont l'écologie est bien connue (e.g. bases de traits)?	Oui (mais pas exclusivement), sur une partie des espèces, si l'on souhaite avoir une interprétation riche et fine et proposer un lien avec des mécanismes ou théories. Ceci étant dit, on peut utiliser le suivi pour apprendre des choses sur l'écologie des espèces et utiliser cette information dans l'analyse des données (en faisant attention aux problèmes de circularité du raisonnement).	
4		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces dont l'écologie est homogène au sein du groupe ou au contraire hétérogène?	A priori, importance d'avoir une partie des groupes à l'écologie - connue - hétérogène par rapport à l'occupation du sol ou à différents stades ou (micro-)habitats forestiers ou aux perturbations pour pouvoir interpréter les dynamiques de biodiversité à l'œuvre.	
5		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces à rôle fonctionnel très significatif et reconnu?	Oui, pour une partie des espèces/groupes suivies, pour les gestionnaires.	Important pour les gestionnaires

n°	Qualités	Question	Réponse	Eléments de justification
6		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces comportant une forte proportion d'espèces à enjeux (protégées, faisant l'objet d'un PNA, classées comme menacées d'extinction, endémiques...)?	Pas forcément pour tous les groupes, mais ce serait souhaitable que le suivi comporte des espèces à enjeu et des espèces ordinaires.	Pourrait amener à gestion principalement pour les espèces protégées
7		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces sur la base d'autres caractéristiques?	Pour certains: études de taxons dans la canopée (ex: insectes, champignons, épiphytes…), et aussi du sol (mais déjà en cours). Pour d'autres (assez redondant avec réponses ci-dessus): Problème du caractère non neutre du choix des espèces et d'émettre des hypothèses a priori pour un suivi (pourtant c'est exactement ce que fait le "targeted monitoring"). Globalement: qu'entend-on par privilégier? Tout dans un sens?	

Objectif 3 : Suivre l'état et la dynamique [de pans] de la biodiversité en forêt en lien avec certaines actions de gestion

n°	Qualités	Question	Réponses	Éléments de justification
1	**Echantillonnage**	Pour cet objectif, a-t-on besoin d'être représentatif de l'ensemble ou d'une partie des forêts métropolitaines?	**PASSIFOR-2 propose d'être le plus représentatif possible des forêts métropolitaines pour les types de gestion visés par l'Objectif 3. Si les types de gestion visés dans l'objectif sont suffisamment fréquents (et c'est préférable), PASSIFOR-2 propose de viser la représentativité métropolitaine.** **Si au moins un des types de gestion est rare, il faut envisager de créer, si c'est possible, une strate pour ce type de gestion, a priori chaque année. Il faudra définir le schéma de mesure temporelle des placettes associées à un type de gestion et prévoir de renouveler les placettes (i) quand celles-ci changent de type de gestion - sauf si l'objectif du suivi est aussi d'estimer la réponse de la biodiversité à un type de gestion après un certain délai - et (ii) pour garder une représentativité constante dans le temps.**	
2		Pour cet objectif, a-t-on besoin de surreprésenter certains types de forêts métropolitaines dans l'échantillon afin d'avoir une précision suffisante pour ces types ?	**PASSIFOR-2 pense qu'il peut être nécessaire de surreprésenter certains types de gestion visés par l'Objectif et qui seraient rares au niveau métropolitain (cf. ci-dessus).**	
3		A l'inverse, faut-il exclure certains types de forêts de l'échantillon?	Pas clair : selon le type de gestion et la question ciblés par le suivi, les forêts non-exploitées ou les forêts pour lesquelles on n'a pas d'information sur le type de gestion pourraient être exclues de l'échantillon. A noter que la strate non-exploitée de l'Objectif 2 pourra être utilisée comme "témoin" dans l'analyse de certains types de gestion.	

n°	Qualités	Question	Réponses	Eléments de justification
4		Pour cet objectif, est-il nécessaire d'avoir des facteurs de stratification du plan d'échantillonnage ? Si oui, lesquels ?	**Le cas échéant (selon les types de gestion ciblés par l'objectif), il faudra envisager de créer une ou des strates pour des types de gestion trop rares pour tabler sur un échantillonnage représentatif (cf. ci-dessus).**	
5	**Placettes**	Pour cet objectif, a-t-on besoin de placettes de référence?	A priori non. Potentiellement, les placettes en zone protégée et en libre évolution (Objectif 2) dans les mêmes zones géographiques et mêmes conditions stationnelles pourraient être considérées comme des placettes de référence (ou des témoins) pour cet objectif (comme par exemple dans les méta-analyses de Duguid & Ashton 2013 FEM ou Chaudhary et al. 2016 Sci. Rep.). Mais à manier avec précaution.	
6		Pour cet objectif, faut-il que l'échantillon ait des placettes permanentes? (Oui/non? Pourquoi?)	Plutôt oui (placettes permanentes ou semi-permanentes) si l'on souhaite suivre de manière précise la dynamique temporelle de la biodiversité en fonction du type de gestion et en réaction à un événement de gestion. Mais il faut songer à renouveler ces placettes : (i) quand celles-ci changent de type de gestion et (ii) pour garder une représentativité constante dans le temps. **Un mix de placettes (semi-)permanentes et de placettes temporaires pourrait être envisagé.**	
7		Si oui, quelle proportion de placettes permanentes faut-il?	Question trop précise à ce stade. Devrait dépendre des niveaux d'autocorrélation spatiale et temporelle et des étendues des strates impliquées.	
8		Pour cet objectif, peut-on accepter une forme de biais dans le positionnement des placettes/échantillons (et biais par rapport à quoi: routes; occupation du sol; lieu de résidence des observateurs…)?	**Eviter au maximum ces différents types de biais pour au moins une partie de l'échantillonnage. Eviter des placettes "choisies" d'une manière ou d'une autre (autrement que par la définition de strates).**	Pour ne pas risquer de voir apparaitre, dans 20-30 ans, une dynamique de la biodiversité différente selon le gradient à la base du biais.

n°	Qualités	Question	Réponses	Eléments de justification
9	**Composantes de biodiversité suivies**	Pour cet objectif, quelles composantes de la biodiversité est-il le plus pertinent de suivre parmi les grandes catégories : génétique, spécifique, écosystémique, fonctionnelle ?...	Toutes ces composantes sont importantes et donc il est difficile d'établir des priorités. **Au niveau spécifique, l'aspect démographique (abondance) des espèces ciblées est important. Le niveau écosystémique (e.g. type d'habitats) doit faire l'objet d'un suivi ad hoc.**	
10		Pour cet objectif, quels types de données de biodiversité sont pertinents (présence seule, présence-absence, identification individuelle, comptage d'individus, biomasse d'une espèce, classes d'abondance …)?	"- **pour le cœur de la maquette, exclure la présence seule** (qui relève de l'observation naturaliste et qui renseigne peu ; a minima, présence/absence) ; - **essayer au maximum de coupler détection/non-détection et abondance**, **mais accepter détection/non-détection seule quand les protocoles et la pertinence de l'échelle d'observation ne permettent pas d'accéder à de l'abondance**"	Note = cette remarque n'est valable que pour les suivis spécifiques, puisqu'on ne parle pas d'abondance au niveau écosystémique.
11	**Mesure de la biodiversité (notamment interspécifique)**	Pour cet objectif, est-il nécessaire d'avoir un protocole pour la mesure de la biodiversité?	**Oui pour le cœur de la maquette**	Cette réponse concerne le cœur de la maquette, qui d'après les propositions de PASSIFOR2 doit être protocolé afin d'avoir cette partie des données qui soit rigoureuse. La périphérie de la maquette pourra contenir des données non protocolées (opportunistes)
12		Pour cet objectif, est-il important que les espèces suivies dans les groupes taxonomiques/écologiques soient choisies sans biais?	**Oui pour la partie suivie de groupes d'espèces (globalement ne pas sélectionner les espèces dans les groupes taxonomiques choisis). Mais possibilité de suivre des espèces "emblématiques" ou "modèle" en plus des groupes d'espèces.**	
13		Au regard de l'objectif du suivi, est-il important de pouvoir estimer la détectabilité des espèces recensées ou plus largement la qualité de la mesure de biodiversité ?	**Oui, en visant l'estimation de la détectabilité par espèce et le cas échéant par observateur, et le fait que cette détectabilité puisse varier en fonction des conditions du relevé (typiquement plus faible lors du premier passage pour le STOC).**	Nombreux exemples de suivis écologiques où cette composante n'est pas estimée et empêche des interprétations sereines des tendances (ex: IGN-flore). A répartir dans le temps.

n°	Qualités	Question	Réponses	Eléments de justification
14	**Variables explicatives suivies (gestion, dendrométriques, climatiques, écologiques…)**	Pour l'objectif du suivi, quelles potentielles variables environnementales explicatives de la biodiversité est-il important de connaître au niveau de chaque placette? (yc variables de gestion)	Surface terrière et composition en essences (pour lien avec lumière/ habitat), si possible sur la base de **relevés spatialisés des arbres dans le cas de placettes permanentes (pour accéder à certaines variables de gestion).** Ages des arbres Quantité de bois mort Dendro-microhabitats Quantité de très gros et vieux arbres Sol/humus/couverture (couvert des arbres) Météo/climat (mais données accessibles) Micro-climat et lumière (sous-échantillon) Données de station habituelles (topographie, sol, altitude, position...) **Collecter des variables de pratiques/actes/choix de gestion en lien avec la question posée (cf. Tâche D).**	
15	**Temporel:**	Pour cet objectif, à quelle fréquence minimale faut-il inventorier les placettes?	**"- Au niveau du dispositif, passage régulier tous les ans;** - Au niveau de chaque placette: les éléments disponibles ne permettent pas de répondre à la question (tests en cours ou nécessaires) - Importance de ne pas avoir que des relevés tous les 10 ans sinon on ne pourra parler de tendance que dans 20, 30, 40 ou 50 ans!"	
16		Pour cet objectif, à quelle échéance temporelle souhaite-t-on détecter des choses ou estimer avec précision un indicateur?	**PASSIFOR-2 propose une période du type 5 ans ou 10 ans (avoir de bonnes estimations de tendances sur 5 à 10 ans).**	

Questions complémentaires				
n°	**Qualités**	**Question**	**Réponses**	**Eléments de justification**
1	**Composantes de biodiversité interspécifiques**	Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces comportant une proportion importante d'espèces forestières (ou d'espèces forestières de forêt mature)?	Globalement ne pas sélectionner les espèces dans les groupes taxonomiques choisis. **Par contre pour la sélection des groupes, c'est important que certains des groupes suivis aient une proportion importante d'espèces forestières et aient une proportion non négligeable d'espèces liées aux stades pionniers et d'espèces liées aux stades matures.** A noter que le caractère forestier peut évoluer dans le temps.	
2		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces comportant une proportion importante d'espèces connues pour être sensibles à la gestion forestière (ou à une autre pression)?	Globalement ne pas sélectionner les **espèces** dans les groupes taxonomiques choisis. **Par contre pour la sélection des groupes, c'est important que certains des groupes suivis aient une proportion importante d'espèces sensibles à la gestion.** A noter que pour les groupes d'espèces retenus, la sensibilité à la gestion forestière peut évoluer dans le temps et que le suivi pourra produire des informations sur ce sujet.	Il nous apparaît important de pouvoir jauger la dynamique des espèces forestières ou sensibles à la gestion forestière dans les différents types de gestion visés par l'Objectif, à la fois en terme de niveau moyen dans les différents types de gestion et de dynamique dans les différents types.
3		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces dont l'écologie: est bien connue (e.g. bases de traits)?	Oui (mais pas exclusivement), sur une partie des espèces, si l'on souhaite avoir une interprétation riche et fine et proposer un lien avec des mécanismes ou théories. Ceci étant dit, on peut utiliser le suivi pour apprendre des choses sur l'écologie des espèces et utiliser cette information dans l'analyse des données (en faisant attention aux problèmes de circularité du raisonnement).	
4		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces dont l'écologie est homogène au sein du groupe ou au contraire hétérogène?	A priori, importance d'avoir une partie des groupes à l'écologie - connue - hétérogène par rapport à l'occupation du sol ou à différents stades ou (micro-)habitats forestiers ou aux perturbations pour pouvoir interpréter les dynamiques de biodiversité à l'œuvre.	
5		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces à rôle fonctionnel très significatif et reconnu?	Oui, pour une partie des espèces/groupes suivies, pour les gestionnaires.	

n°	Qualités	Question	Réponses	Eléments de justification
6		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces comportant une forte proportion d'espèces à enjeux (protégées, faisant l'objet d'un PNA, classées comme menacées d'extinction, endémiques...)?	Pas forcément pour tous les groupes, mais ce serait souhaitable que le suivi comporte des espèces à enjeu et des espèces ordinaires.	
7		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces sur la base d'autres caractéristiques?	Pour certains: études de taxons dans la canopée (ex: insectes, champignons, épiphytes…), et aussi du sol (mais déjà en cours). Pour d'autres (assez redondant avec réponses ci-dessus): Problème du caractère non neutre du choix des espèces et d'émettre des hypothèses a priori pour un suivi (pourtant c'est exactement ce que fait le "targeted monitoring"). Globalement: qu'entend-on par privilégier? Tout dans un sens?	

Objectif 4 : Suivre l'état et la dynamique [de pans] de la biodiversité en forêt en lien avec le changement climatique				
n°	**Qualités**	**Question**	**Réponse**	**Eléments de justification**
1	**Echantillonnage**	Pour cet objectif, a-t-on besoin d'être représentatif de l'ensemble ou d'une partie des forêts métropolitaines?	**Partiellement seulement : PASSIFOR-2 propose de stratifier par GRECO ou région biogéographique européenne; puis de choisir : (i) aléatoirement pour 50% des forêts de manière représentative, pour 35% des habitats ou configurations forestiers a priori menacés par le changement climatique, 10% pour des suivis temporaires et adaptatifs suite à événement climatique extrême et pour 5% des habitats forestiers emblématiques, patrimoniaux (utilisés pour des visées de communication mais non intégrés aux échantillons précédents).**	10% "événements climatiques extrêmes" afin de mieux estimer la relation entre biodiversité en forêt et ces caractéristiques du climat vs les évolutions moyennes du climat. 5% "patrimonial" pour des raisons de communication. Les proportions données sont indicatives.
2		Pour cet objectif, a-t-on besoin de surreprésenter certains types de forêts métropolitaines dans l'échantillon afin d'avoir une précision suffisante pour ces types ?	**cf. ci-dessus.** **Forêts à surreprésenter : les forêts a priori menacées de changements forts : les marges, comme zone ou habitats « sentinelles », les forêts méditerranéennes et forêts de montagne,** **Peut-être les types de forêts où le changement climatique est prévu d'avoir les impacts les plus forts (ex: lisière de massif, lisière de parcelle, cœur de massif/parcelle, différents types de traitements ?...).** **+ Sur-échantillonnage de façon réactive post-perturbation, en cas d'événement climatique extrême.**	Car supposées plus sensibles, mais prédiction controversée (ex. dépérissement des hêtraies de plaine après sécheresse)
3		A l'inverse, faut-il exclure certains types de forêts de l'échantillon?	A priori non	
4		Pour cet objectif, est-il nécessaire d'avoir des facteurs de stratification du plan d'échantillonnage ? Si oui, lesquels ?	**Oui : strate régionale ; strate des types de forêts a priori menacées de changements forts en lien avec le changement climatique ; "strate" des sites emblématiques. Une stratification plaine / montagne pourrait être envisagée (cf. Bertrand et al 2011).**	
5	**Placettes**	Pour cet objectif, a-t-on besoin de placettes de référence?	Pas vraiment a priori. A posteriori : placettes représentatives (par rapport à forêts a priori menacées) et placettes ayant subi moins de changement de climat.	

n°	Qualités	Question	Réponse	Eléments de justification
6		Pour cet objectif, faut-il que l'échantillon ait des placettes permanentes? (Oui/non? Pourquoi?)	**En partie oui, mais pas exclusivement. Le dispositif de placettes permanentes devra être enrichi par de nouvelles placettes permanentes si la surface forestière augmente.**	Pour détecter des décalages subtils dans la composition en espèces et (si suivi de gestion) essayer de décorréler lien au changement climatique de lien à gestion (ou autres pressions)
7		Si oui, quelle proportion de placettes permanentes faut-il?	Question trop précise à ce stade. Devrait dépendre des niveaux d'autocorrélation spatiale et temporelle.	
8		Pour cet objectif, peut-on accepter une forme de biais dans le positionnement des placettes/échantillons (et biais par rapport à quoi: routes; occupation du sol; lieu de résidence des observateurs…)?	**Eviter au maximum ces différents types de biais pour au moins une partie de l'échantillonnage. Eviter des placettes "choisies" d'une manière ou d'une autre (autrement que par la définition de strates).**	
9	**Composantes de biodiversité suivies**	Pour cet objectif, quelles composantes de la biodiversité est-il le plus pertinent de suivre parmi les grandes catégories : génétique, spécifique, écosystémique, fonctionnelle ?...	Diversité de composantes, en mettant en avant: - BD des arbres (yc génétique, phénologie, longévité, taille…) - groupes fonctionnels et écologiques en termes de longévité, taille individu, contraintes physiologiques (notamment par rapport à T et P), préférences écologiques, répartition - phénologie - espèces selon la taille de leur niche climatique (mais plus pour l'analyse que pour la sélection; ou vérifier lors de la sélection qu'il y a une variabilité des niches) - éventuellement : espèces emblématiques, parapluie, ingénieures de l'écosystème, indicatrices du changement climatique (mais risque de circularité avec ces dernières ?).	

n°	Qualités	Question	Réponse	Eléments de justification
10		Pour cet objectif, quels types de données de biodiversité sont pertinents (présence seule, présence-absence, identification individuelle, comptage d'individus, biomasse d'une espèce, classes d'abondance …)?	- Abondance pour espèces clés ou pour groupes dont l'abondance est facile à suivre - Présence/absence pour les autres espèces - Prendre en compte autant que possible les traits fonctionnels des espèces (traits de réponse au changement climatique : biomasse, dispersion, phénologie, nombre de générations sur l'année, temps de génération - lié à démographie…) - Espèces indicatrices, habitats indicateurs plus importants que la dimension de la BD La réponse à cette question dépend aussi de la puissance du dispositif d'échantillonnage.	
11	**Mesure de la biodiversité (notamment interspécifique)**	Pour cet objectif, est-il nécessaire d'avoir un protocole pour la mesure de la biodiversité?	**Oui pour le cœur de la maquette.**	Cette réponse concerne le cœur de la maquette, qui d'après les propositions de PASSIFOR2 doit être protocolé afin d'avoir cette partie des données qui soit rigoureuse. La périphérie de la maquette pourra contenir des données non protocolées (opportunistes)
12		Pour cet objectif, est-il important que les espèces suivies dans les groupes taxonomiques/écologiques soient choisies sans biais?	**Oui pour la partie suivie de groupes d'espèces (ne pas sélectionner les espèces dans les groupes taxonomiques choisis). Mais possibilité de suivre des espèces "emblématiques" ou "modèle" en plus des groupes d'espèces.**	
13		Au regard de l'objectif du suivi, est-il important de pouvoir estimer la détectabilité des espèces recensées ou plus largement la qualité de la mesure de biodiversité ?	**Oui, en visant l'estimation de la détectabilité par espèce et le cas échéant par observateur, et le fait que cette détectabilité puisse varier en fonction des conditions du relevé (typiquement plus faible lors du premier passage pour le STOC).**	Nombreux exemples de suivis écologiques où cette composante n'est pas estimée et empêche des interprétations sereines des tendances (ex: IGN-flore). A répartir dans le temps.

n°	Qualités	Question	Réponse	Eléments de justification
14	**Variables explicatives suivies (gestion, dendrométriques, climatiques, écologiques…)**	Pour l'objectif du suivi, quelles potentielles variables environnementales explicatives de la biodiversité est-il important de connaître au niveau de chaque placette? (yc variables de gestion)	**Variables microclimatiques sur une partie des placettes (notamment les placettes permanentes).** **Variables dendrométriques et de pratiques de gestion.** **Variables de couvert obtenues par télédétection (LIDAR…) à petite et grande échelle.** **Variables de sol (réserve utile, densité/tassement...)** **Variables topographiques.**	Ces variables permettront de mieux relier évolutions de biodiversité, climat, microclimat et pratiques de gestion (et d'essayer de déconvoluer les effets)
15	**Temporel:**	Pour cet objectif, à quelle fréquence minimale faut-il inventorier les placettes?	**"- Au niveau du dispositif, passage régulier tous les ans;** - Au niveau de chaque placette: les éléments disponibles ne permettent pas de répondre à la question (tests en cours ou nécessaires) - Importance de ne pas avoir que des relevés tous les 10 ans sinon on ne pourra parler de tendance que dans 20, 30, 40 ou 50 ans!"	Permet d'englober des évènements extrêmes liés aux CC (ex. tempêtes, canicules...)
16		Pour cet objectif, à quelle échéance temporelle souhaite-t-on détecter des choses ou estimer avec précision un indicateur?	**PASSIFOR-2 propose une période du type 5 ans ou 10 ans (avoir de bonnes estimations de tendances sur 5 à 10 ans).**	Toutes les espèces et fonctions ne vont pas réagir avec la même temporalité. Difficile d'optimiser pour toute la biodiversité.

Questions complémentaires				
n°	**Qualités**	**Question**	**Réponses**	**Eléments de justification**
11	**Composantes de biodiversité interspécifiques**	Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces comportant une proportion importante d'espèces forestières (ou d'espèces forestières de forêt mature)?	Globalement ne pas sélectionner les espèces dans les groupes taxonomiques choisis. **Par contre pour la sélection des groupes, c'est important que certains des groupes suivis aient une proportion importante d'espèces forestières et aient une proportion non négligeable d'espèces liées aux stades pionniers et d'espèces liées aux stades matures.** A noter que le caractère forestier peut évoluer dans le temps.	
12		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces comportant une proportion importante d'espèces connues pour être sensibles à la gestion forestière (ou à une autre pression)?	Globalement ne pas sélectionner les **espèces** dans les groupes taxonomiques choisis. **Par contre pour la sélection des groupes, c'est important que certains des groupes suivis aient une proportion importante d'espèces sensibles à la gestion.** A noter que pour les groupes d'espèces retenus, la sensibilité à la gestion forestière peut évoluer dans le temps et que le suivi pourra produire des informations sur ce sujet.	Si on imagine interaction gestion/changement climatique : la réponse est également oui, c'est important que certains des groupes suivis aient une part importante d'espèces sensibles à la gestion.
13		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces dont l'écologie: est bien connue (e.g. bases de traits)?	Oui (mais pas exclusivement), sur une partie des espèces, si l'on souhaite avoir une interprétation riche et fine et proposer un lien avec des mécanismes ou théories. Ceci étant dit, on peut utiliser le suivi pour apprendre des choses sur l'écologie des espèces et utiliser cette information dans l'analyse des données (en faisant attention aux problèmes de circularité du raisonnement).	Cela aidera à interpréter les résultats, et peut-être à décorréler pression du climat et autres pressions.
14		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces dont l'écologie est homogène au sein du groupe ou au contraire hétérogène?	**A priori, importance d'avoir une partie des groupes à l'écologie - connue - hétérogène par rapport au climat**	Cela aidera à interpréter les résultats, et peut-être à décorréler pression du climat et autres pressions.
15		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces à rôle fonctionnel très significatif et reconnu?	Oui, pour une partie des espèces/groupes suivies, pour les gestionnaires.	Afin d'aborder par les suivis de biodiversité des aspects plus fonctionnels importants pour l'écosystème forestier (et d'autres espèces non suivies)

n°	Qualités	Question	Réponses	Eléments de justification
16		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces comportant une forte proportion d'espèces à enjeux (protégées, faisant l'objet d'un PNA, classées comme menacées d'extinction, endémiques...)?	Pas forcément pour tous les groupes, mais ce serait souhaitable que le suivi comporte des espèces à enjeu et des espèces ordinaires.	
17		Pour cet objectif, faut-il privilégier des groupes d'espèces sur la base d'autres caractéristiques?	(a priori déjà pris en compte ci-dessus) Combiner taxa réactifs « sentinelles » au CC et autres taxa moins sensibles, plus « résilients » (fct analyses de sensibilité) mais ces derniers permettront moins facilement de détecter les effets propres du CC	

II-C

Proposition de plan d'échantillonnage multi-taxons pour l'Objectif 1 « Estimer l'état et la dynamique de composantes de la biodiversité en forêt à l'échelle de la France métropolitaine »

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Frédéric Gosselin (INRAE UR EFNO), sur la base d'échanges avec Aristide Chauveau (INRAE UR EFNO), Julie Dorioz (GIP Ecofor), Marion Gosselin (INRAE UR EFNO).

Ce document décrit le plan d'échantillonnage multi-taxons proposé pour suivre l'état et la dynamique de composantes de biodiversité en forêt, à l'échelle de la France métropolitaine (Objectif 1). Ce plan d'échantillonnage peut compléter des plans d'échantillonnage de dispositifs retenus dans les cœurs des sous-maquettes. Le lecteur est renvoyé aux sous-maquettes de l'Objectif 1 qui pourront faire référence à cette fiche lorsque le plan d'échantillonnage multi-taxons de l'Objectif 1 est mobilisé.

1. Les principes et éléments de réflexion pris en compte :

1.1 Résultats et considérations statistiques :

- Compte tenu des résultats des simulations statistiques réalisées dans le cadre de PASSIFOR-2 (Tâche E – Mesures, échantillonnage et analyses statistiques), le plan d'échantillonnage proposé **mixe des placettes permanentes et des placettes temporaires**. En effet, dans certaines conditions simulées, mélanger ces deux types de placettes s'est avéré préférable à utiliser soit uniquement des placettes permanentes, soit uniquement des placettes temporaires – en particulier quand il y avait des effets aléatoires placettes de type « nuggets » (c'est-à-dire incluant une partie non corrélée spatialement avec ceux des autres placettes) (cf. Figure 1 et encadré ci-dessous)[1].

- D'autre part, pour l'objectif 1, nous souhaitons pouvoir estimer des tendances sur des périodes minimales de 5 à 10 ans (résultat du séminaire PASSIFOR-2 de 2020 ; voir grille de l'Objectif 1). Pour se trouver dans des conditions proches des simulations d'El Hadji Cissé Faye (2022) (cf. I-Chapitre 6), **il est préférable que certaines placettes soient visitées au moins tous les 5 ans** (pour qu'elles se rapprochent des placettes permanentes des analyses statistiques présentées plus haut, qui recevaient 4 visites sur 20 ans). Cela reste à confirmer par des simulations sur 10 ans.

[1] A noter que ces simulations font appel à des niveaux d'autocorrélation spatiale importants (portée de l'autocorrélation forte au regard de la taille de la zone d'étude) afin de respecter les conditions dans lesquelles les approximations utilisées sont valides. De plus, des erreurs se sont glissées dans les codes de simulation du plan d'échantillonnage. Des simulations sans erreurs, sans approximations, sur moins de placettes et sur une gamme d'autocorrélation spatiale plus large sont en cours et seront incluses dans le projet PASSIFOR2Bis. Des premiers résultats sont mentionnés dans le I- Chapitre 6.

1.2 Considérations pratiques

- **Nous proposons de déployer ce plan d'échantillonnage multi-taxons sur les deux dispositifs existants aux propriétés adéquates pour l'Objectif 1** (en matière de représentativité des forêts notamment) : le RMQS (ou réseau 16*16) et l'Inventaire Forestier de l'IGN, en proposant d'incorporer le réseau 16*16 dans le plan d'échantillonnage de l'Inventaire Forestier (cf. partie 2). L'intérêt d'intégrer la partie forestière du RMQS dans notre plan d'échantillonnage est (i) de profiter des mesures déjà effectuées par le RMQS – notamment sur le sol ; (ii) de faire profiter le RMQS des données de biodiversité ainsi produites ; (iii) de pouvoir procéder le cas échéant à des économies d'échelle – par exemple de transport.

- Les placettes permanentes étant particulièrement pertinentes pour le suivi de la biodiversité en forêt en lien avec la gestion forestière (Objectif 3) et le changement climatique (Objectif 4), il est préconisé **de surreprésenter les placettes permanentes** par rapport aux temporaires pour anticiper leur utilisation dans le cadre des suivis pour ces autres Objectifs. Aussi, nous envisageons des proportions de 2/3 de placettes permanentes et 1/3 de placettes temporaires. On pourra envisager une évolution de ces proportions au cours du temps, probablement vers une baisse de la proportion de placettes temporaires au profit des placettes permanentes. Cet ajustement dépendrait de l'existence et de la magnitude d'une différence entre état et dynamique de la biodiversité entre placettes permanentes et temporaires. A cet effet, il faudra probablement prévoir dès les départ des mailles de réserve pour les deux types de placettes (voir ci-dessous).

- **Les placettes temporaires** servent non seulement à estimer la tendance temporelle mais aussi à vérifier que les états et dynamiques de biodiversité ne sont pas différents dans ces placettes que dans les placettes permanentes – au cas où les gestionnaires modifieraient leurs pratiques sur les placettes permanentes [2]. Autrement dit, les placettes temporaires serviraient à vérifier que les placettes permanentes restent représentatives des peuplements gérés classiquement et n'introduisent pas de biais, et si tel n'est pas le cas à estimer le biais introduit par les placettes permanentes.

A ce stade, nous n'avons pas suffisamment d'éléments pour « optimiser » le nombre de placettes[3]. Notre proposition se base sur un nombre conséquent mais a priori réaliste de placettes – proche de ce qui était prévu pour le suivi de la biodiversité forestière en Alberta (environ 330 sites par an, mesurés tous les 5 ans ; Alberta Biodiversity Monitoring Institute 2019) – et pourrait être intensifiée (respectivement allégée) au bout de 5 à 20 ans de suivi si les estimateurs sont insuffisamment précis (resp. trop précis).

[2] D'autant plus qu'il est probable que les placettes permanentes qui seront utilisées dans l'objectif 3 (pour un suivi de la biodiversité en lien avec les pratiques de gestion) fassent l'objet de contacts avec les propriétaires/gestionnaires afin de collecter des données de gestion – impliquant un possible impact sur la gestion future.
[3] Sur la base du lien entre amélioration de la précision apportée par davantage de placettes et coût lié à davantage de placettes.

2 Proposition de plan d'échantillonnage multi-taxons :

Conformément aux résultats et considérations exposés plus haut, le plan d'échantillonnage est mixte : il est composé de placettes permanentes (2/3) et de placettes temporaires (1/3). Il repose sur la grille à maille carrée de 1 km de côté de l'Inventaire Forestier (https://inventaire-forestier.ign.fr/IMG/pdf/methodologie-2021.pdf). A chaque maille est associée un point d'inventaire théorique, qui peut se trouver en forêt ou hors forêt. Nous décrivons ci-dessous le nombre de mailles théoriques envisagées pour le plan d'échantillonnage multi-taxons étant entendu que pour un tiers d'entre elles, le point d'inventaire serait effectivement en forêt - compte tenu du taux de boisement actuel de la France. **Le relevé est effectué sur les placettes si celles-ci sont « forestières »** (avec les mêmes règles que celles de l'Inventaire Forestier, hormis que dans notre cas les forêts non exploitées statutairement ne seraient pas exclues). La procédure proposée permet, comme la procédure de l'Inventaire Forestier, et même si elle utilise des placettes permanentes, de représenter les nouvelles forêts en proportion de leur surface parmi les forêts françaises. La clé pour cela est que les placettes permanentes sont désignées avant de savoir si elles sont forestières ou pas – tout comme les placettes temporaires : une placette – qu'elle soit permanente ou temporaire – n'est activée (ou mesurée) que si la placette est forestière [4].

Echantillonnage spatial proposé :

- En premier lieu, les mailles de 1*1 km de l'Inventaire Forestier qui contiennent les points de la grille 16*16 km du RMQS (environ 2000 mailles au total) se voient systématiquement attribuer comme point d'inventaire le nœud de la maille 16*16. **Ces 2000 mailles liées au RMQS intègrent toutes le plan d'échantillonnage en étant associées à la placette permanente que constitue le point RMQS originel[5].**
- En deuxième étape, 4000 autres mailles sont identifiées et également associées à des placettes permanentes, **ce qui porte à 6000 le nombre de mailles permanente dans notre échantillon**. La procédure consisterait à tirer au sort dans la maille un point d'inventaire une fois pour toutes et à effectuer la mesure de ce point si le point est en forêt durant la période d'inventaire envisagée (cf. ci-dessus). Nous n'avons pas déterminé à ce stade la manière de choisir ces mailles dans l'espace. Des simulations pourraient être faites en 2023 à ce sujet.
- A ces 6000 mailles permanentes, **on ajoute 3000 mailles « temporaires »** qui gardent le même statut qu'actuellement dans l'Inventaire Forestier, c'est-à-dire que le point d'inventaire théorique associé à la maille est retiré au sort tous les 10 ans (mailles associées à des placettes temporaires). Nous n'avons pas déterminé à ce stade la manière de choisir ces 3000 mailles dans l'espace ni si elles seraient remplacées à chaque période de 10 ans. Des simulations pourraient être faites en 2023 à ce sujet.
- Pour le positionnement des placettes sur le terrain et leur éventuel déplacement, la méthode de l'Inventaire Forestier acceptant les placettes hétérogènes est utilisée.

[4] Reformulation, pour plus de clarté : pour une placette permanente tirée, son statut forestier ou non est à évaluer (par photo-interprétation avec confirmation sur le terrain) chaque année où elle doit être visitée, c'est-à-dire tous les 5 ou 10 ans (en fonction de l'intervalle de revisite).

[5] L'idée est ici d'appliquer les règles de l'inventaire Forestier pour un éventuel déplacement du point et non celles du RMQS, de façon notamment à inclure dans l'échantillon des occupations du sol plus hétérogènes que celles admises par le RMQS, afin d'être plus représentatif des forêts françaises.

Echantillonnage temporel proposé :

- Pour un tiers des mailles permanentes, on organise un passage tous les 5 ans (à répartir annuellement)[6]. Nous n'avons pas déterminé si cette répartition dans le temps se ferait sur une base spatiale régulière comme l'Inventaire Forestier (https://inventaire-forestier.ign.fr/IMG/pdf/methodologie-2021.pdf) ou si une répartition aléatoire est préférable ou si une répartition par grappes de 3 voire 6 points les plus proches possibles pouvait être proposée pour réduire les temps de déplacement infrajournaliers sans impacter trop fortement la précision des estimateurs (des simulations sont prévues sur le sujet dans le projet PASSIFOR32bis).
- Pour les deux-tiers restants, on répartit les passages dans le temps avec un passage tous les 10 ans – avec la même question que ci-dessus.
- Les passages sur les mailles temporaires sont répartis dans le temps sur 10 ans.

Synthèse : quantité de points visités

Au total, compte tenu de l'ensemble des propositions ci-dessus, nous aurions à mesurer chaque année environ :

- Un cinquième (passage tous les 5 ans) d'un tiers (proportion de placettes forestières) d'un tiers (proportion des mailles permanentes avec un passage tous les 5 ans) des 6000 mailles permanentes ;
- Un dixième (passage tous les 10 ans) d'un tiers (proportion de placettes forestières) de deux tiers (proportion des mailles permanentes avec un passage tous les 10 ans) des 6000 mailles permanentes ;
- Un dixième (passage tous les 10 ans) d'un tiers (proportion de placettes forestières) des 3000 mailles temporaires.

Cela représente un peu plus de 365 placettes par an[7] à mesurer pour le plan d'échantillonnage multi-taxons proposé pour l'Objectif 1 (à comparer aux 5000 à 8000 nouvelles placettes par an de l'Inventaire Forestier). Cela donnerait sur 10 ans une information sur 3000 placettes environ (2000 permanentes et 1000 temporaires) dont plus de 660 qui seraient visitées deux fois dans les 10 ans.

3 Saisonnalité et nombre de passages sur les placettes retenues :

Sur chacune des placettes, il est prévu trois passages durant chaque année d'échantillonnage – voire 4 pour 25% des placettes :

- Passage 1 : du 15/03 au 15/04 en plaine ; à adapter en montagne – équipe IGN formée à la pose des enregistreurs sonores :
    - dendrométrie élargie (cf. protocole II-E) ; pour le reste, protocole IF de l'IGN sauf les couverts des arbres et l'identification du type d'habitat ;

[6] L'intérêt escompté de ces passages tous les 5 ans serait de rendre plus précises les estimations métropolitaines sur une période de 5 à 10 ans ; nous n'avons toutefois pas fait de simulation pour démontrer cela ni pour estimer la proportion optimale. Un choix alternatif pourrait être celui fait par le dispositif ORCHAMP de revenir sur les placettes permanentes à des intervalles de temps tirés au sort.

[7] formule : 6000/5/3/3+6000/10/3*2/3+3000/10/3

    - relevé IBP plafonné (Indice de Biodiversité Potentielle[8]) sur 1ha circulaire ;
    - pose d'un enregistreur (a minima sonore, pour les oiseaux) et calibration sonore si le peuplement contient plus de 30% de feuillus ou s'il est prévu de changer l'enregistreur au 2ème passage (cf. protocole II-i).
- Passage 2 : entre le 15 mai et le 30 juin en plaine ; à adapter en montagne, à faire en condition adéquate pour la mycologie (sol pas trop sec et pas complètement gorgé d'eau) - 4 observateurs : 2 IGN, un botaniste extérieur et une personne complémentaire formée au relevé mycologique – durée estimée : environ 2h sur la placette:
    - relevé floristique avec protocole amélioré par rapport à celui de l'inventaire (cf. protocoles II-F) par deux observateurs : un observateur IGN (qu'on appellera le premier) faisant les relevés de flore de l'Inventaire Forestier dans la région et un observateur extérieur spécialiste de la flore locale et habitué à appliquer des protocoles botaniques rigoureux (par exemple un botaniste intervenant sur RENECOFOR).
    - relevé de couvert d'arbres et du type d'habitat suivant le protocole IF de l'IGN par le second observateurs IGN pendant que la personne venant aider pour le relevé mycologique place les endroits de prélèvements des champignons et commence les prélèvements de litière/humus ;
    - gestion des enregistreurs sonores et ultrasonores et calibration (sonore et ultrasonore) (cf. protocoles II-H et II-i) par un observateur IGN qui aura le temps de s'en occuper (a priori le premier)
    - prélèvement sol pour myco (cf. protocole II-K) par le second observateur IGN et la personne complémentaire formée au relevé mycologique.
- Passage 2bis[9] – sur seulement 25% des placettes : entre le 15 mai et le 30 juin en plaine - 3 observateurs : 2 IGN et un botaniste extérieur, différents des observateurs du Passage 2 – durée estimée : environ 1h30 sur la placette:
    - relevé floristique avec protocole amélioré par rapport à celui de l'inventaire (cf. protocoles II-F) par deux observateurs : un observateur IGN de contrôle faisant les relevés de flore de l'Inventaire Forestier et un observateur extérieur spécialiste de la flore locale et habitué à appliquer des protocoles botaniques rigoureux (par exemple un botaniste intervenant sur RENECOFOR).
    - relevé de couvert d'arbres et du type d'habitat suivant le protocole IF de l'IGN par un des deux observateurs IGN suivant temps disponible et pratique par l'observateur de ces protocoles.
- Passage 3 : septembre-octobre en plaine, par temps couvert ou pluvieux (cf. protocole II-J) ; à adapter en montagne – a priori équipe de deux observateurs IGN et d'une personne complémentaire formés à la dépose des enregistreurs, et aux protocoles gastéropode et bryophytes – relevé estimé à 2h :
    - prélèvements pour le relevé des gastéropodes terrestres et pour les bryophytes, faits en parallèle par d'une part une équipe de deux personnes et d'autres part une personne (cf. protocoles II-G et II-J).
    - dépose enregistreurs chiro et oiseaux (cf. protocoles II-H et II-i).

Nous proposons que ce soient pour l'essentiel les équipes de l'Inventaire Forestier qui effectuent ces relevés (cf. ci-dessus). Il faudra prévoir leur formation à ces différents protocoles. Compte tenu du

[8] https://www.cnpf.fr/nos-actions-nos-outils/outils-et-techniques/ibp-indice-de-biodiversite-potentielle

[9] Il s'agit d'un relevé « répliqué » d'une partie du relevé 2, qui peut être conçu comme une forme de relevé de contrôle mais sans connaître ce qui a été observé durant le relevé 2.

nombre d'équipes de l'inventaire forestier, cela ferait chaque année environ 15 relevés * 3 passages à faire par chaque équipe. Pour chaque équipe de l'Inventaire Forestier nous comptons que cela représente trois semaines de travail, dont deux supplémentaires à ce qui est prévu aujourd'hui par l'Inventaire. Il est prévu que ces équipes soient aidées pendant les second et troisième passage par :

- un botaniste expérimenté pour le second passage et une autre personne pour le relevé de sol (mycologique) ;
- une personne pour le relevé mycologique durant le deuxième passage ;
- une personne pour le troisième passage.

Ces personnes supplémentaires devraient être formées aux protocoles à effectuer et pourraient être par exemple des botanistes intervenant pour RENECOFOR, des membres de réseaux naturalistes ONF, des personnes travaillant pour la surveillance de la biodiversité terrestre voire des amateurs rigoureux qui souhaiteraient participer (par exemple membre d'associations naturalistes). Le degré d'investissement de ces personnes sera à définir mais on pourrait envisager qu'il puisse aller jusqu'à un mois de relevés avec différentes équipes de l'Inventaire Forestier.

Il est par ailleurs prévu de faire un second relevé du second passage (hormis acoustique et mycologie) sur un quart des placettes de façon à accéder à des estimations de qualité de la mesure (notamment détectabilité) pour le type d'habitat, une partie de la mesure arbre et la flore vasculaire. Un point particulier à traiter pour les placettes permanentes sera la répartition des observateurs entre placettes dans le temps ainsi que les consignes de mesure (pour la flore vasculaire et les arbres, dans une moindre mesure pour les bryophytes, les gastéropodes). L'idéal nous semble être – si c'est pratiquement possible – de changer les observateurs passant sur la même placette tout en maintenant notamment pour la flore des observateurs experts de la flore de la région échantillonnée afin d'éviter des effets mémoire (surtout pour les placettes permanentes mesurées tous les 5 ans) afin d'enlever une source de biais temporel – notamment dans la différence entre placettes permanentes et temporaires. Un second point important (pour la flore vasculaire et les arbres uniquement, protocoles où l'essentiel de la détermination se fait sur le terrain) est de prévoir un relevé en deux temps sur les placettes permanentes revisitées (associées à deux notations clairement séparées) : un premier temps où le protocole est appliqué sans regarder les données de passages précédents ; un second temps où les observateurs prennent connaissance des données précédentes et recherchent les éventuelles espèces notées précédemment et non revues lors de la première partie du relevé.

4 Notes complémentaires :

Nous avons raisonné le plan d'échantillonnage ci-dessus avec une hypothèse de mesurer tous les taxons prévus sur toutes les placettes et une autre hypothèse d'une homogénéité d'échantillonnage à travers la France. Il est néanmoins possible de désintensifier ou intensifier le plan d'échantillonnage prévu selon le schéma suivant :

- **Désintensification** : le minimum de mesure serait le réseau RMQS pour les placettes permanentes (correspondant à un tiers des placettes permanentes prévues) associé à un tiers des placettes temporaires. Cela impliquerait de mesurer un peu plus de 120 placettes par an. On pourra envisager une telle désintensification pour des pans de biodiversité particulièrement difficiles à mesurer (ce qui ne nous semble pas le cas pour les taxons retenus). Il n'est pas clair à ce stade s'il sera possible de désintensifier l'échantillonnage pour

certaines strates liées au type de forêt, comme le fait l'Inventaire Forestier, au motif que certaines de ces strates ne sont pas stables dans le temps et poseraient des difficultés avec les placettes permanentes.

- **Intensification** : il est envisageable d'intensifier l'échantillonnage à la demande de collectivités locales, pourvu que la zone d'intensification soit bien définie et stable dans le temps et qu'il y ait les moyens pour effectuer ces mesures supplémentaires. L'intensification consisterait à multiplier le nombre total de mailles permanentes et de mailles temporaires par le même facteur. La procédure d'intensification dépendra de comment les mailles autres que celles contenant des points du RMQS sont positionnées dans l'espace (systématiquement ou pas).

La proposition d'inclure l'IBP dans les mesures effectuées vise à développer un système de suivi qui permette des descentes d'échelle et notamment des formes de suivi de la biodiversité à l'échelle « locale » (de propriétés ou massifs). L'objectif serait donc de mettre en place à l'échelle nationale une calibration continue de l'IBP avec les données de biodiversité récoltées de façon à pouvoir donner aux suivis locaux une clé d'interprétation de l'IBP utilisant ces calibrations.

Pour l'objectif 1, il ne nous semble pas nécessaire d'avertir les propriétaires du passage des équipes de mesure.

Nous proposons que pour l'Objectif 1 les relevés restent tels quels quand la placette de rayon de 15 m est entièrement en forêt (définition Inventaire forestier), y compris si elle comprend des types de forêts différents. Ce afin que les relevés effectués incluent les zones de transition/lisière entre types de forêts. Par contre, si jamais cette surface comprend une partie forestière et une partie non forestière (route, piste, utilisation agricole…), nous suggérons de déformer la surface du relevé pour les arbres, la flore vasculaire, les bryophytes, les gastéropodes et les champignons ectomycorhiziens ainsi que la surface du relevé de 1ha pour l'IBP. La manière de déformer ces relevés devrait faire l'objet d'une étude préalable en prenant comme base de travail la méthode de l'inventaire forestier.

Bibliographie

Alberta Biodiversity Monitoring Institute (2019) ABMI 10-year Science and Program Review. Alberta Biodiversity Monitoring Institute, éd. Alberta, Canada.

Cariveau, Daniel P.; Williams, Neal M.; Benjamin, Faye E.; Winfree, Rachael (2013) Response diversity to land use occurs but does not consistently stabilise ecosystem services provided by native pollinators. In : Ecology letters, vol. 16, n° 7, p. 903–911. DOI: 10.1111/ele.12126.

Faye, El Hadji Cissé (2022) Mélange de placettes temporaires et permanentes pour le suivi de la biodiversité : approche statistique par simulation. Master 2 Mathématiques Appliquées Statistiques. Université d'Orléans, Orléans (France). INRAE.

II-D

Objectif 1 - Sous-Maquette Ecosystème

Auteur

Rédigé par Lise Maciejewski (OFB/Patrinat)

Attentes

Il s'agira pour cet objectif de pouvoir estimer l'état et la dynamique de parties de la biodiversité en forêt à l'échelle de la France métropolitaine.

Il est envisageable d'étendre cette question à :

- l'échelle de grandes régions voire de territoires plus restreints, si la pression d'échantillonnage est intensifiée à ces niveaux ;
- la biodiversité forestière si on restreint l'analyse à des attributs de la biodiversité spécifiques aux milieux « forestiers ».

A l'inverse dans le cadre de PASSIFOR-2 il n'est pas envisagé d'étendre cette question :

- A l'outre-mer.

Le pan de biodiversité concerné : l'écosystème forestier

On cherche à établir un système de surveillance de la biodiversité en forêt avec pour objet dans cette sous-maquette l'écosystème forestier. Pour la surveillance des pans taxonomiques de la biodiversité, la métrique centrale proposée a trait à l'évolution temporelle de la moyenne entre espèces de l'abondance. Dans un souci de cohérence, nous proposons ici de centrer la réflexion autour de la mise en place d'une surveillance des écosystèmes avec comme données de base la présence et l'abondance (via la surface couverte) des habitats forestiers, définis comme toutes unités décrites et reconnues grâce à une typologie d'habitat. Ce choix est en cohérence avec les attentes de la Commission Européenne en termes de rendu par les Etats membres dans le cadre de la Directive Habitats-Faune-Flore[1] (évaluation et suivi des habitats d'intérêt communautaire, art. 11 et art. 17), mais aussi avec le travail en cours par l'UICN et leurs partenaires pour la mise en place de listes rouges Ecosystèmes[2].

Caractéristiques attendues :

- **Forêt** : ensemble des forêts métropolitaines, selon la définition de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), adoptée en 2005 par l'inventaire forestier de l'IGN. Sont considérées comme forêts *« les terres occupant une superficie de plus de 0,5*

[1] EC Council, 1992. Council Directive 92/43/EEC of 21 May 1992 on the conservation of natural habitats and of wild fauna and flora.

[2] Keith, D.A., Rodríguez, J.P., Rodríguez-Clark, K.M., Nicholson, E., Aapala, K., Alonso, A., Asmussen, M., Bachman, S., Basset, A., Barrow, E.G., Benson, J.S., Bishop, M.J., Bonifacio, R., Brooks, T.M., Burgman, M.A., Comer, P., Comín, F.A., Essl, F., Faber-Langendoen, D., Fairweather, P.G., Holdaway, R.J., Jennings, M., Kingsford, R.T., Lester, R.E., Nally, R.M., McCarthy, M.A., Moat, J., Oliveira-Miranda, M.A., Pisanu, P., Poulin, B., Regan, T.J., Riecken, U., Spalding, M.D., Zambrano-Martínez, S., 2013. Scientific Foundations for an IUCN Red List of Ecosystems. PLoS ONE 8, e62111. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0062111

hectare avec des arbres atteignant une hauteur supérieure à 5 mètres et un couvert arboré de plus de 10 %, ou avec des arbres capables d'atteindre ces seuils in situ ». Cela comprend toutes les forêts, récentes comme anciennes, y compris les forêts hors production (inaccessibles, en réserve intégrale…). .

- **Mesure et métrique de biodiversité** : la donnée de base est la détermination du type d'habitat, ce qui peut donnre accès ensuite à une estimation de la fréquence ou de la surface de l'habitat (information que l'on peut rapprocher d'une métrique d'abondance comme pour le suivi de taxons). L'objectif est de suivre dans le temps l'abondance des habitats, leur diversité et les apparitions/disparitions d'habitat.
- **Dimension temporelle** : L'objectif est de pouvoir estimer des tendances temporelles sur des périodes de 5 à 10 ans environ (notamment en lien avec le rapportage de la directive Habitat à la Commission européenne tous les 6 ans). Il n'y a pas de prérequis du point de vue de la profondeur temporelle passée des données, mais le plus ancien sera le mieux.

Analyse de l'existant

Les dispositifs retenus sont analysés vis-à-vis des attentes définies dans le cadre de ce projet, non sur leur construction propre.

	Vigie-Flore	RSSDF	RENECOFOR	PSDRF	AFI	IGN
Echantillonnage spatial						
Echantillonnage temporel						
Types de placettes						
Types de données de biodiversité						
Mesures de la biodiversité						
Variables environnementales et de gestion						

Pour cet objectif de suivi et le pan Ecosystème, c'est l'échantillonnage spatial (recherche de représentativité de la forêt métropolitaine), et la détermination de l'habitat sur la placette de relevés (l'accès à une donnée habitat est indispensable, dans le critère « types de données biodiversité ») qui sont les points cruciaux.

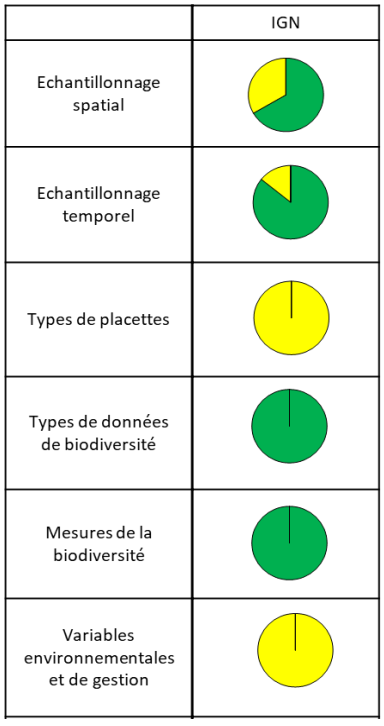
L'Inventaire forestier de l'IGN propose une bonne représentativité de la forêt métropolitaine (à 95%). Le RSSDF est représentatif de la forêt métropolitaine mais il existe une possibilité de suspendre certaines placettes, ce qui ne garantit pas une représentativité totale. Vigie-flore pourrait potentiellement devenir à terme représentatif, mais cela nécessitera davantage de bénévoles qu'aujourd'hui pour couvrir les mailles à suivre par le dispositif ; néanmoins, on ne peut pas compter

sur la pérennité de recueil de la donnée par construction (dispositif de science participative). Les autres dispositifs ne sont pas représentatifs par construction (RENECOFOR, PSDRF, AFI).

En ce qui concerne l'acquisition d'une donnée habitat sur la placette, la détermination est réalisée systématiquement sur le terrain par les agents de l'Inventaire forestier (IGN) à l'aide d'une clé de détermination, la qualité et la précision de cette donnée sont bonnes. Vigie-Flore et le PSDRF demandent à ce qu'une donnée Habitat soit associée à leur point, sur la base de la typologie Corine Biotope, sans précision de niveau typologique et sans préciser vraiment la marche à suivre. Les autres dispositifs ne récoltent pas cette donnée.

Les autres facteurs limitants, moins discriminants, concernent notamment le schéma temporel de passage sur les placettes qui ne semble pas complètement en ligne avec les attentes d'un suivi pour l'Objectif 1 pour RENECOFOR, l'AFI et le PSDRF. Les variables environnementales et de gestion sont récoltées de manière plus ou moins précise selon les dispositifs, mais cela a peu d'impact pour l'objectif 1.

Proposition de cœur de la sous-maquette



Pour suivre les Ecosystèmes dans l'objectif 1, nous proposons un dispositif cœur constitué de l'Inventaire forestier de l'IGN, car il présente un échantillonnage spatial quasi-complet (des améliorations sont envisageables, déjà évoquées dans la sous-maquette Arbres), avec un nombre très important de placettes visitées annuellement (entre 5000 et 7000), et une donnée habitat de qualité et précise (récolte directe sur les points d'inventaire grâce à une clé de détermination, ce qui améliore la standardisation de la donnée, la détermination d'habitat étant classiquement plutôt réalisée à dire d'experts). De plus, l'inventaire permanent des ressources forestières est inscrit dans le Code forestier, ce qui est la meilleure garantie de pérennité du dispositif(mais pas forcément du type de données récoltées, ni de leur quantité).

On dispose donc de l'information sur la présence en un point d'un type d'habitat, ensuite la fréquence de ce type d'habitat dans le dispositif d'échantillonnage statistique de l'IGN permet d'estimer la

surface couverte par habitat, au niveau national ou régional (par exemple par région biogéographique telles que définies par la Commission européenne pour le rapportage de la Directive Habitats-Faune-Flore). Des placettes avec une donnée habitat sont disponibles dans les bases de données de l'IGN depuis 2011. On peut ainsi suivre dans le temps l'abondance et l'aire de répartition de chaque habitat, ce qui permet d'accéder à l'EBV (variables essentielles de biodiversité) 'Ecosystem distribution' inscrite dans la classe d'EBV 'Ecosystem structure' . On peut produire d'autres types d'indicateurs pour suivre la diversité et le turnover de ces habitats (c'est-à-dire les dynamiques d'apparition ou de disparition de ces habitats à différentes échelles), quelques exemples ci-dessous :

- calcul de richesse aux niveaux national et biogéographique, et indice de Shannon avec les types d'habitat;
- indice de similitude entre région biogéographique (indice de Sorensen par exemple) ;
- indice de similitude pour une même région mais entre deux périodes de temps pour observer les changements de la composition en types d'habitats à l'échelle régionale.

Dans un deuxième temps, en couplant les informations de présence des habitats avec les autres données récoltées au même endroit par l'Inventaire forestier (IGN) (données floristiques, dendrométriques et de gestion), on pourra développer d'autres indicateurs renseignant sur l'état de conservation des habitats, et permettant d'accéder aux classes d'EBV 'Ecosystem functioning', 'Ecosystem structure' et 'Community composition' (développement d'indicateurs en cours pour les habitats d'intérêt communautaire).

Plusieurs perspectives d'améliorations sont à envisager :

- rendre publiques toutes les données, qu'elles soient de synthèse ou non pour garantir leur utilisation par tous, et mettre à disposition le poids statistique de chaque placette ainsi que leurs coordonnées géographiques précises pour améliorer la précision des calculs par d'autres acteurs ;
- (en lien avec la sous-maquette arbres notamment) suivre les forêts qualifiées de « non disponibles pour la production de bois » qui pour l'instant ne sont pas visitées, de façon à étendre la surveillance à toutes les forêts métropolitaines.

Coûts associés à la sous-maquette

Le financement de cette sous-maquette correspond au financement de l'IGN, qui passe par la dotation globale de l'IGN, qui est pérenne mais floue et dont la répartition ensuite par grande mission au sein de l'établissement n'est pas précisée. Le ministère de l'agriculture financerait à hauteur d'environ 10 000 000 euros/an, et le ministère en charge de l'écologie finance environ 300 000 euros par an le programme « Suivi temporel des habitats forestiers » (STHF) qui a abouti à la détermination des habitats sur chaque placette. Ceci illustre une possibilité de financer l'IGN pour l'ajout de points ou de données à récolter : en effet la dotation du ministère de l'agriculture est fixe, mais il est possible de mettre en place des financements dédiés plus ou moins temporaires à l'instar de celui du STHF. Pour l'extension du réseau de l'IGN aux forêts qui ne sont pas disponibles à la production de bois, on peut estimer cela à un surcoût de 5% du budget de terrain de l'IGN (soit 500 000 euros) – avec une attention particulière aux placettes très éloignées des points d'accès.

Proposition de compléments au cœur de la sous-maquette

Pour les habitats rares pour lesquels l'Inventaire forestier de l'IGN ne récolte pas assez de données, il est à envisager de compléter les informations avec les autres dispositifs récoltant une donnée habitat, par exemple le PSDRF après vérification des types d'habitats couverts par le réseau. Pour les habitats dont l'aire de répartition est très petite, on pourra en outre faire appel à d'autres réseaux ou d'autres partenaires qui pourraient avoir mis en place des suivis pérennes recouvrant peu ou prou toute la surface couverte par l'habitat (Conservatoires botaniques nationaux, réseau Flore Habitat de l'ONF, associations, etc.).

A la marge, on pourra également envisager les compléments suivants :

- possibilité à étudier d'ajouter les informations de dépérissements obtenues via le RSSDF (mais pas à l'échelle de l'habitat) pour répondre à l'EBV 'Ecosystem perturbations' ;
- utiliser les données Vigie-Flore si le nombre de mailles suivies atteint un seuil suffisant (à réfléchir) et sous réserve de l'utilisation des mêmes référentiels que l'IGN.

II-D

Protocole de relevés Ecosystèmes

Auteur

Rédigé par Lise Maciejewski (OFB/Patrinat)

Relevé de terrain

La surveillance du pan de la biodiversité « Ecosystème » a pour données de base la présence et l'abondance (via la surface couverte) des habitats forestiers, définis comme toutes unités décrites et reconnues grâce à une typologie d'habitat.

Choix d'une typologie d'habitat

Il est nécessaire de choisir une typologie d'habitat qui décrit l'ensemble des unités de végétations forestières présentes sur le territoire métropolitain afin d'être en mesure de récolter une détermination partout en France. Afin de répondre à des demandes réglementaires françaises ou européennes, la typologie choisie doit permettre une mise en correspondance avec le manuel d'interprétation EUR 28[1] qui décrit les habitats d'intérêt communautaire (et seulement ceux-ci). Enfin, la détermination d'habitat est classiquement réalisée à dire d'experts, donc dans un souci de standardisation de la donnée il est indispensable que la typologie choisie soit associée à des règles explicites de rattachement d'une nouvelle observation à un type d'habitat, comme par exemple une clé de détermination. En suivant ces préconisations, **nous proposons de choisir la typologie d'habitat mise en place par l'Inventaire forestier de l'IGN dans le cadre de son programme de suivi temporel des habitats forestiers (STHF)**, car cette typologie (i) couvre toutes les unités forestières métropolitaines, (ii) est associée à une clé de détermination (le niveau typologique terminal atteignable avec la clé est très fin car proche du niveau association de la classification phytosociologique), et enfin (ii) assure une correspondance avec les habitats d'intérêt communautaire (ainsi qu'avec Corine Biotopes[2], la typologie choisie par d'autres dispositifs collecteurs de données habitat – Vigie-Flore, le PSDRF - mais non retenus en cœur de sous-maquette Ecosystème de l'objectif 1).

Méthode de relevé

Nous proposons de reprendre également la méthode de relevé de l'Inventaire forestier (cf. document IMOT de l'IGN[3]). La détermination de l'habitat forestier s'effectue sur une placette de 20 ares en s'appuyant sur des clés, régionalisées par domaine biogéographique ou grandes régions écologiques, basées sur (i) des critères floristiques (présence d'espèces indicatrices, abondance de certaines essences, fréquence relative de groupes écologiques d'espèces, etc.), (ii) des critères pédologiques (type d'humus, de roche, de sol, etc.), (iii) des critères topographiques (position topographique, pente, exposition, etc.), et (iv) des critères biogéographiques (domaine biogéographique d'appartenance, carte de répartition potentielle du hêtre). Une évaluation de la qualité de la donnée habitat est également notée.

[1] European Commission DG Environment, 2013. Interpretation manual of European Union habitats. EUR 28.

[2] Devillers, P., Devillers-Terschuren, L., Ledant, J.-P., 1991. CORINE biotopes manual. Habitats of the European community. Data specifications – Part 2 (No. EUR 12587/3 EN.). Office for Official Publications of the European Communities, Luxembourg.

[3] IGN, 2021. Instructions pour les Mesures et Observations de Terrain (IMOT). Campagne d'inventaire 2021.

Dans les situations homogènes, un seul type d'habitat est noté par placette. En cas de situation complexe avec plusieurs habitats présents sur la placette de 20 ares, il est possible de renseigner plusieurs habitats (le premier étant celui relevé au centre de la placette), en accompagnant le relevé d'un schéma.

Saisonnalité et répétition du relevé

Les relevés de l'IGN sont réalisés toute l'année, on ne préconise pas de changement particulier puisqu'il a été montré que la détermination d'un habitat forestier est réalisable de manière fiable également en hiver[4].

Opérateurs

Nous proposons que ce soient les équipes de l'Inventaire forestier de l'IGN qui fassent ces mesures – elles sont qualifiées pour cela et le font déjà sur le plan d'échantillonnage actuel de l'inventaire forestier.

Prise en charge des données avant leur analyse

Nous proposons que ces données soient prises en charge par le cadre du système informatique de l'Inventaire forestier (IGN).

Analyse officielle des données

Outre la mise à disposition des données avec les données brutes de l'inventaire forestier, notamment pour que les différentes équipes de recherche puissent travailler sur celles-ci, il nous semble naturel que ce soit l'IGN qui gère ces données à long terme.

[4] Maciejewski, L., Pinto, P.E., Wurpillot, S., Drapier, J., Cadet, S., Muller, S., Agou, P., Renaux, B., Gégout, J.-C., 2022. A limited number of species is sufficient to assign a vegetation plot to a forest vegetation unit. Applied Vegetation Science 25, e12650. https://doi.org/10.1111/avsc.12650

II-E

Objectif 1 - Sous-Maquette Arbres

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Frédéric Gosselin (INRAE UR EFNO), sur la base d'échanges avec Ingrid Bonhême et François Morneau (Inventaire Forestier, IGN) et Aristide Chauveau (INRAE UR EFNO)

Attentes

Il s'agira pour cet objectif de pouvoir estimer l'état et la dynamique de parties de la biodiversité en forêt à l'échelle de la France métropolitaine.

Il est envisageable d'étendre cette question à :

- L'échelle de grandes régions voire de territoires plus restreints, si la pression d'échantillonnage est intensifiée à ces niveaux.
- La biodiversité forestière si on restreint l'analyse aux espèces à fort degré d'affinité à la forêt. Pour les arbres, on pourra se référer à la base de données EuForPlant (Heinken et al., 2022) pour statuer du caractère forestier des différentes essences. A noter que cette liste n'inclut pas, pour le moment, la flore de la région méditerranéenne et de la Corse.

A l'inverse on n'envisage pas dans PASSIFOR2 d'étendre cette question :

- A l'outre-mer (nous n'avons pas les compétences et les données)

Caractéristiques attendues :

- **Forêt** : ensemble des forêts métropolitaines, selon la définition de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), adoptée en 2005 par l'inventaire forestier de l'IGN. Sont considérées comme forêts *« les terres occupant une superficie de plus de 0,5 hectare avec des arbres atteignant une hauteur supérieure à 5 mètres et un couvert arboré de plus de 10 %, ou avec des arbres capables d'atteindre ces seuils in situ »*. Cela comprend toutes les forêts, récentes comme anciennes, y compris les forêts hors production (inaccessibles, en réserve intégrale…). Les milieux aquatiques intra-forestiers de grande taille (occupation du sol de type « Eau continentale ») ne sont pas inclus, ainsi que d'autres occupations du sol (par exemple, couverture artificialisée ; cf. Inventaire Forestier, 2005, variable CSLISI).
- **Couverture taxonomique** : arbres, donc espèces végétales ligneuses capables d'atteindre au moins 5 m de hauteur (définition de l'IFN, à peu près compatible avec celle de la FAO). Va donc comprendre une grande partie des mésophanérophytes et toutes les macrophanérophytes.
- **Métrique de biodiversité** : la métrique centrale que nous proposons a trait à l'évolution temporelle de la moyenne entre espèces de l'abondance de chaque espèce. Ce choix provient des trois arguments suivants :
    - Cette métrique est sous-jacente aux indicateurs de biodiversité interspécifique commune les plus utilisés (exemple : indicateur oiseaux de type STOC et divers autres indicateurs Vigie Nature ; indicateur Living Planet Index…).
    - L'analyse de van Strien et al. (2012) indique que la moyenne géométrique de l'abondance est la métrique de biodiversité qui a les meilleures propriétés

mathématiques en tant qu'indicateur de biodiversité pourvu qu'on se concentre sur les espèces communes, tandis que les nouveaux indices extensions de la moyenne géométrique de Korner-Nievergelt et al. (2022)s'appliquent à toutes les espèces.
    - McCarthy et al. (2014) montrent que ces types de métriques peuvent être reliées avec le risque d'extinction dans la communauté.
- **Mesure de biodiversité** : en conséquence des choix faits pour les métriques de biodiversité, nous chercherons en priorité à mesurer l'abondance des espèces, et à défaut leur présence-absence. D'autres données de biodiversité peuvent en principe être envisagées.
- **Dimension temporelle** : l'objectif est de pouvoir estimer des tendances temporelles sur des périodes de 5 à 10 ans environ (notamment en lien avec le rapportage de la directive habitat). Il n'y a pas de prérequis du point de vue de la profondeur temporelle passée des données, mais le plus ancien sera le mieux.

Analyse de l'existant

Les dispositifs retenus sont analysés vis-à-vis des objectifs définis dans le cadre de ce projet (voir les grilles d'analyse des dispositifs en annexes), qui peuvent être différents de ceux ayant prévalus à la conception des dispositifs. Ce n'est par conséquent pas une évaluation des dispositifs considérés.

Critère	Vigie-Flore	RSSDF	RENECOFOR	PSDRF	AFI	IGN
Echantillonnage spatial						
Echantillonnage temporel						
Types de placettes						
Types de données de biodiversité						
Mesure de la biodiversité						
Variables environnementales et de gestion						

Figure 1- Adéquation aux critères définis pour PASSIFOR-2 des dispositifs retenus collectant des données sur la biodiversité des arbres. Pour chaque critère, différentes attentes ont été évaluées comme suit : vert : le dispositif répond complètement à la demande de l'objectif, jaune : il répond imparfaitement à la demande tel quel et demande des corrections, rouge : il ne peut pas répondre à la demande.

Pour cet objectif et ce groupe, c'est d'abord le critère « Echantillonnage spatial » qui trie les dispositifs proposant un suivi des arbres. Plus précisément, le caractère non représentatif des forêts

métropolitaines (RENECOFOR, PSDRF, AFI, Vigie-Flore et bien plus légèrement RSSDF et IFN), associés à des formes de biais dans le positionnement des placettes (RENECOFOR, PSDRF, AFI, et bien plus légèrement RSSDF) ou dans l'activation des placettes (RSSDF), au choix des placettes réellement suivies (Vigie-Flore) et à l'exclusion de certains types de forêts du suivi (RENECOFOR, PSDRF, AFI, et bien plus légèrement IFN). Les autres facteurs limitants, moins discriminants, concernent (1) le schéma temporel de passage sur les placettes qui ne semble pas complètement en ligne avec les attentes d'un suivi pour l'Objectif 1 pour RENECOFOR, l'AFI et le PSDRF, (2) la mesure de la biodiversité (notamment la vérification de la qualité des données et l'estimation de la détectabilité des taxons, imparfaitement intégrée aux dispositifs de suivis) ainsi que (3) le type de données de biodiversité ne permettant pas d'accéder à des données d'abondances arbres (RSSDF) ou peu adaptée à la mesure de l'abondance des arbres dans ses différentes dimensions (Vigie-Flore).

Proposition de cœur de la sous-maquette

Critère	IGN
Echantillonnage spatial	
Echantillonnage temporel	
Types de placettes	
Types de données de biodiversité	
Mesure de la biodiversité	
Variables environnementales et de gestion	

Figure 2- Adéquation aux critères définis pour PASSIFOR-2 l'Inventaire forestier de l'IGN, retenu en cœur de sous-maquette des données sur la biodiversité des arbres. Pour chaque critère, différentes attentes ont été évaluées comme suit : vert : le dispositif répond complètement à la demande de l'objectif, jaune : il répond imparfaitement à la demande tel quel et demande des corrections, rouge : il ne peut pas répondre à la demande.

Pour les Arbres dans l'objectif 1, nous proposons de ne garder à ce stade dans le cœur de la sous-maquette que le dispositif de l'Inventaire Forestier de l'IGN. C'est un dispositif qui a globalement des propriétés correctes attendues pour cet objectif – même si des améliorations sont souhaitables (cf.

infra). Il permet d'accéder pour les arbres recensables (plus de 23,5 cm de circonférence à 1,3 m de hauteur) à une mesure :

- du couvert et du couvert libre sur 20 ares (à travers une estimation du couvert total, toutes espèces confondues, puis du couvert relatif et du couvert relatif libre par essence)
- de la densité, de la surface terrière et du volume sur une placette de 15m de rayon maximum (en fait trois placettes emboîtées)

et pour les arbres non recensables à :

- la classe d'abondance-dominance (5 classes) sur une surface de 7 ares.

D'autres données sont produites par l'Inventaire Forestier pour certains arbres (Accroissements ; Mortalité ; Prélèvement ; Chablis ; Recrutement des arbres recensables…). Des métriques résumées sont produites en routine par l'IGN pour les différentes essences d'arbres recensables (couvert, densité, surface terrière, volume) à divers niveaux de regroupements, presque exclusivement par période de 5 ans. Les méthodes utilisent à la fois les propriétés de l'échantillonnage probabiliste et une forme de post-stratification pour rendre les estimateurs plus précis. Ces données sont accessibles depuis 2005 pour les essences communes, date de changement majeur de méthode de l'inventaire forestier. Il devrait être possible de remonter à 1960 si on accepte de regrouper certaines essences entre elles.

Les protocoles dendrométrique et flore de l'IGN permettent d'obtenir des données sur la diversité et l'abondance relative des espèces au sein des communautés, en lien avec les EBV (Essential Biodiversity Variables) « Community abundance » et « Taxonomic diversity ». La représentativité au niveau national du dispositif et sa fréquence de passage permettent un suivi régulier et à large échelle de ces variables et rendent possible un suivi de la distribution spatiale des espèces (EBV « Species distribution ») et la construction de plusieurs métriques, notamment des indicateurs de moyenne géométrique d'abondance des espèces (EBV « Species abundance »), de variation de la composition des communautés dans l'espace. Les autres variables mesurées devraient permettre de produire des informations sur les EBVs « Species Traits/Physiology » et « Species Traits/Reproduction ».

La liste des espèces sur lesquelles on applique le protocole de mesure des arbres a évolué au cours du temps pour se stabiliser en 2009 suite à l'application par l'inventaire de la définition internationale des forêts incluant les peuplements de 5 m de haut à maturité (auparavant la définition utilisée était basée sur 7 m de haut). Les espèces d'arbres sont rattachées au référentiel taxonomique de TAXREF. A noter que des espèces peu répandues et exotiques peuvent être notées dans une catégorie indifférenciée « autre feuillu exotique » ou « autre résineux exotique ».

En termes d'indicateurs, ces données devraient permettre de produire des indicateurs de moyenne géométrique d'abondance des arbres communs (indicateur sur l'abondance des arbres au sein de l'ONB-Forêt[1]).

En termes d'amélioration, en dehors des pistes de recherche évoquées en fin de document, nous voyons les deux pistes suivantes :

[1] https://naturefrance.fr/indicateurs/evolution-de-labondance-des-arbres-indigenes-communs-en-foret#:~:text=L'abondance%20est%20ici%20consid%C3%A9r%C3%A9e,1%2C3%20m%20de%20hauteur.

- suivre aussi les forêts non disponibles pour la production de bois : moins de 5% des forêts métropolitaines ne sont pas suivies pour cette raison et c'est à corriger pour un suivi de biodiversité selon l'Objectif 1 ;
- (en lien avec la sous-maquette flore vasculaire) Envisager un roulement temporel des observateurs sur les placettes permanentes pour éviter les effets mémoire (plus de détails dans II-C).

En termes de moyens, d'organisation et de gouvernance, il est difficile pour nous d'isoler la partie arbres du reste du protocole de l'inventaire forestier. Au niveau financier, les moyens sont constants (environ 10 Millions d'€ par an) ; par contre, au niveau personnels permanents, les moyens sont en baisse (moyenne de -2% par an à l'IGN). Cela a amené, en même temps que l'augmentation de ce qui est collecté sur le terrain, à une baisse du nombre de *points levés qui est allé jusqu'à un maximum de* 20% (et aujourd'hui de 12.5%) par rapport à l'intensité de l'échantillonnage initialement prévu. Pour produire un indicateur national sur l'abondance des arbres (indicateur ONB en cours de publication), cela semble « suffisant » et donner des résultats intéressants. Par contre, si on souhaite aller à des niveaux plus précis (spatialement et écologiquement), il ne faut pas que cette baisse perdure.

Nous proposons de ne modifier ce dispositif qu'à la marge en terme de coût pour l'Objectif 1. Le coût de ce cœur de réseau correspond au coût actuel de l'Inventaire Forestier, sauf si les améliorations proposées sont envisagées et si des traitements de données nouveaux sont mis en place. Pour l'extension du réseau de l'IFN aux forêts qui ne sont pas disponibles à la production de bois, on peut estimer cela à un surcoût de 7,5% du budget de terrain de l'IGN (soit 750 000 € par an) – avec une attention particulière aux placettes très éloignées des points d'accès, qu'il ne faudra peut-être pas tous faire pour ne pas exploser les coûts humains. En parallèle, il faudra consacrer quelques ressources (peut-être l'équivalent d'un ou deux ETP, e.g. post-doctorants, par an, environ 100 000€ par an sur maximum 5 ans) pour aborder des problèmes de traitements des données (système de prise en compte en routine de la qualité de la donnée – observateur, saison – dans l'estimation ; intégration des données dendrométriques, de couvert et d'abondance-dominance dans des analyses uniques ; développement de méthodes statistiques incorporant les dépendances spatiales et temporelles pour l'estimation ; travail sur des méthodes permettant d'être plus fin en résolution temporelle que 5 ans… ; cf. ci-dessous).

En termes de chaîne logistique et de gouvernance, à part les problèmes de personnels (et notamment la part importante de personnels temporaires qu'il faut former), l'IFN est une institution fonctionnant bien.

Proposition de compléments au cœur de la sous-maquette

Les autres réseaux analysés pourraient compléter ce cœur de maquette par leur **apport sur la méthodologie de la mesure** (effet observateur, détectabilité…) – plus évident sur RENECOFOR mais pourrait aussi être fait sur le réseau PSDRF ou AFI -, pour **générer des hypothèses expliquant la dynamique** de l'abondance des arbres sur son réseau par des variables qui ne sont mesurées que sur ces réseaux (pour éventuellement suggérer des pistes d'explications voire d'analyses voire de mesures complémentaires sur le réseau de l'IGN) (notamment pour RENECOFOR) et enfin pour produire des données de biodiversité que l'Inventaire forestier ne produit pas (notamment différents types de traits ou de processus associés aux arbres ; RENECOFOR, RSSDF).

Il nous semble plus difficile d'envisager que les trois réseaux complémentaires puissent utilement compléter l'estimation de la tendance temporelle d'abondance des arbres de l'Inventaire forestier

compte tenu – en plus des différents types de biais mentionnés ci-dessus - soit de leur faible nombre de placettes (RENECOFOR, AFI, RSSDF), soit de la distribution non homogène des mesures dans l'espace et le temps (PSDRF). Il pourrait être envisagé sur ce sujet de tester une fusion –avec les méthodes proposées dans I-6 – des données du cœur de la sous-maquette avec celle de placettes permanentes (par exemple de l'ONF ou du CNPF) si elles sont suffisamment nombreuses.

Développements méthodologiques et de recherche nécessaires

Méthodologie

Recherche

- (partagé avec la sous-maquette flore vasculaire) Compléter la base de données des plantes forestières à la flore de la région méditerranéenne et de la Corse.
- Tester l'intégration des différents types de données dendrométriques de l'Inventaire Forestier - surfaces terrières, couverts, abondances dominances des arbres de moins de 7.5cm de diamètre à hauteur de poitrine – dans une analyse unique pour cerner plus précisément la notion d'abondance des arbres dans la placette – prenant en compte notamment les différents stades de développement des arbres. Cette réflexion pourrait inclure la modification des classes d'abondance-dominance mentionnée dans le protocole Arbres ;
- (partagé avec la sous-maquette flore vasculaire) Intégrer dans les analyses des données les informations sur la qualité de la mesure provenant du contrôle national a priori en incluant dans le modèle une couche de détectabilité. Cela permettra d'éviter de détecter des tendances temporelles d'abondance qui seraient en fait liées à des tendances dans l'évolution de la qualité de la mesure ;
- Tester une restitution des données d'abondance des arbres par année et non plus par période de 5 ans. Cela permettrait de produire des indicateurs plus réactifs et précis en termes temporels (en lien avec les attentes pour l'Objectif 1 de pouvoir produire des tendances sur une période de 5-10 ans). Il est néanmoins possible que cela entraîne une révision de la liste des espèces communes si l'on reprend la même définition que celle adoptée pour l'indicateur ONB-Forêt mentionné ci-dessus.

Références bibliographiques

References

Heinken, T., Diekmann, M., Liira, J., Orczewska, A., Schmidt, M., Brunet, J., Chytrý, M., Chabrerie, O., Decocq, G., Frenne, P. de, Dřevojan, P., Dzwonko, Z., Ewald, J., Feilberg, J., Graae, B.J., Grytnes, J.-A., Hermy, M., Kriebitzsch, W.-U., Laiviņš, M., Lenoir, J., Lindmo, S., Marage, D., Marozas, V., Niemeyer, T., Paal, J., Pyšek, P., Roosaluste, E., Sádlo, J., Schaminée, J.H., Tyler, T., Verheyen, K., Wulf, M., Vanneste, T., 2022. The European Forest Plant Species List (EuForPlant): Concept and applications. J. Veg. Sci. 33 (3).

Inventaire Forestier, N., 2005. IMOT - Instructions pour les mesures et observations de terrain, 184 pp.

Korner-Nievergelt, F., Strebel, N., Buckland, S.T., Freeman, R., Gregory, R.D., Guélat, J., Isaac, N.J., Mc Rae, L., Roth, T., Schirmer, S., Soldaat, L.L., Voříšek, P., Sattler, T., 2022. Multi-species population indices for sets of species including rare, disappearing or newly occurring species. Ecological Indicators 140, 109005.

McCarthy, M.A., Moore, A.L., Krauss, J., Morgan, J.W., Clements, C.F., 2014. Linking Indices for Biodiversity Monitoring to Extinction Risk Theory. Conserv. Biol. 28 (6), 1575–1583.

van Strien, A.J., Soldaat, L.L., Gregory, R.D., 2012. Desirable mathematical properties of indicators for biodiversity change. Ecol. Indic. 14 (1), 202–208.

II-E

Protocole de relevés « Abondance des arbres »

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Frédéric Gosselin (INRAE UR EFNO), sur la base d'échanges avec Ingrid Bonhême et François Morneau (Inventaire Forestier, IGN)

Relevé de terrain

Le relevé de terrain de l'abondance des arbres se base sur trois méthodes complémentaires :

Relevé dendrométrique (arbres recensables)

Il s'agit du relevé de tous les arbres vivants remplissant certains critères (tous les arbres considérés comme « recensables » : plus de 23.5 cm de circonférence à 1.3 m de hauteur) dans différentes zones (trois cercles de 6 m, 9 m et 15 m de rayon autour du centre de la placette, suivant le diamètre des arbres de façon à limiter le temps de mesure : les plus petits arbres, en moyenne plus nombreux, sont mesurés sur la placette de 6 m de rayon). Différentes caractéristiques des arbres sont relevées pour chaque arbre, dont l'azimut et la distance au piquet central afin de pouvoir les spatialiser (voir Tableau récapitulatif des données sur les arbres en première visite de l'IMOT de l'Inventaire Forestier ; Inventaire Forestier, 2005).

Nous proposons ici de reprendre cette méthode de relevé de l'Inventaire Forestier (cf. Inventaire Forestier, 2005) sur l'échantillon général de l'Inventaire et de le compléter sur des zones plus grandes pour les échantillons de relevés multi-taxons[1] de façon à pouvoir relier peuplement d'arbres et biodiversité à des échelles plus grandes pour les arbres et à obtenir des informations sur la gestion passée sur un plus grand nombre d'arbres (notamment pour l'Objectif 3 de PASSIFOR2). *Restent à définir les caractéristiques renseignées de ces arbres supplémentaires.*

Relevé de couvert (arbres recensables)

Il s'agit ici du relevé du couvert absolu[2] et du couvert libre[3] des individus recensables des différentes essences. La surface d'observation est de 20 ares (placette de 25 m de rayon autour du point). Les relevés permettent d'obtenir une estimation du couvert total, toutes espèces confondues, puis du couvert relatif et du couvert relatif libre par essence.

Nous proposons ici de reprendre la méthode de relevé de l'Inventaire Forestier (cf. Inventaire Forestier, 2005).

Relevé de l'abondance dominance des arbres non recensables

Il s'agit ici du relevé floristique des arbres. Nous renvoyons le lecteur au protocole II-F lié à la flore vasculaire.

[1] Proposition issue du projet GNB : Cercle de 10 m de rayon pour les arbres de moins de 20cm de diamètre en plaine et 30 cm de diamètre en montagne et relevé à surface variable (jauge d'angle 3% en montagne et 2% avec une distance maximale de 40 m en plaine).

[2] Le couvert absolu représente la projection verticale des houppiers des arbres recensables au sol (sans considération de l'accès à la lumière)

[3] Le couvert libre d'un arbre est défini comme la surface de son houppier accédant directement à la lumière

Pour les trois relevés ci-dessus, sur les placettes multi-taxons permanentes, il faudra mettre au point un protocole pour séparer un premier relevé fait sans les informations de ce qui a été relevé lors des passages précédents sur la placette (pour être comparable à ce qui sera fait sur les placettes temporaires et à ce qui aura été fait précédemment sur la même placette) et un second relevé consistant en un complément après avoir vu le contenu des relevés précédents (cela permettra d'estimer une partie des non-détections/erreurs).

Saisonnalité et répétition du relevé

Pour l'échantillonnage classique de l'Inventaire forestier, nous proposons ici de faire les trois relevés précédents durant le même passage, comme effectué actuellement par l'Inventaire forestier et de distribuer les relevés tout au long de l'année, modulo le développement de méthodes d'analyse et d'estimation de l'état et des tendances des différents types d'abondance qui prennent en compte une éventuelle variation de la mesure entre saisons et entre équipes/observateurs.

Pour les relevés multi-taxons, nous préconisons d'effectuer le relevé dendrométrique ainsi que le relevé floristique avec la méthode de l'Inventaire forestier lors du premier passage en hiver et le relevé de couvert et le relevé floristique avec le protocole amélioré lors du second passage en fin de printemps.

Des relevés répétés sont utiles pour estimer les erreurs et évaluer la détectabilité : les relevés de contrôle de l'inventaire Forestier sont une première base pour estimer l'amplitude de ces problèmes. Nous proposons dans un premier temps d'organiser l'analyse de ces données de contrôle et éventuellement d'intensifier les repassages si la détectabilité était un problème important ou mal estimé en l'état.

Opérateurs

Nous proposons que ce soient les équipes de l'Inventaire Forestier qui fassent ces mesures – elles sont qualifiées pour cela et le font déjà sur le plan d'échantillonnage actuel de l'Inventaire Forestier.

Prise en charge des données avant leur analyse

Nous proposons que ces données soient prises en charge dans le cadre du système informatique de l'Inventaire Forestier.

Analyse officielle des données

Outre la mise à disposition des données, notamment pour que les différentes équipes de recherche puissent travailler sur ces données, il nous semble naturel que ce soit l'IGN qui traite ces données à long terme. Des développements méthodologiques sont néanmoins nécessaires pour compléter les estimations fournies actuellement (prise en compte en routine de la qualité de la donnée et notamment de la détectabilité des arbres, de l'estimation des couverts, des erreurs de détermination, mais aussi des autocorrélations spatiales et –en cas de placettes permanentes – temporelles, estimation des tendances temporelles…).

Références bibliographiques

Inventaire Forestier, N., 2005. IMOT - Instructions pour les mesures et observations de terrain, 184 pp.

II-F

Objectif 1 - Sous-Maquette Flore vasculaire

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Aristide Chauveau (INRAE), sur la base d'échanges avec Yann Dumas (INRAE), Marine Dalmasso (IGN), Lise Maciejewski (PatriNat/AgroParisTech), Frédéric Gosselin (INRAE), Jean-Luc Dupouey (INRAE), Anders Mårell (INRAE).

Attentes

Pour l'objectif 1, il s'agit de pouvoir estimer l'état et la dynamique de parties de la biodiversité en forêt à l'échelle de la France métropolitaine.

Il est envisageable d'étendre cette question à :

- L'échelle de grandes régions voire de territoires plus restreints, si la pression d'échantillonnage est intensifiée à ces niveaux ;
- La biodiversité forestière, si on restreint l'analyse aux espèces à fort degré d'affinité à la forêt. On pourra se référer à la base de données EuForPlant (Heinken et al., 2022) pour statuer du caractère forestier des différentes espèces. A noter que cette liste n'inclut pas, pour le moment, la flore de la région méditerranéenne et de la Corse.

A l'inverse, dans le cadre de PASSIFOR-2, il n'est pas envisagé d'étendre cette question :

- A l'outre-mer (nous n'avons pas les compétences et les données).

Caractéristiques attendues :

- **Forêt** : ensemble des forêts métropolitaines, selon la définition de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), adoptée en 2005 par l'inventaire forestier de l'IGN. Sont considérées comme forêts *« les terres occupant une superficie de plus de 0,5 hectare avec des arbres atteignant une hauteur supérieure à 5 mètres et un couvert arboré de plus de 10 %, ou avec des arbres capables d'atteindre ces seuils in situ »*. Cela comprend toutes les forêts, récentes comme anciennes, y compris les forêts hors production (inaccessibles, en réserve intégrale…).
- **Couverture taxonomique** : cette sous-maquette concerne la flore vasculaire, définie comme l'ensemble des plantes comportant des tissus conducteurs de sève (Angiospermes, Gymnospermes, Monilophytes, Lycophytes). Le suivi n'a pas pour but de prendre en compte uniquement les espèces définies comme « forestières », il vise toutes les espèces trouvées en forêt. Il se restreindra néanmoins aux espèces terrestres.
- **Métrique de biodiversité** : la métrique centrale que nous proposons a trait à l'évolution temporelle de la moyenne entre espèces de l'abondance de chaque espèce. Ce choix provient des trois arguments suivants :
    - Cette métrique est sous-jacente aux indicateurs de biodiversité interspécifique commune les plus utilisés (exemple : indicateur oiseaux de type STOC et divers autres indicateurs Vigie Nature ; indicateur Living Planet Index…).
    - L'analyse de van Strien et al. (2012) indique que la moyenne géométrique de l'abondance est la métrique de biodiversité qui a les meilleures propriétés mathématiques en tant qu'indicateur de biodiversité pourvu qu'on se concentre sur

les espèces communes, tandis que les nouveaux indices extensions de la moyenne géométrique de Korner-Nievergelt et al. (2022) s'appliquent à toutes les espèces.
    - McCarthy et al. (2014)montrent que ces types de métriques peuvent être reliées avec le risque d'extinction dans la communauté.
- **Mesure de biodiversité** : en conséquence des choix faits pour les métriques de biodiversité, nous chercherons en priorité à mesurer l'abondance des espèces, et à défaut leur présence-absence. D'autres données de biodiversité peuvent en principe être envisagées.
- **Dimension temporelle** : l'objectif est de pouvoir estimer des tendances temporelles sur des périodes de 5 à 10 ans environ (notamment en lien avec le rapportage de la directive habitat). Il n'y a pas de prérequis du point de vue de la profondeur temporelle passée des données, mais le plus ancien sera le mieux.

Analyse de l'existant

Les dispositifs retenus sont analysés vis-à-vis des objectifs définis dans le cadre de ce projet (voir les grilles d'analyse des dispositifs en annexes), qui peuvent être différents de ceux ayant prévalus à la conception des dispositifs. Ce n'est par conséquent pas une évaluation des dispositifs considérés.

Trois dispositifs réalisant des relevés floristiques ont été retenus et analysés : l'Inventaire forestier de l'IGN, le programme Vigie-Flore et le réseau RENECOFOR.

Critère	IGN	Vigie-Flore	RENECOFOR
Echantillonnage spatial			
Echantillonnage temporel			
Types de placettes			
Types de données de biodiversité			
Mesure de la biodiversité			
Variables environnementales et de gestion			

Figure 1- Adéquation des dispositifs retenus collectant des données floristiques aux critères définis pour l'Objectif 1 de PASSIFOR-2. Pour chaque critère, différentes attentes ont été évaluées comme suit : vert : le dispositif répond complètement à la demande de l'objectif, jaune : il répond imparfaitement à la demande tel quel et demande des corrections, rouge : il ne peut pas répondre à la demande.

Pour le suivi de ce groupe taxonomique dans l'Objectif 1, ce sont en premier lieu les critères relatifs à l'échantillonnage spatial, et notamment les biais de positionnement des placettes, qui influent sur le choix des dispositifs de suivi. A ce titre l'Inventaire forestier de l'IGN répond bien aux attendus, son échantillonnage est représentatif de 95% de la forêt française métropolitaine et les relevés sont positionnés sans biais. Les deux autres dispositifs répondent plus imparfaitement. Les placettes visitées par Vigie-Flore sont fonction du lieu de vie des observateurs et sous-représentent les zones éloignées des milieux urbains. Du fait de la nature participative de ce dispositif, la stabilité de l'échantillonnage n'est pas non plus assurée dans le temps. RENECOFOR n'a pas été construit pour une

représentativité statistique de la forêt métropolitaine, et l'emplacement de ses placettes n'est pas aléatoire.

Les critères sur le type de données et la qualité des mesures sont également à prendre en compte. Les trois dispositifs effectuent des relevés floristiques protocolés avec une mesure de l'abondance, en cohérence avec nos attentes. En revanche, les biais sur les mesures et la qualité des données diffèrent. RENECOFOR et l'IGN procèdent à une intercalibration des observateurs (réalisée une fois et encore non répétée pour l'IGN) et des vérifications sur les mesures, contrairement à Vigie-Flore. Les relevés floristiques de l'IGN ont pour but principal de réaliser un diagnostic stationnel et non de construire un suivi exhaustif de la biodiversité. Ils permettent une bonne représentation des espèces communes et abondantes mais sont moins adaptés pour les espèces rares et peu détectables. Les relevés sont effectués tout au long de l'année, les espèces observées varient donc en fonction des saisons. Cela peut constituer un atout pour couvrir une large gamme d'espèces et obtenir des informations sur leur phénologie, mais cet aspect est à prendre en compte pour la construction d'indicateurs. La saison de passage sur un point n'est pas forcément aléatoire et peut notamment être influencée par la couverture neigeuse, ce qui introduit un biais (les équipes ayant des relevés à effectuer en montagne et en plaine favorisent un passage hivernal sur les points en plaine et estival sur les points en montagne, alors plus accessibles). En cas de milieux clairement hétérogènes au sein de la placette, le relevé de l'IGN est adapté de manière à cibler un milieu homogène. Il est également à noter que les peupleraies font l'objet d'un relevé botanique limité aux plantes communément rencontrées en forêts alluviales. Concernant RENECOFOR et Vigie-Flore, le type de placettes (permanentes) et le protocole (utilisation de la liste des espèces précédemment observées sur la placette pour RENECOFOR) ont leurs avantages mais amènent à être vigilants : ils peuvent entraîner un biais vers une accumulation des espèces observées avec le temps et donc un biais de l'estimation de la tendance temporelle, liée à une amélioration des observations et non à une réalité biologique – particulièrement avec le protocole choisi par RENECOFOR. L'évolution au cours du temps des compétences chez les agents de l'IGN est également à prendre en compte sur ces aspects.

Les autres facteurs limitants, moins discriminants, concernent notamment le schéma temporel de passage sur les placettes : RENECOFOR n'est pas complètement en ligne avec les attentes d'un suivi pour l'Objectif 1 du fait de l'intervalle long entre deux passages pour les relevés floristiques à l'échelle du dispositif (5 ans). Les variables environnementales et de gestion sont récoltées de manière plus ou moins précise selon les dispositifs, mais cela a peu d'impact pour l'Objectif 1.

Proposition de cœur de la sous-maquette

Critère	IGN
Echantillonnage spatial	
Echantillonnage temporel	
Types de placettes	
Types de données de biodiversité	
Mesure de la biodiversité	
Variables environnementales et de gestion	

Figure 2- Adéquation de l'Inventaire forestier de l'IGN, retenu en cœur de sous-maquette, aux critères définis pour ce suivi.

Pour la flore vasculaire et l'Objectif 1, nous proposons de ne garder à ce stade dans le cœur de la sous-maquette que les relevés floristiques de l'Inventaire forestier de l'IGN, complétés par des relevés plus poussés et à période fixe sur les points de relevés multi-taxons (amenés à être intégrés à l'échantillonnage de l'Inventaire forestier, cf. II-C et protocole II-F).

L'Inventaire forestier propose un cadre d'échantillonnage et un protocole pour la flore dans l'ensemble cohérents avec nos attentes. Sur chaque point levé en premier passage par l'Inventaire (environ 7000 par an), un relevé de la végétation vasculaire est réalisé (herbacées, arbustes, arbres de diamètre < 7,5 cm à hauteur de poitrine, autres espèces ligneuses). Le relevé est effectué sur une placette de 15 mètres de rayon centrée sur le point d'inventaire, avec une mesure du recouvrement de chaque espèce. L'identification est faite si possible au niveau de l'espèce, et la nomenclature utilisée suit le référentiel TAXREF.

Le protocole flore de l'IGN permet d'obtenir des données sur la diversité et l'abondance relative des espèces au sein des communautés, en lien avec les EBV (Essential Biodiversity Variables) « Community abundance » et « Taxonomic diversity », déclinables dans le temps et éventuellement à différentes échelles spatiales, si la qualité des données le permet. La représentativité au niveau national du dispositif et sa fréquence de passage permettent un suivi régulier et à large échelle de ces variables et peuvent rendre possible un suivi de la distribution spatiale des espèces (EBV « Species distribution ») et de leur phénologie (EBV « Phenology »). Ces données pourraient permettre de construire, moyennant des travaux de recherche, une métrique de moyenne géométrique d'abondance des espèces, visée dans ce suivi[1]. La gamme des espèces bien représentées par ces métriques est à évaluer, les relevés de l'Inventaire forestier ne permettant en général de ne bien couvrir que les espèces communes et abondantes. La répartition des relevés tout au long de l'année peut également permettre de capter certaines espèces qui seront moins bien couvertes par les relevés intensifs proposés sur les placettes de relevés multi-taxons, à fenêtre temporelle de passage plus réduite.

[1] Voir Herpigny and Gosselin (2015) sur le sujet de la distribution de probabilité des données d'abondance-dominance.

En termes de recul temporel permis par les données, le protocole est mis en place depuis 1992 mais la stratégie globale d'échantillonnage ayant changé par la suite, les données collectées selon le schéma spatio-temporel actuel ne sont exploitables qu'après 2006.

Plusieurs pistes d'amélioration sont à envisager pour correspondre aux attentes du suivi :

- Réaliser des inventaires dans les forêts non disponibles pour la production de bois, qui représentent 5% des forêts métropolitaines et ne sont pas suivies par l'IGN.
- Redéfinir les classes d'abondance-dominance basses pour une estimation plus fine de l'abondance-dominance des espèces à faible recouvrement (actuellement, deux classes basses : 1 : Taux de recouvrement inférieur à 5% et présence faible ; 2 : Taux de recouvrement inférieur à 25% et présence nette), soit en les rapprochant de celles de Braun-Blanquet (van der Maarel, 1979), mais alors en définissant clairement la notion d'individu et le nombre d'individus pour chaque classe comprenant des mesures d'abondance, soit en abandonnant la notion d'abondance et en utilisant seulement une échelle de pourcentages de recouvrement plus fine. Prévoir un échange entre experts pour fixer la notation.
- Assurer une intercalibration régulière entre les équipes pour estimer l'effet opérateur et homogénéiser la qualité des relevés.
- Eviter autant que possible les effets pouvant induire des ruptures de série, notamment une variation de l'effort alloué aux relevés floristiques.
- Sur les placettes de relevés multi-taxons seulement : faire deux relevés floristiques, sur des périodes fixées (cf. II-C et protocole II-F pour plus de précisions) :
    - Faire un premier relevé (au 1er passage) selon le protocole classique de l'Inventaire forestier, afin de conserver une unité méthodologique sur leurs relevés. Il permettra de capter une partie des espèces vernales. Pour les placettes comprenant des milieux hétérogènes, faire éventuellement deux relevés, l'un propre à l'Inventaire, l'autre propre au suivi multi-taxons.
    - Faire un second relevé plus poussé (au 2ème passage), dans une optique de suivi de la biodiversité plutôt que de diagnostic stationnel, avec un effort particulier sur la détection et l'identification des espèces. Un botaniste expérimenté extérieur participera au relevé.
    - Prévoir des relevés floristiques de contrôle sur 25% des placettes multi-taxons, en appliquant le protocole employé pour le second relevé. De la même façon, un botaniste expérimenté extérieur participera au relevé.
    - (En lien avec la sous-maquette Arbre, II-E) Envisager un roulement temporel des observateurs sur les placettes permanentes pour éviter les effets mémoire.

Coûts associés à la sous-maquette

En termes de moyens, d'organisation et de gouvernance, il est difficile d'isoler la partie flore du reste du protocole de l'Inventaire forestier. Au niveau financier, les moyens de l'Inventaire sont constants (environ 10 millions d'euros par an) ; par contre, au niveau personnel permanent, les moyens sont en baisse (moyenne de -2% par an à l'IGN). Cela a amené, en même temps que l'augmentation de ce qui est collecté sur le terrain, à une baisse du nombre de points levés qui est allé jusqu'à un maximum de 20% (et aujourd'hui de 12.5%) par rapport à l'intensité de l'échantillonnage initialement prévu. Si l'on

on souhaite aller à des niveaux plus précis (spatialement et écologiquement) que le niveau national, il ne faut pas que cette baisse perdure.

Le suivi proposé est en grande partie déjà assuré par l'Inventaire forestier, les coûts associés à cette sous-maquette sont donc pour partie déjà pris en charge par le financement existant de l'IGN. Pour l'extension du réseau de l'Inventaire forestier aux forêts qui ne sont pas disponibles à la production de bois, on peut estimer cela à un surcoût de 7,5% du budget de terrain de l'IGN (soit 750 000 € par an) – avec un intérêt pour d'autres aspects que la biodiversité (meilleure représentativité globale des forêts françaises par l'Inventaire). Il faudra porter une attention particulière aux placettes très éloignées des points d'accès, qu'il ne faudra peut-être pas toutes faire afin d'éviter une forte augmentation des coûts humains.

Les coûts supplémentaires pour l'IGN concernent notamment, pour les placettes multi-taxons, le temps passé par les agents pour le second relevé floristique (entre 30 min et 2 h), la mobilisation des équipes de contrôle pour faire une répétition des relevés plus fréquente, et pour toutes ces équipes les frais de déplacement associés. Prévoir également un budget pour faire intervenir des botanistes extérieurs (compter un équivalent d'environ 152 jours de travail par an à répartir entre plusieurs botanistes)[2]. Prévoir un budget pour mettre en place une intercalibration régulière entre les équipes (dont les botanistes extérieurs). Il serait également nécessaire de financer des travaux de recherche appliquée (de type stages de Master 2 voire thèse ou post-doctorat) pour l'analyse des données et la construction d'indicateurs.

Proposition de compléments au cœur de la sous-maquette

Le réseau RENECOFOR peut apporter des éléments méthodologiques pertinents au dispositif sélectionné, notamment sur les aspects d'harmonisation entre équipes et d'estimation de la qualité de la mesure (ce qui a déjà été effectué lors d'un premier exercice d'intercalibration de l'IGN basé sur le protocole RENECOFOR). Le panel de variables mesurées par ce dispositif peut également jouer un rôle complémentaire et aider à générer des hypothèses pour expliquer des patrons de biodiversité observés, voire donner des indications sur des variables pertinentes à mesurer – mais davantage en lien avec l'Objectif 3 de PASSIFOR-2 qu'avec l'Objectif 1.

Il pourrait être intéressant d'intégrer Vigie-Flore dans un dispositif de suivi de la flore en forêt si les mailles suivies dans ce milieu venaient à être plus nombreuses afin que l'effort de fusion de données soit rentable – typiquement, plus nombreuses que celles du cœur de maquette présenté ci-dessus – et distribuées de manière plus homogène sur le territoire. Il faudrait alors envisager des développements méthodologiques dans le but de fusionner ces données avec celles de l'IGN.

Développements méthodologiques et de recherche nécessaires

Méthodologie

- (Voir II-C, et en lien avec les sous-maquettes bryophytes, arbres, gastéropodes terrestres, champignons ectomycorhiziens) Prévoir dans un projet ultérieur de déterminer la stratégie à adopter dans le cas où la placette est interceptée par une occupation du sol non forestière : comment déformer la placette et comment adapter le protocole.

[2] 365 placettes multi-taxons + 25% des placettes contrôlées : 456 placettes/an sur lesquelles faire intervenir un botaniste. A raison de 3 placettes/jour : 152 jours de travail cumulés.

- Prévoir un projet méthodologique à court terme pour préciser les caractéristiques de la placette du second relevé floristique. Un protocole de test pourrait être : sur plusieurs répétitions (environ 50 si possible), regroupées en plusieurs sites, mettre en place différentes modalités de placettes : placette circulaire de 15 m de rayon, placette carrée de 400 m², placette rectangulaire de 50 m² (2 m * 50 m), petite placette de 4 m². Des équipes différentes passeraient tour à tour sur chacun des sites pour faire des relevés sur les quatre types de placettes. Faire varier l'ordre de passage sur les placettes entre les sites. Seraient notamment à tester le temps nécessaire pour chaque relevé, les variations entre équipe et entre placettes dans la liste des espèces et dans les mesures de recouvrement. Un tel protocole pourrait permettre de déterminer le pourcentage moyen d'espèces détectées par type de placette. Si le relevé choisi s'avère différent de celui de l'IGN, déterminer – à des fins de comparabilité des relevés – s'il faut aussi l'appliquer au premier passage ou, sinon, comment comparer les données des deux passages.

Recherche

- Mettre en œuvre un travail de recherche appliquée pour estimer et prendre en compte certains effets sur les données - liés entre autres aux opérateurs, à la saison de passage, à la détectabilité des espèces, à la différence entre les relevés du 1er et du 2ème passage - notamment à partir des relevés de contrôle (en lien avec la sous-maquette Arbres, II-E). Construire une métrique de tendance temporelle de la moyenne géométrique d'abondance des espèces, et éventuellement d'autres métriques à plus long terme. Travailler à la fusion entre les données floristiques des relevés multi-taxons et celles des relevés classiques de l'Inventaire forestier.

- Compléter la base de données des plantes forestières à la flore de la région méditerranéenne et de la Corse, en particulier s'il est souhaité de porter le suivi sur les espèces spécifiquement forestières (en lien avec la sous-maquette Arbres, II-E).

Références bibliographiques

Heinken, T., Diekmann, M., Liira, J., Orczewska, A., Schmidt, M., Brunet, J., Chytrý, M., Chabrerie, O., Decocq, G., Frenne, P. de, Dřevojan, P., Dzwonko, Z., Ewald, J., Feilberg, J., Graae, B.J., Grytnes, J.-A., Hermy, M., Kriebitzsch, W.-U., Laiviņš, M., Lenoir, J., Lindmo, S., Marage, D., Marozas, V., Niemeyer, T., Paal, J., Pyšek, P., Roosaluste, E., Sádlo, J., Schaminée, J.H., Tyler, T., Verheyen, K., Wulf, M., Vanneste, T., 2022. The European Forest Plant Species List (EuForPlant): Concept and applications. J. Veg. Sci. 33 (3).

Herpigny, B., Gosselin, F., 2015. Analyzing plant cover class data quantitatively: customized cumulative zero-inflated beta distributions show promising results. Ecol. Inform. 26 (3), 18–26.

Korner-Nievergelt, F., Strebel, N., Buckland, S.T., Freeman, R., Gregory, R.D., Guélat, J., Isaac, N.J., Mc Rae, L., Roth, T., Schirmer, S., Soldaat, L.L., Voříšek, P., Sattler, T., 2022. Multi-species population indices for sets of species including rare, disappearing or newly occurring species. Ecological Indicators 140, 109005.

McCarthy, M.A., Moore, A.L., Krauss, J., Morgan, J.W., Clements, C.F., 2014. Linking Indices for Biodiversity Monitoring to Extinction Risk Theory. Conserv. Biol. 28 (6), 1575–1583.

van der Maarel, E., 1979. Transformation of cover-abundance values in phytosociology and its effects on community similarity. Vegetatio 39, 97–144.

van Strien, A.J., Soldaat, L.L., Gregory, R.D., 2012. Desirable mathematical properties of indicators for biodiversity change. Ecol. Indic. 14 (1), 202–208.

II-F

Protocole de relevés Flore vasculaire

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Aristide Chauveau (INRAE), sur la base d'échanges avec Yann Dumas (INRAE), Marine Dalmasso (IGN), Lise Maciejewski (PatriNat/AgroParisTech), Frédéric Gosselin (INRAE), Jean-Luc Dupouey (INRAE), Anders Mårell (INRAE).

Relevés de terrain

Le suivi de la flore vasculaire s'appuie sur des relevés de terrain visant à mesurer l'abondance-dominance des espèces présentes en un point forestier donné. Ces relevés concernent tous les taxons détectables, en visant une identification au niveau de l'espèce, ou infra-spécifique si pertinent. Les relevés doivent être le plus exhaustif possible, sans omettre les espèces rares.

Il est proposé que ce suivi s'appuie d'une part sur les relevés floristiques réalisés actuellement en routine par l'Inventaire forestier de l'IGN et d'autre part sur des relevés plus intensifs réalisés sur le réseau de placettes multi-taxons (cf. II-C).

Relevés floristiques sur l'échantillonnage classique de l'Inventaire forestier

Pour les relevés floristiques sur l'échantillonnage total de l'Inventaire forestier, il est proposé de garder, dans l'ensemble, la méthodologie actuelle (IGN, 2022). Le relevé s'effectue au sein d'une placette circulaire de 707 m² (15 mètres de rayon) et concerne, pour la flore vasculaire, toutes les spermatophytes et ptéridophytes. L'abondance de chaque taxon est mesurée à l'aide d'une échelle de classes d'abondance-dominance à cinq niveaux. Une amélioration possible de ce protocole serait d'affiner les classes d'abondance-dominance basses (cf. sous-maquette II-F).

Relevés floristiques sur les placettes multi-taxons

D'après le plan d'échantillonnage proposé dans PASSIFOR-2 (cf. II-C), les placettes multi-taxons seraient intégrées au réseau de placettes de l'Inventaire forestier. Sur ces placettes de suivi multi-taxons, il est proposé de faire deux relevés floristiques au cours de l'année, notamment pour assurer un relevé approfondi et pour couvrir différents cortèges floristiques (espèces vernales et estivales).

Premier relevé floristique

Un premier relevé est à réaliser selon le protocole de l'Inventaire forestier, au premier passage. Il serait similaire à tous les autres relevés de l'Inventaire forestier et leur permettrait de conserver une uniformité méthodologique. Utiliser l'échelle d'abondance-dominance redéfinie (voir plus haut).

Un cas peut néanmoins amener à faire deux relevés floristiques lors de ce passage : lorsqu'une limite intercepte la placette de 15 m de rayon et amène les agents à déformer le relevé (IGN, 2022). Dans ce cas :

- Réaliser le relevé déformé selon la méthode de l'IGN (uniformité méthodologique IGN)
- Faire un second relevé selon les choix adoptés pour la déformation des placettes multi-taxons en conditions hétérogènes (uniformité méthodologique du suivi multi-taxons, encore à préciser, cf. II-C) :
    - Si les différentes occupations du sol sont toutes forestières (peuplements différents, limite avec coupe rase…), ne pas déformer la placette et faire le relevé dans les conditions hétérogènes.

- Si une occupation du sol interceptée n'est pas forestière (route, piste, terrain agricole…), déformer le relevé selon la méthode choisie pour les placettes multi-taxons, qui reste encore à définir.

Dans tous les cas, appliquer un effort particulier pour détecter et identifier au mieux les espèces vernales.

Second relevé floristique

Un second relevé floristique est à réaliser au deuxième passage. Ce relevé devra être particulièrement rigoureux, afin d'obtenir des inventaires plus exhaustifs et plus précis.

Des tests méthodologiques sont à prévoir en amont de son implémentation pour préciser les caractéristiques de la placette, notamment de surface et de forme (cf. sous-maquette II-F). Le relevé devrait être assez grand pour capter des espèces rares (qui sont intéressantes à suivre pour leur réactivité aux changements) tout en étant un bon compromis entre représentativité, qualité des données et faisabilité. Il faudra déterminer à partir de quel gain dans la détection on choisira une autre placette que celle circulaire de 15 m de rayon. En effet, utiliser cette placette aurait l'avantage de garder une unité d'échantillonnage commune avec les autres relevés floristiques de l'Inventaire et avec les relevés des autres groupes (bryophytes, gastéropodes, champignons ectomycorhiziens notamment), permettant une analyse croisée de ces données.

Caractéristiques du relevé proposé :

- Faire le relevé à deux botanistes ayant une bonne connaissance de la flore locale (un agent IGN et un botaniste externe, voir plus bas).
- En cas d'hétérogénéité d'occupation du sol dans la placette, suivre les principes de déformation ou non de la placette propres aux relevés multi-taxons (cf. plus haut et II-C)
- Bien détecter les limites de la placette à l'aide d'un télémètre laser (calibré) pour réaliser le relevé dans toute la surface et sans en sortir. Matérialiser quelques points repères (par exemple aux points cardinaux) à l'aide de piquets.
- Parcourir la placette avec une méthode fixe, par exemple par cercles concentriques, en gardant une intensité d'observation homogène par unité de surface : passer plus de temps sur les cercles externes de la placette que ceux du centre, afin de ne pas sur-échantillonner le centre.
- Contrôler l'effort de recherche. Définir un temps minimal (30 minutes par exemple) voire maximal de relevé, et noter la durée du relevé.
- Réaliser un relevé des arbres non recensables (< 7,5 cm de diamètre à 1,30 m de hauteur), arbustes, autres ligneux et herbacées. Ne pas relever les bryophytes. Faire un relevé poussé, en cherchant à détecter et identifier au mieux toutes les espèces, notamment les espèces peu abondantes. Ne pas se limiter à une liste préétablie d'espèces ou aux espèces forestières (identifier, par exemple, les espèces de milieu ouvert). Faire un relevé floristique complet en peupleraie, sans cibler les espèces typiques des forêts alluviales contrairement au relevé classique de l'Inventaire forestier. Utiliser l'échelle d'abondance-dominance ou de recouvrement redéfinie (voir plus haut).
- Les espèces à l'identification incertaine sur place sont à photographier et à collecter pour identification ultérieure.

Saisonnalité

Pour les placettes de relevés multi-taxons, nous préconisons d'effectuer le relevé floristique selon la méthode de l'Inventaire forestier au 1er passage (entre le 15/03 et le 15/04 en plaine), et de réaliser le relevé floristique optimisé au 2ème passage (entre le 15/05 et le 30/06 en plaine). Un double passage

permet à l'Inventaire de garder une cohérence méthodologique dans ses relevés, d'élargir la gamme des espèces couvertes (captation d'une partie des vernales en 1er passage et des espèces plus tardives en 2ème passage) tout en permettant une certaine comparabilité des données (des périodes fixes permettent une réduction de l'influence de la période de passage sur la détectabilité des espèces).

Les relevés floristiques classiques sur le reste de l'Inventaire forestier pourraient éventuellement, par leur répartition annuelle, permettre de détecter des décalages phénologiques et aider à ajuster la période de passage pour les relevés multi-taxons, afin de les réaliser à des stades phénologiques homogènes au fil des ans. Il faudrait tester au préalable si cela ne crée pas de biais dans le calcul des indicateurs (cf. II-C).

Particularités sur placettes permanentes

Afin d'éviter les effets mémoire sur les placettes permanentes, il faudra porter une attention particulière à la répartition des observateurs au cours des années (rotation des équipes) ainsi qu'aux consignes de mesure (relevés sans puis avec la liste des espèces préalablement vues, afin de limiter les facteurs de dépendance entre les relevés et pour éventuellement apporter des informations sur la détectabilité des espèces). Se référer au plan d'échantillonnage (II-C) pour plus de détails.

Répétition du relevé

Une répétition indépendante des relevés (même placette, observateurs différents, pas de transmission des résultats) s'avère utile pour estimer les taux d'erreurs et évaluer la détectabilité des espèces.

Nous préconisons d'impliquer les équipes de contrôle de l'Inventaire pour qu'elles réalisent un relevé floristique répété particulier sur les placettes multi-taxons. Il servirait à contrôler le relevé optimisé du 2ème passage (cf. ci-dessus), en suivant le même protocole. Le relevé de contrôle serait à réaliser sur la même période que le relevé optimisé - du 15/05 au 30/06 – afin de mesurer un cortège floristique comparable. Prévoir de faire venir un botaniste extérieur spécialisé dans la flore locale, différent de celui du 2ème passage. Il faudrait augmenter la proportion de placettes revisitées par rapport à ce qui est fait sur l'échantillonnage global de l'Inventaire : de 4% de toutes les placettes actuellement, viser 25% de relevés de contrôle pour les placettes multi-taxons, qui sont comparativement bien moins nombreuses (cf. II-C).

Intercalibration

Afin de mesurer les niveaux d'erreurs et de permettre aux équipes d'homogénéiser leurs pratiques de relevés, il est proposé de prévoir régulièrement des exercices d'intercalibration mobilisant les différentes équipes de l'Inventaire forestier (dont les équipes de contrôle) ainsi que les botanistes extérieurs. La répétition régulière de cet exercice permettrait de prendre en compte l'évolution des compétences et l'arrivée de nouveaux agents. Un exercice de ce type a déjà été réalisé à l'Inventaire forestier en s'appuyant sur l'expérience de RENECOFOR dans ce domaine, il pourrait servir de base méthodologique.

Le principe général est de faire passer les équipes sur les mêmes placettes pour qu'elles fassent des relevés de façon indépendante. Elles réalisent ensuite ensemble un relevé consensus, auxquels peuvent par la suite être comparés les relevés des différentes équipes. Il serait intéressant de mesurer (au moins) la capacité des observateurs à (i) détecter une espèce, (ii) bien déterminer l'espèce détectée, (iii) attribuer un bon coefficient d'abondance-dominance.

Il serait judicieux de mettre en œuvre des relevés d'intercalibration pour les équipes de contrôle en particulier, afin d'estimer les variations entre ces équipes et susciter des échanges pour assurer une certaine cohérence globale des relevés de contrôle.

Opérateurs

Nous proposons que ce soient les équipes de l'Inventaire forestier de l'IGN qui fassent les relevés floristiques en premier passage – elles sont qualifiées pour cela et le font déjà sur le plan d'échantillonnage actuel de l'Inventaire forestier.

Pour le relevé au 2ème passage, nous proposons que le relevé soit fait par un agent de l'IGN expérimenté en botanique et faisant les relevés floristiques de l'Inventaire dans la région, accompagné d'un botaniste externe spécialiste de la flore locale et habitué à appliquer des protocoles botaniques rigoureux (par exemple un botaniste intervenant sur RENECOFOR, ou appartenant aux réseaux naturalistes de l'ONF).

Pour le relevé de contrôle, nous proposons qu'il soit fait par un agent de l'IGN de l'équipe de contrôle accompagné d'un botaniste extérieur (observateurs différents de ceux du 2ème passage).

Prise en charge des données avant leur analyse

Nous proposons que ces données soient prises en charge dans le cadre du système informatique de l'Inventaire forestier.

Analyse officielle des données

Des développements méthodologiques sont nécessaires pour assurer l'analyse de ces données (cf. sous-maquette II-F). Ces aspects pourraient être traités par des laboratoires de recherche. La méthode d'analyse développée pourrait ensuite être transmise à un organisme chargé de sa mise en œuvre en routine, tel que l'IGN ou un autre organisme qui serait responsable de ces analyses pour plusieurs groupes taxonomiques, par exemple au sein de la Surveillance de la Biodiversité terrestre (OFB/PatriNat). Il nous semble également important de mettre ces données à disposition d'un public plus large, notamment pour qu'elles puissent être utilisées par d'autres structures et équipes de recherche.

Références bibliographiques

Institut national de l'information géographique et forestière, 2022. Instructions pour les Mesures et Observations de Terrain (IMOT). Campagne d'inventaire 2023, 188 pp.

II-G

Objectif 1 - Sous-Maquette Bryophytes

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Aristide Chauveau (INRAE), sur la base d'échanges avec Marion Gosselin (INRAE), Yann Dumas (INRAE), Sébastien Delhaye (IGN), Sébastien Leblond (PatriNat), Frédéric Gosselin (INRAE).

Attentes

Pour l'Objectif 1, il s'agit de pouvoir estimer l'état et la dynamique de parties de la biodiversité en forêt à l'échelle de la France métropolitaine.

Il est envisageable d'étendre cette question à :

- L'échelle de grandes régions voire de territoires plus restreints, si la pression d'échantillonnage est intensifiée à ces niveaux ;
- La biodiversité forestière, si on restreint l'analyse aux espèces à fort degré d'affinité à la forêt. Une liste des bryophytes forestières françaises est en cours d'élaboration par Yann Dumas (INRAE EFNO).

A l'inverse, dans le cadre de PASSIFOR-2, il n'est pas envisagé d'étendre cette question :

- A l'outre-mer (nous n'avons pas les compétences et les données).

Caractéristiques attendues :

- **Forêt** : ensemble des forêts métropolitaines, selon la définition de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), adoptée en 2005 par l'inventaire forestier de l'IGN. Sont considérées comme forêts *« les terres occupant une superficie de plus de 0,5 hectare avec des arbres atteignant une hauteur supérieure à 5 mètres et un couvert arboré de plus de 10 %, ou avec des arbres capables d'atteindre ces seuils in situ »*. Cela comprend toutes les forêts, récentes comme anciennes, y compris les forêts hors production (inaccessibles, en réserve intégrale…). Les milieux aquatiques intra-forestiers de grande taille (occupation du sol de type « Eau continentale ») ne sont pas inclus, ainsi que d'autres occupations du sol (par exemple, couverture artificialisée ; cf. IGN (2022), variable CSLISI).
- **Couverture taxonomique** : cette sous-maquette concerne les bryophytes au sens large : mousses (*Bryophyta*), Hépatiques (*Marchantiophyta*), Anthocérotes (*Anthocerotophyta*). Le suivi n'a pas pour but de prendre en compte uniquement les espèces définies comme « forestières », il vise toutes les espèces trouvées en forêt. Il se restreindra néanmoins aux espèces terrestres.
- **Métrique de biodiversité** : la métrique centrale que nous proposons a trait à l'évolution temporelle de la moyenne entre espèces de l'abondance de chaque espèce. Ce choix provient des trois arguments suivants :
    - Cette métrique est sous-jacente aux indicateurs de biodiversité interspécifique commune les plus utilisés (exemple : indicateur oiseaux de type STOC et divers autres indicateurs Vigie Nature ; indicateur Living Planet Index…).
    - L'analyse de van Strien et al. (2012) indique que la moyenne géométrique de l'abondance est la métrique de biodiversité qui a les meilleures propriétés mathématiques en tant qu'indicateur de biodiversité pourvu qu'on se concentre sur

les espèces communes, tandis que les nouveaux indices extensions de la moyenne géométrique de Korner-Nievergelt et al. (2022) s'appliquent à toutes les espèces.
    - McCarthy et al. (2014) montrent que ces types de métriques peuvent être reliées avec le risque d'extinction dans la communauté.
- **Mesure de biodiversité** : en conséquence des choix faits pour les métriques de biodiversité, nous chercherons en priorité à mesurer l'abondance des espèces, et à défaut leur présence-absence. D'autres données de biodiversité peuvent en principe être envisagées.
- **Dimension temporelle** : l'objectif est de pouvoir estimer des tendances temporelles sur des périodes de 5 à 10 ans environ (notamment en lien avec le rapportage de la directive habitat). Il n'y a pas de prérequis du point de vue de la profondeur temporelle passée des données, mais le plus ancien sera le mieux.

Analyse de l'existant

Les dispositifs retenus sont analysés vis-à-vis des objectifs définis dans le cadre de ce projet (voir les grilles d'analyse des dispositifs en annexes), qui peuvent être différents de ceux ayant prévalus à la conception des dispositifs. Ce n'est par conséquent pas une évaluation des dispositifs considérés.

Parmi les dispositifs étudiés, deux relèvent des données sur les bryophytes et ont été analysés : l'Inventaire forestier de l'IGN et le réseau RENECOFOR.

Critère	IGN	RENECOFOR
Echantillonnage spatial		
Echantillonnage temporel		
Types de placettes		
Types de données de biodiversité		
Mesure de la biodiversité		
Variables environnementales et de gestion		

Figure 1- Adéquation des dispositifs retenus collectant des données bryologiques aux critères définis pour l'Objectif 1 de PASSIFOR-2. Pour chaque critère, différentes attentes ont été évaluées comme suit : vert : le dispositif répond complètement à la demande de l'objectif, jaune : il répond imparfaitement à la demande tel quel et demande des corrections, rouge : il ne peut pas répondre à la demande.

Pour cet objectif de suivi et ce groupe taxonomique, ce sont en premier lieu les critères sur l'échantillonnage spatial et la qualité des relevés de bryophytes qui influent sur l'analyse des dispositifs.

L'Inventaire forestier de l'IGN réalise un échantillonnage représentatif de 95% de la forêt française métropolitaine (forêts disponibles à la production), avec peu de biais dans le positionnement des placettes. RENECOFOR n'a pas été construit pour une représentativité statistique de la forêt métropolitaine, et l'emplacement de ses placettes n'est pas aléatoire.

Les deux dispositifs intègrent des relevés bryologiques, mais ils ne concernent que les espèces terricoles et sont généralement biaisés vers des espèces facilement identifiables. Les agents de l'Inventaire forestier sont formés sur environ 20 espèces de bryophytes, choisies notamment pour leur facilité de reconnaissance et leur intérêt pour un diagnostic stationnel. Les observations au-delà de ce groupe d'espèces varient en fonction des compétences individuelles. De même, la complétude des relevés de RENECOFOR varie en fonction des équipes et de leurs compétences en bryologie (tous les relevés ne sont pas faits par des bryologues). Ils ne garantissent pas, dans l'ensemble, une bonne couverture de toute la diversité des espèces terricoles ni une qualité d'échantillonnage homogène. Pour ces deux dispositifs, l'effet opérateur est fort et peu voire pas mesuré. L'exploitabilité de leurs données pour un suivi de la diversité des bryophytes comme évoqué ci-dessus est limitée.

Les autres facteurs limitants, moins discriminants, concernent notamment le schéma temporel de passage sur les placettes : RENECOFOR n'est pas complètement en ligne avec les attentes d'un suivi pour l'Objectif 1 du fait de l'intervalle long entre deux passages pour ces relevés à l'échelle du dispositif (5 ans). Les variables environnementales et de gestion sont récoltées de manière plus ou moins précise selon les dispositifs, mais cela a peu d'impact pour l'Objectif 1.

Proposition de cœur de la sous-maquette

Pour les bryophytes et l'Objectif 1, en l'état aucun dispositif ne permet d'assurer un suivi tel qu'attendu. Par conséquent, la mise en place d'une méthode dédiée de suivi des bryophytes en forêt est proposée, basée sur des relevés bryologiques sur les placettes multi-taxons (cf. protocole II-C pour plus de détails).

Relevés de terrain

Les obstacles à la mise en place d'un suivi à grande échelle avec des relevés fiables in-situ reposent principalement sur le manque de compétences bryologiques disponibles et mobilisables chez des agents, et la difficulté à former suffisamment de personnel dans ce domaine (groupe taxonomique complexe à appréhender). Afin de contourner ce problème, la méthode proposée se base sur un découplage entre la phase de relevé et la phase d'identification. Ce choix est inspiré de ce qu'il se fait dans le cadre des quelques suivis connus de bryophytes (multi-espèces et à large échelle), notamment en Suisse (Mandant du Monitoring de la Biodiversité en Suisse, 2020) et en Alberta (Canada) (Alberta Biodiversity Monitoring Institute, 2014). Il est proposé de réaliser sur les placettes multi-taxons des prélèvements des bryophytes, sans identification sur place, réalisés par les agents de l'IGN (ils ont déjà des connaissances bryologiques). Sur le terrain, le rôle des opérateurs serait de détecter les bryophytes, distinguer les taxons leur apparaissant comme différents (sans procéder à leur identification) et en prélever des échantillons. Afin d'homogénéiser le niveau de compétence des agents en charge du prélèvement et d'améliorer la qualité des relevés - la probabilité de détection d'une espèce dépend notamment de la familiarité de l'observateur avec celle-ci (Gosselin et al., 2021) - une formation initiale à ce protocole est nécessaire.

Une première partie du relevé consiste à faire des prélèvements sur différentes catégories de substrats (sol, bois mort, arbres vivants, etc.), avec pour chaque catégorie un protocole précis, cela afin d'échantillonner une certaine diversité de substrats sans faire un inventaire en plein (cf. protocole II-G). Les contraintes techniques ne permettent pas d'envisager un suivi des bryophytes sur la totalité des substrats qu'elles peuvent occuper, notamment dans les strates arborées hautes. Les espèces de la canopée ne seront par exemple pas couvertes (des branches au sol tombées depuis peu peuvent néanmoins porter des espèces de ce cortège). Dans un second temps, un relevé complémentaire sur l'ensemble de la placette est à réaliser. Il vise à améliorer la complétude de la liste d'espèces sur la placette.

Identification des prélèvements

Les échantillons collectés seraient transmis après collecte à une équipe de bryologues chargée de l'identification. Etant donné le grand nombre d'échantillons à traiter et leur diversité, cette tâche pourrait demander d'employer chaque année plusieurs personnes qualifiées et complémentaires[1], par exemple en sous-traitance. Il faudrait au préalable évaluer la possibilité de mobiliser suffisamment d'experts, et ceci sur le long terme.

A terme, une façon d'automatiser le processus pourrait être de recourir à de l'identification par metabarcoding. Cette méthode permet l'identification des taxons dans un échantillon, ici composite (regroupement de prélèvements), par amplification et séquençage de fragments d'ADN spécifiques dont la séquence est unique à chaque espèce. Ce n'est néanmoins pas encore une technique éprouvée dans le cadre d'un suivi des bryophytes, il faudrait auparavant tester son efficacité.

En premier lieu, nous conseillons de passer par de l'identification classique, et de mettre en place un projet pour tester la faisabilité et l'intérêt d'une identification par metabarcoding. Si cela s'avère prometteur, les deux techniques pourraient être appliquées en parallèle pendant quelques années sur les mêmes échantillons prélevés afin de mesurer les éventuelles différences, avantages et inconvénients des deux approches. Arbitrer ensuite sur la méthode à retenir sur le long terme, voire envisager une complémentarité des approches (cf. protocole II-G).

Métriques envisageables

Il faudra prévoir des développements statistiques pour prendre en compte les effets sur les données (détectabilité, effet opérateur…) et pour construire des métriques spécifiques à ce groupe à partir du protocole proposé, notamment pour fusionner les données de présence/absence par pièce de substrat avec les données du relevé complémentaire.

On pourrait également chercher à décliner les analyses à différents niveaux : élément de substrat, catégorie de substrat, sous-placette ou placette.

Coûts associés à la sous-maquette

Prévoir des moyens humains pour les relevés de terrain (évoqués dans le plan d'échantillonnage multi-taxons, cf. II-C).

L'étape de l'identification des échantillons peut demander de mobiliser plusieurs experts sur plusieurs mois, pouvant entraîner un budget important. Sur la base d'une estimation de 25 espèces à identifier par placette, sur les 365 placettes multi-taxons, à raison de 20 espèces identifiées par jour, cela représenterait annuellement environ 456 jours à consacrer à l'identification, à répartir entre plusieurs bryologues.

L'utilisation d'approches génétiques réduit le besoin d'impliquer des experts sur une période prolongée, mais cela engendre des coûts associés à l'extraction, à l'amplification et au séquençage de l'ADN (variables en fonction du nombre d'échantillons). Par exemple, pour le metabarcoding de 365 échantillons (échantillons composites regroupant tous les prélèvements d'une placette, pour toutes les placettes multi-taxons), le coût approximatif de l'extraction, de l'amplification et du séquençage pourrait avoisiner les 15 000€. Cependant, il existe des techniques pour réduire le nombre

[1] A titre de comparaison, en Alberta l'identification des échantillons de 150 à 200 sites par an (surface de prélèvement de 1500 m² par site) requiert 3 bryologues permanents et l'aide d'une dizaine d'adjoints sur quelques mois pour le tri et la pré-identification des spécimens.

d'échantillons à séquencer individuellement en marquant et en regroupant des échantillons (multiplexage), ce qui pourrait contribuer à atténuer les dépenses.

Il peut également être envisagé de conserver les échantillons (bryophytes collectées et/ou ADN extrait, par exemple) pour éventuellement les ré-analyser ultérieurement, entraînant des coûts et des questions de stockage à anticiper.

Des coûts supplémentaires seront liés aux travaux préalables nécessaires à l'implémentation du protocole, aux développements méthodologiques (conception de métriques en prenant en compte les différents biais), à l'analyse des résultats.

Le budget nécessaire à la mise en place d'un tel suivi serait à estimer plus précisément dans une future étape, notamment sur la base des tests méthodologiques.

Proposition de compléments au cœur de la sous-maquette

Il ne semble pas évident que les dispositifs considérés (IGN, RENECOFOR) puissent fournir un apport direct à ce suivi par les données qu'ils collectent déjà. Moyennant une amélioration de la qualité des inventaires, ils pourraient apporter des informations supplémentaires sur les bryophytes terricoles. RENECOFOR pourrait jouer un rôle complémentaire en aidant à générer des hypothèses pour expliquer des patrons de biodiversité observés, voire donner des indications sur des covariables pertinentes à mesurer – mais davantage en lien avec l'Objectif 3 de PASSIFOR-2 qu'avec l'Objectif 1.

Développements méthodologiques et de recherche nécessaires

Méthodologie

- (En lien avec les sous-maquettes flore vasculaire, arbres, gastéropodes terrestres, champignons ectomycorhiziens) Prévoir dans un projet ultérieur de déterminer la stratégie à adopter dans le cas où la placette est interceptée par une occupation du sol non forestière : comment déformer la placette et comment adapter le protocole.
- Tester sur le terrain, en plusieurs sites, le protocole proposé pour évaluer sa faisabilité et ajuster ses paramètres. Faire identifier les bryophytes collectées et, sur cette base, estimer le temps et les coûts et nécessaires à l'identification et identifier les bryologues qui pourraient prendre en charge ce travail.
- Prévoir de mettre en place des relevés répétés par une équipe indépendante sur une partie des placettes, sur le modèle des relevés de contrôle de l'Inventaire forestier, pour estimer la variabilité liée au protocole et aux équipes et évaluer la détectabilité des espèces. Il serait également utile de prévoir une intercalibration régulière des agents avec des bryologues confirmés. Cette opération pourrait permettre d'estimer l'effet opérateur et les différences entre des relevés par prélèvements avec identification a posteriori et des relevés bryologiques classiques réalisés par des spécialistes. Suite à la stabilisation du protocole, définir les modalités que pourraient prendre ces opérations et estimer les coûts associés.
- Identification par ADN : évaluer la pertinence et la couverture des bases de données de barcodes existantes (au moins pour les espèces attendues en forêt en France) ; tester l'identification par metabarcoding sur les bryophytes (à partir d'échantillons collectés dans les conditions de terrain envisagées pour le suivi) et évaluer les résultats, notamment à comparer avec une identification classique par l'analyse des critères morphologiques. Sur cette base, et si la méthode s'avère intéressante, estimer les coûts nécessaires à sa mise en œuvre en routine. Prévoir de contribuer à compléter les bases de données si des séquences sont manquantes.

- Si les premiers tests d'identification par metabarcoding s'avèrent probants, mettre en place un projet méthodologique au long cours pour évaluer sur le long terme la qualité des résultats, les métriques qu'il est possible de construire (à mutualiser éventuellement avec les tests similaires pour les gastéropodes terrestres et les champignons ectomycorrhiziens).

Recherche

- Concevoir une méthode d'analyse des données qui permette de fusionner les données des relevés par catégorie de substrat (présence/absence par élément de substrat) avec le relevé complémentaire. Sur cette base, construire une métrique de tendance temporelle. Intégrer dans les informations sur la qualité de la mesure provenant des relevés de contrôle et de l'intercalibration, s'ils sont mis en place.

Références bibliographiques

Alberta Biodiversity Monitoring Institute, 2014. Terrestrial field data collection protocols (abridged version) 2017-03-27. Alberta Biodiversity Monitoring Institute, Alberta, Canada.

Gosselin, M., Cadet, S., Cartier, D., Dumas, Y., Gautrot, T., Ritz, F., Blin, M., Keller, J., Gattus, J.-C., Kaczmar, M., Marck, C., Debaive, N., Boulanger, V., Paillet, Y., Gosselin, F., 2021. Évaluation statistique d'un protocole de relevés bryologiques pour inventorier et suivre la biodiversité en forêt. Naturae (18).

Institut national de l'information géographique et forestière, 2022. Instructions pour les Mesures et Observations de Terrain (IMOT). Campagne d'inventaire 2023, 188 pp.

Korner-Nievergelt, F., Strebel, N., Buckland, S.T., Freeman, R., Gregory, R.D., Guélat, J., Isaac, N.J., Mc Rae, L., Roth, T., Schirmer, S., Soldaat, L.L., Voříšek, P., Sattler, T., 2022. Multi-species population indices for sets of species including rare, disappearing or newly occurring species. Ecological Indicators 140, 109005.

Mandant du Monitoring de la Biodiversité en Suisse, 2020. Instruction pour le travail sur le terrain de l'indicateur « Z9-Mousse », Berne.

McCarthy, M.A., Moore, A.L., Krauss, J., Morgan, J.W., Clements, C.F., 2014. Linking Indices for Biodiversity Monitoring to Extinction Risk Theory. Conserv. Biol. 28 (6), 1575–1583.

van Strien, A.J., Soldaat, L.L., Gregory, R.D., 2012. Desirable mathematical properties of indicators for biodiversity change. Ecol. Indic. 14 (1), 202–208.

II-G

Protocole de relevés Bryophytes

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Aristide Chauveau (INRAE), sur la base d'échanges avec Yann Dumas (INRAE), Marion Gosselin (INRAE), Sébastien Delhaye (IGN), Sébastien Leblond (PatriNat), Mélanie Roy (CNRS, Université Toulouse III - Paul Sabatier) et Frédéric Gosselin (INRAE).

Relevés de terrain

Principe général

Pour le suivi des bryophytes, il est proposé de déployer un protocole sur les placettes multi-taxons (cf. II-C), pensé pour pouvoir être réalisé par des agents non spécialistes en bryologie.

Les relevés seraient à réaliser dans les placettes de 15 m de rayon de l'Inventaire forestier de l'IGN. Les opérateurs de terrain n'auraient pas pour rôle d'identifier sur place les bryophytes, mais de les rechercher et de collecter des échantillons de toutes les espèces leur apparaissant comme différentes. L'identification se ferait a posteriori. Dans un premier temps, il est proposé que la détermination soit faite de manière classique par des bryologues, en laboratoire. Il pourrait être envisagé de passer dans le futur à de l'identification par metabarcoding, si cela s'avère faisable et pertinent.

Les cortèges d'espèces étant variables en fonction des substrats, il est proposé que, dans chaque placette, différentes catégories de substrat soient explorées tour à tour et indépendamment. Cela permettrait d'augmenter la probabilité que les espèces soient détectées et laisserait la possibilité de construire des indicateurs propres à chaque type de substrat. Huit catégories de substrat sont proposées : sol, petit bois mort au sol, bois mort au sol moyen, gros bois mort au sol, bois mort debout, arbres vivants non recensables, arbres vivants recensables, roches. Cet inventaire serait complété par un relevé complémentaire, pendant lequel toute la placette serait explorée sur une durée fixée pour y rechercher des espèces non vues auparavant.

Le protocole présenté ici est à tester sur le terrain dans un projet préalable et pourrait évoluer suite aux retours.

Matériel

Piquet, boussole, télémètre, mètre ruban, jalons, loupe, couteau (pour décrocher les bryophytes sur l'écorce ou la roche), grandes enveloppes, petites enveloppes (avec un côté transparent et l'autre mat), quadrat souple de 30*30 cm.

Organisation du relevé

Mise en place

Le relevé se fait dans une placette de 15 m de rayon (environ 707 m²) autour du centre du relevé de l'Inventaire forestier. Contrairement aux relevés flore et peuplement de l'Inventaire, la placette n'est pas déformée en cas d'hétérogénéité marquée en son sein dans l'occupation du sol (peuplements différents, limite avec coupe rase…), sous réserve que les milieux soient forestiers. Il faudrait en revanche prévoir de déformer la placette si elle intercepte un milieu non forestier. Les modalités de déformation et l'adaptation subséquente du protocole seraient à préciser dans un projet ultérieur.

La placette est divisée en trois sous-placettes. Délimiter le centre de la placette avec le piquet. Matérialiser l'extrémité des divisions des sous-placettes (à 67 gr, 200 gr, 333 gr) à l'aide des jalons, et ajouter des jalons (à 0 gr, 133 gr, 267 gr) pour mieux appréhender les limites externes de la placette (notamment si les conditions ne permettent pas d'utiliser le télémètre).

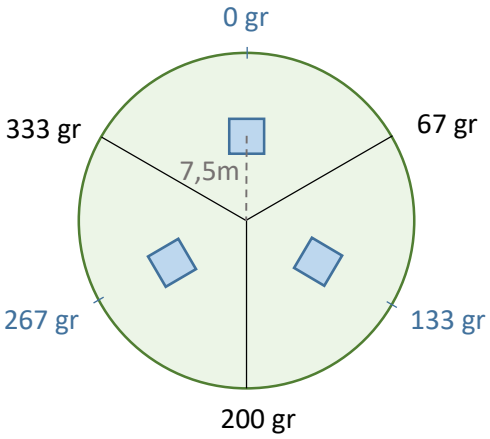


Figure 1 - Organisation générale de la placette de 15 m de rayon pour le relevé des bryophytes. Les traits noirs délimitent les trois sous-placettes. Les carrés bleus représentent les quadrats utilisés pour les relevés des bryophytes au sol et sur petit bois mort au sol. Leur centre (avant éventuel déplacement) sert également de point de départ pour la recherche des éléments des autres substrats.

Exploration de la placette

Dans tous les cas, l'opérateur veillera à rester dans les limites de la placette ou sous-placette à l'aide du télémètre.

Relevé par substrat : dans un premier temps, des relevés distincts par catégorie de substrat sont à réaliser. Pour chaque catégorie de substrat, seules des surfaces définies (quadrat) ou un nombre donné de pièces sont à échantillonner. Si la placette contient moins d'éléments que recherchés, ne faire le relevé que sur les éléments trouvés. Le relevé est fait substrat par substrat : passer sur tous les quadrats de sol et petit bois mort au sol, puis faire un nouveau tour de placette pour le bois mort au sol moyen, etc. Il serait souhaitable de pouvoir analyser les relevés en termes de présence/absence d'une espèce par pièce de substrat, on cherche donc à individualiser les prélèvements à ce niveau. L'observateur recherche l'élément de substrat à échantillonner (pièce ou quadrat), note les informations nécessaires (voir plus bas), cherche à distinguer toutes les morpho-espèces différentes et en collecte des échantillons. Il passe ensuite à l'élément suivant de la même catégorie de substrat.

Sur les placettes permanentes, on ne cherchera pas à retourner sur les éléments échantillonnés au passage précédent, mais une nouvelle recherche indépendante sera effectuée.

Relevé complémentaire : dans un deuxième temps, après les relevés par substrat, un relevé plus libre est réalisé sur l'ensemble de la placette. L'observateur cherche et collecte, sur tous types de substrats, toutes les morpho-espèces qu'il n'aurait pas vues (ou n'est pas sûr d'avoir vues) lors du relevé dirigé, en notant leur substrat (selon la classification retenue dans ce protocole). Chercher en première instance à inventorier les éléments qui n'ont pas été couverts par le relevé dirigé : arbres d'essences non échantillonnées ; pour le bois mort debout, si seules des souches ou seules des chandelles ont été levées, rechercher l'autre catégorie, aller chercher des chandelles de plus gros diamètre… Faire ensuite un inventaire libre.

Des durées minimales et maximales de relevé complémentaire pourraient être fixées après des tests de terrain. Proposition : 20 minutes de relevé et, si pendant 5 min de recherche, l'observateur ne trouve plus de nouvelles espèces, arrêter le relevé.

Collecte des échantillons

Seules les bryophytes terrestres, c'est-à-dire non aquatiques (ou a minima temporairement émergées), sont à relever.

Chercher à distinguer les différentes espèces sur la base de leurs critères morphologiques. Collecter un échantillon de chaque morpho-espèce ainsi distinguée. Ne collecter qu'un volume nécessaire à l'identification (quelques brins par morpho-espèce) en veillant à limiter l'impact de la collecte sur les populations. Il faudra être particulièrement attentif à limiter les impacts du passage sur les placettes permanentes, où des modifications du milieu et de la communauté peuvent influencer les tendances temporelles de biodiversité[1]. Cibler des fragments portant des sporophytes si présents (utile pour l'identification). Chaque échantillon collecté est à mettre dans une petite enveloppe individuelle, si possible avec un côté transparent et un côté mat, sur lequel écrire. Ce tri individuel permet à l'opérateur de retrouver des prélèvements sur le terrain et évite une fastidieuse étape de tri en laboratoire.

Relevé par substrat : noter sur chaque enveloppe de prélèvement le type de substrat et le numéro de sous-placette. Ces enveloppes individuelles sont à regrouper dans de grandes enveloppes, une pour chaque élément de substrat (pièce ou quadrat). Lorsqu'une morpho-espèce observée a déjà été prélevée pour la même catégorie de substrat sur une sous-placette précédente, ne pas la prélever de nouveau mais retrouver l'enveloppe du prélèvement et ajouter une annotation avec le numéro de sous-placette dans laquelle elle a été observée de nouveau. Cela permet d'éviter de multiplier les identifications en laboratoire pour les mêmes espèces. Ne faire cela que s'il est certain que l'espèce est identique.

Relevé complémentaire : chaque morpho-espèce non vue lors du relevé par substrat est collectée dans une enveloppe individuelle. Noter sur l'enveloppe le type de substrat, le type d'essence si possible (bois vivant et bois mort), le type de roche (calcaire ou non) et un code propre au relevé complémentaire. Toutes ces enveloppes sont regroupées dans une grande enveloppe unique.

Sur les placettes permanentes, quand une espèce a été intégralement prélevée sur une pièce de substrat, le noter sur l'enveloppe du prélèvement afin de le prendre en compte dans les analyses (une extinction observée dans les relevés ultérieurs pourra éventuellement être reliée au prélèvement).

Mesures sur les pièces de substrat

Ne concerne que le relevé par substrat.

Pour toutes les pièces de substrat (hors quadrat), noter leur diamètre (voir plus bas) et la longueur échantillonnée. Pour les quadrats de sol, petit bois mort au sol et roche, noter le pourcentage du quadrat couvert par le substrat.

[1] Ces impacts sur la communauté bryophytique peuvent être indirects, en lien avec des modifications des conditions de la placette (tassement du sol, perturbation de l'humus et du sol…) qui peuvent en retour favoriser ou défavoriser certaines espèces ; ou plus directes : la répétition des prélèvements peut affaiblir les espèces en présence, notamment les espèces peu fréquentes (prélèvement des seuls représentants de la placette), voire induire une modification de la composition des communautés par dissémination de spores portés par les opérateurs.

Noter l'azimut et la distance au centre de la placette du centre de chaque quadrat ou de chaque pièce (mesurés au point de la pièce le plus proche du centre), à l'aide du télémètre (ou du mètre en conditions défavorables). Sur des relevés répétés (placettes permanentes ou éventuels relevés de contrôle) cela permettrait de comparer, sur la base de leur position, si les mêmes éléments ont été échantillonnés.

Protocole par catégorie de substrat

Ne concerne que le relevé par substrat.

Sol et petit bois mort au sol

Le relevé se fait dans le quadrat de 30*30 cm (taille à ajuster éventuellement en fonction des tests méthodologiques). Placer le centre de chaque quadrat à 7,5 m du piquet central (mi-distance entre le centre et la limite de la placette) aux azimuts 0 gr, 133 gr et 267 gr.

Si plus d'un quart du quadrat (à ajuster éventuellement après tests) est couvert par autre chose que du sol (arbre, gros bois mort, roche…), le décaler de façon standardisée jusqu'à remplir les conditions de relevé. Décaler d'abord à 50 cm au nord du point initial, si besoin à 50 cm à l'est, puis au sud, puis à l'ouest. Si le quadrat n'intercepte toujours pas de sol, répéter l'opération par pas de 50 cm.

Placer un jalon à l'emplacement du centre du quadrat initialement prévu (avant un éventuel déplacement, ou après le relevé dans le quadrat si non déplacé). Il servira de point de départ pour la recherche des autres pièces de substrat dans la sous-placette.

Dans le quadrat, relever tour à tour :

- **Petit bois mort au sol** : rechercher les bryophytes sur les pièces de petit bois mort au sol (diamètre < 2,5 cm). Ne récolter que les parties situées à l'intérieur du quadrat. Noter l'essence si identifiable.
- **Sol** : rechercher les bryophytes qui croissent sur le sol (terre, humus). Prêter attention à ce que les espèces collectées soient bien implantées sur des éléments du sol et ne soient pas des épiphytes tombées de la canopée ni des individus poussant sur des pièces de bois mort, qui ne seront pas relevées.

En première approche, il est proposé de faire les relevés pour ces deux substrats en parallèle (un tour de placette commun aux deux). Cela permet d'éviter de répéter les poses de quadrat ou d'emporter trois quadrats pour les laisser en place. L'hypothèse sous-jacente est que ces substrats abritent des cortèges d'espèces suffisamment différents pour que les observateurs puissent correctement mémoriser ce qu'ils ont vu sur l'un et sur l'autre dans chaque quadrat. Cet aspect serait à jauger lors des tests préalables.

Bois mort au sol moyen et gros

Prélèvements à faire sur deux autres catégories de bois mort au sol, distinguées par leurs classes de diamètre. Dans chaque sous-placette, partir du jalon et chercher la première pièce la plus proche, en progressant en spirale. Jusqu'à 3 pièces de chaque catégorie échantillonnées par placette.

- **Bois mort au sol moyen** : relevé sur bois mort au sol de diamètre ≥ 2,5 cm et < 20 cm.
- **Gros bois mort au sol** : relevé sur bois mort au sol de diamètre ≥ 20 cm.

Collecter les bryophytes sur 1 m le long du bois mort (ou moins si la pièce n'atteint pas cette taille, ou si elle empiète sur une autre placette), en partant de l'extrémité de plus gros diamètre (sous réserve qu'elle soit dans la sous-placette). Mesurer et noter ce diamètre. Ne pas faire de prélèvements sur

d'éventuelles ramifications < 2,5 cm de diamètre pour le bois mort au sol moyen ou < 20 cm de diamètre pour le gros bois mort au sol. Noter l'essence si identifiable.

Bois mort debout

Relevé sur les souches (hauteur < 1,30 m) de plus de 20 cm de diamètre à la hauteur de découpe et des arbres morts sur pied de plus de 7,5 cm de diamètre à 1,30 m. Dans chaque sous-placette, partir du jalon et chercher le premier élément (souche ou arbre mort sur pied) le plus proche. Noter sur chaque grande enveloppe le type d'élément échantillonné. Jusqu'à 3 pièces échantillonnées par placette, souches et arbres morts sur pied confondus.

Les arbres morts sur pied sont à explorer de la base jusqu'à 2 m de hauteur. Les souches sont à explorer de la base jusqu'à la hauteur de découpe. Noter pour chaque élément la hauteur échantillonnée, pour les souches le diamètre à la hauteur de découpe, pour les arbres morts sur pied le diamètre à 1,30 m. Noter l'essence si identifiable. Si l'élément est en limite de placette ou de sous-placette, ne faire le relevé que sur la partie à l'intérieur de la sous-placette. Le noter et mesurer, en plus du diamètre, la circonférence échantillonnée. Pour les arbres encroués, n'échantillonner que la partie à l'intérieur de la sous-placette et noter le diamètre et la longueur échantillonnée.

Arbres vivants

Prélèvements à faire sur deux catégories distinctes d'arbres vivants, en fonction de leur classe de diamètre. La catégorisation reprend celle de l'Inventaire forestier de l'IGN. Dans chaque sous-placette, partir du jalon et chercher le premier arbre le plus proche. Jusqu'à 3 arbres vivants de chaque catégorie échantillonnés par placette.

- **Arbres non recensables** : relevé sur les arbres vivants de diamètre entre 2,5 cm et 7,5 cm (exclus) à 1,30 m de hauteur.
- **Arbres recensables** : relevé sur les arbres vivants de diamètre supérieur ou égal à 7,5 cm à 1,30 m de hauteur.

Chaque arbre doit être exploré, branches comprises, depuis la base du tronc, en prenant en compte les racines si elles sont apparentes, jusqu'à une hauteur de 2 mètres. Noter l'essence. Les bryophytes poussant sur les parois des cavités d'un arbre sont à prendre en compte, tant qu'elles poussent sur l'arbre lui-même (et pas sur l'humus, par exemple). Noter le diamètre à 1,30 m de hauteur de chaque arbre. Si l'élément est en limite de placette ou de sous-placette, ne faire le relevé que sur la partie à l'intérieur de la sous-placette. Le noter et mesurer, en plus du diamètre, la circonférence échantillonnée.

Roches

Relevé sur les éléments rocheux (petit rocher, bloc, dalle, falaise, etc.), quelle que soit leur taille. Dans chaque sous-placette, partir du centre et chercher en spirale le premier élément rocheux le plus proche. Positionner le quadrat de 30*30 cm dessus. Si la roche est isolée et plus petite que le quadrat, l'échantillonner entièrement. Si elle dépasse du quadrat ou dans le cas d'un amas de petites roches (type éboulis), positionner le quadrat au plus proche de l'endroit où la roche/l'éboulis a été intercepté et de manière à recouvrir au maximum une surface rocheuse, puis faire le relevé à l'intérieur.

Jusqu'à 3 relevés de roches par placette. Ne pas chercher à faire un relevé à plus de 2 m de hauteur. Ne considérer que les bryophytes poussant directement sur le rocher et non sur un autre type de substrat (couche de terre, d'humus, bois mort, etc.). Noter si la roche est calcaire ou non.

Saisonnalité et répétition du relevé

Le printemps et l'automne sont les périodes à privilégier pour le relevé des bryophytes. Elles correspondent aux saisons de reproduction, néanmoins variables selon les espèces, où les individus sont susceptibles de produire des capsules, utiles à la détermination. Pour équilibrer avec les autres relevés de biodiversité, le relevé des bryophytes serait à faire au 3e passage (septembre-octobre, cf. II-C).

Opérateurs

Il est proposé que les relevés de terrain soient effectués par les agents de l'Inventaire forestier de l'IGN, qui ont déjà des connaissances en bryologie. Un opérateur seul, formé au protocole, pourrait être en charge du relevé (cf. II-C).

Intercalibration

Il serait également judicieux de mesurer les différences de détection des espèces entre les agents formés et des bryologues aguerris (comparaison entre un relevé avec prélèvements et sans identification et un relevé bryologique classique), afin d'estimer la part de diversité bryophytique pouvant être captée par un tel protocole. Pour mesurer l'amélioration des compétences avec le temps et les différences de niveau entre observateurs, nous conseillons de répéter régulièrement cet exercice.

Identification des prélèvements

Deux méthodes sont exposées pour l'identification des échantillons post-prélèvement : l'identification classique par l'analyse des critères morphologiques, par des bryologues, et l'identification génétique des spécimens. Nous proposons d'aller, en première instance, vers une identification classique par des bryologues et des tester en parallèle l'identification par ADN.

Identification classique par l'analyse des critères morphologiques

Les échantillons collectés peuvent être transmis à des bryologues pour être identifiés de façon « classique » en laboratoire, par analyse des critères morphologiques. De manière générale, les échantillons de bryophytes se prêtent bien à une conservation au sec pour une identification a posteriori, en dehors de certaines hépatiques dont l'identification nécessite l'observation d'oléocorps, lesquels disparaissent après quelques jours à sec. L'information fournie par le substrat de collecte permet d'aider à l'identification.

Il serait nécessaire de s'assurer que des personnes qualifiées soient à même de réaliser ce travail chaque année, par exemple en sous-traitance (option choisie par le Monitoring de la biodiversité en Suisse) ou en interne de la structure chargée du suivi (option choisie pour le suivi de la biodiversité en Alberta). Pour assurer une identification précise des espèces sur l'ensemble du territoire, il pourrait être nécessaire de solliciter plusieurs bryologues, chacun spécialiste d'un secteur bioclimatique.

Certains groupes sont encore mal connus et regroupent plusieurs espèces indifférenciées, aux contours taxonomiques mal résolus. Régulièrement, de nouvelles espèces sont distinguées au sein de ces groupes cryptiques, invalidant la classification suivie jusqu'alors. Il serait utile de conserver les échantillons pour y revenir lors de changements taxonomiques afin de, si besoin, faire évoluer leur identification.

Perspective méthodologique : identification basée sur l'ADN

Il pourrait être envisagé à terme de développer un processus d'identification des prélèvements par metabarcoding[2]. Cette méthode permettrait d'automatiser l'identification et donc de réduire la charge de travail des bryologues en évitant une identification manuelle de tous les échantillons. Ce n'est pas encore une technique utilisée en routine pour le suivi des bryophytes, il serait nécessaire d'évaluer dans un projet préalable sa faisabilité, son efficacité, ses avantages et inconvénients, et déterminer dans quelle mesure elle pourrait remplacer ou s'articuler avec la méthode d'identification classique.

Principe général

Les prélèvements d'une placette seraient regroupés en échantillons composites au niveau d'analyse souhaité - vraisemblablement au niveau placette - puis transmis à une ou des plateformes chargées de réaliser l'extraction, l'amplification et le séquençage de l'ADN. Il est techniquement possible de regrouper les prélèvements à des niveaux plus fins (sous-placette, substrat, pièce de substrat) mais cela limiterait la comparabilité avec le relevé complémentaire et multiplierait grandement le nombre d'échantillons distincts, et par conséquent les coûts d'extraction, d'amplification et de séquençage.

Recommandations de protocole

Sur le terrain, des précautions devraient être prises lors des prélèvements pour limiter les contaminations (notamment via les spores), en utilisant par exemple des gants à changer entre chaque unité de prélèvement (placette ou sous-placette).

Les échantillons collectés devraient être séchés pour éviter le développement de moisissures. Eviter de multiplier séchage et ré-humidification des spécimens, cela peut entraîner une dégradation de l'ADN. Trier les échantillons pour retirer les éléments non ciblés (sol, débris végétaux etc.) avant l'extraction de l'ADN. Cette extraction pourrait être faite selon un protocole optimisé pour les bryophytes (Pandey et al., 2019).

Pour limiter les biais et permettre une bonne continuité dans le temps du protocole en évitant les ruptures de séries, une attention particulière est à porter au préalable au choix et au test des barcodes (Taberlet et al., 2018) et aux techniques d'extraction, d'amplification et de séquençage de l'ADN. Les barcodes ITS2, trnL-trnF, et éventuellement rbcl pourraient être des options.

Pour limiter les coûts il est possible de se tourner vers des techniques de multiplexage des échantillons, qui permettent de limiter le nombre de séquençages à effectuer en parallèle[3].

Bases de données de référence

L'identification par metabarcoding nécessite l'existence préalable de bases de données associant à chaque taxon du groupe d'intérêt un barcode ADN. La base de données BOLD semble être assez complète, avec au moins 1200 espèces de bryophytes trouvées en France (soit la quasi-totalité) ayant une séquence associée. Il serait néanmoins nécessaire d'évaluer l'adéquation des barcodes recensés dans cette base à une application pour le suivi de ce groupe (différentes régions du génome peuvent être choisies comme barcode, avec une capacité variable à discriminer les espèces). Les espèces

[2] Le barcoding consiste en l'identification d'un taxon par le biais de son ADN, en amplifiant et séquençant une région précise du génome dont la séquence nucléotidique est propre à chaque espèce (formant un code-barres d'ADN, un « barcode »). Le résultat du séquençage est ensuite comparé à une base de données de barcodes et permet d'attribuer une identité taxonomique à l'échantillon analysé. Le metabarcoding est l'extension de cette technique à un échantillon comprenant plusieurs taxons, donnant en sortie une liste des taxons identifiés.

[3] Les échantillons peuvent chacun être marqués à l'aide de fragments d'ADN spécifiques puis regroupés en échantillons composites pour le séquençage. Lors du traitement informatique, il est ensuite possible de réattribuer chaque séquence à son échantillon d'origine. Le nombre d'échantillons à regrouper est à calculer en fonction du nombre de séquences qu'il est possible de lire par run. Voir Bohmann et al. (2022).

n'ayant pas de barcode adapté devraient être identifiées, séquencées sur la région d'intérêt du génome et ajoutées à la base de données[4]. Ces opérations seraient également à effectuer lorsque de nouvelles espèces sont décrites, afin d'actualiser la base de données et éviter les confusions dans l'identification. Il faudrait alors également réappliquer les étapes d'analyse bioinformatique sur les données de séquençage des années précédentes pour mettre à jour les identifications.

Comparaison avec l'identification classique

Il faudrait évaluer ces techniques génétiques sur leur capacité à correctement identifier les espèces présentes dans un échantillon composite de bryophytes, leur résolution taxonomique et leur sensibilité aux contaminants (dépôts de spores d'autres espèces, contamination lors de la manipulation des échantillons, ADN rémanent, par exemple). Pour cela, réaliser des expérimentations afin de comparer identification classique et identification par metabarcoding, sur les mêmes échantillons. A compléter éventuellement par un test de l'effet des dépôts de spores par ajout artificiel de spores.

Il faudra également déterminer quelle métrique il est possible de construire avec cette méthode, et les pertes ou gains d'information/précision éventuels par rapport à l'identification classique (voir notamment si la perte de l'information à des niveaux inférieurs à celui de la placette est préjudiciable).

Le présent protocole expose les éléments à prendre en compte pour aller vers de l'identification d'échantillons composites (metabarcoding), mais si les tests sont concluants pour au moins certains groupes, il peut être envisagé une identification « hybride » : identification majoritairement faite par des bryologues, complétée par du barcoding sur les échantillons difficiles à identifier (en gardant l'information sur le support d'origine de l'échantillon).

Prise en charge des échantillons et des données avant leur analyse

Il faudra prévoir de concevoir un processus de gestion des échantillons collectés afin qu'ils soient regroupés, préparés et envoyés pour identification.

Les fragments collectés et identifiés pourraient être conservés plusieurs dizaines d'années (au sec) afin de permettre une réanalyse (pour vérification, répétition de l'identification suite à des changements taxonomiques, comparaison en cas de changement de méthodologie…).

En cas de passage au metabarcoding, la conservation pourrait concerner une partie des fragments des spécimens collectés ou une partie de l'ADN extrait (congélation nécessaire). Les données brutes de séquençage seraient également à archiver pour être réanalysées au besoin (en cas par exemple de changements dans le processus bioinformatique ou de modifications dans la base de données de barcodes).

Ces aspects pourraient éventuellement être pris en charge par l'IGN, ou par une entité dédiée à la gestion de différents suivis proposés dans PASSIFOR, par exemple au sein de la Surveillance de la biodiversité terrestre. La structure choisie pourrait également gérer le stockage pérenne des données après identification.

Analyse des données

Des développements statistiques sont nécessaires pour prendre en compte les différents effets pouvant affecter les données (détectabilité, effets opérateur…) et pour construire des métriques

[4] Voir par exemple le protocole standardisé de Forrest and Hart (2023) proposé dans le cadre du projet Darwin Tree of Life.

propres à ce groupe taxonomique, notamment à partir de la fusion des données de présence/absence par pièce de substrat avec les données de l'inventaire complémentaire. En fonction du gain d'information apporté par le relevé complémentaire, il pourra être décidé de le maintenir ou non dans le protocole. Pour les placettes permanentes, il pourra être intéressant de comparer l'emplacement des éléments de substrat échantillonnés d'un relevé à l'autre (renseigné par les mesures d'azimut-distance au centre), afin d'estimer si les mêmes éléments ont été échantillonnés et de le prendre en compte dans l'analyse.

L'analyse régulière des données pourrait être assurée par un organisme en charge de cette tâche pour plusieurs groupes taxonomiques, par exemple au sein de la Surveillance de la biodiversité terrestre. Il est également important de prévoir une mise à disposition des données pour que différentes structures et équipes de recherche puissent les exploiter.

Références bibliographiques

Bohmann, K., Elbrecht, V., Carøe, C., Bista, I., Leese, F., Bunce, M., Yu, D.W., Seymour, M., Dumbrell, A.J., Creer, S., 2022. Strategies for sample labelling and library preparation in DNA metabarcoding studies. Mol. Ecol. Resour. 22 (4), 1231–1246.

Forrest, L.L., Hart, M., 2023. DNA Barcoding Standard Operating Protocol, Plants and Lichens at RBGE, Lab methods: PCR and Sequencing (en).

Pandey, S., Alam, A., Chakraborty, D., Sharma, V., 2019. An Improved Protocol for Genomic DNA Isolation from Bryophyte Species. Proc. Natl. Acad. Sci. India Sect. B Biol. Sci. 89 (3), 823–831.

Taberlet, P., Bonin, A., Zinger, L., Coissac, E., 2018. DNA metabarcode choice and design, in: Taberlet, P., Bonin, A., Zinger, L., Coissac, E. (Eds.), Environmental DNA: For Biodiversity Research and Monitoring. Oxford University Press.

II-H

Objectif 1 - Sous-Maquette Chiroptères

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Aristide Chauveau (INRAE) sur la base d'échanges avec Kevin Darras (INRAE), Yves Bas (MNHN) et Frédéric Gosselin (INRAE).

Attentes

Pour l'objectif 1, il s'agit de pouvoir estimer l'état et la dynamique de parties de la biodiversité en forêt à l'échelle de la France métropolitaine.

Il est envisageable d'étendre cette question à :

- L'échelle de grandes régions voire de territoires plus restreints, si la pression d'échantillonnage est intensifiée à ces niveaux ;
- La biodiversité forestière, si on restreint l'analyse aux espèces à fort degré d'affinité à la forêt. Pour les chiroptères, une indication du niveau de fréquentation du milieu forestier pour les différentes espèces françaises peut être trouvé dans Lauer and Tillon (2023).

A l'inverse, dans le cadre de PASSIFOR-2, il n'est pas envisagé d'étendre cette question :

- A l'outre-mer (nous n'avons pas les compétences et les données).

Caractéristiques attendues :

- **Forêt** : ensemble des forêts métropolitaines, selon la définition de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), adoptée en 2005 par l'inventaire forestier de l'IGN. Sont considérées comme forêts *« les terres occupant une superficie de plus de 0,5 hectare avec des arbres atteignant une hauteur supérieure à 5 mètres et un couvert arboré de plus de 10 %, ou avec des arbres capables d'atteindre ces seuils in situ »*. Cela comprend toutes les forêts, récentes comme anciennes, y compris les forêts hors production (inaccessibles, en réserve intégrale…). Les milieux aquatiques intra-forestiers de grande taille (occupation du sol de type « Eau continentale ») ne sont pas inclus, ainsi que d'autres occupations du sol (par exemple, couverture artificialisée ; cf. IGN (2022), variable CSLISI).
- **Couverture taxonomique** : cette sous-maquette concerne tous les chiroptères présents en forêt, quelle que soit leur relation avec ce milieu (fréquentation ponctuelle ou plus pérenne), et non uniquement les espèces identifiées comme forestières spécialistes.
- **Métrique de biodiversité** : la métrique centrale que nous proposons a trait à l'évolution temporelle de la moyenne entre espèces de l'abondance de chaque espèce. Ce choix provient des trois arguments suivants :
    - Cette métrique est sous-jacente aux indicateurs de biodiversité interspécifique commune les plus utilisés (exemple : indicateur oiseaux de type STOC et divers autres indicateurs Vigie Nature ; indicateur Living Planet Index…).
    - L'analyse de van Strien et al. (2012) indique que la moyenne géométrique de l'abondance est la métrique de biodiversité qui a les meilleures propriétés mathématiques en tant qu'indicateur de biodiversité pourvu qu'on se concentre sur les espèces communes, tandis que les nouveaux indices extensions de la moyenne géométrique de Korner-Nievergelt et al. (2022) s'appliquent à toutes les espèces.

    - Mccarthy et al. (2014) montrent que ces types de métriques peuvent être reliées avec le risque d'extinction dans la communauté.
- **Mesure de biodiversité** : en conséquence des choix faits pour les métriques de biodiversité, nous chercherons en priorité à mesurer l'abondance des espèces, et à défaut leur présence-absence. D'autres données de biodiversité peuvent en principe être envisagées.
- **Dimension temporelle** : l'objectif est de pouvoir estimer des tendances temporelles sur des périodes de 5 à 10 ans environ (notamment en lien avec le rapportage de la directive habitat). Il n'y a pas de prérequis du point de vue de la profondeur temporelle passée des données, mais le plus ancien sera le mieux.

Analyse de l'existant

Les dispositifs retenus sont analysés vis-à-vis des objectifs définis dans le cadre de ce projet (voir les grilles d'analyse des dispositifs en annexes), qui peuvent être différents de ceux ayant prévalus à la conception des dispositifs. Ce n'est par conséquent pas une évaluation des dispositifs considérés.

Parmi les dispositifs étudiés dans ce projet, seul le programme Vigie-Chiro a été retenu pour être analysé. Faune-France agrège des données relatives aux chiroptères, mais issues de programmes variés, aux protocoles le plus souvent conçus pour répondre à des problématiques locales et analysées à ce niveau. Elles ne sont pas diffusées à des tiers au niveau national.

Critère	**Vigie-Chiro**
Echantillonnage spatial	
Echantillonnage temporel	
Types de placettes	
Types de données de biodiversité	
Mesure de la biodiversité	
Variables environnementales et de gestion	

Figure 1- Adéquation du dispositif retenu collectant des données sur les chiroptères et répondant aux critères définis pour l'Objectif 1 de PASSIFOR-2. Pour chaque critère, différentes attentes ont été évaluées comme suit : vert : le dispositif répond complètement à la demande de l'objectif, jaune : il répond imparfaitement à la demande tel quel et demande des corrections, rouge : il ne peut pas répondre à la demande.

Dans l'ensemble, Vigie-Chiro ne répond pas complètement aux attentes définies pour ce suivi. Le principal frein réside dans son échantillonnage spatial. La répartition des sites suivis dépend en effet de la présence d'observateurs bénévoles. Une certaine agrégation spatiale des bénévoles fait que certaines zones du territoire métropolitain sont bien couvertes, mais d'autres manquent de données.

L'échantillonnage ne permet pas une couverture représentative de l'ensemble du territoire, ni de ses forêts. Trois protocoles sont proposés (transect routier, protocole pédestre avec points d'écoute, protocole point fixe avec enregistrement sur nuit entière), avec une tendance vers la généralisation du protocole point fixe. Le trajet du protocole routier est choisi par le bénévole. Pour les protocoles pédestres et points fixes, les carrés dans lesquels ils s'effectuent sont le plus souvent tirés au sort autour d'un lieu choisi par l'observateur. L'emplacement des points d'écoute est choisi, et pour le protocole points fixes, environ 85% des points sont positionnés arbitrairement par les bénévoles, contre 15% de points à emplacement aléatoire.

En termes de schéma temporel, le suivi est réalisé tous les ans depuis 2006 (protocoles routiers et pédestres), avec l'ajout depuis 2014 du protocole points fixes.

Le programme permet de produire des tendances temporelles - non représentatives de celles sur l'ensemble du territoire métropolitain - pour plusieurs espèces de chiroptères, basées sur des mesures d'activité. Toutes les espèces trouvées en forêt ne peuvent néanmoins pas faire l'objet de calcul de tendances, notamment quand il existe trop peu de données ou que l'identification (automatisée) n'est pas assez robuste.

Proposition de cœur de la sous-maquette

Pour les chiroptères et l'Objectif 1, nous ne proposons pas d'inclure directement Vigie-Chiro dans le cœur de la sous-maquette. Nous proposons de mettre en place un dispositif basé sur la pose d'enregistreurs sur le réseau de placettes multi-taxons (cf. protocole II-H et II-C), à construire et déployer en conjonction avec le suivi des oiseaux (cf. sous-maquette et protocole II-i).

Les chiroptères se prêtent bien à un suivi par enregistrements ultrasonores. Les individus ont tendance à émettre des signaux régulièrement, ce qui les rend accessibles à la détection s'ils passent dans l'aire couverte par un enregistreur. Les appareils seraient laissés sur site et enregistreraient une partie de l'année. Les données seraient ensuite traitées à l'aide d'un logiciel d'identification automatique pour détecter les sons émis par les chiroptères et identifier les espèces. Il faudra prévoir de mesurer l'aire de détection des enregistreurs, afin de rapporter les observations à une surface échantillonnée donnée.

Une métrique mesurée pourrait être, comme le fait Vigie-Chiro, l'activité par espèce, (i.e. le nombre de passages de chauves-souris captés, à partir des cris d'écholocation, au cours d'une période donnée). Les tendances temporelles de l'activité pourraient informer sur les tendances des populations.

Il faudra, avant de déployer le suivi, choisir le modèle d'enregistreur (à penser conjointement avec le suivi des oiseaux) et déterminer le schéma d'enregistrement (nuits entières et/ou fragments de nuits). Différents modèles d'identification automatisée pourraient être présélectionnés et comparés au fur et à mesure du suivi pour choisir lequel utiliser en routine. Ces aspects pourraient être à fixer en collaboration avec Vigie-Chiro[1], s'il est souhaité de maximiser les possibilités de fusion avec ce programme.

Il est à noter que ces enregistrements peuvent permettre de collecter des données sur d'autres groupes taxonomiques émettant dans les ultrasons, notamment les sauterelles à activité nocturne (Newson et al., 2017) et certains micromammifères. Cela pourrait être une opportunité de développer un suivi de ces groupes à moindre frais (cf. II-L).

[1] Prévoir par exemple une discussion entre Kevin Darras (INRAE EFNO) et Yves Bas (MNHN), spécialistes du sujet.

Les coûts associés à cette sous-maquette seraient à estimer plus précisément dans un prochain projet. Coûts liés au suivi par enregistreurs, mutualisables avec le suivi des oiseaux (cf. sous-maquette II-i) :

- Si un modèle commun d'enregistreur est choisi : compter environ 200 € au minimum par appareil (Audiomoth équipé pour une pose sur le long terme, cf. protocole II-H), soit a minima 70 000 € la première année pour un déploiement sur les 365 placettes multi-taxons. Les modèles non open-source sont plus chers : par exemple, compter environ 860 € pour un Song Meter Mini Bat (Wildlife Acoustics) équipé pour l'audible[2], soit un budget total d'environ 313 900 €.
- Prévoir un budget annuel pour le remplacement des appareils défectueux, des batteries, des protections, des microphones (coûts variables en fonction du modèle choisi).
- Prévoir un poste niveau ingénieur (commun oiseaux/chiroptères) pour une personne en charge de la gestion du parc d'enregistreurs et de la chaîne de traitement des enregistrements. Elle pourrait participer aux opérations de terrain de deuxième et troisième passage sur une partie des placettes (cf. II-C).
- Stockage des données : solutions de stockage et coûts à déterminer en fonction du volume de données et de leur gestion. Si les données sont traitées via le pipeline de Vigie-Chiro, il pourrait être possible de bénéficier, au moins pour les données liées aux chiroptères, du stockage à l'IN2P3 (cf. protocole II-H).

Coûts spécifiques à la sous-maquette chiroptères :

- Achat de plusieurs calibreurs ultrasonores, fournis aux équipes de terrain. Environ 190 € pièce (modèle de Wildlife Acoustics), soit 4 750 € pour équiper les 25 équipes de l'IGN.
- Validation d'une partie des séquences après identification automatique par un ou des chiroptérologue(s), alimentation de la base de données d'entraînement du modèle.

Prévoir également des frais liés à l'analyse statistique ou aux projets à plus ou moins long terme décrits ci-dessous.

Proposition de compléments au cœur de la sous-maquette

Nous proposons de chercher à fusionner, si possible, les données du suivi multi-taxons (au plan d'échantillonnage contrôlé) à celles de Vigie-Chiro en forêt, afin d'augmenter le volume de données et tirer parti du recul temporel de ce programme.

Si les points de Vigie-Chiro deviennent mieux répartis et évoluent vers une meilleure représentativité des forêts françaises, évaluer la possibilité de passer ce dispositif en cœur.

Les suivis de gîtes des chiroptères et les programmes de capture pourraient apporter des données d'une autre nature (comptage d'individus, informations sur des espèces difficiles à distinguer par la méthode acoustique). Il faudrait évaluer dans quelle mesure ces données pourraient alimenter le suivi (fusion et/ou apport de données complémentaires pour certaines espèces).

[2] Song Meter Mini Bat seul : 710 € ; micro additionnel pour enregistrer dans l'audible : 70 € ; batteries : 30 € ; carte SD (512 GB) : 50 €.

Développements méthodologiques et de recherche nécessaires

Méthodologie

- Présélectionner différents modèles d'identification automatique - par exemple Tadarida (Bas et al., 2017) et BatDetect2 (Aodha et al., 2022) – et réaliser des tests au fil de l'eau, à partir des jeux de données issus du suivi, afin d'orienter le choix du modèle à utiliser en routine. Comparer les performances des algorithmes sur la base des validations des identifications automatiques par des experts, ainsi que par la mesure du taux de faux négatifs (détections ratées par les modèles).

Recherche

- Développer des métriques d'activité en prenant en compte notamment le schéma d'enregistrement choisi, les espaces de détection des enregistreurs et les facteurs influençant la détectabilité, les conditions climatiques, l'efficacité de l'identification.
- Chercher à fusionner les données du cœur du dispositif (échantillon multi-taxons forestier), représentatif des forêts françaises, avec les données de Vigie-Chiro (protocole « points fixes »), permettant plus de profondeur temporelle mais avec un moins grand contrôle du plan d'échantillonnage.
- (A plus long terme, en lien avec la sous-maquette oiseaux II-i) Construire des modèles permettant d'estimer l'aire de détection des enregistreurs à partir de données LiDAR (Rappaport et al., 2020). Le LiDAR permet d'obtenir des informations à fine résolution spatiale, par exemple sur la structure d'un peuplement, et donc potentiellement sur la transmission du son. A partir de cela, l'espace de détection en un point pourrait être inféré, par exemple par deep learning. Cette approche est encore à explorer et nécessiterait des travaux de recherche préalables, avec potentiellement un grand nombre de données de calibration de terrain pour entraîner le modèle. Si elle s'avère efficace, et sous réserve que les données LiDAR soient actualisées régulièrement, cette technique pourrait remplacer la calibration sur le terrain.
- Etudier l'intérêt et la possibilité de compléter le suivi avec des données de comptage au gîte et de capture.
- Analyser les données de suivis acoustiques réalisés au sol et dans la canopée (mis en place sur une partie des points Vigie-Chiro), déterminer si des différences notables existent et s'il faut envisager d'adopter ce système, par exemple sur une partie des relevés multi-taxons.

Références bibliographiques

Aodha, O.M., Balvanera, S.M., Damstra, E., Cooke, M., Eichinski, P., Browning, E., Barataud, M., Boughey, K., Coles, R., Giacomini, G., G, M.C.M.S., Obrist, M.K., Parsons, S., Sattler, T., Jones, K.E., 2022. Towards a General Approach for Bat Echolocation Detection and Classification. https://doi.org/10.1101/2022.12.14.520490

Bas, Y., Bas, D., Julien, J.-F., 2017. Tadarida: A Toolbox for Animal Detection on Acoustic Recordings 5, 6. https://doi.org/10.5334/jors.154

Institut national de l'information géographique et forestière, 2022. Instructions pour les Mesures et Observations de Terrain (IMOT). Campagne d'inventaire 2023, 188 pp.

Korner-Nievergelt, F., Strebel, N., Buckland, S.T., Freeman, R., Gregory, R.D., Guélat, J., Isaac, N.J.B., Mc Rae, L., Roth, T., Schirmer, S., Soldaat, L.L., Voříšek, P., Sattler, T., 2022. Multi-species population indices for sets of species including rare, disappearing or newly occurring species. Ecol. Indic. 140, 109005. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.109005

Lauer, M., Tillon, L., 2023. Chauves-souris et forêt, des alliées indispensables. Centre national de la propriété forestière, Paris.

Mccarthy, M.A., Moore, A.L., Krauss, J., Morgan, J.W., Clements, C.F., 2014. Linking Indices for Biodiversity Monitoring to Extinction Risk Theory. Conserv. Biol. 28, 1575–1583. https://doi.org/10.1111/cobi.12308

Newson, S.E., Bas, Y., Murray, A., Gillings, S., 2017. Potential for coupling the monitoring of bush-crickets with established large-scale acoustic monitoring of bats. Methods in Ecology and Evolution 8, 1051–1062. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12720

Rappaport, D.I., Royle, J.A., Morton, D.C., 2020. Acoustic space occupancy: Combining ecoacoustics and lidar to model biodiversity variation and detection bias across heterogeneous landscapes. Ecological Indicators 113, 106172. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2020.106172

van Strien, A.J., Soldaat, L.L., Gregory, R.D., 2012. Desirable mathematical properties of indicators for biodiversity change. Ecol. Indic. 14, 202–208. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2011.07.007

II-H

Protocole de relevés Chiroptères

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Frédéric Gosselin (INRAE) et Aristide Chauveau (INRAE) sur la base d'échanges avec Kevin Darras (INRAE), Yves Bas (MNHN), Laurent Tillon (ONF) et Alicia Charennat (foldAI).

Ce protocole n'est pas encore totalement opérationnel et nécessitera de préciser certains points. Ces aspects pourront être traités dans une phase préalable à sa mise en œuvre.

Relevés de terrain

Un moyen fréquemment employé pour suivre les chiroptères consiste à utiliser des appareils pour enregistrer leurs émissions ultrasonores. Les enregistrements peuvent ensuite être analysés pour identifier les espèces et quantifier leur activité (i.e. le nombre de passages de chauves-souris captés, à partir des cris d'écholocation, au cours d'une période donnée). Le suivi temporel de l'activité permet de renseigner des tendances de populations. Cette méthode ne permet pas, à notre connaissance, de mesurer un nombre d'individus.

Pour réaliser le relevé des chiroptères, il est proposé de poser sur plusieurs mois des enregistreurs autonomes sur les placettes multi-taxons (cf. II-C). Cela permet de (i) couvrir une grande période de temps (et donc couvrir les différentes saisons optimales pour les différentes espèces), (ii) d'avoir des relevés sur plusieurs placettes en simultané et d'éviter de multiplier les allers-retours sur les placettes (sources de coûts supplémentaires et de davantage d'émissions de gaz à effet de serre), (iii) de produire des enregistrements qui pourront être conservés et réanalysés dans le futur et (iv) de se rapprocher du protocole « point fixe » de Vigie-Chiro pour envisager une fusion avec les données de ce programme.

Enregistreurs ultrasonores

Périodes d'enregistrement

Il faudrait activer les enregistrements de préférence entre juin et septembre (période d'activité maximale des chiroptères), entre le deuxième et le troisième passage sur les placettes multi-taxons (cf. II-C). En complément, éventuellement prévoir des enregistrements au printemps (entre le premier et le deuxième passage), période de moindre activité mais pouvant apporter de l'information sur la phénologie des chiroptères. Cette option est à évaluer en fonction de l'autonomie de l'enregistreur choisi, de son utilisation conjointe avec le suivi des oiseaux ou non et de la volonté de construire des indicateurs sur la phénologie. Ne pas l'activer au printemps pour de l'enregistrement ultrasonore permet d'économiser la batterie pendant une période qui peut être froide et donc exigeante pour les batteries, et où les chauves-souris ne sont que très peu actives et donc peu détectables.

L'activité des chiroptères dépend des conditions météorologiques. Avec une pose sur une longue période, il est difficile de prévoir à l'avance quelles nuits seront optimales[1]. Il faudra dans tous les cas

[1] Par exemple, le protocole « points fixes » de Vigie-Chiro (lien) préconise d'enregistrer dans les conditions suivantes : pas de pluie, rafales de vent inférieures à 30 km/h, température relativement clémente en début de nuit.

prendre en compte ces variables dans les analyses (voir plus bas). Pour une même autonomie à distribuer, plusieurs stratégies pourraient être envisagées :

(a) Prévoir plusieurs nuits entières d'enregistrement réparties sur la période de pose, de manière à augmenter la probabilité d'avoir au moins quelques nuits aux conditions météo favorables. Le protocole « point fixe » de Vigie-Chiro est basé sur des enregistrements en nuit entière, a priori pendant des nuits à la météo favorable, cette option aurait l'avantage de faciliter la fusion des données.
(b) Enregistrer en discontinu, sur des plages horaires fixes (par exemple 5 minutes toutes les heures), mais sur un plus grand nombre de nuits que l'option (a), permettant d'augmenter la probabilité de couvrir des nuits favorables et éventuellement d'accéder à plus d'informations sur la phénologie des espèces. A partir de la grande quantité de données ainsi collectées, il pourrait être possible d'interpoler entre les heures. Eventuellement, tester au préalable la proportion de données nécessaire pour être aussi robuste qu'un schéma en nuits entières.
(c) Schéma hybride : enregistrer quelques nuits entières, et le reste du temps en discontinu.

Il faudra fixer le schéma d'enregistrement en fonction du modèle d'enregistreur et de la compatibilité avec les données Vigie-Chiro (si volonté de fusion).

Certains enregistreurs, comme les Audiomoths, ne permettent pour le moment pas une configuration de type « enregistrer tous les n jours ». Pour une pose longue avec ce modèle, soit enregistrer tous les jours, limitant la possibilité de passer par l'option (a) voire (c), soit prévoir de contacter les développeurs du programme de configuration pour si possible développer des scripts personnalisés.

Réglages de l'appareil

Il faudra déterminer les réglages de l'enregistreur en fonction du modèle choisi, notamment la fréquence d'échantillonnage et les paramètres de déclenchement de l'enregistrement, à homogénéiser avec Vigie-Chiro pour faciliter la comparabilité des données. Sur la majorité des enregistreurs ultrasonores, il est en effet possible de configurer une valeur seuil du signal au-delà duquel un enregistrement est déclenché. Cela permet de ne pas enregistrer en continu et économise la batterie et l'espace de stockage. Le niveau du seuil influence le nombre de faux positifs et de faux négatifs et par conséquent les valeurs d'activité, il est donc important de standardiser son réglage. Envisager éventuellement de réaliser des enregistrements en continu, sans déclenchement, afin de limiter le taux de faux négatifs[2].

Pose sur site

L'enregistreur pourrait être fixé sur un piquet installé au centre de la placette. Contrairement à une pose sur un arbre, cela évite qu'il soit endommagé en cas de coupe, permet de le poser dans une coupe rase, et enlève l'impact de la variabilité du diamètre des troncs ou branches – sources d'obstruction du son – sur l'espace de détection des enregistreurs. Il faudrait équiper les piquets de tiges métalliques à leur sommet pour éviter que des oiseaux ne s'y posent. Ce système est néanmoins plus visible, et donc peut-être plus exposé aux vols. S'ils s'avèrent trop fréquents, aller vers une pose sur les arbres. L'orientation de l'appareil ne doit pas être choisie : par exemple, fixer préalablement une orientation pour tous les enregistreurs. Si elle s'avère trop défavorable (obstruction directe par un obstacle, en

[2] Dans le cas d'un déclenchement par dépassement de seuil, un faux négatif est un cri de chauve-souris qui aurait pu être détecté si son son (qui a bien été capté par le micro) avait dépassé le seuil et donc été enregistré. Des biais peuvent apparaître quand des cris en dessous du seuil sont enregistrés car d'autres sons au-delà du seuil ont déclenché l'enregistrement.

direction d'une source de bruits parasites type cours ou chute d'eau, route passante…)[3], passer à l'orientation prédéfinie suivante. Noter précisément l'emplacement et l'orientation des enregistreurs posés sur les placettes permanentes pour les installer au même endroit au passage suivant.

Si un enregistreur commun aux oiseaux est utilisé et que les enregistrements ultrasonores ne sont prévus qu'en été, n'installer les microphones pour l'ultrasonore (si l'enregistreur le permet et si modèle de microphone différent du sonore) qu'en deuxième passage, afin d'éviter de les dégrader inutilement avant leur utilisation.

Ce système ne permet pas d'enregistrer l'ensemble des chiroptères de la colonne d'air au-dessus du point échantillonné : les chiroptères de la canopée ne sont que difficilement captés par un enregistreur bas. L'alternative serait de poser des enregistreurs à deux hauteurs. Ce choix n'a pas été retenu car cela compliquerait l'installation des capteurs, pourrait rendre les conditions de pose hétérogènes (toutes les gammes de hauteur ne seront pas forcément disponibles à chaque placette) et augmenterait le coût en matériel. Si les données issues de dispositifs de ce genre déjà mis en place (notamment sur une partie des points forestiers de Vigie-Chiro) révèlent des différences notables, envisager éventuellement de mettre en place ce système d'enregistrement sur un sous-échantillon des placettes multi-taxons. Il faudra spécifier la méthode de mesure des espaces de détection (voir plus bas) pour les capteurs placés en hauteur.

Récupération des données et maintenance

Le transfert des données à distance n'est pas pris en charge nativement par la plupart des modèles, et la couverture réseau ainsi que le coût des transferts rendent cela a priori peu envisageable pour l'instant. Il faudra prévoir de changer les cartes SD (ou de décharger les données) et de remplacer les batteries au deuxième passage (voire de changer les enregistreurs entiers, si modèle peu coûteux). Les enregistreurs seront déployés pendant plusieurs mois, les capteurs peuvent subir les intempéries et se dégrader au fil du temps, potentiellement jusqu'à ne plus être capables d'enregistrer les sons avec un rapport signal sur bruit suffisant (Turgeon et al., 2017). Il faudra prévoir, en fonction du modèle, s'il y a un risque de forte dégradation et comment les capteurs défaillants peuvent être détectés et remplacés lors du deuxième passage, ou s'il faut éventuellement seulement changer les éléments de protection.

Dans tous les cas, regrouper les enregistreurs après la saison de terrain pour les tester en atelier, changer les microphones défaillants et, plus généralement, entretenir le matériel.

Modèle d'enregistreur

Plusieurs modèles d'enregistreurs peuvent être envisagés et le choix n'a pas été arrêté à ce stade. Pour contenir les coûts, il serait judicieux de choisir du matériel compatible à une utilisation conjointe entre oiseaux et chiroptères. Une liste (non exhaustive) de modèles d'enregistreurs est proposée en annexe de ce document. Il faudra déterminer, en fonction du modèle d'enregistreur, le type d'alimentation, de micro et de protection face aux intempéries.

Une option proposée est d'utiliser des Audiomoth équipés (avec boîtier étanche, membrane protectrice, batteries externes si possible, pour plus d'autonomie), peu coûteux et permettant d'enregistrer les oiseaux et les chiroptères (cf. protocole II-i pour plus de détails).

Afin de réduire les biais liés à une hétérogénéité dans le matériel utilisé et les réglages choisis, il est important de choisir au maximum des modèles (enregistreurs, microphones) identiques sur l'ensemble

[3] Cf. recommandations de positionnement des enregistreurs pour Vigie-Chiro (lien).

du plan d'échantillonnage et entre les années. Si un changement de matériel ou de réglage doit survenir, déployer l'ancienne et la nouvelle version du système d'enregistrement sur de mêmes points pendant au moins une année peut permettre de construire des facteurs de correction pour prendre en compte les différences. La calibration (voir ci-après) peut également permettre de standardiser les résultats.

Calibration

Il est possible de mesurer le rayon de détection d'un enregistreur à partir de diffusion de séquences ultrasonores à des distances croissantes (Krings et al., 2022). Cette technique permet de connaître la surface échantillonnée et d'exprimer des mesures d'activité par unité de surface, standardisées et comparables entre sites.

Mesure de l'espace de détection d'un enregistreur : sur chaque placette, démarrer un enregistrement et diffuser, au minimum : une fréquence ultrasonore à volume constant, à quatre distances (à incréments doublés) de l'enregistreur dans la même direction, face à l'appareil. Prévoir 5 à 15 minutes pour réaliser cette opération. Si les opérateurs ont le temps, répéter l'opération dans une deuxième direction (fixée), à l'opposé à la première. Utiliser un télémètre pour mesurer les distances, ou un ruban métrique de 50 m pour les cas où il ne fonctionne pas. A faire en même temps que la calibration sonore (cf. protocole II-i). Cette opération permettra ensuite de construire la courbe de propagation du son dans ce site en fonction de la distance à l'enregistreur. Déterminer l'aire de détection de l'enregistreur revient à déterminer la distance à laquelle un son émis ne peut plus être distingué du bruit ambiant, c'est-à-dire l'intersection de la courbe de propagation du son avec le niveau sonore ambiant. Il faut donc prévoir d'enregistrer une courte séquence du son ambiant au moment de la calibration.

Une alternative future (encore à développer) à la calibration in-situ pourrait être d'inférer, par exemple par deep learning, l'espace de détection en un point à partir de données LiDAR (cf sous-maquette II-H), si l'obtention de données LiDAR est plus aisée que les calibrations.

Mesure de la sensibilité des microphones : Prévoir, sur tous les appareils utilisés pour le suivi, de tester la sensibilité des microphones avant et après déploiement (peut être fait en atelier, avec le matériel regroupé). Cela permet de mesurer la détérioration des micros au cours de la pose, à appliquer comme élément de correction sur les courbes de propagation du son pour prendre en compte la variation de l'aire de détection au cours du temps due à la baisse de sensibilité des micros (tout en évitant de répéter trop de fois le processus chronophage de calibration sur le terrain) (Turgeon et al., 2017).

Un complément possible, employé par Vigie-Chiro, serait d'évaluer a posteriori les problèmes de détectabilité directement à partir des enregistrements. Différents tests peuvent être appliqués sur les données pour détecter des pertes de détectabilité : mesure du bruit de fond, distribution de la durée des séquences des pipistrelles… Les enregistrements problématiques peuvent ensuite être filtrés, ou des corrections statistiques peuvent être appliquées sur les données pour limiter les biais.

Temporalité des opérations

- Premier passage (15 mars – 15 avril en plaine, cf. II-C) :
    - Si enregistreur commun oiseaux/chiroptères : pose des enregistreurs et éventuellement déclenchement d'un programme d'enregistrement printanier pour les chiroptères.
    - Si enregistreur spécifique aux chiroptères : si volonté de réaliser des enregistrements au printemps, poser les enregistreurs et lancer le programme d'enregistrement, sinon pas d'opération lors de ce passage pour les chiroptères.

    - Si un enregistreur est posé : faire une calibration si le peuplement de la placette est composé de plus de 30% de feuillus (mesure de l'espace de détection en conditions sans feuilles), ou s'il est prévu de changer l'enregistreur au second passage.
- Deuxième passage (15 mai – 30 juin en plaine) :
    - Si un enregistreur est déjà posé, changement des batteries et des cartes SD, éventuellement des éléments de protection des capteurs, si possible vérification de l'état des micros et remplacement si nécessaire – voire remplacement complet des enregistreurs. Si programme d'enregistrement ultrasonore spécifique pour la période estivale, activation du programme.
    - Sinon, pose d'un enregistreur ultrasonore.
    - Calibration sur toutes les placettes.
- Troisième passage (septembre-octobre) : récupération du matériel, déchargement des enregistrements.
- Automne - hiver (en atelier) : vérification du matériel, réparations, changement des microphones si besoin, mesure de la sensibilité des micros (après dépose puis avant pose de l'année suivante).

Analyse officielle des données

Identification des espèces

Nous proposons d'utiliser des outils d'identification automatique pour détecter et identifier les espèces sur les enregistrements. Ces outils permettent de traiter de manière standardisée de gros volumes de données. Il faudra comparer les performances de différents modèles pour choisir lequel utiliser, en en présélectionnant avant le déploiement puis en les testant au cours du suivi. Des options pourraient être notamment Tadarida, utilisé par Vigie-Chiro et basé sur des techniques de forêts aléatoires (Bas et al., 2017) et des modèles basés sur le deep learning, tel que BatDetect2 (Aodha et al., 2022). Au cours du suivi, mener en continu un test de la fiabilité de la méthode en faisant interpréter un sous-échantillon des séquences par des spécialistes, afin de mesurer, par espèce, le rappel et la précision de l'algorithme. Cela permet de plus d'alimenter via le suivi lui-même une base de références (séquences déterminées à l'espèce) pour améliorer l'outil. Un effort particulier d'identification manuelle serait à fournir pour les groupes pour lesquels l'identification automatique est moins efficace (notamment les espèces rares dont les émissions ressemblent à des espèces plus communes, par exemple certains murins).

Compte tenu de la nature évolutive de l'outil, il faudra prévoir de répéter l'analyse des enregistrements au gré de l'amélioration du modèle (ou en cas de transition vers un autre modèle plus efficient) afin d'obtenir des séries temporelles homogènes.

Gestion des données

Les données pourraient éventuellement être transmises à Vigie-Chiro (via leur portail dédié ou un script personnalisé) puis prises en charge et stockées via Vigie-Chiro au centre de calcul de l'Institut national de physique nucléaire et de physique des particules (IN2P3) du CNRS à Lyon.

Si cela ne s'avère pas possible, prévoir une solution de stockage commune avec le suivi des oiseaux dont la gestion serait à déterminer - éventuellement à prévoir dans le cadre du projet Surveillance de la biodiversité terrestre. Prévoir d'utiliser une plateforme dédiée pour faciliter le flux de travail et la coopération entre les différents utilisateurs.

Analyse des données identifiées

La donnée de base analysée sera l'activité des chiroptères au niveau de la placette. Il faudra prévoir de modéliser l'effet des conditions météorologiques sur l'activité. Des variables climatiques peuvent être extraites a posteriori de bases de données et rattachées à un site et un enregistrement. Il faudra intégrer également explicitement l'aire de détection de l'enregistreur et les facteurs influençant la détectabilité (par exemple le bruit environnant). La variabilité de la robustesse de l'identification automatique en fonction des espèces peut être calibrée à partir de la validation et prise en compte dans l'analyse (voir par exemple Barré et al., 2019).

Il faudra vérifier la cohérence entre les données du cœur du dispositif (échantillon multi-taxons forestier), représentatif des forêts françaises, et les données de Vigie-Chiro (protocole 3 - « points fixes »), permettant plus de profondeur temporelle mais avec un moins grand contrôle du plan d'échantillonnage, à jointer notamment sur la base de nuits aux conditions météorologiques comparables. Un lien avec les données des protocoles 1 et 2 de Vigie-Chiro (transects routiers et points d'écoute sur circuits pédestres) pourra aussi être envisagé. Il faudra n'extraire que les données en forêt (sélectionnées à partir des coordonnées GPS des points ou du trajet des transects, croisés avec une couche SIG d'occupation des sols). S'il y a compatibilité, chercher à construire des métriques en fusionnant ces différentes sources.

Opérateurs

Les équipes de l'Inventaire forestier (IGN) pourraient être en charge des opérations de terrain concernant les enregistreurs, moyennant une formation préalable.

Prévoir un poste pour une personne référente oiseaux et chiroptères (niveau ingénieur), en charge de superviser le déploiement des capteurs, la vérification/réparation du matériel hors saison, la gestion des données. Elle participerait également au terrain sur une partie des placettes. Sa structure de rattachement serait à déterminer (éventuellement au sein de la Surveillance de la biodiversité terrestre). Si elle n'a pas les compétences nécessaires pour assurer le travail de validation des séquences traitées par l'identification automatique, prévoir de faire intervenir régulièrement un chiroptérologue.

Annexe – Quelques modèles d'enregistreurs ultrasonores

Plusieurs modèles d'enregistreurs automatiques ultrasonores sont présentés ici, potentiellement utilisables pour un suivi des chiroptères. Les durées d'enregistrement sont données à titre indicatif, elles peuvent varier selon les conditions ambiantes et certains aspects techniques (type de batteries et de carte SD par exemple). Les prix indiqués sont donnés pour mai 2023, ils peuvent évoluer et n'incluent pas les batteries ni les cartes SD.

- Audiomoth[4] : enregistreur peu coûteux, de petite taille, technologie open-source, modifiable, permet d'enregistrer de l'audible à l'ultrasonore. Privilégier le modèle de développement pour une meilleure flexibilité sur l'ajout de périphériques externes (notamment batteries). Il permet d'enregistrer environ deux nuits entières dans l'ultrasonore avec une option d'alimentation classique (3 batteries de 3600 mAh), et plus si usage de batteries externes. Son prix est d'environ 76 € pour une carte seule (acquisition plus rentable via des achats groupés lancés régulièrement) et environ 200 €[5] pour une configuration adaptée à une pose longue (nécessiterait d'être développée et assemblée).
- Passive Recorder[6] : un enregistreur à fabriquer soi-même basé sur des cartes Teensy. Conçu principalement pour l'ultrasonore, il couvre également le domaine de l'audible. Autonomie de 4 à 5 nuits minimum. Il est également possible de l'alimenter avec une batterie externe pour augmenter son autonomie. Un enregistreur revient à 100 € environ. Les micros (quelques euros) peuvent être testés et changés, moyennant une opération de soudure. Peu adapté à de la pose de longue durée, les micros se dégradent vite, une étanchéification est possible mais réduit drastiquement la quantité de données captées (de l'ordre de 2/3 des données perdues).
- Les produits de la gamme Song Meter (Wildlife Acoustics)[7] : enregistreurs plus coûteux mais de bonne qualité. Modèles adaptés :
    - Song Meter SM4BAT-FS, environ 1300 € avec microphone ultrasonore et câble, jusqu'à 480 h d'enregistrement. Il n'est pas conçu pour couvrir l'audible, mais fonctionne en pratique assez bien pour une partie des oiseaux (passereaux notamment, moins pour les rapaces nocturnes), en fonction de leurs fréquences de vocalisations.
    - Song Meter Mini Bat, 710 €, environ 250 h d'enregistrement et jusqu'à 1000 h avec une extension de batteries. Equipé de base d'un micro dans l'ultrasonore, il peut également être équipé d'un second micro dans l'audible (70 €).
- Chorus (Titley)[8] : environ 500 €, enregistre dans l'audible et, moyennant l'ajout d'un second micro (environ 220 €) dans l'ultrasonore également. Jusqu'à 300 h d'autonomie dans l'ultrasonore. C'est un produit relativement récent, il y a encore peu d'utilisations documentées.
- L'Aja, permet d'enregistrer dans l'ultrasonore et de prendre des mesures du microclimat, il peut être opéré en sous-traitance ou acheté avec l'entreprise foldAI[9] (prix à déterminer). Dans le cadre d'un projet de recherche, ces appareils ont été posés pour une période de 6 mois avec une maintenance de 3 mois. Un modèle alimenté par un panneau solaire est en cours de test.

---

[4] https://www.openacousticdevices.info/audiomoth

[5] Exemple de version adaptée à la pose longue, à concevoir et assembler (proposée par Kevin Darras, UR EFNO, INRAE) : Audiomoth dev (76 €) ; boîtier sur-mesure (15-30 €, estimé) ; carte SD de 512 GB (50 €) ; sangles, vis, élastiques (LEDs en option) (5 €), batterie de 10000 mAh (Li-ion ou LiPo) (30 €). Total : 191 €.

[6] https://framagit.org/PiBatRecorderPojects/TeensyRecorders

[7] https://www.wildlifeacoustics.com/

[8] https://www.titley-scientific.com/eu/products/anabat-systems/chorus

[9] https://fold.ai/consulting/

- Le Leko[10] enregistreur proposé par la filiale Birdz de Veolia. Il est relativement autonome car il est alimenté par un capteur solaire intégré (efficacité en forêt à déterminer). Proposé à la location. Son poids important (12 kg) rend néanmoins son déploiement sur des points peu accessibles difficilement envisageable. Il est interopérable car il intègre un modem GSM. Il est conçu pour automatiser l'identification en direct (principalement des chiroptères) et donc fournir des données prétraitées, il est encore peu adapté pour de l'identification automatisée des oiseaux (travail en cours).

Références bibliographiques

Aodha, O.M., Balvanera, S.M., Damstra, E., Cooke, M., Eichinski, P., Browning, E., Barataud, M., Boughey, K., Coles, R., Giacomini, G., G, M.C.M.S., Obrist, M.K., Parsons, S., Sattler, T., Jones, K.E., 2022. Towards a General Approach for Bat Echolocation Detection and Classification. https://doi.org/10.1101/2022.12.14.520490

Barré, K., Le Viol, I., Julliard, R., Pauwels, J., Newson, S.E., Julien, J.-F., Claireau, F., Kerbiriou, C., Bas, Y., 2019. Accounting for automated identification errors in acoustic surveys. Methods Ecol. Evol. 10, 1171–1188. https://doi.org/10.1111/2041-210X.13198

Bas, Y., Bas, D., Julien, J.-F., 2017. Tadarida: A Toolbox for Animal Detection on Acoustic Recordings 5, 6. https://doi.org/10.5334/jors.154

Krings, C.H., Darras, K., Hass, A., Batáry, P., Fabian, Y., 2022. Not only hedgerows, but also flower fields can enhance bat activity in intensively used agricultural landscapes. Basic Appl. Ecol. 63, 23–35. https://doi.org/10.1016/j.baae.2022.05.002

Turgeon, P., Van Wilgenburg, S., Drake, K., 2017. Microphone variability and degradation: implications for monitoring programs employing autonomous recording units. Avian Conservation and Ecology 12. https://doi.org/10.5751/ACE-00958-120109

[10] https://www.birdz.com/nos-expertises/capteurs-iot/

II-I

Objectif 1 - Sous-Maquette Oiseaux

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Aristide Chauveau (INRAE), sur la base d'échanges avec Kevin Darras (INRAE), Benoît Fontaine (PatriNat), Frédéric Archaux (INRAE), Stanislas Wroza (PatriNat) et Frédéric Gosselin (INRAE).

Attentes

Pour l'Objectif 1, il s'agit de pouvoir estimer l'état et la dynamique de parties de la biodiversité en forêt à l'échelle de la France métropolitaine.

Il est envisageable d'étendre cette question à :

- L'échelle de grandes régions voire de territoires plus restreints, si la pression d'échantillonnage est intensifiée à ces niveaux ;
- La biodiversité forestière, si on restreint l'analyse aux espèces à fort degré d'affinité à la forêt. Selon les groupes, un travail préalable pour établir une liste des espèces forestières pourrait être nécessaire (cf. section 4.1 du rapport final).

A l'inverse, dans le cadre de PASSIFOR-2, il n'est pas envisagé d'étendre cette question :

- A l'outre-mer (nous n'avons pas les compétences et les données).

Caractéristiques attendues :

- **Forêt** : ensemble des forêts métropolitaines, selon la définition de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), adoptée en 2005 par l'inventaire forestier de l'IGN. Sont considérées comme forêts *« les terres occupant une superficie de plus de 0,5 hectare avec des arbres atteignant une hauteur supérieure à 5 mètres et un couvert arboré de plus de 10 %, ou avec des arbres capables d'atteindre ces seuils in situ »*. Cela comprend toutes les forêts, récentes comme anciennes, y compris les forêts hors production (inaccessibles, en réserve intégrale…). Les milieux aquatiques intra-forestiers de grande taille (occupation du sol de type « Eau continentale ») ne sont pas inclus, ainsi que d'autres occupations du sol (par exemple, couverture artificialisée ; cf. IGN (2022), variable CSLISI).
- **Couverture taxonomique** : cette sous-maquette concerne tous les oiseaux présents en forêt quelle que soit leur relation avec ce milieu (oiseaux nichant en forêt, oiseaux migrateurs la fréquentant périodiquement, oiseaux à présence ponctuelle en forêt…), et non uniquement les oiseaux forestiers spécialistes.
- **Métrique de biodiversité** : la métrique centrale que nous proposons a trait à l'évolution temporelle de la moyenne entre espèces de l'abondance de chaque espèce. Ce choix provient des trois arguments suivants :
    - Cette métrique est sous-jacente aux indicateurs de biodiversité interspécifique commune les plus utilisés (exemple : indicateur oiseaux de type STOC et divers autres indicateurs Vigie Nature ; indicateur Living Planet Index…).
    - L'analyse de van Strien et al. (2012) indique que la moyenne géométrique de l'abondance est la métrique de biodiversité qui a les meilleures propriétés mathématiques en tant qu'indicateur de biodiversité pourvu qu'on se concentre sur les espèces communes, tandis que les nouveaux indices extensions de la moyenne géométrique de Korner-Nievergelt et al. (2022) s'appliquent à toutes les espèces.

- McCarthy et al. (2014) montrent que ces types de métriques peuvent être reliées avec le risque d'extinction dans la communauté.

- **Mesure de biodiversité** : en conséquence des choix faits pour les métriques de biodiversité, nous chercherons en priorité à mesurer l'abondance des espèces, et à défaut leur présence-absence. D'autres données de biodiversité peuvent en principe être envisagées.
- **Dimension temporelle** : l'objectif est de pouvoir estimer des tendances temporelles sur des périodes de 5 à 10 ans environ (notamment en lien avec le rapportage de la directive habitat). Il n'y a pas de prérequis du point de vue de la profondeur temporelle passée des données, mais le plus ancien sera le mieux.

Analyse de l'existant

Les dispositifs retenus sont analysés vis-à-vis des objectifs définis dans le cadre de ce projet (voir les grilles d'analyse des dispositifs en annexes), qui peuvent être différents de ceux ayant prévalus à la conception des dispositifs. Ce n'est par conséquent pas une évaluation des dispositifs considérés.

Parmi les dispositifs étudiés, six dispositifs fournissant des données sur les oiseaux ont été analysés.

Critère	STOC	Réseau Bécasse	Données opportunistes Faune-France	EPOC-ODF	Observatoire Rapaces	Petites Chouettes de Montagne
Echantillonnage spatial						
Echantillonnage temporel						
Types de placettes						
Types de données de biodiversité						
Mesure de la biodiversité						
Variables environnementales et de gestion						

Figure 1- Adéquation des dispositifs retenus collectant des données sur les oiseaux et répondant aux critères définis pour l'Objectif 1 de PASSIFOR-2. Pour chaque critère, différentes attentes ont été évaluées comme suit : vert : le dispositif répond complètement à la demande de l'objectif, jaune : il répond imparfaitement à la demande tel quel et demande des corrections, rouge : il ne peut pas répondre à la demande. STOC : Suivi Temporel des Oiseaux Communs. C'est ici le programme STOC-EPS (échantillonnages ponctuels simples) qui est considéré. EPOC-ODF : Estimation des tailles de Population d'Oiseaux Communs – Oiseaux De France.

Pour cet objectif de suivi et ce groupe taxonomique, ce sont en premier lieu les critères relatifs à l'échantillonnage spatial et notamment les biais de positionnement des placettes qui influent sur le choix des dispositifs de suivi. Aucun des dispositifs n'est spécifiquement conçu pour être représentatif de la forêt française métropolitaine. L'EPOC-ODF minimise les biais de positionnement et assure une bonne couverture du territoire métropolitain dans son ensemble : 50% des mailles de 10 km de côté quadrillant la France seront théoriquement échantillonnées d'ici 2023. Le STOC-EPS est un réseau riche en observateurs et permet une couverture spatiale importante mais plus hétérogène. A l'échelle de la France, la répartition des carrés suivis est influencée par la répartition des observateurs, mais l'emplacement même du carré n'est pas choisi (il est tiré au sort dans un rayon de 10 km autour d'un

lieu choisi par l'observateur). Le faible nombre de mailles de l'Observatoire Rapaces et leur répartition inégale est limitant pour assurer un échantillonnage représentatif de la forêt. En outre, leur positionnement n'est pas complètement aléatoire : un lot de mailles est tiré au sort et les observateurs choisissent ensuite celles qu'ils vont prospecter. Le programme de suivi de la bécasse se concentre sur les zones où elle est présente et exclut ainsi certaines régions. Les forêts de petite taille sont également exclues. Le réseau Petites Chouettes de Montagne suit deux espèces forestières, mais se structure lui aussi autour des zones où elles sont présentes. Les mailles suivies sont tirées au sort mais le relevé se fait sur un transect à l'emplacement choisi par l'observateur au sein de la maille. La pression d'échantillonnage et le positionnement des données opportunistes de la base Faune-France ne sont pas encadrées et sont notamment biaisées par la densité d'observateurs et leurs choix individuels (donnée prise pour une espèce d'intérêt, en fonction de la richesse d'un site…).

D'autres critères importants portent sur les espèces suivies et le type de données mesurées. Le STOC et l'EPOC-ODF permettent un suivi protocolé des « oiseaux communs », soit majoritairement des oiseaux nichant en France, identifiables par des ornithologues non experts et détectables par des points d'écoute diurnes. Ces dispositifs n'ont pas vocation à assurer un suivi exhaustif de l'avifaune : notamment, ils ne permettent pas une couverture des espèces nocturnes, ni des espèces actives principalement en dehors du printemps pour le STOC[1], ou de l'hiver et du printemps pour l'EPOC-ODF, et sont efficaces principalement pour les espèces à effectifs élevés. Les dispositifs visant les rapaces et la bécasse sont eux centrés sur des groupes précis et permettent d'obtenir des indicateurs pour certaines espèces mal représentées par les suivis d'oiseaux communs : rapaces diurnes nicheurs (espèces à large domaine vital et vocalisant peu), cibles de l'Observatoire Rapaces, et espèces plutôt nocturnes pour le suivi des petites chouettes de montagne et le Réseau Bécasse. La détectabilité des espèces et les biais observateurs sont globalement imparfaitement pris en compte ; néanmoins un des objectifs d'EPOC-ODF est de progresser sur ce point et serait de mieux calibrer, entre autres, les observations du STOC. Les dispositifs permettent d'obtenir des données d'abondance relative ou d'estimation d'effectifs, à l'exception des données opportunistes Faune-France, produisant plutôt de l'information sur les zones de présence d'une espèce. Les indicateurs produits par le suivi des petites chouettes de montagne sont actuellement plutôt de l'ordre de la probabilité d'occupation des sites, mais la production d'indices d'abondance est visée.

Le schéma temporel de passage sur les sites correspond majoritairement à l'attendu, sauf pour l'EPOC-ODF, dont le fonctionnement à terme reste à définir, mais qui pourrait être de l'ordre de 3 années de relevés tous les 6 ou 12 ans. En dehors d'une information sur l'habitat pour le STOC, aucune autre variable environnementale ou de gestion n'est collectée directement par les dispositifs, mais cela a peu d'impact pour l'Objectif 1.

Proposition de cœur de la sous-maquette

Pour les oiseaux et l'Objectif 1, nous proposons un dispositif cœur constitué (i) des points STOC en forêt et (ii) de données issues d'enregistreurs acoustiques à déployer sur le réseau de placettes multi-taxons (cf. II-C).

[1] Un dispositif complémentaire au STOC, non analysé ici, cible néanmoins les espèces hivernantes : le Suivi hivernal des oiseaux communs (SHOC, lien).

Le STOC pour un suivi des oiseaux en forêt

Critère	STOC
Echantillonnage spatial	
Echantillonnage temporel	
Types de placettes	
Types de données de biodiversité	
Mesure de la biodiversité	
Variables environnementales et de gestion	

Figure 2- Adéquation du STOC, retenu en cœur de sous-maquette, aux critères définis pour ce suivi.

Le STOC est conçu pour estimer des tendances temporelles pour les espèces d'oiseaux communs en France métropolitaine. Ce dispositif est notamment intéressant par rapport à nos attendus car il assure un échantillonnage protocolé, une couverture spatiale de grande ampleur (bien que non conçue pour être représentative de l'ensemble de la forêt métropolitaine) et permet un suivi de nombreuses espèces d'oiseaux actualisé régulièrement. Les observateurs réalisent deux à trois passages par an (trois passages obligatoires à partir de 2023) sur 10 points d'écoute répartis au sein d'un carré de 2*2 km dont l'emplacement est tiré aléatoirement autour d'un lieu choisi par eux. Tous les oiseaux entendus ou vus sur une durée de 5 minutes et le nombre d'individus associés sont notés, avec si possible une indication de leur distance. Le type d'habitat, et donc le caractère forestier d'un point d'écoute, est renseigné. En 2019, 834 carrés ont été échantillonnés, et environ 30% des points d'écoute (soit environ 2530) étaient en forêt. Le STOC s'appuie sur un réseau d'observateurs bénévoles, ce qui peut induire certains biais et incertitudes : la répartition des points sur le territoire est hétérogène, des disparités de niveau existent entre les observateurs et la stabilité dans le temps de la pression d'échantillonnage n'est pas assurée.

Le STOC vise à produire des métriques centrées sur l'évolution temporelle de l'abondance relative des espèces. Il n'a pas pour objectif de proposer une quantification des effectifs en termes de nombre d'individus. Deux indicateurs majeurs, régionalisables, sont actualisés chaque année par espèce et groupe d'espèces : (i) la variation de l'abondance relative pour l'année donnée par rapport à une année de référence (2001) et (ii) la tendance à long terme de cette abondance relative. Les groupes d'espèces sont construits en fonction de leur spécialisation ou non vis-à-vis d'un milieu. Un groupe concerne notamment les oiseaux spécialistes du milieu forestier. En 2020, le STOC permettait de produire, tous milieux confondus, des indicateurs à l'échelle de la France métropolitaine pour 123 espèces[2].

[2] Espèces pour lesquelles suffisamment de données sont disponibles pour calculer des tendances temporelles.

Le dispositif existe depuis 1989 mais la sélection aléatoire des sites a été mise en place en 2001, occasionnant une rupture de série. Les indicateurs actuels au niveau espèce permettent un recul temporel jusqu'à cette date.

Les données du STOC peuvent notamment permettre de renseigner les variables essentielles de biodiversité (EBVs)[3] de la classe « Composition de la communauté » calculables à partir de données de présence-absence (e.g. richesse spécifique) et l'EBV Abondance dans la communauté de la classe « Composition de la communauté ».

Quelques pistes d'amélioration du STOC-EPS en forêt sont à envisager pour correspondre aux attentes du suivi :

- Déterminer dans quelle mesure les données actuelles du STOC permettent une bonne représentativité de la forêt, notamment en termes de couverture spatiale, de densité et de représentativité des différents types de forêts. Si besoin, orienter le suivi de nouveaux carrés STOC vers des zones forestières actuellement mal représentées.
- Construire des métriques propres à la forêt mais non centrées sur les espèces spécialistes de ce milieu, élargies à toutes les espèces qui le fréquentent. Pour cela, analyser les données au niveau « point d'écoute » - en ne sélectionnant que les points en forêt - et non au niveau « carré » (10 points d'écoute), comme ce qui est fait actuellement. Ce type d'indicateur est déjà en cours de développement par les équipes du STOC.

Mise en place d'un suivi par enregistrements acoustiques

Motivations pour l'utilisation d'enregistreurs

Il est par ailleurs proposé de mettre en place une méthode de suivi sur les placettes multi-taxons (cf. II-C) basée sur l'utilisation d'enregistreurs acoustiques (cf. protocole II-i). Une part importante des oiseaux vocalise, ce qui les rend à même d'être détectés et identifiés sur des enregistrements. Mettre en place un suivi par enregistreurs permettrait d'obtenir des données supplémentaires en forêt avec un plan d'échantillonnage contrôlé et sans biais de positionnement. Il serait souhaitable de coupler au moins une partie des données tirées des enregistreurs avec celles du STOC en forêt, à condition que leur compatibilité soit assurée.

Contrairement aux points STOC, les placettes multi-taxons ne sont pas suivies tous les ans (mélange de placettes temporaires et de placettes permanentes à repasse à 5 ou 10 ans), leur emplacement varie d'année en année et elles peuvent être peu accessibles et éloignées des rayons d'activité de bénévoles. Profiter du passage des agents chargés des relevés de biodiversité pour poser des enregistreurs plutôt que de demander à des ornithologues de venir sur les points économise une mobilisation répétée de naturalistes compétents sur des points d'écoute éparpillés sur le territoire, à l'emplacement variable et parfois difficilement accessibles.

Les enregistreurs acoustiques ont l'avantage de réaliser des enregistrements réguliers sur plusieurs mois et à toute heure de la journée, permettant de capter des espèces aux périodes d'activité variées (espèces diurnes et nocturnes), des espèces rares ou vocalisant peu, et de collecter des données sur la phénologie sans multiplier les passages d'ornithologues. Par rapport à des points d'écoute, les enregistrements permettent d'éviter les effets observateurs entre sites et d'assurer une meilleure homogénéité dans l'acquisition et le traitement de l'information. Il est néanmoins nécessaire de correctement évaluer par calibration l'aire de détection des enregistreurs, afin de standardiser les résultats (cf. protocole II-i). Les sons liés aux activités humaines ont tendance à impacter négativement

[3] https://geobon.org/ebvs/what-are-ebvs/

cette détectabilité, mais ils peuvent être mesurés à partir des enregistrements pour appliquer des facteurs de correction.

D'autres groupes taxonomiques peuvent également être captés par des enregistrements sonores (amphibiens et grillons par exemple, moyennant des plages d'enregistrement propices). Il pourrait être judicieux de tirer parti de ces données pour construire un suivi de ces groupes (cf. II-L).

Base de données de distances de vocalisations

En parallèle du suivi, il serait intéressant de collecter des données pour constituer une base de référence associant des vocalisations enregistrées aux distances réelles des oiseaux à l'enregistreur, mesurées in-situ (cf. protocole II-i). Cela permettrait à terme de construire des modèles capables de faire du distance-sampling automatisé à partir d'enregistrements.

Identifications des vocalisations

L'utilisation d'enregistreurs permet de produire une grande quantité de données brutes dont l'analyse peut être standardisée et répétée.

Nous proposons une stratégie d'identification hybride (cf. protocole II-i) : traiter la totalité du jeu de données par des modèles d'identification automatique, et procéder à de l'identification manuelle, par un ou des ornithologue(s), sur un sous-échantillon des séquences.

L'identification automatique permettrait une analyse standardisée, rapide et réplicable d'un gros volume de données ; l'identification manuelle servirait à assurer une meilleure jointure avec les données du STOC et à évaluer les résultats de l'identification automatique.

Outre leur utilisation pour le suivi, il serait important de mettre à disposition les enregistrements pour qu'ils profitent à la communauté scientifique.

Métriques envisageables

Les enregistrements pourraient alimenter en parallèle deux métriques : une métrique commune avec le STOC (sur la base des séquences identifiées manuellement), et une autre à partir des résultats de l'identification automatique appliquée sur la totalité du jeu de données (cf. protocole II-i).

Les données obtenues au niveau d'un site pourraient être, en première approche, de la présence-absence ou de l'occupancy pour les espèces qui vocalisent. Les avancées méthodologiques rendent envisageable d'exploiter les enregistrements pour en tirer des mesures de densité ou d'abondance par espèce (cf. protocole II-i).

L'étendue temporelle des enregistrements pourrait permettre de mesurer des décalages phénologiques dans l'activité des oiseaux. Cette information, valorisable en soi, pourrait également être utile au STOC pour qu'il puisse éventuellement adapter ses dates de passage.

Coûts associés à la sous-maquette

Les coûts associés à cette sous-maquette seraient à estimer plus précisément dans un prochain projet. Ils dépendent notamment du modèle d'enregistreur, à choisir.

Coûts liés au suivi par enregistreurs, mutualisables avec le suivi des chiroptères (cf. sous-maquette II-H) :

- Si un modèle commun d'enregistreur est choisi : compter environ 200 € au minimum par appareil (Audiomoth équipé pour une pose sur le long terme, cf. protocole II-i), soit a minima 73 000 € pour un déploiement sur les 365 placettes multitaxons. Les modèles non open-source

sont plus chers : par exemple, compter environ 860 € pour un Song Meter Mini Bat (Wildlife Acoustics) équipé pour l'audible[4], soit un budget total d'environ 313 900 €.

- Prévoir un budget annuel pour le remplacement des appareils défectueux, des batteries, des protections, des microphones (coûts variables en fonction du modèle choisi).
- Prévoir un poste niveau ingénieur (commun oiseaux/chiroptères) pour une personne en charge de la gestion du parc d'enregistreurs et de la chaîne de traitement des enregistrements. Elle pourrait participer aux opérations de terrain de deuxième et troisième passage sur une partie des placettes (cf. II-C). Elle devrait de préférence avoir des compétences en ornithologie pour réaliser des points d'écoute pour la constitution de la base de données de vocalisations et pour participer à l'analyse des enregistrements.
- Stockage des données : solutions de stockage et coûts à déterminer en fonction du volume de données et de leur gestion.

Coûts spécifiques à la sous-maquette oiseaux :

- Achat d'émetteurs sonores pour la mesure des espaces de détection, autant que d'équipes de terrain (cf. II-C), et d'un appareil pour mesurer la sensibilité des micros en atelier.
- Prévoir éventuellement un appui (de l'ordre de quelques semaines de temps de travail par an) d'un ou plusieurs ornithologues pour l'identification manuelle sur une partie des séquences, incluant la validation des résultats de l'identification automatique (si la personne recrutée pour le suivi ne peut pas assurer toute la charge de travail).

Prévoir également des frais liés à l'analyse statistique ou aux projets à plus ou moins long terme décrits ci-dessous.

Proposition de compléments au cœur de la sous-maquette

Plusieurs des réseaux étudiés ici ont été construits pour être complémentaires, entre autres sur les groupes visés et le type de données mesurées, et interagissent pour produire des indicateurs.

L'EPOC-ODF est robuste dans sa construction et représente un échantillonnage d'environ 4500 points par an (tous milieux confondus). Sa transformation en dispositif de suivi pourrait apporter une plus-value et apporter des informations sur l'évolution temporelle des effectifs d'oiseaux communs en forêt. Il pourrait alors, moyennant une modification du protocole pour relever le type de milieu du point d'écoute, intégrer assez directement le cœur de sous-maquette.

Le nombre de données opportunistes de Faune-France est conséquent et concerne des observations isolées ou des listes d'espèces issues de points d'écoute. Leur fusion avec les données protocolées du cœur pourrait permettre de gagner en précision sur certains indicateurs[5], sous réserve de pouvoir distinguer les observations en et hors forêt.

L'intégration au suivi du réseau Petites Chouettes de Montagne et du réseau Bécasse peut être envisagée, sous réserve de compatibilité de leurs données (à évaluer) et d'ajustements dans leur stratégie d'échantillonnage ou protocole :

- Petites Chouettes de Montagne : assurer une meilleure couverture de l'échantillonnage à l'échelle de la France, avec éventuellement des transects dont l'emplacement au sein de la

[4] Song Meter Mini Bat seul : 710 € ; micro additionnel pour enregistrer dans l'audible : 70 € ; batteries : 30 € ; carte SD (512 GB) : 50 €.

[5] Avec des méthodes telles que développées dans Coron et al. (2018) et des extensions/alternatives comme celle proposée par Bouchet (2020). Voir également les méthodes proposées dans Strebel et al. (2022).

maille est moins dépendant des choix de l'observateur, afin de limiter les biais de positionnement.

- Bécasse : ne pas exclure de l'échantillonnage les zones de faible abondance de l'espèce et les petits massifs forestiers.

L'intégration de l'Observatoire Rapaces semble moins évidente. Les prospections se font à l'échelle d'une maille de grande taille (5*5 km) sans déterminer le type de milieu correspondant à une observation. Pour être compatible avec nos attentes, il serait nécessaire (i) de faire évoluer le protocole pour accéder à cette information et (ii) d'augmenter le nombre de mailles échantillonnées chaque année, actuellement peu nombreuses, d'autant que l'exploitation des données se ferait sur un sous-échantillon forestier.

Développements méthodologiques et de recherche nécessaires

Méthodologie

- Formaliser et tester un protocole pour constituer une base de données associant à des vocalisations enregistrées et calibrées les distances réelles des individus. A plus long terme, travailler à alimenter cette base de données.

Recherche

- Prévoir un projet de recherche pour développer des métriques à partir des données issues des enregistreurs, en prenant notamment en compte la détectabilité (variable en fonction des espaces de détection, du bruit ambiant, du matériel, éventuellement des espèces, etc.). Travailler sur des méthodes de fusion entre les données identifiées manuellement et celles du STOC. Développer une métrique sur la base des résultats de l'identification automatique, en cherchant si possible à mettre en place ou développer des méthodes permettant de mesurer de la densité ou de l'abondance sur une grande diversité d'espèces.
- Travailler éventuellement à la fusion des données d'enregistreurs avec d'autres sources de données (autres programmes, données opportunistes, etc.).
- (A plus long terme, en lien avec la sous-maquette chiroptères II-H) Construire des modèles permettant d'estimer l'aire de détection des enregistreurs à partir de données LiDAR (Rappaport et al., 2020). Le LiDAR permet d'obtenir des informations à fine résolution spatiale, par exemple sur la structure d'un peuplement, et donc potentiellement sur la transmission du son. A partir de cela, l'espace de détection en un point pourrait être inféré, par exemple par deep learning. Cette approche est encore à explorer et nécessiterait des travaux de recherche préalables, avec potentiellement un grand nombre de données de calibration de terrain pour entraîner le modèle. Si elle s'avère efficace, et sous réserve que les données LiDAR soient actualisées régulièrement, cette technique pourrait remplacer la calibration sur le terrain.

Références bibliographiques

Bouchet, P., 2020. Proposition d'une approche pour vérifier la cohérence entre données opportunistes et données protocolées pour mieux estimer l'état et la dynamique de la biodiversité, Orléans.

Coron, C., Calenge, C., Giraud, C., Julliard, R., 2018. Bayesian estimation of species relative abundances and habitat preferences using opportunistic data. Environ. Ecol. Stat. 25 (1), 71–93.

Institut national de l'information géographique et forestière, 2022. Instructions pour les Mesures et Observations de Terrain (IMOT). Campagne d'inventaire 2023, 188 pp.

Korner-Nievergelt, F., Strebel, N., Buckland, S.T., Freeman, R., Gregory, R.D., Guélat, J., Isaac, N.J., Mc Rae, L., Roth, T., Schirmer, S., Soldaat, L.L., Voříšek, P., Sattler, T., 2022. Multi-species population

indices for sets of species including rare, disappearing or newly occurring species. Ecological Indicators 140, 109005.
McCarthy, M.A., Moore, A.L., Krauss, J., Morgan, J.W., Clements, C.F., 2014. Linking Indices for Biodiversity Monitoring to Extinction Risk Theory. Conserv. Biol. 28 (6), 1575–1583.
Rappaport, D.I., Royle, J.A., Morton, D.C., 2020. Acoustic space occupancy: Combining ecoacoustics and lidar to model biodiversity variation and detection bias across heterogeneous landscapes. Ecological Indicators 113, 106172. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2020.106172
Strebel, N., Kéry, M., Guélat, J., Sattler, T., 2022. Spatiotemporal modelling of abundance from multiple data sources in an integrated spatial distribution model. J. Biogeogr. 49 (3), 563–575.
van Strien, A.J., Soldaat, L.L., Gregory, R.D., 2012. Desirable mathematical properties of indicators for biodiversity change. Ecol. Indic. 14 (1), 202–208.

II-I

Protocole de relevés Oiseaux

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Aristide Chauveau (INRAE), sur la base d'échanges avec Kevin Darras (INRAE), Yves Bas (MNHN), Stanislas Wroza (PatriNat), Frédéric Archaux (INRAE) et Frédéric Gosselin (INRAE).

Relevés de terrain

Une fraction conséquente des oiseaux vocalise, ce qui les rend disponibles à la détection et à l'identification au son. Afin de mettre en œuvre un suivi des oiseaux sur le plan d'échantillonnage cœur (cf. II-C), il est proposé de poser des enregistreurs acoustiques autonomes. Ceux-ci assureront l'enregistrement automatique des oiseaux sur plusieurs mois : entre le premier passage (mi-mars à mi-avril en plaine) et le troisième passage (septembre-octobre), avec une étape intermédiaire de maintenance au deuxième passage (mi-mai à fin juin).

L'utilisation d'enregistreurs permet de (i) couvrir une grande période de temps (et donc couvrir les différentes saisons et périodes de la journée optimales pour différentes espèces), (ii) d'avoir des relevés sur plusieurs placettes en simultané et d'éviter de multiplier les allers-retours sur les placettes (sources de coûts supplémentaires et de davantage d'émissions de gaz à effet de serre), et enfin (iii) de produire des enregistrements qui pourront être conservés et réanalysés dans le futur.

Il est proposé de chercher à réaliser, si possible, une fusion (d'une partie au moins) des données issues des enregistreurs avec les données des points d'écoute en forêt du STOC-EPS[1], a minima pour l'Objectif 1. Combiner ces deux sources pourrait permettre de construire des indicateurs plus robustes et précis.

Des choix méthodologiques et techniques sont à prévoir en amont de la mise en place du suivi pour rendre opérationnelles les propositions du présent document.

Enregistreurs sonores

Réglages et pose

Les propositions méthodologiques présentées ici sont notamment tirées de recommandations issues de la littérature (Darras et al., 2018a). Il est préconisé d'enregistrer, pour l'audible, à une fréquence d'échantillonnage minimale de 44,1 kHz dans un format non compressé. Le rapport signal sur bruit des microphones impacte directement la taille de l'aire de détection d'un enregistreur, ce paramètre est à prendre en compte lors du choix du modèle (Darras et al., 2020). Si le modèle d'enregistreur le permet, il est préférable d'utiliser deux microphones, omnidirectionnels, séparés d'environ 25 cm, orientés dans des directions opposées et positionnés parallèlement au plan du sol. Enregistrer en stéréo permet une spatialisation du son à l'écoute et peut aider à distinguer plusieurs individus d'une même espèce en fonction de leur position, utile pour des estimations de densité ou d'abondance.

L'enregistreur pourrait être fixé sur un piquet installé au centre de la placette. Contrairement à une pose sur un arbre, cela évite qu'il soit endommagé en cas de coupe, permet de le poser dans une coupe rase, et enlève l'impact de la variabilité du diamètre des troncs ou branches – sources d'obstruction du son – sur l'espace de détection des enregistreurs. Il faudrait équiper les piquets de tiges métalliques à leur sommet pour éviter que des oiseaux ne s'y posent. Ce système est néanmoins plus visible, et donc peut-être plus exposé aux vols. S'ils s'avèrent trop fréquent, aller vers une pose sur les arbres.

[1] Protocole : https://www.vigienature.fr/sites/vigienature/files/documents/protocolestoc_eps.pdf

L'orientation de l'appareil ne doit pas être choisie : par exemple, fixer préalablement une orientation pour tous les enregistreurs. Si elle s'avère trop défavorable (obstruction directe par un obstacle, en direction d'une source de bruits parasites type cours ou chute d'eau, route passante…), passer à l'orientation prédéfinie suivante. Noter précisément l'emplacement et l'orientation des enregistreurs posés sur les placettes permanentes pour les installer au même endroit au passage suivant.

Schéma d'enregistrement

Les paramètres de durée et de fréquence d'enregistrement sont à optimiser en fonction des capacités de la batterie et du stockage, variables selon le modèle d'enregistreur choisi. Dans le cas d'un même enregistreur utilisé pour le suivi des chiroptères et des oiseaux, le réglage est à penser conjointement pour les deux groupes, en anticipant que l'enregistrement dans les ultrasons est plus consommateur en énergie et en stockage. Les conditions environnementales du site peuvent avoir une influence sur la durée de vie des batteries (autonomie plus faible à cause du froid, par exemple).

Afin de faciliter la fusion de ces données avec celles du STOC, il est préconisé de programmer des enregistrements de 5 minutes minimum sur la période entre 06 h et 10 h (durée et créneau des points d'écoute STOC), par exemple toutes les heures. Les autres séquences d'enregistrement pourraient éventuellement être plus courtes et réparties au cours de la journée (pas nécessairement de manière homogène) pour capter des espèces vocalisant à différents moments (et notamment couvrir les espèces nocturnes).

Avec un schéma d'enregistrement simplifié de 5 minutes par heure toutes les heures, cela représente un volume de 62 h d'enregistrement par mois, soit 186 h pour 3 mois et 372 h pour 6 mois. Etant donné les intervalles entre les passages sur site, il faudrait que les enregistreurs aient une autonomie de 3 mois a minima. Parmi les appareils présentés (voir annexe de ce document), il faudrait adjoindre des batteries externes à l'Audiomoth et certainement au Passive recorder pour que leur autonomie soit suffisante. Les autres enregistreurs seraient a priori capables de tenir sur 3, voire 6 mois (sauf pour le Chorus et l'Aja) sans changement de batteries.

Récupération des données et maintenance

Le transfert des données à distance n'est pas pris en charge nativement par la plupart des modèles, et la couverture réseau ainsi que le coût des transferts rendent cela a priori peu envisageable pour le moment. Il faudra prévoir de changer les cartes SD (ou de décharger les données) et de remplacer les batteries au deuxième passage (voire de changer les enregistreurs entiers, si modèle peu coûteux). Les enregistreurs seront déployés pendant plusieurs mois, les capteurs peuvent subir les intempéries et se dégrader fortement au fil du temps, jusqu'à ne plus être capables d'enregistrer les sons avec un rapport signal sur bruit suffisant (Turgeon et al., 2017). Il faudra prévoir, en fonction du modèle, s'il y a un risque de forte dégradation et comment les capteurs défaillants peuvent être détectés et remplacés lors du deuxième passage, ou s'il faut éventuellement seulement changer les éléments de protection.

Dans tous les cas, regrouper les enregistreurs après la saison de terrain pour les tester en atelier, changer les microphones défaillants et, plus généralement, entretenir le matériel.

Modèle d'enregistreur

Plusieurs modèles d'enregistreurs existent et sont à comparer avant de procéder à un choix pour un déploiement de grande envergure. Le suivi des chiroptères emploie également des enregistreurs (cf. protocole II-H), il serait judicieux de privilégier un appareil compatible à une utilisation pour les deux groupes afin de réduire les coûts. Il faudra déterminer, en fonction du modèle d'enregistreur, le type d'alimentation, de micro et le mode de protection face aux intempéries. Une liste (non exhaustive) de modèles d'enregistreurs sonores est proposée en annexe de ce document.

Une option proposée est d'utiliser des Audiomoth. Ces enregistreurs ont l'avantage d'être peu coûteux et sont compatibles pour un enregistrement des oiseaux et des chiroptères. Ils ne permettent néanmoins pas d'enregistrer en stéréo. Pour une pose de longue durée, il faudrait leur adjoindre une batterie externe et les protéger de l'humidité avec une coque conçue sur-mesure, du silica-gel et une membrane Gore (protection des micros sans perte importante de la qualité acoustique). Les micros (soudés) ne peuvent pas être facilement changés sur le terrain[2], mais équipés d'une bonne protection face à l'humidité, ils pourraient tenir sur une saison de pose. Lors du 2ème passage, il faudrait prévoir de vérifier et changer les membranes aux premiers signes d'affaiblissement, remplacer les batteries et rétablir l'horloge interne des appareils (réinitialisée suite à cette opération) à l'aide d'une application dédiée sur smartphone. Une alternative pour limiter les éventuels problèmes liés à la dégradation des micros serait de changer l'enregistreur complet au 2ème passage (intéressant également si l'on souhaite changer de programme d'enregistrement entre deux passages, notamment pour les chiroptères[3]). Il faudrait dans ce cas acquérir le double d'enregistreurs (mais cela resterait certainement moins coûteux qu'un seul lot d'enregistreurs « professionnels »).

Afin de réduire les biais liés à une hétérogénéité dans le matériel utilisé et les réglages choisis, il est important de choisir au maximum des modèles (enregistreurs, microphones) identiques sur l'ensemble du plan d'échantillonnage et entre les années. Si un changement de matériel ou de réglage doit survenir, déployer l'ancienne et la nouvelle version du système d'enregistrement sur de mêmes points pendant au moins une année peut permettre de construire des facteurs de correction pour prendre en compte les différences. La calibration (voir ci-après) peut également permettre de standardiser les résultats.

Calibration

Afin de produire des métriques fiables et comparables exprimant un nombre d'observations par rapport à une aire donnée, il est nécessaire de connaître l'aire échantillonnée et donc l'aire de détection d'un enregistreur. Prendre en compte ce facteur est un préalable pour le calcul d'indices de densité ou d'abondance et permet d'appliquer des facteurs de correction pour comparer des données entre sites, avec des points d'écoute ou avec du matériel différent (lors d'un changement de matériel au cours du suivi par exemple). Le profil de détectabilité d'un enregistreur varie, entre autres, en fonction du bruit ambiant, de l'habitat (atténuation du son), de la fréquence et de l'intensité du son émis (et donc de l'espèce), de l'état de dégradation des microphones, etc. Une calibration des enregistreurs permet (i) de calculer leur profil de transmission et d'estimer leur rayon de détection dans des conditions données (Darras et al., 2016; Haupert et al., 2023), et (ii) d'aider à l'estimation de la distance des oiseaux sur des enregistrements, permettant de faire du distance sampling (Darras et al., 2018b). L'estimation de la distance d'un individu peut néanmoins être biaisée par la variabilité de l'intensité sonore des vocalisations (entre espèces ou au sein d'une même espèce) et par l'orientation de l'oiseau par rapport à l'enregistreur. Des travaux de modélisation et à terme l'utilisation d'une base de données de distances de vocalisations (voir ci-dessous) pourraient aider à réduire ces biais.

Mesure de l'espace de détection d'un enregistreur : sur chaque placette, démarrer un enregistrement et diffuser, au minimum : quatre fréquences sonores en tons purs à volume constant, à quatre distances (à incréments doublés) de l'enregistreur dans la même direction, face à l'appareil. Prévoir 5 à 15 minutes pour réaliser cette opération. Si les opérateurs ont le temps, répéter l'opération dans

[2] Il est possible d'adjoindre des microphones externes à l'Audiomoth, plus facilement remplaçables, mais ces modèles sont moins efficaces pour le suivi des chiroptères et sont susceptibles de se dégrader plus rapidement.

[3] Le programme de réglage des Audiomoth ne permet pas de faire varier les schémas d'enregistrement au cours de l'année, pour l'adapter aux chiroptères par exemple. Si seul ce point est bloquant, prévoir éventuellement d'y travailler avec les développeurs, ou d'emmener un ordinateur pour reconfigurer l'appareil sur le terrain.

une deuxième direction (fixée), à l'opposé à la première. Utiliser un télémètre pour mesurer les distances, ou un ruban métrique de 50 m pour les cas où il ne fonctionne pas. A faire en même temps que la calibration ultrasonore (cf. protocole II-H). Cette opération permettra ensuite de construire la courbe de propagation du son dans ce site en fonction de la distance à l'enregistreur. Déterminer l'aire de détection de l'enregistreur revient à déterminer la distance à laquelle un son émis ne peut plus être distingué du bruit ambiant, c'est-à-dire l'intersection de la courbe de propagation du son avec le niveau sonore ambiant. Il faut donc prévoir d'enregistrer une courte séquence du son ambiant au moment de la calibration.

Une alternative future (encore à développer) à la calibration in-situ pourrait être d'inférer, par exemple par deep learning, l'espace de détection en un point à partir de données LiDAR (cf sous-maquette II-i), si l'obtention de données LiDAR est plus aisée que les calibrations.

Mesure de la sensibilité des microphones : Prévoir, sur tous les appareils utilisés pour le suivi, de tester la sensibilité des microphones avant et après déploiement (peut être fait en atelier, avec le matériel regroupé). Cela permet de mesurer la détérioration des micros au cours de la pose, à appliquer comme élément de correction sur les courbes de propagation du son pour prendre en compte la variation de l'aire de détection au cours du temps due à la baisse de sensibilité des micros (tout en évitant de répéter trop de fois le processus chronophage de calibration sur le terrain) (Turgeon et al., 2017).

Base de données de distances de vocalisations

Il est proposé de travailler en parallèle à la constitution d'une base de données compilant des enregistrements de référence de vocalisations de différentes espèces à des distances connues (pour du matériel d'enregistrement connu), dans différents habitats. Cela permettrait à terme d'utiliser ces séquences pour entraîner des modèles à estimer automatiquement la distance d'un individu enregistré. Il faudrait pour cela réaliser simultanément des enregistrements (à l'aide du même matériel que pour le suivi) et des points d'écoute. Au cours de ces points d'écoute, les opérateurs mesureraient la distance entre l'enregistreur et un maximum d'oiseaux entendus et repérés visuellement, à l'aide d'un télémètre. Les distances mesurées seraient par la suite associées aux séquences sonores correspondantes. Ce travail pourrait se faire sur des points indépendants ou éventuellement sur un sous-échantillon des relevés multi-taxons, sur lesquels des ornithologues interviendraient, ou sur des points du STOC en forêt, pour lesquels des enregistreurs seraient fournis aux observateurs intéressés. Il faudrait également mesurer l'espace de détection des enregistreurs.

Temporalité des opérations

- Premier passage (15 mars – 15 avril en plaine, cf. II-C) : pose des enregistreurs ; faire une calibration si le peuplement de la placette est composé de plus de 30% de feuillus (mesure de l'espace de détection en conditions sans feuilles), ou s'il est prévu de changer l'enregistreur au second passage.
- Second passage (15 mai – 30 juin en plaine) : changement des batteries et des cartes SD, éventuellement des éléments de protection des capteurs, si possible vérification de l'état des micros et remplacement si nécessaire – voire remplacement complet des enregistreurs. Calibration sur toutes les placettes.
- Troisième passage (septembre-octobre) : récupération du matériel, déchargement des enregistrements.
- Automne - hiver (en atelier) : mesure de la sensibilité des micros (après dépose puis avant pose de l'année suivante), vérification du matériel, réparations, changement des microphones si besoin.

Analyse officielle des données

Le traitement des données comprend notamment une phase d'exploitation des enregistrements (calcul de l'aire de détection des enregistreurs, identification des vocalisations et si possible de leur distance) puis une analyse des résultats pour la production de métriques.

Exploitation des enregistrements

Identification par des spécialistes

Afin de se rapprocher de la méthodologie du STOC pour faciliter la fusion avec leurs données, faire identifier une partie des enregistrements par des ornithologues (écoute et analyse visuelle des sonagrammes). Tirer aléatoirement, pour chaque site, une séquence de 5 minutes pour chaque période de passage du STOC (01/03 – 31/03 ; 01/04 – 08/05 ; 09/05 – 15/06), entre une et quatre heures après le lever du soleil. Si la séquence s'avère peu exploitable (bruits parasites liés au vent, à la pluie, anthropophonie…), en tirer une autre. Cela représenterait environ 5475 min[4] - soit un peu plus de 91 h - d'enregistrements à analyser chaque année. Compter le double en temps de travail. Vérifier et annoter les résultats de l'identification automatique sur ces séquences (voir ci-dessous).

Identification automatique

Les outils d'identification automatique basés sur l'intelligence artificielle deviennent suffisamment fiables et leurs résultats standardisables pour pouvoir être utilisés en routine. L'automatisation permet notamment d'épargner des tâches répétitives et chronophages d'identification manuelle et d'éviter les effets observateurs associés tout en traitant de gros volumes de données. Des espèces rares ou vocalisant peu fréquemment ont ainsi plus de chances d'être captées, ce qui augmente le nombre d'espèces détectées (Ware et al., 2023).

Il faudra prévoir de vérifier les résultats du modèle sur un sous-échantillon des séquences pour mesurer l'efficacité de la technique (par exemple, rappel et précision de l'algorithme, par espèce) et intégrer ce facteur dans l'analyse des données. Les séquences traitées manuellement pour jointure avec le STOC pourront servir de base, à compléter avec des séquences tirées sur d'autres période du jour et de l'année. Ces séquences annotées pourront ensuite servir à alimenter et améliorer le modèle. Il faudrait envisager de répéter l'analyse des enregistrements au gré de l'amélioration des algorithmes (ou en cas de transition vers un autre modèle plus efficient) afin d'obtenir des séries temporelles homogènes. C'est un champ évoluant rapidement, prévoir de choisir le modèle le plus performant d'ici la mise en place du suivi. BirdNET (Kahl et al., 2021) s'avère déjà efficace (Sethi et al., 2023) et pourrait être une option.

Il est également possible de conjuguer un modèle couvrant une large gamme d'espèces avec des modèles conçus spécifiquement pour certains groupes, afin d'améliorer la précision pour ceux-ci. Les Picidae, sélectionnés par l'analyse multicritères à la résolution taxinomique « INFRA » (cf. Chapitre 5), ont par exemple fait l'objet de travaux à ce sujet (détection et identification des tambourinements et des vocalisations) (Florentin et al., 2020; Vidaña-Vila et al., 2020), tout comme les rapaces nocturnes (Shonfield et al., 2018; Duchac et al., 2020; Freitas et al., 2023). Il faudrait alors appliquer tour à tour les différents modèles, du plus spécifique au moins spécifique, en retirant à chaque étape les séquences identifiées.

Gestion des données

L'utilisation en routine d'un grand nombre d'enregistreurs produit une quantité importante de données à organiser, visualiser, annoter, analyser, archiver. L'utilisation d'une plateforme dédiée peut

[4] 5 minutes par séquence * 3 passages *365 placettes = 5475 minutes au total.

faciliter le flux de travail et la coopération entre les différents utilisateurs – par exemple ecoSound-web (Darras et al., 2023) ou Tadarida (Bas et al., 2017), logiciel déjà utilisé par Vigie-Chiro qui peut être adapté pour les oiseaux. Il faudra prévoir de stocker sur le long terme les enregistrements et les données traitées (voir par exemple, comme Vigie-Chiro, avec l'Institut national de physique nucléaire et de physique des particules (IN2P3) à Lyon, ou à prévoir dans le cadre du projet Surveillance de la biodiversité terrestre).

Analyse des données identifiées

Prise en compte de la détectabilité

Ne pas entendre une espèce sur un enregistrement ne signifie pas nécessairement qu'elle est absente du site, mais potentiellement qu'elle n'a pas été détectée (faux négatif). Analyser des enregistrements pris sur différents jours en un même site et incorporer les paramètres influençant la détectabilité (profil de transmission issu de la calibration, conditions météo, niveau de bruit ambiant…) peut permettre d'estimer des probabilités de détection, à incorporer ensuite dans le calcul des indicateurs.

Densité et abondance

Plusieurs méthodes existent pour aller au-delà de la présence-absence et obtenir des mesures de densité ou d'abondance à partir d'enregistrements (Darras et al., 2019; Pérez-Granados and Traba, 2021), mais leur application pour un suivi à long terme sur un grand nombre d'espèces est encore à développer. Une mesure simple à mettre en œuvre tirée des travaux de Darras et al. (2018b) pourrait être de mesurer l'abondance d'une espèce d'après le nombre maximal d'individus vocalisant simultanément. Il faudrait déterminer comment faire de telles mesures avec des techniques d'identification automatique.

Production de métriques

Des travaux impliquant des acteurs de la recherche sont à prévoir pour exploiter rigoureusement les données issues d'enregistreurs, notamment pour prendre en compte la détectabilité, l'efficacité de l'identification automatique puis pour construire des métriques appropriées à décliner en indicateurs temporels.

Deux métriques conjointes pourraient être produites et actualisées en parallèle :

- D'une part, les données issues de l'identification manuelle seraient à fusionner avec les données du STOC en forêt pour produire une métrique commune.
- D'autre part, une autre métrique pourrait être construite à partir des résultats de l'identification automatique appliquée sur la totalité du jeu de données et à partir des espaces de détection mesurés, pour fournir des abondances ou densités d'activités.

L'analyse régulière des données pourrait être assurée par le STOC ou le CESCO, ou par un organisme qui serait responsable de ces analyses pour plusieurs groupes taxonomiques, par exemple au sein programme de la Surveillance de la biodiversité terrestre (OFB/PatriNat). Il semble également important de prévoir une mise à disposition des données pour que différentes structures et équipes de recherche puissent les exploiter.

Opérateurs

Les équipes de l'Inventaire forestier (IGN) pourraient être en charge des opérations de terrain concernant les enregistreurs (cf. II-C), moyennant une formation préalable.

Prévoir un poste pour une personne référente oiseaux et chiroptères (niveau ingénieur), en charge de superviser le déploiement des capteurs, la vérification/réparation du matériel hors saison, la gestion

des données. Sa structure de rattachement serait à déterminer (éventuellement au sein de la Surveillance de la biodiversité terrestre). Elle participerait également au terrain sur une partie des placettes. Il faudrait une personne compétente en ornithologie, qui pourrait être chargée de faire des points d'écoute pour alimenter la base de données de distances de vocalisations. Elle pourrait également travailler à l'identification des oiseaux sur les sous-échantillons de séquences, à la validation de l'identification automatique et à l'alimentation d'une base de données pour entraîner le(s) modèle(s). En fonction de la charge de travail, faire éventuellement intervenir d'autres spécialistes sur ces derniers aspects.

Pour alimenter la base de données de distances de vocalisations, suite à la sélection des sites sur lesquels faire des points d'écoute, il pourrait également être demandé à des ornithologues locaux de participer à ce travail. Ils pourraient par exemple être recrutés dans le réseau d'observateurs du STOC, au sein d'associations ou au sein du réseau Avifaune de l'ONF en forêt publique.

Annexe – Quelques modèles d'enregistreurs acoustiques

Plusieurs modèles d'enregistreurs acoustiques automatiques sont présentés ici, potentiellement utilisables pour le suivi par enregistrement des oiseaux. Les durées d'enregistrement sont données à titre indicatif, elles peuvent varier selon les conditions ambiantes et certains aspects techniques (type de batteries et de carte SD par exemple). Les prix indiqués sont donnés pour mai 2023, ils peuvent évoluer et n'incluent pas les batteries ni les cartes SD. Voir Metcalf et al. (2023), Table 2.1, pour un tableau récapitulatif incluant certains des modèles ci-dessous.

- Audiomoth[5] : enregistreur peu coûteux, de petite taille, technologie open-source, modifiable, permet d'enregistrer de l'audible à l'ultrasonore (mono uniquement). Privilégier le modèle de développement pour une meilleure flexibilité sur l'ajout de périphériques externes (notamment batteries). Il permet d'enregistrer environ 187 h dans l'audible avec une option d'alimentation classique (3 batteries de 3600 mAh), et bien plus si on y adjoint des batteries externes. Son prix est d'environ 76 € pour une carte seule (acquisition plus rentable via des achats groupés lancés régulièrement) et environ 200 €[6] pour une configuration adaptée à une pose longue (nécessiterait d'être développée et assemblée).
- Passive Recorder[7] : un enregistreur à fabriquer soi-même basé sur des cartes Teensy. Conçu principalement pour capturer les ultrasons des chiroptères, il couvre également le domaine de l'audible et peut être utilisé pour le suivi des oiseaux. Il existe en version mono ou stéréo (avec possibilité de déporter le micro sur plusieurs mètres). Les informations de la documentation sur l'autonomie ne concernent que de l'enregistrement dans l'ultrasonore : un appareil, sur batteries internes, peut fonctionner sur 4 à 5 nuits minimum. Une utilisation dans l'audible requiert moins d'énergie et devrait permettre une plus grande autonomie. Il est également possible d'alimenter l'appareil avec une batterie externe pour augmenter son autonomie. Un enregistreur revient à 100 € environ. Les micros (quelques euros) peuvent être testés et changés, moyennant une opération de soudure.

[5] https://www.openacousticdevices.info/audiomoth

[6] Exemple de version adaptée à la pose longue, à concevoir et assembler (proposée par Kevin Darras, UR EFNO, INRAE) : Audiomoth dev (76 €) ; boîtier sur-mesure (15-30 €, estimé) ; carte SD de 512 GB (50 €) ; sangles, vis, élastiques (LEDs en option) (5 €), batterie de 10000 mAh (Li-ion ou LiPo) (30 €). Total : 191 €.

[7] https://framagit.org/PiBatRecorderPojects/TeensyRecorders

- Les produits de la gamme Song Meter (Wildlife Acoustics)[8] : enregistreurs plus coûteux, de bonne qualité. Modèles adaptés :
    - Song Meter SM4, 815 €, jusqu'à 510 h d'enregistrement. Audible seulement. Stéréo possible.
    - Song Meter Mini, 450 €, environ 1000 h d'enregistrement dans l'audible. Stéréo possible, moyennant l'ajout d'un second micro (70 €).
    - Song Meter Mini Bat, 710 €, environ 1000 h d'enregistrement dans l'audible. Equipé de base d'un micro dans l'ultrasonore, il peut également être équipé d'un second micro dans l'audible (70 €).
- BAR-LT (Frontier Labs)[9] : enregistrement seulement dans l'audible, stéréo possible (nécessite l'achat d'un micro supplémentaire, environ 50 €). Permet d'enregistrer environ 840 h (en mono) en continu dans l'audible. Coûte environ 600 € avec un seul microphone.
- Chorus (Titley)[10] : environ 500 €, enregistre dans l'audible et, moyennant l'ajout d'un second micro (environ 220 €) dans l'ultrasonore également ou en stéréo dans l'audible. Jusqu'à 300 h d'autonomie dans l'audible. C'est un produit relativement récent, il y a encore peu d'utilisations documentées.
- SwiftOne (Cornell Lab of Ornithology)[11] : Environ 320 € pièce et 550 h d'enregistrement à 48 kHz. Enregistrement seulement dans l'audible, en mono.
- L'Aja, permet de faire un suivi acoustique et du microclimat, il peut être opéré en sous-traitance ou acheté avec l'entreprise foldAI[12] (prix à déterminer). Dans le cadre d'un projet de recherche, ces appareils ont été posés pour une période de 6 mois avec une maintenance de 3 mois. Un modèle alimenté par un panneau solaire est en cours de test.
- Le Leko[13] enregistreur proposé par la filiale Birdz de Veolia. Il est relativement autonome car il est alimenté par un capteur solaire intégré (efficacité en forêt à déterminer). Proposé à la location. Son poids important (12 kg) rend néanmoins son déploiement sur des points peu accessibles difficilement envisageable. Il est interopérable car il intègre un modem GSM. Il est conçu pour automatiser l'identification en direct (principalement des chiroptères) et donc fournir des données prétraitées, il est encore peu adapté pour de l'identification automatisée des oiseaux (travail en cours).

Bibliographie

Bas, Y., Bas, D., Julien, J.-F., 2017. Tadarida: A Toolbox for Animal Detection on Acoustic Recordings. J. Open Res. Softw. 5 (1), 6.

Darras, K., Batáry, P., Furnas, B., Celis-Murillo, A., van Wilgenburg, S.L., Mulyani, Y.A., Tscharntke, T., 2018a. Comparing the sampling performance of sound recorders versus point counts in bird surveys: A meta-analysis. J. Appl. Ecol. 55 (6), 2575–2586.

Darras, K., Batáry, P., Furnas, B.J., Grass, I., Mulyani, Y.A., Tscharntke, T., 2019. Autonomous sound recording outperforms human observation for sampling birds: a systematic map and user guide. Ecol. Appl. 29 (6), e01954.

[8] https://www.wildlifeacoustics.com/
[9] https://www.frontierlabs.com.au/bar-lt
[10] https://www.titley-scientific.com/eu/products/anabat-systems/chorus
[11] https://www.birds.cornell.edu/ccb/swift-one/
[12] https://fold.ai/consulting/
[13] https://www.birdz.com/nos-expertises/capteurs-iot/

Darras, K., Furnas, B., Fitriawan, I., Mulyani, Y., Tscharntke, T., 2018b. Estimating bird detection distances in sound recordings for standardizing detection ranges and distance sampling. Methods Ecol. Evol. 9 (9), 1928–1938.

Darras, K., Pütz, P., Fahrurrozi, Rembold, K., Tscharntke, T., 2016. Measuring sound detection spaces for acoustic animal sampling and monitoring. Biol. Conserv. 201, 29–37.

Darras, K.F., Pérez, N., [Pas de nom !], M., Dilong, L., Hanf-Dressler, T., Markolf, M., Wanger, T.C., 2023. ecoSound-web: an open-source, online platform for ecoacoustics [version 2; peer review: 2 approved]. F1000Res. 9 (1224).

Darras, K.F.A., Deppe, F., Fabian, Y., Kartono, A.P., Angulo, A., Kolbrek, B., Mulyani, Y.A., Prawiradilaga, D.M., 2020. High microphone signal-to-noise ratio enhances acoustic sampling of wildlife. PeerJ 8, e9955.

Duchac, L.S., Lesmeister, D.B., Dugger, K.M., Ruff, Z.J., Davis, R.J., 2020. Passive acoustic monitoring effectively detects Northern Spotted Owls and Barred Owls over a range of forest conditions. Condor 122 (3).

Florentin, J., Dutoit, T., Verlinden, O., 2020. Detection and identification of European woodpeckers with deep convolutional neural networks. Ecol. Inform. 55, 101023.

Freitas, B., Bas, Y., Robert, A., Doutrelant, C., Melo, M., 2023. Passive acoustic monitoring in difficult terrains: the case of the Principe Scops-Owl. Biodivers. Conserv. 32 (10), 3109–3132.

Haupert, S., Sèbe, F., Sueur, J., 2023. Physics-based model to predict the acoustic detection distance of terrestrial autonomous recording units over the diel cycle and across seasons: Insights from an Alpine and a Neotropical forest. Methods Ecol. Evol. 14 (2), 614–630.

Kahl, S., Wood, C.M., Eibl, M., Klinck, H., 2021. BirdNET: A deep learning solution for avian diversity monitoring. Ecol. Inform. 61, 101236.

Metcalf, O., Abrahams, C., Ashington, B., Baker, E., Bradfer-Lawrence, T., Browning, E., Carruthers-Jones, J., Darby, J., Dick, J., Eldridge, A., Elliott, D., Heath, B., Howden-Leach, P., Johnston, A., Lees, A., Meyer, C., Ruiz Arana, U., Smyth, S., 2023. Good practice guidelines for long-term ecoacoustic monitoring in the UK.

Pérez-Granados, C., Traba, J., 2021. Estimating bird density using passive acoustic monitoring: a review of methods and suggestions for further research. Ibis (Lond 1859) 163 (3), 765–783.

Sethi, S.S., Bick, A., Chen, M.-Y., Crouzeilles, R., Hillier, B.V., Lawson, J., Lee, C.-Y., Liu, S.-H., Freitas Parruco, C.H. de, Rosten, C., Somveille, M., Tuanmu, M.-N., Banks-Leite, C., 2023. Automatic vocalisation detection delivers reliable, multi-faceted, and global avian biodiversity monitoring.

Shonfield, J., Heemskerk, S., Bayne, E.M., 2018. Utility of Automated Species Recognition For Acoustic Monitoring of Owls. J. Raptor Res. 52 (1), 42.

Turgeon, P.J., van Wilgenburg, S.L., Drake, K.L., 2017. Microphone variability and degradation: implications for monitoring programs employing autonomous recording units. Avian Conserv. Ecol. 12 (1).

Vidaña-Vila, E., Navarro, J., Alsina-Pagès, R.M., Ramírez, Á., 2020. A two-stage approach to automatically detect and classify woodpecker (Fam. Picidae) sounds. Appl. Acoust. 166, 107312.

Ware, L., Mahon, C.L., McLeod, L., Jetté, J.-F., 2023. Artificial intelligence (BirdNET) supplements manual methods to maximize bird species richness from acoustic data sets generated from regional monitoring. Can. J. Zool.

II-J

Objectif 1 - Sous-Maquette Gastéropodes terrestres

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Frédéric Gosselin (INRAE UR EFNO) sur la base d'échanges avec Xavier Cucherat (Arion.idé sarl).

Attentes

Il s'agira pour cet objectif de pouvoir estimer l'état et la dynamique de parties de la biodiversité en forêt à l'échelle de la France métropolitaine.

Il est envisageable d'étendre cette question à :

- L'échelle de grandes régions voire de territoires plus restreints, si la pression d'échantillonnage est intensifiée à ces niveaux.
- La biodiversité forestière si on restreint l'analyse aux espèces à fort degré d'affinité à la forêt.

A l'inverse on n'envisage pas dans PASSIFOR2 d'étendre cette question :

- A l'outre-mer (nous n'avons pas les compétences et les données)

Caractéristiques attendues :

- **Forêt** : ensemble des forêts métropolitaines, selon la définition de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), adoptée en 2005 par l'inventaire forestier de l'IGN. Sont considérées comme forêts *« les terres occupant une superficie de plus de 0,5 hectare avec des arbres atteignant une hauteur supérieure à 5 mètres et un couvert arboré de plus de 10 %, ou avec des arbres capables d'atteindre ces seuils in situ »*. Cela comprend toutes les forêts, récentes comme anciennes, y compris les forêts hors production (inaccessibles, en réserve intégrale…). Les milieux aquatiques intra-forestiers de grande taille (occupation du sol de type « Eau continentale ») ne sont pas inclus, ainsi que d'autres occupations du sol (par exemple, couverture artificialisée ; cf. Inventaire Forestier, 2005, variable CSLISI).
- **Couverture taxonomique** : gastéropodes terrestres (escargots et limaces).
- **Métrique de biodiversité** : la métrique centrale que nous proposons a trait à l'évolution temporelle de la moyenne entre espèces de l'abondance de chaque espèce. Ce choix provient des trois arguments suivants :
    - Cette métrique est sous-jacente aux indicateurs de biodiversité interspécifique commune les plus utilisés (exemple : indicateur oiseaux de type STOC et divers autres indicateurs Vigie Nature ; indicateur Living Planet Index…).
    - L'analyse de van Strien et al. (2012) indique que la moyenne géométrique de l'abondance est la métrique de biodiversité qui a les meilleures propriétés mathématiques en tant qu'indicateur de biodiversité pourvu qu'on se concentre sur les espèces communes, tandis que les nouveaux indices extensions de la moyenne géométrique de Korner-Nievergelt et al. (2022)s'appliquent à toutes les espèces.
    - McCarthy et al. (2014) montrent que ces types de métriques peuvent être reliées avec le risque d'extinction dans la communauté.

- **Mesure de biodiversité** : en conséquence des choix faits pour les métriques de biodiversité, nous chercherons en priorité à mesurer l'abondance des espèces, et à défaut leur présence-absence. D'autres données de biodiversité peuvent en principe être envisagées.
- **Dimension temporelle** : l'objectif est de pouvoir estimer des tendances temporelles sur des périodes de 5 à 10 ans environ (notamment en lien avec le rapportage de la directive habitat). Il n'y a pas de prérequis du point de vue de la profondeur temporelle passée des données, mais le plus ancien sera le mieux.

Analyse de l'existant

Les dispositifs retenus sont analysés vis-à-vis des objectifs définis dans le cadre de ce projet (voir les grilles d'analyse des dispositifs en annexes), qui peuvent être différents de ceux ayant prévalus à la conception des dispositifs. Ce n'est par conséquent pas une évaluation des dispositifs considérés.

Critère	LPO- données opportunistes
Echantillonnage spatial	
Echantillonnage temporel	
Types de placettes	
Types de données de biodiversité	
Mesure de la biodiversité	
Variables environnementales et de gestion	

Figure 1- Adéquation aux critères définis pour PASSIFOR-2 du seul dispositif collectant des données sur la biodiversité des gastéropodes terrestres. Pour chaque critère, différentes attentes ont été évaluées comme suit : vert : le dispositif répond complètement à la demande de l'objectif, jaune : il répond imparfaitement à la demande tel quel et demande des corrections, rouge : il ne peut pas répondre à la demande.

Le dispositif LPO- données opportunistes n'a globalement pas les qualités nécessaires pour figurer dans le cœur de la sous-maquette. Il manque notamment d'un échantillonnage représentatif, d'un type de données qui permette une estimation statistique en laquelle nous pouvons avoir confiance (ici nous avons essentiellement des données de présence seule) et de l'existence d'un protocole pour le relevé de la biodiversité.

Proposition de cœur de la sous-maquette

Pour les gastéropodes terrestres dans l'objectif 1, nous proposons de les mesurer sur les relevés multitaxons (cf. II-C).

Les moyens humains associés à la collecte de données sur le terrain sont évoqués dans le plan d'échantillonnage multitaxons (cf. II-C). Le matériel de terrain est quant à lui évoqué dans le protocole gastéropodes terrestres. Il en faudrait pour environ 25 équipes.

Pour ce qui est de la phase de prise en charge pour la détermination (cf. protocole gastéropodes), il faudrait prévoir environ 114 jours de travail (pour les 365 placettes annuelles prévues dans ???).

Pour ce qui est du traitement des données, ce sera probablement à articuler avec le programme « Surveillance de la Biodiversité Terrestre » ou à prendre en charge par une structure qui s'occuperait de l'analyse de données d'autres taxons.

Proposition de compléments au cœur de la sous-maquette

Le réseau LPO – données opportunistes pourrait compléter ce cœur de maquette s'il contient beaucoup plus de données sur les gastéropodes terrestres en forêt que les données générées par le coeur de maquette. Des méthodes de fusion de données hétérogènes vérifiant la cohérence des deux types de données (cf. I-6) pourront être utilisées à cet effet.

Développements méthodologiques et de recherche nécessaires

- En parallèle de la mise en place de ce protocole, un projet méthodologique pourra comparer sur une partie des placettes les résultats obtenus par ce protocole avec ceux de meta-barcoding de fragments d'échantillons de gastéropodes prélevés et ceux des résultats de l'analyse de l'ADNe du sol – notamment de sa couche superficielle (cf. II-K). Il s'agira de comparer les listes d'espèces mais aussi les tendances temporelles estimées et leur précision pour les deux types de données (abondance avec le présent protocole, a priori présence-absence avec des outils moléculaires).

Références bibliographiques

References

Heinken, T., Diekmann, M., Liira, J., Orczewska, A., Schmidt, M., Brunet, J., Chytrý, M., Chabrerie, O., Decocq, G., Frenne, P. de, Dřevojan, P., Dzwonko, Z., Ewald, J., Feilberg, J., Graae, B.J., Grytnes, J.-A., Hermy, M., Kriebitzsch, W.-U., Laiviņš, M., Lenoir, J., Lindmo, S., Marage, D., Marozas, V., Niemeyer, T., Paal, J., Pyšek, P., Roosaluste, E., Sádlo, J., Schaminée, J.H., Tyler, T., Verheyen, K., Wulf, M., Vanneste, T., 2022. The European Forest Plant Species List (EuForPlant): Concept and applications. J. Veg. Sci. 33 (3).

Inventaire Forestier, N., 2005. IMOT - Instructions pour les mesures et observations de terrain, 184 pp.

Korner-Nievergelt, F., Strebel, N., Buckland, S.T., Freeman, R., Gregory, R.D., Guélat, J., Isaac, N.J., Mc Rae, L., Roth, T., Schirmer, S., Soldaat, L.L., Voříšek, P., Sattler, T., 2022. Multi-species population

indices for sets of species including rare, disappearing or newly occurring species. Ecological Indicators 140, 109005.
McCarthy, M.A., Moore, A.L., Krauss, J., Morgan, J.W., Clements, C.F., 2014. Linking Indices for Biodiversity Monitoring to Extinction Risk Theory. Conserv. Biol. 28 (6), 1575–1583.
van Strien, A.J., Soldaat, L.L., Gregory, R.D., 2012. Desirable mathematical properties of indicators for biodiversity change. Ecol. Indic. 14 (1), 202–208.

II-J

Protocole Gastéropodes terrestres

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Frédéric Gosselin (INRAE UR EFNO) et Xavier Cucherat (Arion.idé sarl)

Préambule

Ce protocole s'inspire de l'expérience de X. Cucherat, de ce qui est fait par le volet malacologique du suivi de la biodiversité suisse[1] et de ce qui est déployé par Orchamp sur le sujet (Combrisson et al., 2020). Nous avons aussi consulté Labaune and Magnin (2001) et Labaune and Magnin (2002) mais avons privilégié les choix de X. Cucherat, inspirés de protocoles mis en place dans d'autres forêts Européennes, qui permettent d'avoir un protocole relativement léger qui permet un déploiement sur un grand nombre de placettes.

Couverture taxonomique

Le protocole concerne les gastropodes terrestres (escargots et limaces). La prise en compte des limaces implique de maitriser l'identification des taxons nationaux. Il faudra vérifier la disponibilité de telles compétences pour ce faire ou former les personnes impliquées dans le suivi pour une montée en compétence.

Relevé de terrain

Nous nous sommes basés sur les trois sources mentionnées en préambule.

Saison

Nous proposons un relevé lors du passage d'automne (cf. plan d'échantillonnage), entre Septembre et les premières gelées, par temps humide *[à définir et rendre opérationnel dans le protocole définitif : basé sur la présence de brouillard, sur un temps pluvieux ou sur un temps couvert avec de la pluie les jours précédents]*

Placette et relevés

Nous proposons d'effectuer les relevés sur la même surface que celle du relevé floristique (environ 700 m², 15m de rayon autour du centre).

Sur la placette sélectionnée, il s'agira :

- D'effectuer 8 prélèvements surfaciques de 25*25 cm distribués de manière systématique aux huit moyennes pondérées (par la surface de la couronne associée) des rayons de la zone des 8 zones de même surface (4 quarts de cercles et 4 quarts de couronne) positionnées en

[1] https://biodiversitymonitoring.ch/images/dokumente/daten/anleitungen/1750%20Anleitung%20Z9-Moll%20Feld%20v17_fr.pdf

quinconce : quatre à 7.07 m du centre dans les directions cardinales et 4 au NW, NE, SW et SE à 12.93m du centre. Dans ces quadrats, la végétation dressée, la litière et le haut du sol jusqu'aux trois premiers centimètres du premier horizon de sol comprenant du sol minéral sont prélevés. Le tout est ensuite tamisé dans un tamis Winkler. Le refus de tamis est jeté après avoir inspecté la présence d'individus de grosse taille. L'opération est conduite de la même manière pour les autres quadrats et au bout des 8 quadrats, le matériau tamisé accumulé est mis en sachet. Il devrait y avoir moins de 6 litres environ.

    - Ces prélèvements ne sont déplacés que s'ils tombent sous une pierre qu'on ne peut pas déplacer ou en plein milieu d'un arbre. Dans ce cas on suivra des règles standardisées pour le déplacement afin d'éviter tout biais et la nouvelle position sera soigneusement notée : ils sont alors déplacés de 50 cm dans la direction du relevé par rapport au centre, puis –si toujours impossible - de 50 cm à +100 grades par rapport à la position initiale et ainsi de suite en ajoutant 100 grades et éventuellement si on a fait le tour, en rajoutant encore 50 cm.

- D'effectuer une recherche visuelle des espèces ayant un diamètre supérieur à 5 mm pendant 30 minutes de recherche active (arrêter le chronomètre quand on arrête temporairement la recherche visuelle). Ces espèces seront recherchées sous les différents micro-habitats (bois mort, pierres, etc.) et sur les troncs (jusqu'à 2 m de haut). Les individus récoltés seront mis dans un pilulier (boite suffisamment grande). Il s'agira de de collecter au plus trois individus par morphoespèce, pour éviter les défaunations. Les limaces seront mises dans un pilulier à part. Possibilité d'identification à vue directement sur le terrain si l'observateur connaît bien les espèces, sauf si les échantillons sont amenés à être stockés sur le long terme.

Conditions et outils de prélèvement

Matériel :

- Une paire de gants jetable par opérateur et par placette
- Une griffe de jardinier à main
- Une paire de ciseaux type Fiskar
- Un quadrat de 25 x 25 cm, de préférence en métal
- Un tamis Winkler à maille 10 mm
- Un sachet d'un volume de 6 litres stérile par placette
- Solution de javel à 10% et de l'éthanol ou de l'eau distillée.
- Un carnet de note en papier étanche ou un ordinateur de terrain
- Un marqueur
- Un GPS forestier
- Un ruban métrique de 20 m
- Un sac à dos pour transporter les sachets de litière et le matériel
- Une boussole par opérateur
- Un télémètre laser (pour connaître les limites de la placette rapidement lors de la recherche visuelle)
- 16 piquets en bambou avec une extrémité peinte en peinture fluorescente

Figure 1 : photographies d'une partie du matériel : quadrat de 25 x 25 cm, rateau, tamis winkler (filet), ruban métrique (gauche) et utilisation du ruban métrique pour positionner les lieux de prélèvement et de mesure.

Opérateurs :

Nous proposons que ce soient les équipes qui seront responsables des prélèvements pour les relevés de biodiversité qui effectuent ce prélèvement – a priori les opérateurs de l'Inventaire Forestier. Il faudra qu'elles reçoivent une formation, notamment pour la collecte sur toute la placette. A priori, nous tablons sur deux opérateurs pour ce protocole avec la répartition suivante :

- l'Opérateur A positionne un piquet de bambou au centre des 8 zones de prélèvement surfaciques ainsi qu'à 15 m du centre de la placette dans les 8 directions N, S, E, W et NW, SW, SE, NE.
- si le télémètre laser fonctionne (a priori absence de pluie), l'Opérateur B étalonne le télémètre ;
- l'Opérateur B effectue les 8 prélèvements surfaciques ;
- l'Opérateur A effectue la recherche visuelle sur la surface de 15m de rayon puis va aider l'Opérateur B s'il finit avant lui.

Conditions de prélèvement :

Afin de pouvoir utiliser les échantillons des prélèvements surfaciques pour une analyse par ADN metabarcoding, les précautions suivantes sont à prendre de façon à éviter les contaminations pour les prélèvements surfaciques :

- Décontaminer les outils utilisés pour le prélèvement (une fois au début du relevé de la placette – pas la peine de le faire entre chaque prélèvement surfacique) en les plongeant au moins 10 min dans une solution d'eau de Javel à 10%. Les rincer à l'éthanol ou à l'eau stérilisée pour éliminer les restes de Javel.
- Utiliser des gants (une paire jetable par placette) pour effectuer le relevé.

Ces précautions seront soit appliquées à tous les relevés soit à une sélection de relevés si l'on souhaite comparer metabarcoding et protocole classique sur un sous-échantillon avant déploiement éventuel.

Covariables:

Il faudra disposer de métadonnées pédologiques (type de sol et notamment son acidité ; ces analyses pourront être faites sur le matériau récolté ramené au laboratoire ou sur les prélèvements de sol pour la mycologie ; voir protocole II-K) et relever des données sur la météo pendant et si possible avant le relevé ainsi que le microhabitat des 8 prélèvements surfaciques (y compris une estimation du couvert de la végétation et de sa hauteur ainsi que de l'épaisseur de la litière collectées) *[protocole à préciser ; des éléments disponibles à INRAE Nogent sur Vernisson pour décrire les micro-habitats de relevés de pièges à fosse]*.

Prise en charge des échantillons et travail de laboratoire :

A la fin de chaque journée de terrain, les individus collectés dans le cadre de la recherche visuelle sont sortis de leur pilulier, ébouillantés puis remis dans leur pilulier avec un liquide conservateur comme de l'alcool à 90° non dénaturé.

La litière est ensuite mise à sécher relativement rapidement pendant environ trois semaines dans une pièce bien ventilée de façon à ce que la litière ne colle pas aux mailles des tamis utilisés par la suite. Le volume de litière séchée sera mesuré à l'aide d'un seau gradué, pour apprécier l'effet volume de litière et apporter des correctifs pour un volume constant dans les analyses. Après séchage, la litière est tamisée sur une colonne de tamis à mailles décroissantes (10 mm, 5, 2 et 1). Les éventuelles grosses espèces présentes dans le refus de tamis à cette étape seront collectées. Ensuite, les refus de tamis de 5 et 2 mm seront triés à vue, tandis que le refus du tamis de 1 mm sera examiné sous une loupe binoculaire (10-40x). Les spécimens d'escargots et de limaces observés lors du tri sont stockés dans des piluliers séparés (escargots d'un côté, limaces de l'autre), pour identification ultérieure pour arriver au nombre d'individus par espèce et par échantillon.

Outil d'identification (pour les malacologues au laboratoire)

Appli Biodiversiclés principalement (sauf pour les limaces[2]).

Ce travail est réalisable par des malacologues compétents et aguerris à ce type de protocole. L'expérience de ces derniers doit être vérifiée avant tout engagement.

Il sera possible d'exploiter le reste de l'échantillon soit en utilisant la technique du piège Berlèse soit en utilisant de l'ADN metabarcoding (non inclus dans ce protocole) d'une part pour chercher d'autres groupes d'espèces (espèces épigées notamment) ensuite pour rechercher une autre information (ADN metabarcoding) sur les gastéropodes.

Analyse des données :

Les données de base analysées seront la présence-absence des espèces au niveau de la placette et l'abondance et la présence-absence au niveau des prélèvements (deux niveaux d'analyse). Il est espéré que les données de présence-absence sont moins bruitées et porteront un signal plus clair que les données d'abondance mais les deux pourront être analysées.

A ce stade, nous n'avons pas identifié de laboratoire qui se chargerait de l'analyse des données ne routine.

[2] Il n'existe pas de guide pour les limaces concernant la France, il en existe un pour l'UK + Irlande. Ce point sera donc à préciser lors de la finalisation du protocole. Oui, mais écarter les limaces forestières, c'est retirer une métrique importante du jeu de données.

Eléments de coût :

- La durée du relevé de terrain devrait être de 1h maximum environ (30 à 40 minutes pour la récolte de litière et 15 minutes pour la recherche des animaux à vue).
- On ajoute 30’ de conditionnement en plus par jour de terrain.
- Au laboratoire, il faut compter 0.25 jours de travail par placette pour le tri de litière auxquels il faut ajouter au maximum 30 minutes par placette pour l’identification.

Travaux de recherche appliquée associés

Il serait souhaitable de tester des déterminations moléculaires par ADN metabarcoding, avec différents types de protocoles et de comparer les coûts et les types de données produites aux caractéristiques des relevés proposés ci-dessus.

References

Combrisson, D., Saillard, A., Thuiller, W., 2020. La prise en compte de la malcofaune continentale comme indicateur des changements globaux. Naturae 16, 225–230.

Labaune, C., Magnin, F., 2001. Land snail communities in Mediterranean upland grasslands: The relative importance of four sets of environmental and spatial variables. J. Molluscan Stud. 67, 463–474.

Labaune, C., Magnin, F.D., 2002. Pastoral management vs. land abandonment in Mediterranean uplands: impact on land snail communities. Global Ecol. Biogeogr. 11 (3), 237–245.

II-K

Objectif 1 - Sous-Maquette Champignons ectomycorhiziens

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Frédéric Gosselin (INRAE UR EFNO), Mélanie Roy (Université de Toulouse Paul Sabatier, EDB et IRL IFAECI), Marc Buée (INRAE, UMR IAM) et Lucie Vincenot (Université de Rouen Normandie USC INRAE Ecodiv), sur la base d'échanges avec Pierre-Arthur Moreau (Université de Lille), Gérald Gruhn et Manuel Nicolas (ONF).

Attentes

Il s'agira pour cet objectif de pouvoir estimer l'état et la dynamique de parties de la biodiversité en forêt à l'échelle de la France métropolitaine.

Il est envisageable d'étendre cette question à :

- L'échelle de grandes régions voire de territoires plus restreints, si la pression d'échantillonnage est intensifiée à ces niveaux.

A l'inverse on n'envisage pas dans PASSIFOR2 d'étendre cette question :

- A l'outre-mer (nous n'avons pas les compétences et les données)

Caractéristiques attendues :

- **Forêt** : ensemble des forêts métropolitaines, selon la définition de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), adoptée en 2005 par l'inventaire forestier de l'IGN. Sont considérées comme forêts *« les terres occupant une superficie de plus de 0,5 hectare avec des arbres atteignant une hauteur supérieure à 5 mètres et un couvert arboré de plus de 10 %, ou avec des arbres capables d'atteindre ces seuils in situ »*. Cela comprend toutes les forêts, récentes comme anciennes, y compris les forêts hors production (inaccessibles, en réserve intégrale…). Les milieux aquatiques intra-forestiers de grande taille (occupation du sol de type « Eau continentale ») ne sont pas inclus, ainsi que d'autres occupations du sol (par exemple, couverture artificialisée ; cf. Inventaire Forestier, 2005, variable CSLISI).
- **Couverture taxonomique** : les champignons ectomycorhiziens (ECM) sont des champignons symbiotiques des racines des arbres, et sont représentés par des Basidiomycètes (pour 80-85%) et dans une moindre mesure des Ascomycètes (pour 15-20%). Les forêts tempérées notamment en France se distinguent par leur richesse en champignons notamment ectomycorhiziens – qui seront ciblés pour cette étude.
- **Métrique de biodiversité** : la métrique centrale que nous proposons a trait à l'évolution temporelle de la moyenne entre espèces de l'abondance de chaque espèce. Ce choix provient des trois arguments suivants :
    - Cette métrique est sous-jacente aux indicateurs de biodiversité interspécifique commune les plus utilisés (exemple : indicateur oiseaux de type STOC et divers autres indicateurs Vigie Nature ; indicateur Living Planet Index…).
    - L'analyse de van Strien et al. (2012) indique que la moyenne géométrique de l'abondance est la métrique de biodiversité qui a les meilleures propriétés mathématiques en tant qu'indicateur de biodiversité pourvu qu'on se concentre sur

les espèces communes, tandis que les nouveaux indices extensions de la moyenne géométrique de Korner-Nievergelt et al. (2022)s'appliquent à toutes les espèces.
    - McCarthy et al. (2014) montrent que ces types de métriques peuvent être reliées avec le risque d'extinction dans la communauté.
- **Mesure de biodiversité** : en conséquence des choix faits pour les métriques de biodiversité, nous chercherons en priorité à mesurer l'abondance des espèces, et à défaut leur présence-absence. D'autres données de biodiversité peuvent en principe être envisagées.
  Dans le cas des champignons ECM, la fréquence des espèces – associée à leur présence-absence dans les placettes – sera privilégiée, la méthode de mesure de l'abondance (metabarcoding de l'ADNe) pouvant donner une estimation peu fiable de l'abondance réelle des espèces.
- **Dimension temporelle** : l'objectif est de pouvoir estimer des tendances temporelles sur des périodes de 5 à 10 ans environ (notamment en lien avec le rapportage de la directive habitat). Il n'y a pas de prérequis du point de vue de la profondeur temporelle passée des données, mais le plus ancien sera le mieux.

Analyse de l'existant

Les dispositifs existants retenus sont analysés vis-à-vis des objectifs définis dans le cadre de ce projet (voir les grilles d'analyse des dispositifs en annexes), qui peuvent être différents de ceux ayant prévalus à la conception des dispositifs. Ce n'est par conséquent pas une évaluation des dispositifs considérés.

Critère	RMQS
Echantillonnage spatial	
Echantillonnage temporel	
Types de placettes	
Types de données de biodiversité	
Mesure de la biodiversité	
Variables environnementales et de gestion	

Figure 1- Adéquation aux critères définis pour PASSIFOR-2 du seul dispositif collectant des données de type suivi sur la biodiversité des champignons ectomycorhiziens. Pour chaque critère, différentes attentes ont été évaluées comme suit : vert : le dispositif répond complètement à la demande de l'objectif, jaune : il répond imparfaitement à la demande tel quel et demande des corrections, rouge : il ne peut pas répondre à la demande.

Le dispositif RMQS n'a globalement pas les qualités nécessaires pour figurer tel quel dans le cœur de la sous-maquette pour les champignons ectomycorhiziens. Les principales faiblesses identifiées sont que :

- le fait que le RMQS stricto sensu ne puisse pas être densifié dans l'espace ;

- le passage tous les 15 ans sur les sites ne permettra pas a priori d'avoir la résolution temporelle souhaitée pour l'objectif 1 (pouvoir estimer des tendances temporelles sur 5 à 10 ans) ;

- la méthode de metabarcoding d'ADNe utilisée (marqueur ADNr 18S – amplicon V7-V8 (environ 348 paires de bases)) ne permet pas d'être suffisamment précis au niveau genre et espèces des Basidiomycètes et Ascomycètes, ne permettant donc pas de distinguer les OTU ectomycorhiziens des OTUS non ectomycorhiziens.

Proposition de cœur de la sous-maquette

Pour les champignons ectomycorhiziens dans l'objectif 1, nous proposons de les mesurer sur les relevés multitaxons (cf. II-C).

Les **moyens humains** associés à la collecte de données sur le terrain sont évoqués dans le plan d'échantillonnage multitaxons (cf. II-C). Nous estimons à 1h30 la durée du relevé de terrain à 2 personnes et à 1h max par jour le conditionnement à 4°C des échantillons pour leur envoi au laboratoire.

Pour ce qui est du coût humain au laboratoire, nous pensons qu'environ **0.5 ETP de niveau ingénieur de recherche** devrait accompagner ce suivi pour la partie laboratoire :

- compter 24 à 48 échantillons extraits par jour (ne pas dépasser 6 mois, circa 1 mois pour 360 placettes et 2 horizons et en incluant les contrôles négatifs et positifs)

- compter 2 PCR de 96 échantillons par jour (3 replicats par placette et par horizon ou par témoin, soit 2160 PCR pour 360 placettes en incluant les témoins, 1 mois voire 1,5 mois).

- pour la bio-informatique, l'assignation taxonomique et écologique, compter 2-3 mois par an avant l'analyse statistique.

- Le reste du temps pourra être consacré à la participation au terrain pour un mois.

Si les bryophytes et/ou les gastéropodes terrestres sont aussi analysés par ADN metabarcoding, ce demi-poste IR pourra être étendu à 1 ETP.

Pour ce qui est du coût matériel, nous avons réuni les éléments suivants :

- Le **matériel de terrain** est quant à lui évoqué dans le protocole des champignons ectomycorhiziennes. Il en faudrait pour environ 25 équipes. On estime ce coût à environ 6000€ (la première année uniquement) ;

- Pour ce qui est du **coût matériel au laboratoire** (hormis le coût du matériel non consommable et sans les coûts environnés), voici les éléments collectés estimés par année de suivi :

  - extraction (770 échantillons incluant 50 témoins) : 3080€

  - enzyme (3*770 échantillons) : 3500€

- primers taggés : 1000€

- petits matériels de laboratoire : 2000€

- séquençage (pour 3*770 échantillons) : 7500€ max

N'avons pas inclus dans ce qui précède les frais d'environnement scientifique, les frais de publication et de communication, les frais d'analyse statistique. Ainsi que les frais associés aux projets plus ou moins temporaires mentionnés en fin de fiche.

Finalement, nous proposons d'impliquer le réseau mycologique de l'ONF, les conservatoires botaniques voire des experts de la SMF dans la validation des données d'inventaires basés sur l'ADNe, en intégrant le séquençage de collections si nécessaire (cf. ci-dessous) et en partageant l'analyse des données issues du métabarcoding.

Proposition de compléments au cœur de la sous-maquette

Nous proposons de compléter le cœur de la sous-maquette par un **travail méthodologique** effectué soit sur le réseau RENECOFOR soit sur une partie des placettes permanentes de l'échantillonnage multitaxon comparant en synchronique la différence d'information fournie par un **relevé des carpophores d'un ou deux groupes restreints de taxons, par ex. les Bankeraceae** (ordre des Thelephorales), le genre Amanita (ou la famille des Amanitaceae) ou le genre Lactarius (ou la famille des Russulaceae) par rapport au relevé proposé dans notre protocole basé sur le metabarcoding de l'ADNe. Il s'agira de déterminer la complétude du relevé par metabarcoding de l'ADNe en vérifiant que l'ensemble [ou la grande majorité] des espèces du relevé par carpophores sont détectées par le metabarcoding (en prenant en compte la question de la saisonnalité d'apparition des carpophores, donc avec des relevés de carpophores à plusieurs saisons).

Il pourrait par ailleurs être envisagé si les conditions s'y prêtent de mener un **projet de sciences participatives avec la SMF** (Société Mycologique de France) pour produire des **données plus nombreuses que celles du cœur de maquette**, probablement à partir de relevés de carpophores de type « liste » (recherche et détermination de tous les carpophores visibles sur une surface donnée à un moment donné dans une gamme taxonomique précisée) sur un plan d'échantillonnage qui pourra être opportuniste.

Développements méthodologiques et de recherche nécessaires

Méthodologie

- Une étude préalable à la mise en place du protocole pourra être effectuée pour tester différents protocoles de décontamination des instruments entre :
  - Dix minutes avec 10% de javel (cf. ci-dessus)
  - Dix minutes avec de l'eau savonneuse (protocole Insylbios)
  - Nettoyage à sec, à la brosse
  - Chalumeau
  - Pas de décontamination mais nettoyage des outils par un faux prélèvement local avant de faire les vrais échantillons.
- Un projet méthodologique au long cours pourrait être organisé autour de la première forme de dispositif complémentaire ci-dessus (comparaison de relevés par carpophores vs relevés metabarcoding basé sur l'ADNe). Cela impliquerait une part de terrain au long cours et par exemple

un travail par un postdoctorant sur 2 ou 3 ans sur cette question mais aussi sur le même type de comparaison pour les gastéropodes terrestres et les bryophytes.

- Un autre projet méthodologique à plus court terme pourrait être axé sur la complétude du relevé de metabarcoding ADNe en comparant le relevé effectué avec un relevé similaire mais dont les positions des points de prélèvement seraient déplacées par rotation d'angle 45° par rapport au centre de la placette.
- Un projet méthodologique nécessaire consiste à compléter les bases de données publiques associant détermination taxonomique à séquence ADN. L'idée est de disposer au moins d'une séquence publique pour l'ITS des champignons ectomycorhiziens potentiellement attendus en forêt métropolitaine. Une analyse au préalable des bases de données disponibles pourra permettre de les compléter à partir des collections du réseau mycologique de l'ONF ou d'experts de la SMF, de façon à maximiser l'identification au genre, mais aussi à l'espèce. C'est un effort à mettre en parallèle de la démarche de complétion de bases de données moléculaires mise en place pour la faune (cf. projet MNHN/Université de Guelph sur la faune de France).

Recherche

Références bibliographiques

References

Heinken, T., Diekmann, M., Liira, J., Orczewska, A., Schmidt, M., Brunet, J., Chytrý, M., Chabrerie, O., Decocq, G., Frenne, P. de, Dřevojan, P., Dzwonko, Z., Ewald, J., Feilberg, J., Graae, B.J., Grytnes, J.-A., Hermy, M., Kriebitzsch, W.-U., Laiviņš, M., Lenoir, J., Lindmo, S., Marage, D., Marozas, V., Niemeyer, T., Paal, J., Pyšek, P., Roosaluste, E., Sádlo, J., Schaminée, J.H., Tyler, T., Verheyen, K., Wulf, M., Vanneste, T., 2022. The European Forest Plant Species List (EuForPlant): Concept and applications. J. Veg. Sci. 33 (3).

Inventaire Forestier, N., 2005. IMOT - Instructions pour les mesures et observations de terrain, 184 pp.

Korner-Nievergelt, F., Strebel, N., Buckland, S.T., Freeman, R., Gregory, R.D., Guélat, J., Isaac, N.J., Mc Rae, L., Roth, T., Schirmer, S., Soldaat, L.L., Voříšek, P., Sattler, T., 2022. Multi-species population indices for sets of species including rare, disappearing or newly occurring species. Ecological Indicators 140, 109005.

McCarthy, M.A., Moore, A.L., Krauss, J., Morgan, J.W., Clements, C.F., 2014. Linking Indices for Biodiversity Monitoring to Extinction Risk Theory. Conserv. Biol. 28 (6), 1575–1583.

van Strien, A.J., Soldaat, L.L., Gregory, R.D., 2012. Desirable mathematical properties of indicators for biodiversity change. Ecol. Indic. 14 (1), 202–208.

II-K

Protocole de relevés « Champignons ectomycorhiziens »

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Frédéric Gosselin (INRAE UR EFNO), Mélanie Roy (Université de Toulouse Paul Sabatier, EDB et IRL IFAECI), Marc Buée (INRAE, UMR Iam) et Lucie Vincenot (Université de Rouen Normandie USC INRAE Ecodiv), sur la base d'échanges avec Pierre-Arthur Moreau (Université de Lille), Gérald Gruhn et Manuel Nicolas (ONF).

Préambule

Il apparaît d'après les interviews faites et les références lues que la question du relevé de biodiversité des champignons ectomycorhiziens n'est pas complètement stabilisée, quoique des recommandations soient déjà publiées sur les champignons (Tedersoo et al., 2022)[1]. L'échantillonnage de l'ADN environnemental (ADNe) à partir du sol est devenu un outil puissant pour réaliser des inventaires relativement complets des champignons, décrivant leur diversité taxonomique et écologique, sur un ensemble conséquent de sites, dans un temps court. Cependant des questions subsistent sur (1) le pas de temps représenté par l'ADNe, (2) l'abondance réelle (et non relative) des taxons, et (3) éventuellement l'activité ou la fonctionnalité de ceux-ci. Par ailleurs, les biais liés aux contaminants, aux méthodes d'analyses bioinformatiques, et aux bases de références sont à prendre en compte, et invitent à produire un protocole homogène applicable à large échelle et plus spécifiquement ciblant les champignons ECM. Les expertises présentes en France en mycologie et sur le metabarcoding des communautés des sols offrent une opportunité unique pour établir un protocole de suivi de la diversité des champignons ECM, et commencer à acquérir des données sur le temps long pour ce groupe essentiel à la nutrition hydrominérale des arbres, leur résistance à la sécheresse et le fonctionnement des sols.

Après avoir songé à une méthode ambitieuse en termes de milieux échantillonnés (sol d'un côté, racines fines de l'autre) et de nombre de réplicats par placette (on en avait imaginé 5, de façon à accéder à une mesure de la fréquence à défaut d'avoir des informations sur l'abondance des taxons), nous avons simplifié le protocole pour le rendre plus réaliste et moins coûteux, en insistant sur le stockage des échantillons environnementaux pour pouvoir permettre des ré-analyses futures au cas où de nouvelles techniques permettent de meilleures analyses. Nous proposons une méthode simple, qui nous semble facilement déployable et pouvoir être utilisée pour caractériser la biodiversité du sol, dont celle des champignons ECM (**metabarcoding de l'ADNe extrait du sol**). Cette méthode produit des données d'abondance relative – de copies de gène, pas de biomasse (le nombre de copies de l'ITS varie en intra- et interspécifique) et encore moins d'individus – , et les biais liés aux PCR pourront être minimisés en prévoyant des réplicats PCR.

Couverture taxonomique

Le protocole concerne les champignons ECM, donc des membres des Basidiomycètes (pour 80-85%) et dans une moindre mesure des Ascomycètes (pour 15-20%). Néanmoins l'ADN environnemental d'un échantillon englobe les ADN de tous les organismes vivants ou morts, en traces ou présents, et pourra

[1] Cette référence pourra être utilisée au sujet des choix techniques non détaillés dans le présent protocole.

servir a posteriori à analyser d'autres groupes taxonomiques et écologiques. De même, le séquençage ciblant un code-barres moléculaire de l'ITS[2] permettra de décrire les champignons dans leur ensemble tout en ayant une résolution taxonomique optimale pour les Basidiomycètes et Ascomycètes. De fait, les études publiées sur l'ADNe des sols en France soulignent une prépondérance des séquences appartenant aux champignons ECM.

Un relevé par metabarcoding de l'ADNe fournit au départ un ensemble d'Unités Taxonomiques Opérationnelles (OTU en anglais), qui désigne un regroupement d'organismes, regroupés sur la base de la similarité de la séquence d'ADN d'un gène donné, qui sert de marqueur taxonomique. L'identification des OTUs correspondant à des champignons ECM se fait en deux temps : dans un premier temps l'assignation taxonomique des OTUs ; puis dans un second l'identification des OTUs ECM. En effet, des bases de données publiques comme FUNGUILD et FungalTraits permettent d'attribuer à chaque OTU identifiée au niveau de l'espèce ou du genre un mode de vie probable, dont le mode de vie ECM (Funguild : Nguyen et al. 2016, Fungal traits : Põlme, S. et al. 2020). Le mode de vie ECM est partagé par les espèces d'un même genre pour les espèces forestières au moins en Europe mais des exceptions persistent (parmi les genres *Entoloma, Sebacina, Clavaria, Helvella* par exemple), et l'assignation écologique pourra être affinée pour les taxons reconnus au rang de l'espèce. Cette méthode s'applique bien en Europe où les lignées de champignons ECM sont relativement bien décrites, mais s'applique plus difficilement en région tropicale. Par ailleurs, cette assignation fonctionnelle potentielle repose sur une identification taxonomique précise et souligne l'importance des bases de données publiques utilisées pour comparer les séquences, et de la nécessité au préalable de disposer au moins d'une séquence publique pour l'ITS (complet) des champignons ECM potentiellement attendus en forêt.

Ce protocole ne donnera pas accès à toute la diversité locale mais à l'estimation des présence-absences – voire des abondances relatives – des espèces par une méthode standardisée permettant d'engager un suivi reproductible, dégageant ainsi des tendances sur la dynamique des communautés fongiques et ectomycorhiziennes forestières à large échelle.

Relevé de terrain

Placette et localisation des relevés

Nous proposons de mimer le relevé de terrain sur la surface de relevé de la flore vasculaire (y compris des arbres ; cf. protocole II-F), des bryophytes (cf. protocole II-G) et des gastéropodes terrestres (cf. protocole II-J), soit un disque de rayon de 15 m autour du centre de la placette. Pour ce qui est de la position spatiale des échantillons prélevés, nous proposons de nous positionner près des 8 relevés surfaciques des gastéropodes en décalant les relevés mycologiques de 50cm +100 grades par rapport à l'azimut du point de relevé par rapport au centre du relevé surfacique. Les quatre premiers relevés de gastéropodes étant placés à 7.07 m du centre dans les directions cardinales et les quatre autres au NW, NE, SW et SE à 12.93m du centre. Le but est en effet d'étudier si le présent relevé de sol analysé par rapport à l'ADN de gastéropodes pourrait se substituer au protocole II-J pour l'instant fondé sur la collecte et l'identification morphologique des gastéropodes.

> *Le nombre de 8 relevés constituant le relevé composite de la placette semble cohérent avec la littérature scientifique, ainsi que la distance entre les points de relevé (au minimum 9.37 m) qui assure des sous-échantillons peu dépendants (Tedersoo et al., 2022).*

[2] notamment les ITS1 modifiés - primers de Taberlet.

Saison

Comme pour le RMQS, le but est de faire un prélèvement par campagne et par placette, en respectant la condition de ne pas être en condition de sécheresse ni d'engorgement du sol, ni dans un sol récemment labouré (mais ne concerne pratiquement pas la forêt). L'ADNe persiste dans le sol sur des périodes de quelques semaines à des années selon sa longueur et selon la nature du substrat, ce qui permet d'envisager un échantillonnage hors des périodes de fructifications de carpophores mais implique aussi comme nous l'avons déjà dit que l'ADNe ne capture pas que les organismes vivants et présents au temps d'échantillonnage, mais aussi des traces et des ADN « fantômes ». La période d'échantillonnage sera prise en compte lors de l'analyse statistique globale. Dans la mesure où tous les prélèvements d'un site seront rassemblés en un seul composite, l'échantillonnage peut se faire par temps de pluie, en utilisant des outils différents pour les deux horizons.

Conditions et outils de prélèvement

Il faudra prévoir un jeu d'outils (et un opérateur ; cf. infra) par horizon. Les outils de prélèvement (tarières, bacs et seaux, ciseaux, tamis) devront être lavés soigneusement entre sites à l'eau puis à l'eau de javel (10%) et rincés à l'eau déminéralisée pour éviter les contaminations d'ADN entre prélèvements.

La tarière doit être en acier brut pour garantir l'efficacité du lavage.

Les outils, s'ils sont nettoyés en amont de l'accès à la placette, seront transportés dans un sac interne propre, lui-même glissé dans un sac externe, pour éviter toute contamination jusqu'au site.

Le conditionnement des sols composites se fera en sacs plastique transparents stériles, fermés par un élastique, et les indications seront écrites sur le sac et sur une étiquette mise à l'extérieur du sac – plutôt attachée par l'élastique qui ferme le sac. Idéalement les sacs sont préparés au sec et non sur le terrain.

Les agents doivent porter des gants pour effectuer les prélèvements, qui seront changés entre chaque site. En cas de doute de contamination des gants au cours des prélèvements, changer de gants.

Matériel :

Une paire de gants jetable par opérateur et par placette

Une tarière en acier brut de diamètre 7 cm (ou 8 cm ; à stabiliser une fois pour toutes)

Un cylindre de diamètre 9 cm en acier brut

Un tamis à 5 mm

Une paire de ciseaux

Deux bacs plastiques (polyéthylène ou polypropylène) pour collecter la litière (1 bac) et le sol tamisé in situ (l'autre bac)

Deux sachets de circa 1l et deux de circa 200 ml (deux de 1l pour l'analyse de sol, deux plus petits pour le stockage en congélateur)

Deux grandes cuillères en plastique jetables (ou acier, lavage javel 10% - 10 min)

Solution de javel à 10% et de l'éthanol ou de l'eau distillée.

Un carnet de note en papier étanche ou un ordinateur de terrain

Un marqueur

Un GPS forestier et piles de rechange

Un ruban métrique de 20 m et piquets (8)

Un sac à dos pour transporter les sachets de litière et le matériel

Une boussole

Relevé ponctuel au sein de la placette:

A chacun des 8 points, on relève :

- Horizon O : (OF et OH et la litière) : Prélèvements avec des cylindres bien affutés de diamètre 9cm. Il serait utile de noter les formes d'humus lors de ce prélèvement et l'épaisseur de la couche prélevée. Selon les formes d'humus, ces prélèvements peuvent être très faibles en poids et volume.
- Horizons suivants : prélèvement de 20 cm de profondeur[3] avec une tarière de diamètre standardisé.

Le relevé est déplacé en cas d'impossibilité de faire ces prélèvements (pièce d'eau, arbre, souche, grosse pierre, bois mort au sol de grosse taille…). Dans ce cas on suivra des règles standardisées pour le déplacement afin d'éviter tout biais et la nouvelle position sera soigneusement notée : les relevés sont alors déplacés de 50 cm dans la direction du relevé par rapport au centre, puis –si toujours impossible - de 50 cm à +100 grades par rapport à la position initiale et ainsi de suite en ajoutant 100 grades et éventuellement si on a fait le tour, en rajoutant encore 50 cm.

Les échantillons sont émottés à la main (avec des gants). Les 8 échantillons de chacun des horizons sont réunis en un échantillon composite qui est homogénéisé soigneusement en brassant, fragmentant la litière à l'aide de ciseaux si besoin, puis circa 50g (le contenu d'un petit sachet) de chacun des deux échantillons composites (un par horizon) est transféré dans un Ziploc identifié à l'aide d'une cuillère propre (1 seul pour tout le composite et par horizon). Les 2 échantillons composites – un par horizon - seront placés dans une glacière pour la journée, et le soir, transféré à max. 4°C pendant 2-4 jours avant d'être envoyés au laboratoire. Le reste de l'échantillon de sol (circa 500 g frais au maximum, tamisé, transféré du bac à un ziploc de 1L avec la même cuillère ou en versant le reste du bac) sera gardé pour des analyses de sol. Ce sol pourra commencer à sécher à l'air libre dès le soir-même.

Au laboratoire, afin d'assurer une bonne homogénéisation de l'échantillon et une texture qui facilite l'extraction d'ADN, on continuera à fragmenter l'échantillon supérieur (litière) encore congelé s'il en a besoin soit - si elle est majoritairement composée de feuilles et bien sèche-, tamiser l'échantillon avec un tamis à maille fine, soit effectuer un broyage en bol métal – avec un broyeur à couteau ou un robot électroménager puissant dont les éléments en contact avec l'échantillon pourront être facilement lavés. A l'issue, placer dans 6 tubes de 15 ml chacun étiquetés (ex : Tubes Falcon) 5 g de chaque

[3] C'est une différence avec le RMQS qui descend à 30 cm, pour réduire le poids de sol prélevé et au motif que les champignons ectomycorhiziens se concentrent dans cette couche supérieure du sol.

échantillon. Les 2*5 tubes sont mis à congeler à -20°C tandis que un échantillon litière et un échantillon sol seront séquencés. Prendre soin de laver les éléments en contact avec l'échantillon (soufflage pour enlever les particules puis lavage au savon puis éthanol 70° puis rinçage à l'eau déminéralisée) et de changer les gants entre chaque échantillon. Le stockage à long terme des 2*5 échantillons congelés pourrait être assuré par la plateforme Genosol (https://www2.dijon.inrae.fr/plateforme_genosol/).

Opérateurs :

Nous proposons que ce soient les équipes qui seront responsables des prélèvements pour les relevés de biodiversité qui effectuent ce prélèvement (cf. II-C). Deux personnes peuvent réaliser le prélèvement. Une formation au préalable sera nécessaire.

Répartition possible du travail entre opérateurs : un agent A installe la placette (piquets), un second agent B se focalise sur l'horizon organique, et A poursuit à la tarière avant de changer de position (composite) sur la placette. A et B trient séparément leurs échantillons (pour ne pas contaminer avec leurs gants).

Covariables:

Il serait souhaitable de procéder à des analyses de sol de l'horizon minéral. Ces analyses seront déléguées au laboratoire INRAE d'Arras et permettront de mesure le pH (H2O, KCl), le P Olsen, la CEC et les cations échangeables (Ca, K, Mg, Na, Si), le C (organique) et le N, la granulométrie.

Prise en charge des échantillons avant le séquençage :

L'ADNe des échantillons sera extrait suivant les protocoles testés sur le sol (par exemple Kit Macherey-Nagel et tampon phosphate ; Mennicken et al., 2020 par exemple ; voir aussi Tedersoo et al., 2022), à partir d'un échantillon de 5 g de sol composite par horizon. Pour ce projet, l'amplification et le séquençage se feront en utilisant la région ITS1 du rADN (séquençage Miseq). L'amplification inclura 3 réplicats PCR à 50000 séquences brutes (objectifs : circa 75000-100000 séquences propres par site), et des contrôles positifs (MOOC de champignons) et négatifs.

Bioinformatique

Les librairies seront préparées par une plateforme comme GetPlaGe de Toulouse. Les séquences brutes seront transférées au cluster de travail GenoToul et sauvegardées.

Le travail de nettoyage des données et d'assignation des OTU aux différents niveaux taxonomiques serait fait soit par la même structure que ci-dessus soit par un personnel recruté pour le projet (cf. ci-dessous). L'analyse consistera à rassembler les deux lectures de séquençages (deux sens, R1 et R2), éliminer les séquences de mauvaise qualité et non alignées, les singletons, les potentielles chimères, attribuer les séquences aux échantillons composites, rassembler les séquences en OTUs à 97% tout en gardant l'identité des séquences uniques (pour ne pas dégrader l'information), et enfin assigner les séquences aux groupes taxonomiques puis écologiques. L'assignation se fera sur la base d'un alignement local (BLAST) et global (ecotag) en comparaison avec les bases de données publiques.

Plusieurs bases de données seront utilisées (Genbank et UNITE (voire BOLD) https://unite.ut.ee/). Si des séquences de champignons endomycorhiziens sont présentes, la base MAARJAM pour les Gloméromycètes (VAM : https://maarjam.ut.ee/) sera utilisée, bien que le séquençage ne cible pas spécifiquement ces champignons. Enfin, les bases de données écologiques (Funguild, Fungal traits) seront ensuite utilisées pour faire le lien entre taxonomie et traits. Le nombre d'échantillons obligera à séquencer en plusieurs étapes et des analyses préliminaires pourront générer des données, tout en permettant leur réanalyse par la suite.

Analyse officielle des données :

Les données de base analysées seront l'abondance relative des OTUs (en nombre et % de reads par placette) et leur présence-absence au niveau de la placette. L'assignation taxonomique permettra d'identifier pour une partie le genre, et donc l'écologie mycorhizienne. Outre la mise à disposition des données du public pour que notamment les différentes équipes de recherche puissent travailler sur ces données, la question de l'identité des acteurs qui feront l'analyse des données officielle n'est pas tranchée/définie, et dépendra du type d'analyse souhaitée. L'idéal serait un collectif avec une expertise taxonomique et une bonne expérience du processus de collecte – et notamment de la partie bioinformatique. Cela pourrait donc être un laboratoire comme l'UMR IAM à Nancy, le laboratoire EDB et l'UA Ecodiv à Rouen. Alternativement cela pourrait être un collectif chargé de produire les données et analyses pour différents groupes taxonomiques en amont de la production des indicateurs de biodiversité officiels (par exemple en lien avec le programme Surveillance de la Biodiversité Terrestre).

Annexe 1 : raisons du choix des deux méthodes de metabarcoding de l'ADN environnemental pour suivre les champignons ectomycorhiziens

Suite à la discussion avec plusieurs experts, nous proposons ici de baser l'essentiel du suivi forestier des champignons ectomycorhiziens sur de l'analyse du metabarcoding de l'ADN environnemental d'échantillons du sol pour les raisons suivantes :

- C'est une méthode qui donnera accès à la biodiversité de nombreux autres taxons du sol (pour le sol)
- La méthode utilisant l'échantillon de sol pourra détecter des formes mycéliennes non actives sur les mycorhizes et les spores ; l'avantage est que ce relevé sera peut-être moins sujet à la variation suivant la saison que les relevés par carpophores – de sorte qu'un seul relevé annuel, qui plus est à saison contrôlée (période de 1.5 mois) peut faire sens ; l'inconvénient est qu'il est moins directement lié aux fonctionnements des mycorhizes.
- Les données de présence/absence par metabarcoding sur échantillons de sol cibleront finement les Basidiomycètes et Ascomycètes (non exclusivement) car les amorces de PCR sont particulièrement efficaces pour ces deux groupes (Dikarya) ;
- Le prélèvement du sol est une méthode assez objective : on ne se pose plus de question par rapport aux densités de racines fines ou à la distance aux arbres ;
- Une limite connue est que si les autres espèces que les champignons mycorhiziens sont très nombreux dans le sol et occupent une place importante dans l'amplification par PCR, il est possible qu'on détecte moins bien les champignons mycorhiziens – mais ce n'est pas souvent le cas en France métropolitaine.
- Les deux méthodes (ADN environnemental d'échantillon de sol et relevés de carpophores) donnent des résultats relativement différents : les relevés de carpophores sont davantage liés à la phase de fructification des mycéliums et donc à la météorologie et à d'autres variables du milieu (e.g. âge ou ouverture du peuplement. De plus, toutes les espèces ne fructifient pas les mêmes années ce qui peut nécessiter des passages multiples. Enfin la compétence taxonomique est peu répandue, faisant que ces relevés sont difficiles à effectuer sur un grand nombre de placettes. Cependant, ces relevés semblent mieux détecter mieux des espèces rares ou à enjeux, au moins pour des champignons saproxyliques (Frøslev et al., 2019). A noter que pour les relevés de carpophores, il est préférable de rester sur des données de présence / absence ; en effet, certaines espèces ne produise qu'un ou deux carpophores (pour un genet) et d'autres des centaines de carpophores pour un même individu génétique.

Bibliographie

Coince, A.; Caël, O.; Bach, C.; Lengellé, J.; Cruaud, C.; Gavory, F. et al. (2013) Below-ground fine-scale distribution and soil versus fine root detection of fungal and soil oomycete communities in a French beech forest. In : Fungal ecology, vol. 6, n° 3, p. 223–235. DOI: 10.1016/j.funeco.2013.01.002.

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

Mennicken S, Kondratow F, Buralli F, Manzi S, Andrieu E, Roy M, Brin A. (2020). Effects of past and present-day landscape structure on forest soil microorganisms. In: Frontiers in Ecology and Evolution vol. 8. DOI: 10.3389/fevo.2020.00118.

Nguyen, N.H. et al. (2016) FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. In: Fungal Ecology vol. 20, p. 241–248. DOI: 10.1016/j.funeco.2015.06.006.

Põlme, S. et al. (2020) FungalTraits: a user-friendly traits database of fungi and fungus-like stramenopiles. In: Fungal diversity vol. 105, p. 1–16. DOI: 10.1007/s13225-020-00466-2.

Rishan, S.T. et al. (2023) Applications of environmental DNA (eDNA) to detect subterranean and aquatic invasive species: A critical review on the challenges and limitations of eDNA metabarcoding. In: Environmental Advances, vol. 12, 100370. DOI: 10.1016/j.envadv.2023.100370.

Rincón, A.; Santamaría-Pérez, B.; Rabasa, S. G.; Coince, A.; Marçais, B.; Buée, M. (2015) Compartmentalized and contrasted response of ectomycorrhizal and soil fungal communities of Scots pine forests along elevation gradients in France and Spain. In : Environmental microbiology, vol. 17, n° 8, p. 3009–3024. DOI: 10.1111/1462-2920.12894.

Tedersoo, Leho, Mohammad Bahram, Lucie Zinger, R. Henrik Nilsson, Peter G. Kennedy, Teng Yang, Sten Anslan, and Vladimir Mikryukov. (2022) Best practices in metabarcoding of fungi: From experimental design to results. In: Molecular ecology, vol. 31, no. 10, p.2769-2795. DOI: 10.1111/mec.16460.

II-L

Proposition de maquette pour le suivi de l'état et l'évolution de pans de la biodiversité en forêt (objectif 1)

Auteurs et contributeurs

Rédigé par Frédéric Gosselin (INRAE UR EFNO).

Attentes

L'Objectif 1 est de pouvoir estimer l'état et la dynamique de composantes de la biodiversité terrestre en forêt à l'échelle de la France métropolitaine.

Il est envisageable d'étendre cette question à :

- L'échelle de régions administratives voire de territoires plus restreints, en intensifiant la pression d'échantillonnage à ces niveaux.
- La biodiversité forestière (par distinction avec la biodiversité en forêt) si on restreint l'analyse aux espèces à fort degré d'affinité à la forêt.

A l'inverse on n'envisage pas d'étendre cette question :

- A l'outre-mer (nous n'avons pas les compétences et les données)

Cette maquette est développée spécifiquement pour l'Objectif 1. D'autres maquettes seront développées dans le cadre du projet PASSIFOR2bis pour d'autres objectifs, qui notamment impliquent des liens entre d'une part des pressions pesant sur la biodiversité ou des réponses adoptées par la société et d'autre part la biodiversité.

L'accent est mis dans PASSIFOR2 sur deux niveaux de biodiversité : la biodiversité inter-spécifique et celle des écosystèmes. Des compléments sur des espèces considérées isolément ou sur la biodiversité génétique sont bienvenus mais non incorporés ici.

Caractéristiques attendues :

- **Forêt** : ensemble des forêts métropolitaines, selon la définition de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), adoptée en 2005 par l'Inventaire Forestier de l'IGN. Sont considérées comme forêts *« les terres occupant une superficie de plus de 0,5 hectare avec des arbres atteignant une hauteur supérieure à 5 mètres et un couvert arboré de plus de 10 %, ou avec des arbres capables d'atteindre ces seuils in situ »*. Cela comprend toutes les forêts, récentes comme anciennes, y compris les forêts hors production (inaccessibles, en réserve intégrale…). Les milieux aquatiques intra-forestiers de grande taille (occupation du sol de type « Eau continentale ») ne sont pas inclus, ainsi que d'autres occupations du sol (par exemple, couverture artificialisée ; cf. IGN (2022), variable CSLISI).

  Les landes ligneuses ainsi que les bosquets sont aussi mesurées sur le terrain par l'Inventaire Forestier. Il faudra préciser pour l'échantillonnage multi-taxonomique (cf. II-C) si on échantillonne aussi les bosquets (environ 1.9% de la surface forêt+bosquet+landes ligneuses) et/ou les landes ligneuses (environ 6.4% de la surface forêt+bosquet+landes ligneuses).

- **Métrique de biodiversité** : la métrique centrale que nous proposons a trait à l'évolution temporelle de la moyenne géométrique entre espèces de l'abondance de chaque espèce. Ce choix provient des trois arguments suivants :
    - Cette métrique est utilisée par les indicateurs de biodiversité interspécifique commune les plus utilisés (exemple : indicateur oiseaux de type STOC et divers autres indicateurs Vigie Nature ; indicateur Living Planet Index…).
    - L'analyse de van Strien et al. (2012) indique que la moyenne géométrique de l'abondance est la métrique de biodiversité qui a les meilleures propriétés mathématiques en tant qu'indicateur de biodiversité pourvu qu'on se concentre sur les espèces communes, tandis que les nouveaux indices extensions de la moyenne géométrique de Korner-Nievergelt et al. (2022) s'appliquent à toutes les espèces.
    - McCarthy et al. (2014) montrent que ces types de métriques peuvent être reliées avec le risque d'extinction dans la communauté.

- **Mesure de biodiversité** : en conséquence des choix faits pour les métriques de biodiversité, nous chercherons en priorité à mesurer l'abondance de toutes les espèces d'un groupe taxonomique, et à défaut leur présence-absence.
-

    En cas de données de présence-absence, il serait possible de renseigner toutes les variables essentielles de biodiversité (EBVs ; cf. https://geobon.org/ebvs/what-are-ebvs/) de la classe « Composition de la communauté » calculables à partir de données de présence-absence (e.g. richesse spécifique) et l'EBV sur la distribution des espèces dans la classe « Populations d'espèces ». Avec des données d'abondance locale des espèces, on aurait en plus accès à l'EBV Abondance dans la communauté de la classe « Composition de la communauté » et – s'il s'agit de mesure d'abondance absolue – à celle d'abondances des espèces dans la classe « Populations d'espèces ». Dans le cas où les données sont collectées durant une grande couverture saisonnière (ex : Arbres ou flore vasculaire de l'Inventaire Forestier), des informations sur l'EBV Phénologie de la classe « Traits d'espèces » peuvent aussi être produites. Des données complémentaires de biodiversité peuvent en principe être envisagées notamment pour nourrir d'autres EBVs.

- **Dimension temporelle** : l'objectif est de pouvoir estimer des tendances temporelles sur des périodes de 5 à 10 ans environ (notamment en lien avec le rapportage de la directive habitat). Il n'y a pas de prérequis du point de vue de la profondeur temporelle passée des données, mais le plus ancien sera le mieux.

Résumé des plans d'échantillonnage, protocoles et sous-maquettes

Le projet PASSIFOR2 a dans un premier temps identifié des composantes de biodiversité qu'il semblait important de suivre en forêt en France métropolitaine. C'est la tâche C de PASSIFOR2 qui a identifié ces composantes de biodiversité sur la base d'une analyse multi-critères. Ont ainsi été retenus : les habitats terrestres (pour le volet écosystème) ; la flore vasculaire ; les arbres ; les bryophytes ; les champignons ectomycorhiziens ; les gastéropodes terrestres ; les chiroptères et les oiseaux. Cela permet de développer un suivi d'une large amplitude d'objets, réduisant ainsi les

risques d'effet réverbère de résultats de suivis valables uniquement pour une petite fraction de biodiversité[1].

Pour chacune de ces composantes de biodiversité, nous avons produit un protocole et une sous-maquette qui fait des propositions pour organiser son suivi. Ces sous-maquettes sont pour partie fondées sur une proposition de plan d'échantillonnage multi-taxonomique que nous synthétisons dans un premier temps avant de présenter une synthèse des sous-maquettes.

Résumé du plan d'échantillonnage multi-taxonomique pour l'Objectif 1

Le plan d'échantillonnage que nous proposons peut-être synthétisé comme suit :

- Au niveau spatial, nous partons des mailles de 1*1km de l'Inventaire Forestier couvrant la France métropolitaine parmi lesquelles nous retenons environ 9000 mailles :
    - Les – environ 2000 – mailles qui contiennent les nœuds du réseau 16*16km du RMQS : nous associons à ces mailles un **point permanent** – qui ne bougera pas dans le temps – qui est le nœud du réseau 16*16km
    - 4000 autres mailles auxquelles on associera aussi un **point permanent**
    - 3000 autres mailles auxquelles on associera un **point temporaire**, c'est-à-dire un point qui changera tous les 10 ans.

  Au bilan, le plan d'échantillonnage multi-taxonomique sera composé d'environ 9000 points potentiels, dont 2/3 de points permanents et un tiers de points temporaires.

- Au niveau temporel interannuel, le passage sur les mailles se fera tous les dix ans sauf pour un tiers des mailles à point permanent où le passage se fera tous les 5 ans.

  La manière dont ces mailles seront distribuées dans l'espace-temps reste à définir. De même les mailles à points temporaires pourraient être remplacées à chaque période de 10 ans.

  Compte tenu du taux de boisement actuel, environ 3000 points seront activés durant une période de 10 ans, la plupart seront mesurés une fois et certains deux fois.

Un point d'une maille retenue est mesuré sur le terrain lors de l'année prévue pour sa mesure – c'est-à-dire devient une placette – s'il est évalué – par photo-interprétation puis sur le terrain, par la méthode l'Inventaire forestier – comme se trouvant en forêt – et potentiellement, bosquet ou lande ligneuse.

- Au niveau temporel intra-annuel : une fois qu'une placette a été choisie pour être échantillonnée durant une année, il est prévu trois passages dans l'année sur la placette :
    - Passage 1 : en début d'année (fin d'hiver – début du printemps) : inventaire des arbres (surfaces 6, 9 et 15m), premier inventaire de la flore vasculaire, relevé de l'IBP

[1] "Our naturalist experience will always remain a powerful guide to management actions (Weiner, 1995), but without breadth of thinking we make management recommendations based on our experience with a narrow subset of taxa, potentially at great cost to the rest of biological diversity " (Bunnell and Huggard , 1999).

(Indice de Biodiversité Potentielle), pose des enregistreurs (au moins pour les oiseaux)

- Passage 2 : en fin de printemps – début d'été : mesure des couverts des arbres, second inventaire de la flore vasculaire, relevé de sol pour les champignons ecto-mycorhiziens, maintenance des enregistreurs (et activation de l'ultrasonore ou pose d'un modèle spécifique pour les chiroptères, si pas fait avant)
- Passage 3 : en fin d'été – début d'automne : dépose du ou des enregistreur(s), relevé des gastéropodes terrestres et des bryophytes.

Le premier passage est presque le relevé de terrain classique de l'Inventaire Forestier et les passages 2 et 3 devraient durer entre 1h30 et 2h.

Enfin, cette proposition de plan d'échantillonnage a été conçue pour pouvoir être intensifiée ou désintensifiée dans l'espace – par exemple si des territoires souhaitent obtenir des informations précises à leur échelle – et le temps – par exemple si les estimations obtenues sont trop précises ou pas assez précises, un peu à la manière de l'Inventaire Forestier. On pourrait aussi envisager des intensités d'échantillonnage variables suivant les composantes de biodiversité suivis – ce qui n'est pas envisagé pour le moment[2]. Notre proposition a aussi été conçue pour permettre de lier ces suivis de biodiversité nationaux ou régionaux à des suivis à échelle plus locale. L'idée n'est pas de déployer des suivis des composantes de biodiversité retenues à des échelles plus locales – ce qui nous semble à l'heure actuelle trop coûteux et trop technique – mais de calibrer les relations[3] entre l'IBP et nos relevés de biodiversité à l'échelle nationale pour produire des estimateurs d'état et de dynamique de biodiversité à partir d'IBP réalisés localement.

Cette proposition de plan d'échantillonnage multi-taxonomique a été conçue d'abord pour l'Objectif 1 mais en incorporant certaines propriétés – comme la proportion de points permanents – utiles pour d'autres objectifs (notamment Objectif 3 pour faire le lien entre gestion forestière et biodiversité et l'Objectif 4 pour faire le lien entre biodiversité et changement climatique). Cela signifie que ce plan d'échantillonnage pourra être mobilisé dans ces autres objectifs, modulo des adaptations de protocoles (e.g. Objectif 3) ou des compléments de plan d'échantillonnage (Objectif 4 et peut-être 3).

Intérêts d'une mesure de plusieurs niveaux de biodiversité dans les mêmes placettes et les mêmes années

Cette proposition de plan d'échantillonnage multitaxonomique a pour caractéristique de mesurer les 8 composantes de biodiversité identifiées dans PASSIFOR2 – une au niveau écosystème et sept au niveau de groupes « taxonomiques » (ou éco-taxonomiques) – sur un jeu commun de placettes et durant les mêmes années. Les avantages que nous voyons à cette proposition sont les suivants :

[2] On pourrait par exemple l'envisager dans le déploiement de PASSIFOR2 si les tests préalables au déploiement de ce qui est proposé s'avéraient plus long que prévu pour certains taxons : on pourrait alors déployer le suivi de ces taxons sur une fraction simplement des placettes ici mentionnées, d'une part pour ne pas dépenser trop de ressources sur un protocole qui sera amené à évoluer et d'autre part pour aider via ce suivi à l'amélioration du protocole.

[3] Instantanées, dans le temps (dynamiques), éventuellement avec effet retard…

- cela permet de faire des économies de ressources humaines (conception d'un unique plan d'échantillonnage, temps de déplacement mutualisé entre niveaux de biodiversité) et matérielles (a priori moins d'émission de gaz à effet de serre) ;

- au-delà de la recherche de règles communes ou patrons communs de dynamique de biodiversité – qui pourraient aussi être possibles avec des échantillons différents entre groupes d'espèces - , le fait de collecter différents groupes d'espèces sur les mêmes placettes durant les mêmes années permettra des analyses dynamiques de co-occurrence qui pourraient donner lieu à des interprétations en termes d'interactions entre espèces – modulo le fait que les échelles des relevés soient bien les échelles auxquelles les interactions ont lieu.

Résumé des protocoles et des cœurs de sous-maquettes pour l'Objectif 1

Tableau 1 : Synthèse des sous-maquettes pour les 8 niveaux de biodiversité retenus dans PASSIFOR2. Les textes en vert font référence à ce qui est déjà en place au sein de l'Inventaire Forestier, en violet à ce qui est relatif au Suivi temporel des oiseaux communs (STOC) alors que les textes en marron font référence à ce qui est proposé dans l'échantillonnage multi-taxon.

Niveau de biodiversité suivi	Cœur de sous-maquette	Synthèse du protocole
Type d'habitat (niveau écosystème)	Plan d'échantillonnage de l'Inventaire Forestier étendu aux zones forestières hors production (& plan d'échantillonnage multi-taxons)	Protocole utilisé par l'Inventaire Forestier
Arbres	Plan d'échantillonnage de l'Inventaire Forestier étendu aux zones forestières hors production (& plan d'échantillonnage multi-taxons)	Protocoles utilisés par l'Inventaire Forestier
Flore vasculaire	Plan d'échantillonnage de l'Inventaire Forestier étendu aux zones forestières hors production & plan d'échantillonnage multi-taxons	Protocole utilisé par l'Inventaire Forestier (1er passage en fin d'hiver - début de printemps) et protocole plus poussé (notamment en termes de temps et de qualité d'observateur) lors du second passage Intensification des relevés répétés pour estimer la détectabilité
Bryophytes	Plan d'échantillonnage multi-taxons	Relevé de bryophytes par type de micro-habitat/support dans le disque de rayon 15m et

		relevé complémentaire sur le reste de la surface Détermination des espèces au laboratoire sur des critères morphologique (complément par ADNe à tester)
Chiroptères	Plan d'échantillonnage multi-taxons	Enregistreurs d'ultrasons calibrés par placette en termes de volume de détection Détermination au laboratoire par un algorithme d'Intelligence artificielle (IA)
Oiseaux	Suivi temporel des oiseaux communs & Plan d'échantillonnage multi-taxons	Protocole STOC (ornithologiste durant deux ou trois passages de 5 minutes dans des bonnes conditions) Enregistreurs sonores calibrés par placette en termes de volume de détection Détermination au laboratoire par un humain (mêmes types de durées/conditions que STOC) complété par un algorithme d'IA
Gastropodes terrestres	Plan d'échantillonnage multi-taxons	Prélèvements d'organismes et de microhabitats (litière, haut du sol) dans le disque de rayon 15m Extraction et détermination au laboratoire sur des critères morphologiques (complément par ADNe à tester)
Champignons Ectomycorhiziens	Plan d'échantillonnage multi-taxons	Prélèvement d'échantillons de litière et de sol dans le disque de rayon 15m Extraction et détermination au laboratoire par ADNe

Même si l'Objectif 1 n'implique pas à proprement parler l'estimation des relations entre la biodiversité et son environnement, plusieurs protocoles ou sous-maquettes ont mentionné l'intérêt de disposer de covariables collectées sur ou autour des sites échantillonnés. Parmi celles-ci mentionnons :

- Description et analyse pédologique (mentionné pour les gastéropodes terrestres et les champignons ectomycorhiziens)
- Données météorologiques pendant et avant le relevé (mentionné pour les gastéropodes terrestres et les chiroptères)
- Description du microhabitat environnant le prélèvement (mentionné pour les gastéropodes terrestres mais également valable pour les bryophytes).

Les moyens matériels et humains prévus sont mentionnés dans chacune des sous-maquettes. Nous ne les reprendrons pas ici. Nous précisons seulement que deux postes niveau ingénieur pourraient être requis - un pour accompagner le suivi des champignons ectomycorhiziens et l'autre pour le suivi des oiseaux et des chiroptères - et pourraient éventuellement être mutualisés avec la Surveillance de la biodiversité terrestre pour des suivis sur d'autres milieux.

Résumé des améliorations et développements prévus pour accompagner la mise en place et le déploiement de sous-maquettes pour l'Objectif 1

Nous précisons maintenant les développements et améliorations mentionnées dans les protocoles ou sous-maquettes en les séparant suivant qu'elles nous semblent devoir être effectuées avant la mise en place du suivi, ou être travaillées en début du suivi ou ne l'être qu'à plus long terme.

Tableau 2 : synthèse des développements et améliorations à effectuer avant de lancer un suivi (pour plus de lisibilité du tableau, les moyens envisagés sont précisés en note de bas de page) :

Développement/amélioration visée	**Composante de biodiversité concernée**
Etendre l'échantillonnage de l'Inventaire Forestier aux peuplements qui ne « sont pas disponibles pour la production » (concerne l'Inventaire Forestier dans son ensemble ainsi que l'échantillonnage multi-taxon)[4]	Toutes
Préciser la place des landes et bosquets dans l'échantillon multi-taxonomique (a priori semblable à celle de l'Inventaire Forestier ; vérifier les poids impliqués) [5]	Toutes
Ré-examiner la forme des relevés déformés en cas d'hétérogénéité de milieu (de type forêt / non forêt) pour l'échantillonnage multi-taxonomique, en partant de la pratique actuelle de l'Inventaire Forestier[6]	Toutes
Revoir les classes d'abondance dominance utilisées par l'Inventaire Forestier pour la flore vasculaire (et surtout les deux classes basses)[7]	Arbres Flore vasculaire
Choisir les enregistreurs à utiliser et préciser les schémas d'enregistrement et autres réglages.[8]	Oiseaux Chiroptères
Faire un test grandeur nature sur quelques placettes pour régler les problèmes de logistique, améliorer les protocoles et l'organisation sur le terrain	Tous sauf arbres et écosystèmes
Pour évaluer la complétude du relevé de metabarcoding ADNe des champignons ectomycorhiziens, comparer le relevé effectué avec un relevé similaire mais dont les positions des points de prélèvement seraient déplacées par rotation d'angle 45° par rapport au centre de la placette[9]	Champignons ectomycorhiziens
Effectuer un test terrain de différents protocoles de décontamination des instruments pour les prélèvements d'ADN environnemental [10]	Champignons ectomycorhiziens
Tester la détectabilité des espèces et la durée des relevés en fonction de différentes surfaces et types de relevés sur différents sites, à partir de relevés faits par plusieurs équipes (cf. sous-maquette II-F), puis choisir sur cette base la forme du relevé floristique du second passage sur l'échantillonnage multi-taxons[11]	Flore vasculaire (et Arbres)
Proposer une éventuelle adaptation des saisons de relevé (notamment premier et second relevé multi-taxonomique) en fonction d'indicateurs météorologiques ou phénologiques du début de l'année. [12]	Toutes
Proposer des aménagements aux relevés sonores et ultrasonores et d'ADN du sol pour suivre d'autres taxons (cf. ci-dessous) que ceux qui sont notre cible. [13]	Autres taxons

[4] Moyens : Temps de travail Inventaire Forestier

[5] Moyens : Temps de travail Inventaire Forestier

[6] Moyens : Réunions chercheurs, Inventaire Forestier, conservatoires botaniques. Eventuellement relevés de terrain (voir ci-dessous)

[7] Moyens : Réunions chercheurs, Inventaire Forestier, conservatoires botaniques. Eventuellement relevés de terrain (voir ci-dessous)

[8] Moyens : Réunions chercheurs et représentants des réseaux potentiellement concernés (STOC et Vigie-Chiro notamment).

Les développements mentionnés dans le Tableau 2 ont pour la plupart vocation à faire partie d'un projet PASSIFOR3 coordonné par le GIP Ecofor et les dispositifs amenés à mettre en place les suivis, en préalable à leur déploiement.

Tableau 3 : synthèse des développements et améliorations prévues à effectuer en parallèle de la mise en place du suivi (pour plus de lisibilité du tableau, les moyens envisagés sont précisés en note de bas de page) :

Développement/amélioration visée	**Composante de biodiversité concernée**
Tester l'intérêt d'effectuer les déterminations des gastéropodes terrestres et des bryophytes par ADN metabarcoding[14]	Gastéropodes terrestres Bryophytes
Formaliser et tester un protocole pour constituer une base de données associant à des vocalisations enregistrées et calibrées les distances réelles des individus. Travailler, au cours du suivi, à alimenter cette base de données.[15]	Oiseaux
Développer des métriques d'activité en prenant en compte les facteurs influençant les données (chiroptères). Développer et stabiliser les méthodes d'analyse des données issues des enregistreurs, en prenant notamment en compte la détectabilité. Développer une métrique sur la base des résultats de l'identification automatique, si possible de densité ou d'abondance (oiseaux). Évaluer la performance de différents modèles d'identification automatique des chiroptères et des oiseaux afin de choisir les plus performants et de standardiser leurs résultats. [16]	Oiseaux Chiroptères
Proposer une ou plusieurs méthode(s) de fusion entre les données des cœurs de sous-maquette et des données complémentaires (y compris opportunistes). Et : Concevoir une méthode d'analyse des données qui permette de fusionner les données des relevés de bryophytes par catégorie de substrat (présence/absence par élément de substrat) avec le relevé complémentaire ainsi que de	Oiseaux (STOC et échantillonnage multi-taxons et données opportunistes Faune-France) Chiroptères (Vigie-Chiro et échantillonnage multi-taxons) Gastéropodes terrestres (LPO-données opportunistes si elles sont suffisamment nombreuses)

[9] Moyens : temps et matériel pour le terrain. Temps de coordination. Analyse complétude mycologique : stagiaire M2 encadré par un collectif de chercheurs impliqués dans le suivi.

[10] Moyens : CDD dans un laboratoire de recherche piloté par un collectif impliqué dans ces suivis.

[11] Moyens : temps pour le terrain. Temps de coordination. Analyse: CDD encadré par un collectif de chercheurs impliqués dans le suivi.

[12] Moyens envisagés : CDD ou autre niveau confié au réseau TEMPO (https://tempo.pheno.fr/).

[13] Moyens envisagés : CDD encadré par collectifs de chercheurs impliqués dans ces suivis.

[14] Moyens : travail de collecte par les équipes qui vont sur le terrain et travail sur les protocoles et de laboratoire à mener par le personnel permanent en charge de la partie laboratoire des champignons ectomycorhiziens. Traitement des données au bout de 10 ans de collecte par un postdoctorant.

[15] Moyens : conception du protocole par le personnel permanent en charge de la partie oiseaux/chiroptères, collecte des données par lui-même sur le terrain et/ou par d'autres ornithologues (bénévoles du STOC par ex.).

[16] Moyens : postdoctorant dans un laboratoire de recherche piloté par un collectif impliqué dans ces suivis.

fusionner les différentes informations collectées sur les arbres (couverts, relevé dendrométrique, abondance-dominance). [17]	Arbres (données de placettes permanentes ONF et CNPF) Arbres (prise en compte des différents types de données de l'Inventaire Forestier sur les arbres) Flore vasculaire (échantillonnage multi-taxonomique et Inventaire Forestier) Bryophytes
Mise en place d'un suivi parallèle sur quelques placettes (soit échantillonnées ici soit en dehors) comparant relevé sur base d'ADN environnemental et relevé des carpophores et identification morphologique[18]	Champignons ectomycorhiziens
Compléter les bases de données publiques associant détermination taxonomique à séquence ADN. L'objectif est de disposer d'au moins d'une séquence publique pour l'ITS des champignons ectomycorhiziens potentiellement attendus en forêt métropolitaine. [19]	Champignons ectomycorhiziens
Tester une restitution des données d'abondance des arbres par année et non plus par période de 5 ans. [20]	Arbres
Compléter la base de données des plantes forestières à la flore de la région méditerranéenne et de la Corse. [21]	Arbres Flore vasculaire
Etudier l'intérêt et la possibilité de compléter le suivi des chiroptères avec des données de comptage au gîte et de capture. [22]	Chiroptères

Tableau 4 : Synthèse des développements et améliorations prévues à effectuer sur le plus long terme (et avec une urgence moindre) :

Développement/amélioration visée	**Composante de biodiversité concernée**
Envisager d'étendre le principe de seconds passages sur une partie des placettes pour d'autres taxons et/ou des exercices d'intercalibration des observateurs.[23]	Gastéropodes terrestres Bryophytes (Fore vasculaire)

[17] Réévaluer l'intérêt de ce travail suivant les développements de l'état de l'art dans quelques années. Si pertinent : Moyens : postdoctorant dans un laboratoire de recherche piloté par un collectif impliqué dans ces suivis.

[18] Le terrain pourrait être fait par des experts naturalistes de conservatoires botaniques ou du réseau naturaliste de l'ONF. La conception du dispositif et l'analyse des données sera faite en plus avec des équipes de recherche (prévoir un postdoctorant pour la valorisation)

[19] Moyens : travail de permanents : un ou plusieurs chercheurs, spécialistes taxonomique (Conservatoires botaniques, réseau ONF, SFM).

[20] Réévaluer l'importance de cette tâche suivant les procédures analytiques appliquées par ailleurs. Moyens : stage M2 ou partie de thèse co-encadrée par Inventaire Forester et équipe de recherche.

[21] Moyens : temps de permanent et/ou CDD par les chercheurs Français ayant participé à la publication de Heinken et al. (2022) J. Vegetation Science.

[22] Moyens : projet de recherche multi-partenaires.

[23] A développer en fonction des résultats produits pour la flore vasculaire, les arbres et les écosystèmes (type d'habitat). Moyens : temps de travail pour mettre à jour les protocoles

Chercher à construire des modèles permettant d'estimer l'aire de détection des enregistreurs à partir de données LiDAR, sous réserve que ces données soient actualisées régulièrement, pour remplacer la calibration in-situ.[24]	Oiseaux Chiroptères
Analyser les données de suivis acoustiques réalisés (par d'autres dispositifs) au sol et dans la canopée et déterminer s'il faut adopter ce système sur une partie des relevés multi-taxons.[25]	Chiroptères

Thèmes transversaux au-delà des sous-maquettes

Extensions taxonomiques

Il faudra profiter de certains de nos relevés pour analyser d'autres composantes de biodiversité qui n'étaient pas la cible de nos relevés (sauterelles, grillons et amphibiens pour les enregistreurs notamment, autres taxons que les champignons ectomycorhiziens pour l'ADN du sol). Il serait utile de creuser cette question en amont de la mise en place de ces deux suivis (cf. Tableau 2).

En parallèle, il faut bien avoir conscience que de nombreux taxons n'ont pas été retenus dans l'analyse multicritère de la Tâche C de PASSIFOR2 pour des contraintes de capacité à mesurer leur présence ou abondance par espèce sur le terrain – c'est notamment le cas pour les insectes. Il est important que le suivi mis en place reste attentif à des évolutions méthodologiques qui, dans le futur, permettraient d'intégrer à moindres frais de nouveaux taxons dans l'échantillonnage multi-taxonomique proposé.

Analyse et gestion des données

Nous avons peu développé dans notre travail la gestion des données (mise en base de données, « FAIRisation ») ; c'est notamment parce que nous avons jugé que c'était un processus déjà bien en place au sein des différentes institutions responsables des suivis que nous avons analysé. De plus, c'est probablement un sujet à consolider à plus large échelle dans le cadre du programme de surveillance de la biodiversité terrestre.

Plusieurs propositions faites ont eu trait à l'analyse des données. Nos propositions n'ont pas tout incorporé (par exemple le traitement des données manquantes qui pourront émerger). Encore plus pour ces aspects qui sont partageables facilement avec des suivis effectués dans d'autres milieux, il faudra réfléchir le dispositif avec le Suivi temporel de la Biodiversité Terrestre coordonné par l'UMS Patrinat.

Lien avec la recherche et des approches expérimentales

Cette maquette est tournée vers une observation structurée et rigoureuse de l'état et de la dynamique de la biodiversité en forêt. Elle n'inclut pas et ne dispense pas des approches expérimentales ni des travaux purement académiques qui restent très utiles et complémentaires de ce suivi. Il sera néanmoins important que le suivi mis en place reste en communication assez fréquente avec des infrastructures d'expérimentation comme l'infrastructure multi-sites In Silva (https://in-sylva-france.hub.inrae.fr/) ou l'infrastructure ANAEE (https://www.anaee-france.fr/) ou des réseaux d'observation très instrumentés comme RENECOFOR, probablement davantage autour de l'Objectif 3 que de l'Objectif 1 ou l'Objectif 2. Ce dialogue pourrait permettre (i) de vérifier si des tendances équivalentes sont trouvées dans le cadre d'expérimentations randomisées voire multi-

[24] Moyens : postdoctorant dans un laboratoire de recherche piloté par un collectif impliqué dans ces suivis.
[25] Moyens : stagiaire M2 encadré par un collectif de chercheurs impliqués dans le suivi

sites ; (ii) d'identifier des mécanismes possibles des tendances estimées dans le cadre du suivi. Dans le sens inverse, les réseaux expérimentaux pourraient profiter de l'expérience du suivi de biodiversité en forêt pour mettre en place certains des protocoles du suivi sur la totalité ou une partie de leur réseau.

De nombreux personnels d'instituts de recherche ont été consultés pour élaborer les sous-maquettes de PASSIFOR2. Il faudra aider cette communauté à rester active autour des suivis mis en place – les travaux mentionnés dans les Tableaux 2 à 4 pourraient le faciliter – et plus largement à rendre publique les données de suivis de façon à ce que la communauté académique puisse s'en emparer avec en perspective des propositions d'amélioration du suivi dans sa collecte ou dans l'analyse de ses données.

References

Bunnell, F.L., Huggard, D.J., 1999. Biodiversity across spatial and temporal scales: problems and opportunities. For. Ecol. Manage. 115 (2-3), 113–126.

Institut national de l'information géographique et forestière, 2022. Instructions pour les Mesures et Observations de Terrain (IMOT). Campagne d'inventaire 2023, 188 pp.

Korner-Nievergelt, F., Strebel, N., Buckland, S.T., Freeman, R., Gregory, R.D., Guélat, J., Isaac, N.J., Mc Rae, L., Roth, T., Schirmer, S., Soldaat, L.L., Voříšek, P., Sattler, T., 2022. Multi-species population indices for sets of species including rare, disappearing or newly occurring species. Ecological Indicators 140, 109005.

McCarthy, M.A., Moore, A.L., Krauss, J., Morgan, J.W., Clements, C.F., 2014. Linking Indices for Biodiversity Monitoring to Extinction Risk Theory. Conserv. Biol. 28 (6), 1575–1583.

van Strien, A.J., Soldaat, L.L., Gregory, R.D., 2012. Desirable mathematical properties of indicators for biodiversity change. Ecol. Indic. 14 (1), 202–208.

II-M

Note de synthèse bibliographique sur la gouvernance des systèmes de suivi environnementaux

Autrices :

Marie Cluzel, Stagiaire au Gip Ecofor

Julie Dorioz, Chargée de mission au Gip Ecofor

Note préalable :

Cette note est basée sur les principales références bibliographiques disponibles au moment de la réalisation de cet exercice (en 2020). Elle vise à dresser un état des lieux des questions de gouvernance qui se posent lors de la mise en place de système de suivi intégrant plusieurs dispositifs et à mettre en lumière des facteurs clés de réussite.

Afin d'élargir le champ des références disponibles, la synthèse cible des systèmes de suivi de l'environnement au sens large ou de certaines composantes de l'environnement (biodiversité, forêts, …) déployés à différentes échelles (nationale, européenne, mondiale).

Une des difficultés de cet exercice de synthèse est liée à la variabilité des termes employés et de leurs définitions dans les travaux scientifiques consultés, et aux risques de confusion lors de la traduction de ces expressions en français.

Les expressions : « système de dispositifs de suivi » « système multi-dispositifs » « système de suivi composite » « système de suivi intégré » ou plus simplement d'un **« système de suivi »** sont considérées ici comme synonyme et désignent un **ensemble coordonné de dispositifs autour d'une finalité commune**, correspondant concrètement à l'intégration de différentes sources de données dans le cadre d'un suivi donné.

- Ce qui est qualifié ici de « système de suivi » est désigné dans la littérature par l'appellation « network » (réseau) ou « integrated monitoring » (suivi intégré) ;

- Un dispositif de suivi considéré pour lui-même, de manière individuelle, peut également être qualifié de « network » (réseau) ou de « monitoring scheme » (dispositif de suivi), ou de « monitoring system » (système de suivi).

Table des matières

1. Le pourquoi de la mise en place d'un système de suivi multi-dispositifs ..... II-M 3

Une amplification du suivi à différents niveaux ..... II-M 3

Une amélioration de la finesse de l'interprétation par le croisement d'informations ..... II-M 4

Une plus grande efficacité du suivi ..... IM 5

2. Conception d'un suivi multi-dispositifs : questions soulevées et facteurs clés de réussite II-M 6

La phase de conception et l'importance de la question du financement du projet ..... II-M 6

La définition d'objectifs de suivi ..... II-M 7

Variables suivies, échantillonnage et mesures ..... II-M 8

Combinaison des données ..... II-M 9

Continuité temporelle du suivi ..... II-M 10

Choix des indicateurs ..... II-M 11

Accessibilité des données et communication ..... II-M 11

Un système de suivi adaptatif. ..... II-M 12

3. Des liens à tisser avec une variété d'acteurs ..... II-M 13

Une élaboration à conduire en concertation avec les parties prenantes, pour un suivi plus efficace ..... II-M 13

La nécessité d'un leadership fort exercé par un organisme reconnu pour ses compétences .. II-M 14

Place des dispositifs participatifs impliquant des citoyens bénévoles ..... II-M 14

Des liens spécifiques à tisser avec la gestion forestière ? ..... II-M 15

Références bibliographiques ..... II-M 16

1. Le pourquoi de la mise en place d'un système de suivi multi-dispositifs

Le suivi (« targeted monitoring ») ou la surveillance de la biodiversité (ou d'une autre composante de l'environnement) peuvent revêtir différentes fonctions : (i) détecter les changements dans le temps ou dans l'espace d'une composante de l'écosystème, (ii) vérifier si les standards environnementaux, imposés par des conventions ou législations par exemple, sont respectés, (iii) alerter sur les changements environnementaux prochains, permettant de ce fait une réponse de la société, (iv) fournir les informations nécessaires à une gestion dite « adaptative », c'est-à-dire une gestion qui s'ajuste en temps réel aux enjeux identifiés[1].

Les initiatives de suivi sont nombreuses, déployées à différentes échelles spatio-temporelles, ciblant certaines composantes de la biodiversité afin de répondre à des questions spécifiques. Une quantité croissante d'informations sur l'état et l'évolution des espèces est collectée, mais les dispositifs de suivi n'étant pas liés entre eux, il reste difficile d'identifier les tendances générales concernant la biodiversité[2]. Faisant suite à ce constat, de nombreux auteurs et travaux préconisent la sélection de dispositifs et de jeux de données pertinents afin de les combiner entre eux[3].

Une amplification du suivi à différents niveaux

Le bénéfice le plus évident de l'intégration de dispositifs ou jeux de données existants est **l'augmentation globale de la couverture du suivi,** dans les quatre dimensions qui le caractérisent : la taille de l'échantillon (liée à la puissance statistique du dispositif), la couverture biologique, et les couvertures spatiale et temporelle[4]**.** Par exemple, sur un paramètre donné, l'augmentation du nombre d'unités échantillonnés (résultant de l'intégration de différentes sources de données) peut permettre d'améliorer la précision des mesures[5]. D'autre part, de manière générale, la couverture taxonomique d'un dispositif de suivi est souvent limitée à un groupe d'espèces spécifiques (les oiseaux, les chauves-souris, les arbres, etc.). Certaines séries de données peuvent présenter des discontinuités temporelles[6], ce qui pourrait parfois être compensé en rassemblant différents dispositifs. L'intégration de différents dispositifs devrait ainsi permettre de produire des indicateurs avec de plus larges échelles temporelles et spatiales[7] et de faire des suivis multi-taxonomiques**.**

---

[1] Erik A. Beever, "Monitoring biological diversity: Strategies, tools, limitations, and challenges", *Northwestern Naturalist*, 87(1), 2006, pp. 66-79

[2] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[3] Nick J.B. Isaac et al., "Data Integration for Large-Scale Model of Species Distributions", *Trends in Ecology and Evolution*, 35(1), 2020, pp. 56-67

[4] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[5] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[6] Henrique M. Pereira, H. David Cooper, "Towards the global monitoring of biodiversity change", *Trends in Ecology and Evolution*, 21(3), 2006, pp. 123-129

[7] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

Une amélioration de la finesse de l'interprétation par le croisement d'informations

Lors de l'intégration de différentes sources de données, des informations peuvent être déduites de l'étude des complémentarités entre dispositifs d'une part, et des similarités (variables redondantes) entre dispositifs d'autres part[8].

De manière générale, **le croisement d'informations sur différents compartiments de l'écosystème**, rendu possible par la complémentarité de différentes sources de données, **est particulièrement utile à la compréhension des dynamiques écologiques.** L'intégration de données de suivi de l'habitat et avec des données de suivi d'espèces est particulièrement bénéfique, les espèces renseignant sur le type d'habitat et son état, quand le suivi de l'habitat (surface, distribution) permet de déduire des informations sur les espèces qu'il héberge[9].

D'autre part, la complémentarité des données entre dispositifs peut **documenter différents aspects ou processus d'un même objet biologique**. Par exemple, la distribution spatiale d'un objet et son évolution peuvent être obtenues de manière peu couteuse, mais seules, elles apportent peu d'information (typiquement des données de présence-absence). Leur combinaison avec des données plus coûteuses à collecter mais beaucoup plus riches (études démographiques par exemple) est indispensable pour identifier et comprendre les processus à l'œuvre[10]. En outre, les dispositifs existants reposent sur des méthodes et des outils variés (la télédétection, la collecte d'informations sur le terrain, les photographies aériennes[11], ou encore des techniques de suivi acoustique, des techniques basées sur l'ADN environnemental, ou l'utilisation de caméras-pièges[12], etc.) : **la combinaison de différentes méthodes d'observation** autour d'un même objet permet en théorie un suivi plus global et fiable de son état ou de son évolution. Par exemple pour Pereira et Cooper, la combinaison de différentes méthodes est particulièrement utile pour le suivi d'habitats, notamment ceux étudiés à petite échelle, comme les marécages ou les barrières de coraux[13].

[8] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[9] Erik A. Beever, "Monitoring biological diversity : Strategies, tools, limitations, and challenges", *Northwestern Naturalist*, 87(1), 2006, pp. 66-79

[10] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382 (page 3360)

[11] Henrique M. Pereira, H. David Cooper, "Towards the global monitoring of biodiversity change", *Trends in Ecology and Evolution*, 21(3), 2006, pp. 123-129

[12] Nick J.B. Isaac et al., "Data Integration for Large-Scale Model of Species Distributions", *Trends in Ecology and Evolution*, 35(1), 2020, pp. 56-67

[13] Henrique M. Pereira, H. David Cooper, "Towards the global monitoring of biodiversity change", *Trends in Ecology and Evolution*, 21(3), 2006, pp. 123-129

D'autre part, l'étude de variables redondantes entre dispositifs a également un intérêt. Souvent, lorsque plusieurs dispositifs suivent les mêmes variables, soit les différences sur les méthodes de collecte sont ignorées, soit certains dispositifs sont choisis au détriment des autres, ce qui mène à une perte d'informations[14]. D'un point de vue statistique, les similarités entre dispositifs sont des effets additifs permettant d'expliquer une part importante de la variation considérée[15]. **L'étude des résultats de plusieurs dispositifs sur des variables similaires**, en tenant compte des différences (fréquence des collectes, couverture spatiale, etc.), permet de tirer **des conclusions plus fiables** et d'avoir une vision plus complète de ce qui est suivi, sans avoir à augmenter l'effort mis en œuvre par les dispositifs.

Une plus grande efficacité du suivi

D'un point de vue économique, une coordination des dispositifs permet **d'améliorer l'allocation des efforts et des fonds pour le suivi**[16]. Par exemple, le regroupement des données de différents dispositifs peut éviter une duplication des efforts entre des dispositifs qui peuvent potentiellement étudier les mêmes variables de la même façon[17].

D'autre part, les données et résultats du suivi sont plus facilement accessibles en étant regroupés **dans des bases de données communes**[18]. Les bases de données des différents dispositifs n'étant généralement pas directement compatibles entre elles, le rassemblement des données et les informations obtenues au sein d'une même base est une étape essentielle de l'élaboration d'un système de suivi intégré[19].

De manière générale, l'intégration de dispositifs et de leurs résultats en un seul « ensemble » permet de **faciliter la communication des résultats** au public et aux décideurs politiques[20] ; on peut ainsi supposer qu'un système de suivi intégré permet d'avoir davantage d'impacts.

---

[14] Nick J.B. Isaac et al., "Data Integration for Large-Scale Model of Species Distributions", *Trends in Ecology and Evolution*, 35(1), 2020, pp. 56-67

[15] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382 (page 3360)

[16] James D. Nichols, Byron K. Williams, "Monitoring for conservation", *Trends in Ecology and Evolution*, 21(12), 2006, pp. 668-673

[17] Laetitia M. Navarro et al., "Monitoring biodiversity change through effective global coordination", *Current Opinion in Environmental Sustainability*, 29, 2017, pp. 158-169

[18] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[19] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[20] Henrique M. Pereira, H. David Cooper, "Towards the global monitoring of biodiversity change", *Trends in Ecology and Evolution*, 21(3), 2006, pp. 123-129

2. Conception d'un suivi multi-dispositifs : questions soulevées et facteurs clés de réussite

La phase de conception et l'importance de la question du financement du projet

Erik A. Beever insiste sur l'importance de la phase de conception du projet : plusieurs facteurs doivent être pris en considération, dont l'adéquation du projet avec les financements disponibles[21]. Pour Green et al., la préfiguration doit prendre en compte la disponibilité du matériel et des experts nécessaires au suivi, ainsi que les financements disponibles[22].

De manière assez triviale, **la question des moyens disponibles (financiers, humains)** apparait donc comme **un point crucial** dans la mise en place et la pérennité d'un système de suivi**.** Le financement est à la fois essentiel pour effectuer le suivi, et il dépend de la qualité du suivi puisque ce dernier va être plus ou moins financé selon sa crédibilité[23]. Pereira et Cooper insistent sur le fait que les financements attribués à un suivi de doivent pas être détournés du budget pour la conservation de la biodiversité, mais qu'il est important qu'il y ait un budget additionnel spécifique à cet objectif[24]. En outre, ils recommandent qu'une aide financière particulière soit accordée aux zones où il y a, notamment, un manque de volontaires qualifiés[25]. La question du financement du suivi est également évoquée par Noon[26] ou par Henry et al.[27] Souvent insuffisant ou trop variable, il apparaît comme un des obstacles majeurs au bon fonctionnement des programmes de suivi.

Même si la question du financement semble primordiale, l'échec de nombreux programmes peut également être expliqué par d'autres aspects, comme le manque de base théorique ou empirique, ou encore le fait qu'ils ne soient pas considérés comme des priorités et donc pas mis en place de manière complète[28].

---

[21] Erik A. Beever, "Monitoring biological diversity : Strategies, tools, limitations, and challenges", *Northwestern Naturalist*, 87(1), 2006, p.67

[22] Rhys E. Green et al., "A Framework for Improved Monitoring of Biodiversity: Responses to the World Summit on Sustainable Development", *Conservation Biology*, 19(1), 2005, pp. 56-65

[23] David B. Lindenmayer, Gene E. Likens, "The science and application of ecological monitoring", *Biological Conservation*, 143, 2010, pp. 1317-1328

[24] Henrique M. Pereira, H. David Cooper, "Towards the global monitoring of biodiversity change", *Trends in Ecology and Evolution*, 21(3), 2006, pp. 123-129

[25] Henrique M. Pereira, H. David Cooper, "Towards the global monitoring of biodiversity change", *Trends in Ecology and Evolution*, 21(3), 2006, pp. 123-129

[26] Barry R. NOON, "Conceptual issues in monitoring ecological resources", in: Busch D.E., Trexler J.C. , editors. Monitoring ecosystems: interdisciplinary approaches for evaluating ecoregional initiatives. Covelo, CA: Island Press. p 27–72.

[27] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[28] Barry R. NOON, "Conceptual issues in monitoring ecological resources", in: Busch D.E., Trexler J.C. , editors. Monitoring ecosystems: interdisciplinary approaches for evaluating ecoregional initiatives. Covelo, CA: Island Press. p 27–72.

La définition d'objectifs de suivi

Pour être efficace, le suivi nécessite des **objectifs bien définis.** En effet, le manque de définition claire des objectifs du suivi et une volonté de mesurer trop d'attributs sont des faiblesses récurrentes des programmes de suivi, comme le montre Noon[29]. Dès la phase de conception, le système de suivi doit **identifier quelles informations spécifiques il va fournir, quelles composantes de la biodiversité il va suivre, et à quelles échelles spatiales et temporelles**. La stratégie d'échantillonnage est établie dans un deuxième temps, afin de répondre aux objectifs ciblés[30]. Il est alors préférable d'éviter autant que possible l'opportunisme et l'utilisation de données répondant à d'autres objectifs[31].

L'établissement des objectifs du suivi doit tenir compte de plusieurs aspects, dont les domaines d'intérêt, les exigences légales ou encore les financements disponibles. Teder et al. préconisent notamment de **débuter l'élaboration du système de suivi autour d'objectifs simples**, en ajoutant des variables au suivi au fur et à mesure et selon les ressources disponibles[32]. Les attentes au regard des objectifs ciblés ne correspondant pas forcément à ce qui est faisable en pratique, il faut alors les réexaminer et étudier d'autres options[33].

Il parait important de prendre en considération la façon dont les informations obtenues peuvent aider à améliorer la gestion[34], ou encore l'aspect communication pour lequel il est intéressant d'étudier notamment des groupes taxonomiques qui peuvent être facilement compris et appréciés du public et des décideurs publics[35]. Le choix des objectifs est important pour s'assurer d'en tirer des conclusions utiles et utilisées par la suite[36]. Définir l'état de l'environnement souhaité dans le futur est par ailleurs essentiel dans la définition des objectifs[37].

---

[29] Barry R. NOON, "Conceptual issues in monitoring ecological resources", in: Busch D.E., Trexler J.C. , editors. Monitoring ecosystems: interdisciplinary approaches for evaluating ecoregional initiatives. Covelo, CA: Island Press. p 27–72.

[30] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[31] Rhys E. Green et al., "A Framework for Improved Monitoring of Biodiversity: Responses to the World Summit on Sustainable Development", *Conservation Biology*, 19(1), 2005, pp. 56-65

[32] Tiit Teder et al., "Monitoring of Biological Diversity : a Common-Ground Approach", *Conservation Biology*, 21(2), 2007, pp. 313-317

[33] S.T. Buckland et al., "Monitoring change in biodiversity through composite indices", *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 360, 2005, pp. 243-254

[34] Barry R. NOON, "Conceptual issues in monitoring ecological resources", in: Busch D.E., Trexler J.C. , editors. Monitoring ecosystems: interdisciplinary approaches for evaluating ecoregional initiatives. Covelo, CA: Island Press. p 27–72.

[35] Henrique M. Pereira, H. David Cooper, "Towards the global monitoring of biodiversity change", *Trends in Ecology and Evolution*, 21(3), 2006, pp. 123-129

[36] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[37] Barry R. NOON, "Conceptual issues in monitoring ecological resources", in: Busch D.E., Trexler J.C. , editors. Monitoring ecosystems: interdisciplinary approaches for evaluating ecoregional initiatives. Covelo, CA: Island Press. p 27–72

Variables suivies, échantillonnage et mesures

Une fois que les objectifs sont définis, il est essentiel de **prévoir avec précision ce qui va être mesuré, quand, où et avec quelles méthodes**[38]. Pour Teder et al., il faut établir une liste de taxons et d'écosystèmes dès le départ, et la mettre régulièrement à jour. Cette liste doit prendre en compte les moyens réels de suivi et les obstacles potentiels (problème d'identification d'une espèce, manque de spécialistes, etc.)[39].

La stratégie d'échantillonnage est une étape importante puisqu'elle va permettre de faciliter, ou au contraire complexifier - si elle est mal réalisée - l'analyse des données rassemblées[40]. En effet, il y a une hétérogénéité méthodologique dans l'espace et dans le temps entre les dispositifs[41] ce qui constitue un obstacle important à leur assemblage. Afin de faciliter l'intégration des données provenant de différents dispositifs, Henrique *et al.* proposent de suivre un schéma commun[42]. Des protocoles d'échantillonnage et de mesures spécifiques peuvent être conçus[43]. Cela permet d'harmoniser les méthodes pour que les données soient comparables dans l'espace et dans le temps, et d'éviter les biais liés à la collecte, comme ceux liés au fait que les zones proches des stations de recherche ou des routes sont plus échantillonnées que les zones isolées[44]. Les protocoles doivent être stables dans le temps, et suffisamment détaillés pour que le travail de terrain soit reproductible[45].

A ce stade, il est important **d'identifier les manques dans la couverture des suivis existants** afin de les combler autant que possible[46]. Il est possible d'ajouter des sites à échantillonner, par exemple, à des dispositifs déjà existants[47]. Il est parfois nécessaire de créer de nouveaux dispositifs si trop de manques sont identifiés au niveau de l'existant, afin de compléter le système de dispositifs[48]. Ces nouveaux dispositifs doivent être compatibles avec ceux existants[49].

---

[38] Rhys E. Green et al., "A Framework for Improved Monitoring of Biodiversity: Responses to the World Summit on Sustainable Development", *Conservation Biology*, 19(1), 2005, pp. 56-65

[39] Tiit Teder et al., "Monitoring of Biological Diversity : a Common-Ground Approach", *Conservation Biology*, 21(2), 2007, pp. 313-317

[40] S.T. Buckland et al., "Monitoring change in biodiversity through composite indices", *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 360, 2005, pp. 243-254

[41] Jean-Baptiste Mihoub et al., "Setting temporal baselines for biodiversity: The limits of available monitoring data for capturing the full impact of anthropogenic pressures", *Scientific Reports,* 7:41591, 2017

[42] Henrique M. Pereira, H. David Cooper, "Towards the global monitoring of biodiversity change", *Trends in Ecology and Evolution*, 21(3), 2006, pp. 123-129

[43] Barry R. NOON, "Conceptual issues in monitoring ecological resources", in: Busch D.E., Trexler J.C. , editors. Monitoring ecosystems: interdisciplinary approaches for evaluating ecoregional initiatives. Covelo, CA: Island Press. p 27–72

[44] Nick J.B. Isaac et al., "Data Integration for Large-Scale Model of Species Distributions", *Trends in Ecology and Evolution*, 35(1), 2020, pp. 56-67

[45] Rhys E. Green et al., "A Framework for Improved Monitoring of Biodiversity: Responses to the World Summit on Sustainable Development", *Conservation Biology*, 19(1), 2005, pp. 56-65

[46] Jean-Baptiste Mihoub et al., "Setting temporal baselines for biodiversity: The limits of available monitoring data for capturing the full impact of anthropogenic pressures", *Scientific Reports,* 7:41591, 2017

[47] S.T. Buckland et al., "Monitoring change in biodiversity through composite indices", *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 360, 2005, pp. 243-254

[48] Andrew Balmford et al., "Measuring the changing state of nature", *Trends in Ecology and Evolution*, 18(7), 2003, pp. 326-330

[49] Henrique M. Pereira, H. David Cooper, "Towards the global monitoring of biodiversity change", *Trends in Ecology and Evolution*, 21(3), 2006, pp. 123-129

Combinaison des données

Une fois que le système est mis en place, combiner les données ou les estimations de plusieurs dispositifs hétérogènes intégrés dans un système peut s'avérer complexe. D'après Henry et al., il faut choisir si l'intégration des données se fait au niveau des données brutes, de dénominateurs communs (entraînant une perte d'informations), des estimations paramétriques, ou encore des estimations de la valeur de l'effet, par exemple[50].

Les méthodes de **méta-analyse** peuvent également être utilisées. La méta-analyse permet de rassembler des données hétérogènes qui sembleraient trop incompatibles pour les regrouper directement. Cela permet notamment de palier les problèmes de couverture spatiale et biologique incomplète dans le suivi des différents dispositifs[51].

Pour Henry et al., lorsque l'on combine des données de plusieurs dispositifs conçus différemment, il est important de **surmonter leurs différences en termes de sélection des sites à échantillonner et d'erreurs de mesures**. Souvent, les sites sont choisis librement, ce qui peut poser des problèmes de représentativité puisque l'état et l'évolution de la biodiversité, par exemple, varient dans l'espace. Il est possible d'adapter le poids des données lorsque certaines zones sont plus suivies que d'autres. D'autre part, les erreurs de mesures doivent être prises en compte, c'est-à-dire que la validité statistique des mesures doit être quantifiée. Si l'erreur ne peut pas être estimée, il faut tout de même prendre en compte une marge d'erreur possible[52]. La détectabilité des espèces doit être mesurée et prise en compte[53]. Noon souligne également la nécessité de prendre en compte les possibles variations liées aux mesures et aux échantillons[54].

Lorsque les données sont intégrées, la **question de leur pondération** se pose. Celle-ci peut tout d'abord dépendre des objectifs du suivi. Les priorités sont à prendre en compte, par exemple les espèces en danger peuvent avoir un poids plus important pour des objectifs de conservation. Les différences de poids peuvent aussi compenser des sur- ou sous-représentations. La pondération peut également refléter une différence de taille de la population ou la surface de l'habitat, ou encore une différence de contribution de certaines espèces, taxons ou habitats aux écosystèmes[55].

[50] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[51] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[52] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[53] S.T. Buckland et al., "Monitoring change in biodiversity through composite indices", *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 360, 2005, pp. 243-254

[54] Barry R. NOON, "Conceptual issues in monitoring ecological resources", in: Busch D.E., Trexler J.C., editors. Monitoring ecosystems: interdisciplinary approaches for evaluating ecoregional initiatives. Covelo, CA: Island Press. p 27–72

[55] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

En plus de la planification d'une pondération des données, il faut se poser la question de **la prise en compte des espèces qui migrent**. La période à laquelle la collecte est réalisée peut modifier de manière conséquente les données dans ces cas particuliers[56]. Il faut donc savoir identifier ces phénomènes[57].

Henry et al. évoquent la possibilité d'une intégration qui dépendrait des facteurs de changements de la biodiversité, en comparant les réponses de différents taxons ou espèces à une même cause de changement. Celle-ci pourrait être réalisée grâce à la méta-analyse. Cela permettrait d'obtenir des conclusions plus pertinentes sur les changements de la biodiversité, voire de mieux identifier leurs intensités, ce qui permettrait donc d'adapter ensuite les politiques de gestion à ces nouvelles connaissances[58].

Continuité temporelle du suivi

La continuité du suivi est essentielle afin de connaître l'état passé de la biodiversité et de pouvoir étudier ses changements dans le temps[59]. Celle-ci peut être menacée lorsqu'il y a des changements de dirigeants ou de personnel s'occupant de la collecte, qui peuvent provoquer des biais ou des pertes de compréhension des données. Des méthodes standardisées doivent donc être mises en place, et il est important de détailler les méthodes utilisées pour qu'en cas de changement de personnel ou de dirigeants, le suivi ne soit pas impacté.

Afin d'assurer une continuité temporelle en cas d'adaptation des méthodes de suivi, Lindenmayer et Likens préconisent d'utiliser en même temps, durant une période, l'ancienne méthode et la nouvelle afin de se rendre compte des décalages et de comparer les deux, pour ne pas avoir un décalage brutal générant une discontinuité dans la série de données[60].

La variabilité des financements constitue parfois un obstacle à la continuité temporelle[61]. Aussi, le suivi devrait être établi comme une priorité (d'un point de vue politique) afin de lui assurer des financements stables dans le temps.

Beever souligne que des liens entre dispositifs et la création d'une infrastructure appropriée sont un atout important pour un suivi stable et continu.

---

[56] Erik A. Beever, "Monitoring biological diversity : Strategies, tools, limitations, and challenges", *Northwestern Naturalist*, 87(1), 2006, pp. 66-79

[57] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[58] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[59] Jean-Baptiste Mihoub et al., "Setting temporal baselines for biodiversity: The limits of available monitoring data for capturing the full impact of anthropogenic pressures", *Scientific Reports,* 7:41591, 2017

[60] David B. Lindenmayer, Gene E. Likens, "The science and application of ecological monitoring", *Biological Conservation*, 143, 2010, pp. 1317-1328

[61] Erik A. Beever, "Monitoring biological diversity : Strategies, tools, limitations, and challenges", *Northwestern Naturalist*, 87(1), 2006, pp. 66-79

Choix des indicateurs

Choisir des indicateurs sans justification logique est aussi un problème récurrent du suivi[62]. Les indicateurs doivent pouvoir identifier les facteurs qui agissent sur les écosystèmes[63]. **La sélection des indicateurs** doit être **rationnelle**, et prendre en compte **la faisabilité des mesures nécessaires** en termes de techniques, de personnel qualifié disponible mais également en termes de coût et de rentabilité. Il faut définir des **valeurs limites** (seuils) à partir desquelles l'état ou les changements décrits dans les indicateurs deviennent inquiétant. Les taux normaux de changements écologiques doivent donc être estimés. Il est aussi essentiel de faire en sorte que les indicateurs ne soient pas trop complexes et soient facilement compris pour qu'ils soient pris en compte dans les décisions politiques[64].

Accessibilité des données et communication

Pour Green et al., il est tout d'abord important de stocker les données brutes afin de pouvoir les vérifier mais aussi être capable de les réanalyser. Il est aussi essentiel de garder les informations sur la localisation des terrains dans lesquelles les données ont été acquises[65]. Afin d'éviter les problèmes de propriété intellectuelle, les règles sur le partage des données devraient être énoncées dans la conception même du suivi[66].

Afin que le suivi soit utile, il est essentiel d'avoir une stratégie de communication et de publier les résultats[67]. Il est en effet important d'informer le public, les financeurs du suivi, et les gestionnaires sur les résultats du suivi, afin de prouver que les financements sont utilisés à bon escient et de garder la confiance des différentes parties prenantes[68].

Enfin, si les décideurs ont souvent besoin d'une valeur unique à large échelle, une intégration des données et résultats uniquement à l'échelle nationale peut être un frein à leur utilisation par la gestion forestière, qui se conçoit selon les conditions particulières locales ou régionales. Être en capacité de publier des informations à ces échelles est un atout pour leur prise en compte[69].

---

[62] Barry R. NOON, "Conceptual issues in monitoring ecological resources", in: Busch D.E., Trexler J.C. , editors. Monitoring ecosystems: interdisciplinary approaches for evaluating ecoregional initiatives. Covelo, CA: Island Press. p 27–72.

[63] Erik A. Beever, "Monitoring biological diversity : Strategies, tools, limitations, and challenges", *Northwestern Naturalist*, 87(1), 2006, p.67

[64] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

[65] Rhys E. Green et al., "A Framework for Improved Monitoring of Biodiversity: Responses to the World Summit on Sustainable Development", *Conservation Biology*, 19(1), 2005, pp. 56-65

[66] David B. Lindenmayer, Gene E. Likens, "The science and application of ecological monitoring", *Biological Conservation*, 143, 2010, pp. 1317-1328

[67] Rhys E. Green et al., "A Framework for Improved Monitoring of Biodiversity: Responses to the World Summit on Sustainable Development", *Conservation Biology*, 19(1), 2005, pp. 56-65

[68] David B. Lindenmayer, Gene E. Likens, "The science and application of ecological monitoring", *Biological Conservation*, 143, 2010, pp. 1317-1328

[69] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

Un système de suivi adaptatif.

Une fois mis en œuvre, il semble important d'être **en capacité d'adapter le système de suivi et ses objectifs**, et donc de vérifier régulièrement que les données collectées correspondent bien aux objectifs et questions initiales. Il est utile de prévoir, dès leur définition initiale, que les objectifs pourront être ajustés plus tard selon les contraintes ou ce qui a été constaté dans la pratique. Les nouveaux besoins de suivi ou ses défauts sont à identifier pendant que le suivi est effectué et avec les résultats obtenus. Les informations obtenues permettent alors de re-déterminer les objectifs et d'adapter les méthodes, si besoin[70].

Il peut cependant y avoir un dilemme entre suivi adaptatif et continuité temporelle du suivi. L'adaptation du suivi, avec des changements de priorités, de protocoles, de méthodes, peut entraîner des discontinuités et être un obstacle à l'analyse des changements des variables étudiées. Un choix est parfois à faire entre le maintien d'une continuité temporelle avec un protocole suboptimal (suivi biaisé, ou inadapté aux objectifs) ou l'utilisation d'un nouveau protocole permettant de corriger les défauts identifiés, mais introduisant des discontinuités dans la série de données[71].

[70] Rhys E. Green et al., "A Framework for Improved Monitoring of Biodiversity: Responses to the World Summit on Sustainable Development", *Conservation Biology*, 19(1), 2005, pp. 56-65

[71] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

3. Des liens à tisser avec une variété d'acteurs

Une élaboration à conduire en concertation avec les parties prenantes, pour un suivi plus efficace

Afin de concevoir un système de suivi efficace, il est essentiel d'impliquer une variété d'acteurs dans celui-ci (secteur privé, public, gouvernement, etc.) afin que le système soit accepté et que les différents acteurs concernés y contribuent.

Selon Noon, l'absence de liens avec la recherche ou avec les décideurs politiques réduit l'utilité du suivi[72]. Pereira et Cooper insistent particulièrement sur l'importance de la participation de la communauté scientifique dans son élaboration[73].Pour Green et al., ce qui est suivi doit être défini en consultant les différentes parties prenantes sur la pertinence des résultats du suivi[74]. D'autre part, afin d'assurer des liens entre le processus de décision politique et le suivi, il est important de démontrer l'efficacité de ce dernier[75]. Teder et al. expliquent eux aussi que le suivi doit être utile aux décideurs publics[76].

Henry et al. soulignent que l'intégration des différents dispositifs doit bénéficier aux différentes parties prenantes pour que le système soit accepté et efficace. Plusieurs arguments peuvent expliquer les avantages d'un tel système pour les parties prenantes. Un système de dispositifs peut tout d'abord bénéficier aux chercheurs en leur donnant accès plus facilement à un plus grand nombre de données, et donc en leur donnant la possibilité de faire des analyses plus complètes. Leurs conclusions, déductions et éventuellement leurs prédictions peuvent être plus fiables, ce qui est ensuite un atout pour l'élaboration des politiques environnementales. Les décideurs publics bénéficient également de recommandations qui s'appliquent à des échelles temporelles et spatiales plus larges et pertinentes. De plus, l'intégration des données de différents dispositifs donne aux gestionnaires une vision générale de l'impact de la gestion. Enfin, le suivi réalisé par les dispositifs et les personnes impliquées dans le suivi peut être davantage connu et reconnu[77]. Une intégration des différents dispositifs en un système peut donc bénéficier à toutes les parties prenantes, ce qui est important pour les impliquer.

---

[72] Barry R. NOON, "Conceptual issues in monitoring ecological resources", in: Busch D.E., Trexler J.C. , editors. Monitoring ecosystems: interdisciplinary approaches for evaluating ecoregional initiatives. Covelo, CA: Island Press. p 27–72

[73] Henrique M. Pereira, H. David Cooper, "Towards the global monitoring of biodiversity change", *Trends in Ecology and Evolution*, 21(3), 2006, pp. 123-129

[74] Rhys E. Green et al., "A Framework for Improved Monitoring of Biodiversity: Responses to the World Summit on Sustainable Development", *Conservation Biology*, 19(1), 2005, pp. 56-65

[75] Barry R. NOON, "Conceptual issues in monitoring ecological resources", in: Busch D.E., Trexler J.C. , editors. Monitoring ecosystems: interdisciplinary approaches for evaluating ecoregional initiatives. Covelo, CA: Island Press. p 27–72

[76] Tiit Teder et al., "Monitoring of Biological Diversity : a Common-Ground Approach", *Conservation Biology*, 21(2), 2007, pp. 313-317

[77] Pierre-Yves Henry et al., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", Biodiversity and Conservation, 17, 2008, pp. 3357-3382

La nécessité d'un leadership fort exercé par un organisme reconnu pour ses compétences

Si l'acceptation des parties prenantes du système de suivi est nécessaire, il est important d'avoir un leadership fort et développé pour faciliter cette acceptation et maintenir le système de suivi en place[78]. Le choix de l'organisme coordinateur du système est donc primordial. Lee et al. montrent qu'il est important que le suivi soit exercé par des organismes de confiance[79]. L'organisme coordonnant l'ensemble doit donc également être fiable, du point de vue du gouvernement et du public, pour que les résultats soient utiles et utilisés. Par exemple, ils précisent que si dans certains pays, les parties prenantes font confiance aux organismes publics pour s'occuper du suivi, dans d'autres pays, il y a un risque de capture réglementaire (« agency capture ») par le gouvernement et le manque de confiance qui leur est accordée mène à privilégier d'autres organismes dans ce rôle.

Place des dispositifs participatifs impliquant des citoyens bénévoles

La question de la place du suivi participatif dans un tel système de suivi se pose également. En effet, lorsqu'un système visant à coordonner différents dispositifs est créé, il faut étudier quels dispositifs inclure et notamment si des dispositifs de suivi effectué par des volontaires devraient l'être, auquel cas il faut ensuite sélectionner les plus pertinents pour le suivi. Il s'agit aussi de déterminer quel niveau de participation de volontaires est acceptable : participation uniquement à la collecte, ou pour d'autres tâches comme l'élaboration d'indicateurs, la conception des méthodes ou encore l'analyse des données ? La plupart des dispositifs de suivi participatif concentrent les volontaires sur la tâche de collecte des données. L'autre question qui se pose est le niveau de la qualification des volontaires qui participent au suivi : tout type d'observateurs ou des experts volontaires[80]?

Le suivi effectué par des volontaires est utile en étant combiné aux informations d'autres dispositifs[81]. Son principal avantage est son coût plus faible que le suivi professionnel[82]. Les dispositifs de suivi participatifs permettent de compléter les autres dispositifs, comme ceux utilisant la télédétection par exemple, avec un grand nombre d'informations. Ces suivis doivent être encadrés par des professionnels avec des protocoles, afin que le travail ne soit pas uniquement amateur et que les résultats soient fiables. Les protocoles doivent être simples pour être accessibles à de nombreux observateurs, même s'ils doivent assurer la qualité des données. La conception du suivi, la stratégie d'échantillonnage et les méthodes de collecte de terrain sont importantes pour que le suivi soit efficace. Cette collaboration entre scientifiques et citoyens permet de garantir une pertinence scientifique du suivi tout en ayant une plus grande légitimité et plus de visibilité auprès du public. Afin d'éviter les biais, les sites et les périodes de collecte peuvent par exemple être choisis par les

---

[78] David B. Lindenmayer, Gene E. Likens, "The science and application of ecological monitoring", *Biological Conservation*, 143, 2010, pp. 1317-1328

[79] Lee et al., "Biodiversity Inventory and Monitoring : A review of national and international systems and a proposed framework for future biodiversity monitoring by the Department of Conservation", Department of Conservation, Landcare Research, 2005

[80] Michael J.O. Pocock et al., "A Vision for Global Biodiversity Monitoring with Citizen Science", Advances in Ecological Research, 59(6), 2018, pp. 169-223

[81] Andrew Balmford et al., "Measuring the changing state of nature", *Trends in Ecology and Evolution*, 18(7), 2003, pp. 326-330

[82] Michael J.O. Pocock et al., "A Vision for Global Biodiversity Monitoring with Citizen Science", Advances in Ecological Research, 59(6), 2018, pp. 169-223

scientifiques et non par les participants, qui doivent donc effectuer des collectes dans des endroits spécifiques[83]. La pertinence des dispositifs de suivi participatif dépend non seulement de leur coût, de leurs avantages par rapport aux dispositifs professionnels et de l'impact en termes de légitimité, mais aussi de la capacité du dispositif à se maintenir dans le temps. La capacité des dispositifs à se maintenir dans le temps dépendant notamment du soutien des pouvoirs publics et des financements, les dispositifs participatifs sont moins affectés par des bouleversements puisque ceux-ci n'affecteraient pas la motivation des citoyens à effectuer des collectes[84]. Couvet *et al.* pensent qu'il serait bénéfique de rassembler les dispositifs de suivi participatif dans un réseau hiérarchique, afin de mieux les coordonner au niveau de l'échelle du suivi, de l'analyse et du financement[85].

La participation citoyenne permet aussi de rendre le suivi plus compréhensible pour le public puisque le travail n'est pas fait uniquement par des scientifiques qui ne feraient pas forcément de la communication leur priorité[86].

Enfin, les nouvelles technologies permettent désormais à tout volontaire de pouvoir prendre en photo ou identifier plus facilement ce qui est suivi. Les technologies rendent le suivi participatif plus facile et plus fiable[87].

Des liens spécifiques à tisser avec la gestion forestière ?

La **gestion adaptative** est importante pour la conservation de la biodiversité en forêts, et le suivi est essentiel à la gestion. Lindenmayer *et al.* souhaiteraient qu'une gestion adaptative soit mise en place en intégrant la recherche, le suivi et la gestion. Ils insistent sur l'intérêt de considérer les pratiques de gestion comme des expérimentations, et sur l'importance d'implémenter **un suivi intégrant des mécanismes pour effectuer des retours aux gestionnaires**, afin qu'ils améliorent l'efficacité de leur gestion en fonction des résultats du suivi[88]. Pour cela il est essentiel (i) de concevoir le suivi avec précaution, en prévoyant d'effectuer des mesures de référence avant chaque action de gestion, pour identifier les réponses de l'écosystèmes forestier, (ii) d'étudier les effets d'une variété de pratiques d'exploitation forestière, afin de pouvoir les comparer entre elles (iii) d'enregistrer précisément et de stocker les informations liées à la gestion forestière, (iv) enfin de modifier les pratiques de gestion selon les résultats. Ainsi le suivi continu de l'écosystème (y compris de la biodiversité) est partie prenante de toute décision de gestion[89].

---

[83] Michael J.O. Pocock et al., "A Vision for Global Biodiversity Monitoring with Citizen Science", Advances in Ecological Research, 59(6), 2018, pp. 169-223

[84] Denis Couvet et al., "Enhancing citizen contributions to biodiversity science and public policy", *Interdisciplinary Science Reviews*, 33(1), 2008, pp. 95-103

[85] Denis Couvet et al., "Enhancing citizen contributions to biodiversity science and public policy", *Interdisciplinary Science Reviews*, 33(1), 2008, pp. 95-103

[86] Denis Couvet et al., "Enhancing citizen contributions to biodiversity science and public policy", *Interdisciplinary Science Reviews*, 33(1), 2008, pp. 95-103

[87] S.T. Buckland, A. Johnston, "Monitoring the biodiversity of regions : Key principles and possible pitfalls", *Biological Conservation*, 214, 2017, pp. 23-34

[88] David B. Lindenmayer, Chris R. Margules, Daniel B. Botkin, "Indicators of Biodiversity for Ecologically Sustainable Forest Management", *Conservation Biology*, 14(4), 2000, pp. 941-950

[89] David B. Lindenmayer, Chris R. Margules, Daniel B. Botkin, "Indicators of Biodiversity for Ecologically Sustainable Forest Management", *Conservation Biology*, 14(4), 2000, pp. 941-950

Références bibliographiques

- Balmford A., Green R. E., Jenkins M., "Measuring the changing state of nature", *Trends in Ecology and Evolution*, 18(7), 2003, pp. 326-330
- Beever E. A., "Monitoring biological diversity: Strategies, tools, limitations, and challenges", *Northwestern Naturalist*, 87(1), 2006, pp. 66-79
- Buckland S.T., Johnston A., "Monitoring the biodiversity of regions : Key principles and possible pitfalls", *Biological Conservation*, 214, 2017, pp. 23-34
- Buckland S.T., Magurran A.E., Green R.E., Fewster R.M., "Monitoring change in biodiversity through composite indices", *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 360, 2005, pp. 243-254
- Couvet D. Jiguet F., Julliard R., Levrel H., Teyssedre A., "Enhancing citizen contributions to biodiversity science and public policy", *Interdisciplinary Science Reviews*, 33(1), 2008, pp. 95-103
- Green R. E., Balmford A., Crane P. R., Mace G. M., Reynolds J. D., Turner R. K., "A Framework for Improved Monitoring of Biodiversity: Responses to the World Summit on Sustainable Development", *Conservation Biology*, 19(1), 2005, pp. 56-65
- Henry P.-Y., Lengyel S., Nowicki P., Julliard R., Clobert J., Celik T., Gruber B., Schmeller D. S., Babij V., Henle K., "Integrating ongoing biodiversity monitoring: Potential benefits and methods", *Biodiversity and Conservation*, 17, 2008, pp. 3357-3382
- Isaac N. J.B., Jarzyna M. A., Keil P., Dambly L. I., Boersch-Supan P. H., Browning E., Freeman S. N., Golding N., Guillera-Arroita G., Henrys P. A., Jarvis S., Lahoz-Monfort J., Pagel J., Pescott O. L., Schmucki R., Simmonds E. G., O'Hara R. B., "Data Integration for Large-Scale Model of Species Distributions", *Trends in Ecology and Evolution*, 35(1), 2020, pp. 56-67
- Lee et al., “Biodiversity Inventory and Monitoring : A review of national and international systems and a proposed framework for future biodiversity monitoring by the Department of Conservation”, Department of Conservation, Landcare Research, 2005, 213 p.
- Lindenmayer D. B., Likens G. E., "The science and application of ecological monitoring", *Biological Conservation*, 143, 2010, pp. 1317-1328
- Lindenmayer D. B., Margules C. R., Botkin D. B., "Indicators of Biodiversity for Ecologically Sustainable Forest Management", *Conservation Biology*, 14(4), 2000, pp. 941-950
- Mihoub J.-B. et al., "Setting temporal baselines for biodiversity: The limits of available monitoring data for capturing the full impact of anthropogenic pressures", *Scientific Reports,* 7:41591, 2017
- Navarro L.M. et al., "Monitoring biodiversity change through effective global coordination", *Current Opinion in Environmental Sustainability*, 29, 2017, pp. 158-169
- Nichols J. D., Williams B. K., "Monitoring for conservation", *Trends in Ecology and Evolution*, 21(12), 2006, pp. 668-673
- Noon B.R., "Conceptual issues in monitoring ecological resources", in: Busch D.E., Trexler J.C. , editors. *Monitoring ecosystems: interdisciplinary approaches for evaluating ecoregional initiatives*. Covelo, CA: Island Press. p 27–72.
- Pereira H. M. , Cooper H. D. , "Towards the global monitoring of biodiversity change", *Trends in Ecology and Evolution*, 21(3), 2006, pp. 123-129
- Pocock M. J.O., Chandler M., Bonney R., Thornhill I., Albin A., August T., Bachman S., Brown P. M.J., Cunha D.G.F., Grez A., Jackson C., Peters M., Rabarijaon N. R., Roy H. E., Zaviezo T., Danielsen F., "A Vision for Global Biodiversity Monitoring with Citizen Science", Advances in Ecological Research, 59(6), 2018, pp. 169-223
- Teder T., Moora M., Roosaluste E., Zobel K., Pärtel M., Koljalg U., Zobel M., "Monitoring of Biological Diversity : a Common-Ground Approach", *Conservation Biology*, 21(2), 2007, pp. 313-317
- Vos P., Meelis E., Ter Keurs W. J., "A framework for the design of ecological monitoring programs as a tool for environmental and nature management", *Environmental Monitoring and Assessment*, 61(3), 2000, pp. 317-344

II-N

Etude de deux exemples de système de suivi multi-dispositifs à l'étranger

Suède

Le système de suivi environnemental suédois coordonné par la Swedish Environmental Protection Agency (EPA) ..... II-N 2

1- Comment sont définis les objectifs au sein du système de suivi suédois ? ..... II-N 3

2- Un système de suivi coordonné par une agence gouvernementale, l'EPA..... II-N 5

3- Focus sur les dispositifs de suivis forestiers ..... II-N 7

- Le programme "forêt" coordonné par l'EPA..... II-N 7
- Inventaire forestier et inventaire des sols forestiers : deux dispositifs très liés ..... II-N 9
- Le déploiement récent des méthodes basées sur l'ADN pour le suivi de la biodiversité des sols..... II-N 11
- Annexe 1 : La SLU, un acteur majeur du suivi environnemental en Suède ..... II-N 12

Suisse

Le système de suivi de l'environnement suisse coordonné par l'Office Fédéral de l'Environnement (OFEV) ..... II-N 15

1- L'implémentation du suivi repose sur un ensemble de mandataires ..... II-N 16

2- Le défi de l'OFEV : rassembler des données multi-sources ..... II-N 17

3- Sous le pilotage de l'OFEV, différents niveaux de concertation et d'échange entre les dispositifs..... II-N 19

4- Partage des données et communication..... II-N 20

Le système de suivi environnemental suédois coordonné par la Swedish Environmental Protection Agency (EPA)

Autrice : Marie Cluzel (Ecofor).

Note préalable : cette note décrit le système de suivi environnemental en Suède sous l'angle de la gouvernance de cet ensemble, et en particulier de sa composante forestière. Elle est basée sur des recherches bibliographiques et sur des entretiens réalisés par Marie Cluzel auprès de Ola Inghe (Swedish Environmental Protection Agency) et Jonas Fridman, responsable du National Forest Inventory (Swedish University of Agricultural Sciences).

Version finale au 23/07/2021.

* * *

En Suède, la Swedish Environmental Protection Agency (Swedish EPA), l'agence publique de protection environnementale[1], **finance et coordonne** depuis 1978 un important système de suivi de l'environnement. Celui-ci rassemble de nombreux dispositifs. L'objectif de ce grand système de suivi, inscrit dans la loi suédoise, est de décrire l'état de l'environnement et ses changements. Il est composé de 10 programmes de suivi différents, dont 8 coordonnés par l'EPA : Montagnes, Suivi environnemental lié à la santé, Terres agricoles, Paysages, Air, Coordination des substances toxiques, Forêts, et Zones humides. La Swedish Agency for Marine and Water Management coordonne deux programmes à la place de la Swedish EPA : Mer et zones côtières, et Eau douce.

Une grande diversité d'acteurs contribue aux différentes facettes de ce suivi environnemental, par exemple des universités, des instituts de recherches, des agences nationales ou régionales, des volontaires, etc.

L'objectif de ce chapitre est de décrire la gouvernance de ce méta-système de suivi environnemental, c'est-à-dire son fonctionnement du point de vue : (1) de son cadrage, c'est-à-dire de la définition des grandes orientations et priorités de suivi ; (2) de la coordination de l'ensemble par un organisme unique directement lié à l'état suédois, l'EPA (3) de son programme de suivi des forêts, qui comprend un sous-ensemble de dispositifs.

[1] Plus largement, cette agence est chargée par le gouvernement suédois du développement et de l'implémentation de la politique environnementale, et elle est financée par l'Etat. Ainsi, chaque année, le gouvernement établit le budget et les objectifs de l'Agence.

1- Comment sont définis les objectifs au sein du système de suivi suédois ?

Le système de suivi environnemental suédois se base principalement sur la législation environnementale, les objectifs de qualité environnementale définis par le gouvernement et la demande de rapports pour l'Union Européenne ou dans le cadre des directives et conventions internationales, comme la Convention sur la Diversité Biologique. De manière générale, les orientations et priorités du suivi sont définies par l'EPA au sein d'un cadre contraignant établi par le gouvernement suédois en prenant en compte ses engagements internationaux.

Le suivi de l'environnement est inscrit dans la loi suédoise. Le gouvernement a notamment décrit ses attentes pour un programme de suivi efficace dans la proposition 1990/91:90 & 1997/98:145 des projets de loi sur l'environnement[2]. De plus, au moins une fois par an[3], le gouvernement émet une lettre de réglementation (« regulation letter ») pour chaque autorité gouvernementale, dont la Swedish EPA. Dans cette lettre, il informe de l'allocation des financements pour les différentes tâches confiées à l'agence. Du point de vue de l'implémentation de ses tâches, l'EPA agit indépendamment du gouvernement dans le cadre donné (avec pour exception ce qui concerne les relations internationales).

Seize objectifs de qualité environnementale, dont un sur les forêts, définissent l'état de l'environnement que le gouvernement suédois cherche à atteindre à l'échelle nationale. En lien avec ces objectifs, des indicateurs environnementaux officiels sont établis par le gouvernement. L'EPA est chargé de faire un rapport au gouvernement sur les progrès faits par rapport à ces objectifs. Les objectifs de qualité environnementale, les indicateurs et des diagrammes associés, ainsi que les rapports de l'EPA sont disponibles sur sverigesmiljömål.se (en Suédois). Le faible nombre d'indicateurs officiels explique la nécessité pour l'EPA de mettre en place un suivi de l'environnement plus détaillé et complet, prenant en compte davantage de variables que celles directement nécessaires à ces indicateurs[4].

[2] https://www.swedishepa.se/Environmental-objectives-and-cooperation/Swedish-environmental-work/Environmental-monitoring-describes-the-state-of-the-environment/

[3] Au mois de décembre, avant la nouvelle année fiscale.

[4] Cela permet à l'EPA de produire des rapports plus complets, contenant des informations non inclues dans les indicateurs officiels et issues des différents résultats des dispositifs de suivi.

Tout en tenant compte des éléments énoncés précédemment, la Swedish EPA **décide des orientations générales et priorités de l'ensemble du suivi environnemental**. Les différents dispositifs inclus dans ce système de suivi doivent suivre ce qui leur est attribué par l'EPA, même s'ils peuvent eux-mêmes choisir de suivre d'autres éléments ou variables, en plus de ce qui est requis par l'Agence.

Les grandes orientations et priorités du suivi environnemental sont révisés environ tous les 5 ans par la Swedish EPA, ce qui permet d'adapter le suivi aux besoins (l'émergence de nouveaux enjeux, ratification d'une nouvelle convention, etc.). Le processus de révision inclut généralement la consultation d'autres autorités gouvernementales, d'experts travaillant dans des universités ou des instituts, de représentants des secteurs économiques concernés, de groupes d'intérêt (sur les forêts, par exemple), de l'industrie forestière et des propriétaires forestiers, et d'ONGs (par exemple WWF et BirdLife Sweden).

La biodiversité, par exemple, est une composante de plus en plus importante du suivi environnemental alors même que celle-ci n'était pas considérée comme une priorité au départ. La Suède ayant signé la Convention sur la Diversité Biologique, elle doit notamment être en mesure de faire des rapports sur l'état de la biodiversité du pays et doit améliorer son suivi en conséquence. De ce fait, de plus en plus, les variables de biodiversité sont intégrées aux différents dispositifs de suivi déployés.

2-Un système de suivi coordonné par une agence gouvernementale, l'EPA

Le système de suivi environnemental, déployé en Suède depuis plus de 40 ans, est coordonné par l'agence suédoise de protection environnementale EPA. L'agence ne s'occupe pas elle-même d'effectuer la collecte des données nécessaires au suivi, mais organise et rassemble sous un cadre cohérent un ensemble de dispositifs ou « programmes » dédiés à différentes composantes de l'environnement (air, terres agricoles, paysages, forêts…).

En résumé, la Swedish EPA a :

- Rassemblé des dispositifs existants, comme le Swedish Forest Soil Inventory géré par la SLU (Swedish University of Agricultural Sciences),
- Apporté des financements à des dispositifs existants pour suivre de nouvelles variables,
- Ajouté des suivis liés à la biodiversité à des programmes créés pour d'autres objectifs,
- Créé de nouveaux dispositifs de suivi.

Ces dispositifs, nombreux et variés, bénéficient d'une grande autonomie. **Leur mission pour l'EPA est prise en charge financièrement par l'agence elle-même.** Cette mission comprend la planification, la collecte et l'analyse de données, mais aussi leur archivage à long-terme, le contrôle de leur qualité, et la mise à disposition des informations au public à travers des bases de données.

Le rôle de l'EPA est de s'assurer que le suivi environnemental global soit le plus qualitatif, transparent et complet possible, et en adéquation avec les orientations et priorités de suivi qui ont été définies. L'agence recommande des méthodes pour le suivi, rédige des manuels à l'intention des dispositifs, les conseille sur la planification ou encore l'évaluation du suivi. Ses experts peuvent apporter une aide aux dispositifs qui en ont besoin. Les contrôles de qualité des données sont néanmoins gérés au sein de chaque dispositif et sans intervention directe de l'EPA[5].

[5] En théorie, la Swedish EPA peut vérifier ces contrôles, mais cela n'a pas été fait depuis de nombreuses années puisqu'ils considèrent que les contrôles de qualité propres aux dispositifs sont fiables, et puisqu'il y a désormais trop de dispositifs dans le système pour tous les contrôler.

Le rôle de l'EPA est aussi de s'assurer du partage des données et des résultats. Les données collectées par les différents programmes doivent être accessibles au public gratuitement (sauf exceptions, par exemple concernant les espèces menacées) : l'EPA demande donc l'établissement de bases de données en choisissant des hôtes nationaux. Les données brutes doivent particulièrement être partagées, et des métadonnées ou des références à des manuels doivent être disponibles pour les données brutes et les données traitées. Une transparence est exigée quant à la façon dont elles sont calculées. Des analyses et synthèses, ainsi que les données correspondantes, sont publiées dans des rapports de la Swedish EPA. Elles ne concernent pas uniquement l'échelle nationale, mais parfois également l'échelle des provinces (ou de groupements de provinces). Ces rapports concernent le suivi environnemental global, et il n'y a pas de rapports individuels pour chaque programme (par exemple, il n'y a pas de rapport complet uniquement sur le programme forêts).

Il n'existe aucune « instance de coordination » de l'ensemble du système de suivi environnemental, qui regrouperait l'EPA et les représentants des différents dispositifs concernés autour d'une même table. Les dispositifs ayant leur propre gouvernance, certains d'entre eux possèdent des « groupes de référence », qui permettent aux parties prenantes d'échanger des informations et de coopérer. Lorsqu'ils existent, l'EPA s'appuie sur ces groupes pour échanger avec les dispositifs. Les réunions sont régulières (une à deux par an). Leurs comptes-rendus ne sont pas rendus publics, mais ne sont pas confidentiels et peuvent être demandés aux responsables des dispositifs concernés.

3- Focus sur les dispositifs de suivis forestiers

• Le programme "forêt" coordonné par l'EPA

Le système de suivi environnemental coordonné par l'EPA comprend un programme dédié aux forêts. Une grande partie de celui-ci est mise en œuvre par une université suédoise, **la *Swedish University of Agricultural Sciences* (SLU)**[6]en lien avec d'autres acteurs.

Plus précisément, ce programme « forêt » est composé de 4 sous-programmes :

- ***Swedish National Forest Soil Inventory* :** réalisé par la SLU.

- ***Integrated monitoring*** : il concerne les effets de la pollution atmosphérique sur les écosystèmes, dont les forêts, et est réalisé par la *SLU*, le *Swedish Environmental Institute* (IVL) et la *Swedish Geological Survey* (SGU)[7]. Ce programme a été créé dans le cadre de la Convention sur la pollution atmosphérique transfrontière à longue distance (CPATLD).

- ***Monitoring of small mammals in forests*** : il a été créé à la demande de l'EPA pour suivre l'évolution des polluants organiques persistants et des métaux lourds toxiques accumulés dans les tissus des petits mammifères forestiers. Il est réalisé par la SLU, et les échantillons sont stockés dans la Banque d'essais environnementaux ("Miljöprovbanken")[8]. Les objectifs initiaux de ce suivi ont été élargis (1) au suivi des variations de populations de certaines espèces, en particulier les lemmings et campagnols, et (2) à l'étude des petits mammifères en tant que réservoirs et vecteurs de maladies, telles que l'encéphalite à tiques, la maladie de Lyme, ou encore la néphropathie épidémique.

[6] Au-delà de sa contribution au système de suivi de l'EPA, la SLU a développé de nombreux programmes et outils pour le suivi de l'environnement en Suède. C'est un acteur majeur dans ce domaine : voir Annexe 1.
[7] https://www.slu.se/en/research/research-excellence/research-infrastructure/anlaggningar/integrerad-monitoring-im-in-sweden/
[8] Ce suivi est donc basé sur échantillonnage destructif.

- ***Toxic pollutants in moose*** : il concerne les polluants toxiques dans le biote, particulièrement dans des organes ou muscles d'élans ; les analyses sont réalisées par le Musée suédois d'histoire naturelle et l'Institut vétérinaire suédois à partir d'échantillons stockés dans la banque d'essais environnementaux. Comme le suivi des petits mammifères, il a été créé à la demande de l'EPA et doit permettre de suivre l'évolution des polluants organiques persistants et des métaux lourds toxiques dans les échantillons stockés.

Le *Swedish National Forest Soil Inventory (SFSI)* et l'*Integrated Monitoring* (pollution atmosphérique) interagissaient lorsque le SFSI se concentrait sur l'acidification, et les deux programmes partageaient une partie de leur personnel clé, mais ces interactions ont diminué, notamment puisque le SFSI a étendu et changé ses objectifs. Ils mesurent tout de même partiellement les mêmes variables. Les deux autres dispositifs (petits mammifères et élans) sont davantage indépendants.

Le *Swedish National Forest Soil Inventory* (SFSI), dirigé par la SLU, est un programme majeur pour le suivi des forêts en Suède. Ce sous-programme a commencé en tant que projet à court-terme dans les années 1960 au sein de l'inventaire forestier suédois, le *Swedish National Forest Inventory* (NFI). Le SFSI est devenu un inventaire à part entière en 1983, à l'origine pour étudier les problèmes d'acidification des sols forestiers et des lacs. Il utilise depuis cette date une partie des placettes permanentes de l'inventaire forestier suédois (NFI)[9]. Il a été inclus au système de suivi environnemental de l'EPA en 1993, au sein du programme forêt, en se concentrant toujours sur l'acidification et les problèmes connexes de dégradation des écosystèmes forestiers. Le SFSI a évolué en se concentrant ensuite sur les sols et leurs changements, et sur les forêts, puis en incluant plus récemment le suivi de la biodiversité des sols à partir d'ADN environnemental. Sa base de données est "Markinfo", les données sont également disponibles sur le site de la SLU.

Le *Swedish National Forest Inventory* (NFI) ne fait pas partie du système de suivi coordonné par l'EPA.

[9] Les placettes permanentes du *Swedish National Forest Inventory (NFI)* ont été mises en place en 1983 : avant cette date, l'inventaire forestier suédois le NFI n'utilisait que des placettes temporaires.

- ## Inventaire forestier et inventaire des sols forestiers : deux dispositifs très liés

Les deux programmes (*National Forest Inventory* NFI et *Swedish National Forest Soil Inventory* SFSI) sont indépendants mais très liés et complémentaires. En plus de partager une partie de leurs placettes, les mêmes équipes de terrain y participent.

L'inventaire forestier NFI est un dispositif majeur concernant le suivi des forêts en Suède. Cet inventaire, commencé en 1923, est financé et réalisé par la SLU. Il repose à la fois sur des placettes temporaires et des placettes permanentes. Les placettes permanentes couvrent tout le pays à partir d'un échantillonnage systématique[10]. Le nombre de placettes temporaire est variable et dépend du budget disponible[11]. Leurs emplacements sont déterminés aléatoirement mais étalés dans l'espace grâce à l'application, depuis 2018, de la méthode du pivot local[12]. Au total, plus de 21 000 placettes (temporaires et permanentes) sont inventoriées chaque année, avec des cycles de 5 ans. Ce chiffre annuel comprend :

- 10 600 placettes dites « volume-plot », dont 6 200 permanentes. Sur ces placettes, des relevés complets sont réalisés (usage du sol, le volume/la biomasse/le carbone du stock de bois vivant et du bois mort, les prélèvements de bois, etc.). Sur un cycle de 5 ans, cela représente un total de 53 000 placettes dont 31 000 permanentes pour la réalisation de levés complets.

- 10 600 placettes dites « logging-plots » sur lesquelles seules les données de prélèvement de bois sont relevées. Sur un cycle de 5 ans, cela représente 53 000 placettes supplémentaires.

Afin de s'assurer de la qualité des données, 5% des placettes sont revisitées deux ou trois semaines après la collecte (1/3 de placettes temporaires et 2/3 de placettes permanentes).

[10]Les placettes permanentes du NFI couvrent tout le pays, elles sont réparties à partir d'un échantillonnage systématique avec un point de départ aléatoire. Elles sont circulaires et ont un rayon de 10 mètres, et elles sont regroupées dans des parcelles carrées ou rectangulaires, leurs dimensions dépendant de leur localisation. La densité de placettes permanentes est variable selon les régions, certaines parties de la Suède plus hétérogènes nécessitent une intensité d'échantillonnage plus importante.

[11] Les placettes temporaires ont un rayon de 7 mètres.

[12] Grafström A et al., 2017. A new sampling strategy for forest inventories applied to the temporary clusters of the Swedish national forest inventory. Canadian Journal of Forest Research. 47(9), pp.1161-1167 (https://cdnsciencepub.com/doi/10.1139/cjfr-2017-0095)

La base de données de l'inventaire forestier NFI est "Taxwebb", et cet outil permet de créer des tableaux ou des diagrammes personnalisés à partie des données[13]. Les statistiques officielles (indicateurs) sont également disponibles en ligne[14].

L'inventaire des sols forestiers SFSI utilise un sous ensemble des placettes permanentes de l'inventaire forestier NFI : 5000 placettes permanentes, à raison de 500 placettes par an sur un cycle de 10 ans. Dans le même temps, un protocole de suivi des humus est quant à lui déployé sur 11 000 placettes permanentes, à raison de 1100 placettes par an.

Lors des relevés de terrain, les données sont collectées et contrôlées sur les ordinateurs des équipes d'inventaire. Les données des campagnes sont d'abord stockées dans des bases de données annuelles. Après nouveau contrôle de leur qualité, elles sont transférées à la base de données d'analyse qui rassemble les données de toutes les campagnes annuelles. Des variables secondaires sont alors calculées. Les résultats du suivi des forêts (NFI ou SFSI) sont ensuite publiés sous différentes formes (données[15] [16] [17], publications annuelles[18], valeurs moyennes sur les 5 dernières années, analyses approfondies après plusieurs années de travail, cartes[19] [20]...). Toutes les données peuvent être demandées, cependant les coordonnées des placettes permanentes ou temporaires ne sont pas fournies, afin de ne pas mettre en péril l'intégrité des données[21] Seuls certains chercheurs peuvent y avoir accès pour certains projets, avec un accord de confidentialité. Les manuels de terrain destinés aux agents des inventaires sont également disponibles pour le public et téléchargeables sur le site de la SLU (en Suédois).

[13] https://taxwebb.slu.se/pages/startenglish.aspx
[14] https://skogsstatistik.slu.se/pxweb/en/ , et quelques données disponibles ici : https://www.slu.se/en/Collaborative-Centres-and-Projects/the-swedish-national-forest-inventory/forest-statistics/microdata-for-download/
[15] https://www.slu.se/centrumbildningar-och-projekt/riksskogstaxeringen/statistik-om-skog/senaste-statistiken/ (NFI)
[16] https://taxwebb.slu.se/Pages/default.aspx (NFI)
[17] https://www.slu.se/miljoanalys/statistik-och-miljodata/miljodata/webbtjanster-miljoanalys/markinfo/markinfo/ (SFSI)
[18] https://www.slu.se/centrumbildningar-och-projekt/riksskogstaxeringen/statistik-om-skog/skogsdata/
[19] https://www.slu.se/en/Collaborative-Centres-and-Projects/the-swedish-national-forest-inventory/forest-statistics/slu-forest-map/ (NFI)
[20] https://www.slu.se/miljoanalys/statistik-och-miljodata/miljodata/webbtjanster-miljoanalys/markinfo/markinfo/markkemi/ (SFSI)
[21] https://www.slu.se/centrumbildningar-och-projekt/riksskogstaxeringen/forskningsstod/fragor-och-svar/

- ## Le déploiement récent des méthodes basées sur l'ADN pour le suivi de la biodiversité des sols

Au sein du *Swedish Forest Soil Inventory*, des méthodes basées sur l'**ADN** sont utilisées pour le suivi des champignons. Les données sont collectées depuis 2015, à partir de 350 placettes par an. Les résultats sont comparés avec les données disponibles sur Artportalen, un site internet sur lequel tout le monde peut rapporter des observations de plantes, animaux ou champignons (Artportalen est géré par la SLU pour la Swedish EPA).

Il y a une volonté d'étendre l'utilisation des méthodes basées sur l'ADN, mais les besoins de financement sont une limite importante. A partir de 2023, soit le début du nouveau cycle de suivi du *Swedish Forest Soil Inventory* (cycle de 10 ans), la SLU et l'EPA ont pour projet d'améliorer le suivi de la biodiversité dans les sols forestiers en étendant ce suivi ADN à plus de taxons.

Les détails sur ce suivi peuvent être trouvés dans ces documents :

- *Monitoring of biodiversity in forest soils - sampling and DNA analyses*
  Björn Lindahl, Swedish University of Agricultural Sciences, Sweden[22]

- eDNA in Swedish terrestrial environmental monitoring –current status and future prospects
  Ola Inghe, Swedish Environmental Protection Agency, Sweden[23]

[22] https://www.naturvardsverket.se/upload/kalendarium/Dokumentation/2021/DNA/5LindahlB_biodiversityForestSoils.pdf
[23] https://www.naturvardsverket.se/upload/kalendarium/Dokumentation/2021/DNA/15_IngheO_TerrestrialMonitoring.pdf

Annexe 1 : La SLU, un acteur majeur du suivi environnemental en Suède

La SLU (Swedish University of Agricultural Sciences) est une université ayant un rôle très important dans le suivi de l'environnement en Suède. Au-delà de sa contribution au système de suivi coordonné par l'EPA, la SLU a développé de manière indépendante un ensemble de dispositifs de suivi dans différents domaines environnementaux.

La SLU est composée de nombreux départements s'occupant de différents programmes. Leur *Environmental Monitoring and Assessment* (EMA) est composé de **12 programmes** différents (forêts, biodiversité, lacs et cours d'eau, climat, faune, etc.). Les dispositifs dans ces programmes sont nombreux et variés. Ils sont parfois complémentaires ou peuvent se chevaucher, des informations dans un dispositif peuvent donner des informations sur ce qui est recherché dans un autre dispositif. Par exemple, certaines données du *National Inventories of Landscapes in Sweden* (NILS) ciblent volontairement les zones de haute montagne ou agricoles où le NFI est insuffisant. Certains dispositifs sont basés sur la participation des citoyens (sciences participatives), quand d'autres reposent sur des équipes de terrain pour la collecte des données. Les dispositifs ont néanmoins des standards et un référentiel taxonomique communs.

Dans le cadre de grands dispositifs nationaux comme *le National Forest Inventory* et le *Swedish Forest Soil Inventory*, la SLU organise la consultation des parties prenantes grâce à des **comités consultatifs** incluant des ONGs, des agences gouvernementales comme la Forest Agency, Statistics Sweden, Energy Agency, la Swedish EPA, des associations de propriétaires forestiers ou de l'industrie forestière, etc. Ces comités ne produisent pas de rapports pour le public, les résultats sont internes.

La SLU a mis en place, avec le *Swedish Meteorogical and Hydrological Institute*, la *University of Gothenburg* et *L'Umea University*[24], une infrastructure nationale en ligne, *la Swedish LifeWatch*[25], permettant d'accéder aux données des principaux suivis de biodiversité et de les analyser. L'objectif est de rendre les données existantes disponibles, de façon uniformisée. Il y a quelques exceptions quant à la mise à disposition des données au public, en particulier concernant les positions des placettes utilisées pour le suivi des espèces menacées. Les experts du *Swedish LifeWatch* peuvent fournir une assistance quant à l'acquisition, la communication et le formatage des ensembles de données, le traitement et l'amélioration des données. Ils peuvent également donner des conseils pour la publication des données et apporter un appui pour l'analyse.

En plus de contribuer au système de suivi coordonné par l'EPA, la SLU est responsable de statistiques officielles, notamment celles basées sur *National Forest Inventory*. Ces statistiques officielles sont demandées par le gouvernement à certains dispositifs, qui doivent donc publier celles-ci et respecter la loi concernant les statistiques officielles. La SLU ne suit donc pas uniquement des directives de la Swedish EPA, mais également du gouvernement. Elle garde tout de même une indépendance quant à de nombreux programmes.

[24] Le *Swedish Species Information Centre*, au sein de la SLU, est à la tête de ce consortium.
[25] *Swedish Lifewatch* et *Biodiversity Atlas Sweden* vont fusionner en 2021 pour devenir le *Swedish Biodiversity Data Infrastructure*.

Références

- Entretien avec Ola Inghe, *Swedish Environmental Protection Agency,* Ola.Inghe@naturvardsverket.se (réalisé le 7/04/202)
- Entretien avec Jonas Fridman, responsable du National Forest Inventory, *Swedish University of Agricultural Sciences,* Jonas.Fridman@slu.se (réalisé le 28/04/2021)
- Site internet de la Swedish Environmental Protection Agency, http://www.swedishepa.se/Environmental-objectives-and-cooperation/Swedish-environmental-work/Environmental-monitoring-describes-the-state-of-the-environment/
- Site internet de la Swedish University of Agricultural Sciences, https://www.slu.se/en/environment/programmes/
- Swedish Forest Soil Inventory : https://www.slu.se/en/Collaborative-Centres-and-Projects/Swedish-Forest-Soil-Inventory/
- Swedish National Forest Inventory : https://www.slu.se/en/Collaborative-Centres-and-Projects/the-swedish-national-forest-inventory/
- Projet d'inventaire de la biodiversité dans le SFSI : https://www.slu.se/en/departments/soil-environment/research/soil-biology/monitoring-biodiversity-in-swedish-forest-soils/
- CBD, *Fifth National Report to the Convention on Biological Diversity – Sweden*, 2014, https://www.cbd.int/doc/world/se/se-nr-05-en.pdf
- Food and Agriculture Organization of the United Nations, *Global Forest Resources Assessment 2020, Report, Sweden*, 2020, http://www.fao.org/3/cb0063en/cb0063en.pdf
- Grafström A et al., A new sampling strategy for forest inventories applied to the temporary clusters of the Swedish national forest inventory. *Canadian Journal of Forest Research*. 47(9), pp.1161-1167, https://cdnsciencepub.com/doi/full/10.1139/cjfr-2017-0095?casa_token=9oa8Ci5wAqQAAAAA%3A1FNhHBmdLMYuN9r0cF9UaBCyK2Auragabk-ag0-S5Woay5Tx0oPP9RpHNQygM0rwzICEFn1FVVUaLg
- Inghe O., *eDNA in Swedish terrestrial environmental monitoring – current status and future prospects*, Swedish Environmental Protection Agency, https://www.naturvardsverket.se/upload/kalendarium/Dokumentation/2021/DNA/15_IngheO_TerrestrialMonitoring.pdf
- Lindahl B., *Monitoring biodiversity in Swedish forest soils*, Swedish University of Agricultural Sciences, Department of Soil and Environment, https://www.naturvardsverket.se/upload/kalendarium/Dokumentation/2021/DNA/5LindahlB_biodiversityForestSoils.pdf
- Sveriges Miljömal, *Indikatorer för Sveriges miljömål*, https://sverigesmiljomal.se/indikatorer/
- Swedish Environmental Protection Agency, *Sweden's Environmental Objectives – An Introduction*, 2012, http://www.swedishepa.se/Documents/publikationer6400/978-91-620-8620-6.pdf

Le système de suivi de l'environnement suisse coordonné par l'Office Fédéral de l'Environnement (OFEV)

Autrices : Marie Cluzel (Ecofor), Julie Dorioz (Ecofor).

Relecteur : Glenn Litsios (OFEV)

Note préalable : cette note est basée principalement sur l'exploitation d'un entretien réalisé par Marie Cluzel (Ecofor) avec Glenn Litsios (OFEV). La note décrit la gouvernance du système de suivi de l'environnement en Suisse et s'intéresse en particulier à la composante biodiversité de cet ensemble. En cela, ce travail complète la description du Monitoring de la Biodiversité (MBD) réalisée dans le cadre du projet PASSIFOR-1[26]*.*

Version finale au 26/08/2021

* * *

L'Office Fédéral de l'Environnement (OFEV) est l'autorité compétente pour l'environnement en Suisse. Il est notamment chargé de coordonner un système national de suivi de l'environnement dont l'objectif est de collecter des données sur l'état de l'environnement et de fournir des informations pour appuyer les prises de décisions liées à la politique environnementale. Le fonctionnement de ce système de suivi repose sur le soutien financier et la coordination, par l'OFEV, d'un ensemble de dispositifs, aussi appelés "programmes d'observation de l'environnement" ou "projets". Ceux-ci sont organisés par grands thèmes : Air, Biodiversité, Biotechnologie, Bruit, Climat, Dangers naturels, Déchets, Eaux, Electrosmog, Forêts et bois, Paysage, Produits chimiques, Sites contaminés, et Sol.

En plus de rassembler des données de différents programmes d'observation nationaux et cantonaux[27], l'OFEV a notamment créé des réseaux d'observation nationaux du sol (NABO), de l'air (NABEL), de l'eau (NADUF, NAQUA), du paysage (LABES), de la biodiversité (BDM) et du bruit (SonBase) afin de combler les manques du suivi existant[28].

[26] Voir rapport final du projet PASSIFOR-1, p 19.
[27] Y compris des programmes participatifs avec InfoFlora, le Centre Suisse de Cartographie de la Faune (CSCF), ou encore la Station ornithologique suisse, dont les données sont rassemblées dans InfoSpecies
[28] https://www.bafu.admin.ch/bafu/fr/home/etat/donnees/donnees-environnement.html

1- L'implémentation du suivi repose sur un ensemble de mandataires

Hormis pour le domaine de l'hydrologie, la collecte des données n'est pas réalisée par l'OFEV. L'Office mandate pour cela différentes entités, des institutions publiques, l'école polytechnique, ou encore des consortiums d'entreprises par exemple. Le plus possible, ces projets de suivi sont confiés à des institutions (universités par exemple) en raison de leur stabilité, une structure privée ayant toujours un risque de faillite, ce qui constitue un risque pour la continuité du suivi. En cela, le Monitoring de la Biodiversité en Suisse (MBD ou BDM) fait exception : il est réalisé par un ensemble d'entreprises privées[29]. Un appel d'offres est réalisé tous les cinq ans pour choisir la société chargée de coordonner le travail de terrain du MBD[30] : depuis la mise place du suivi au début des années 2000, la société Hintermann & Weber AG a toujours été sélectionnée. Les travaux de terrain sont donc coordonnés par cette entreprise qui mandate à son tour des sous-traitants pour les effectuer[31]

Selon le contrat établit avec l'OFEV, les dispositifs de suivi sont responsables de l'application des protocoles fournis par l'Office[32], et de la qualité des données qu'ils recueillent[33]. En outre, des rapports méthodologiques sont régulièrement produits par les différents programmes de suivi, dans lesquels ils décrivent les méthodes utilisées[34].

En bout de chaine, les dispositifs de suivi sont chargés de la production d'indicateurs. Ces indicateurs doivent répondre aux besoins de l'OFEV et pouvoir être utiles du point de vue politique : par conséquent ils sont définis en lien étroit avec l'OFEV, et la plupart du temps dès la conception du dispositif. Parmi le bouquet d'indicateurs produits, l'OFEV choisit ceux qui l'intéressent le plus, à l'aide d'un groupe d'accompagnement scientifique qui réinterprète les données fournies[35]. Il publie ensuite ces indicateurs sur son site internet[36].

[29] https://biodiversitymonitoring.ch/index.php/fr/home-fr
[30] Les cycles de relevés durent cinq ans.
[31] https://biodiversitymonitoring.ch/index.php/fr/programme/organisation
[32] Tous les protocoles sont publiés par l'OFEV.
[33] Il n'existe pas de contrôle ou de validation des données au sein de l'OFEV. Cependant, l'Office fournit des protocoles à suivre qui visent à assurer cette qualité.
[34] Ces rapports sont disponibles au public.
[35] Chaque dispositif produit un grand nombre d'indicateurs pour permettre un choix plus éclairé de la part de l'OFEV.
[36] https://www.bafu.admin.ch/bafu/fr/home/etat/indicateurs.html

2- Le défi de l'OFEV : rassembler des données multi-sources

L'OFEV a pour objectif de réunir, harmoniser et agréger au niveau national des données de suivi de l'environnement. Le principal outil pour cela est l'application de protocoles produits par l'OFEV et le plus possible harmonisés entre les différents dispositifs, qui permettent ensuite de rassembler plus facilement les données.

La complémentarité entre certains dispositifs nationaux, et ainsi la compatibilité des données recueillies d'une part et d'autre, a été pensée en amont de leur implémentation. Ainsi, l'utilisation du même réseau de placettes comme support de différents suivis permet de croiser les données et d'enrichir l'information. Par exemple, le suivi de la biodiversité MBD et l'Inventaire Forestier National Suisse (IFN)[37] ont des placettes en commun, sur lesquelles le MBD effectue des relevés au sol tandis que l'IFN recueille des informations sur l'état des forêts, dont certaines sont liées à la biodiversité (bois mort par exemple)[38] [39].

D'autre part, l'OFEV a le souhait de valoriser aussi les données des suivis environnementaux réalisés par les cantons suisses. La remontée de ces données au niveau national fait parfois partie du système de suivi (Cas du Monitoring de la qualité des eaux de surfaces NAWA). Mais dans beaucoup de cas, ces dispositifs cantonaux sont indépendants du niveau national et ne reprennent pas les protocoles de l'OFEV. L'Office s'efforce de soutenir les cantons pour leur permettre de générer des données cantonales compatibles avec le niveau national. Dans les faits, le travail d'agrégation des données

[37] L'inventaire forestier Suisse est réalisé par l'Institut fédéral de recherches sur la forêt, la neige et le paysage (WSL) ; https://www.lfi.ch/index-fr.php

[38] En Suède, l'inventaire des sols forestiers (SFSI) et l'inventaire national forestier (NFI) utilisent également des placettes en commun pour que les données se complètent, cependant l'équipe qui réalise la collecte est la même et appartient à la SLU, contrairement à la Suisse où deux équipes de deux programmes différents s'occupent des collectes.

[39] Afin de s'assurer d'un suivi le plus représentatif possible, les emplacements des placettes ne sont pas communiqués et il n'y a pas d'échange avec les gestionnaire/propriétaire des parcelles concernées. En effet, auparavant, l'IFN par exemple marquait ses placettes, et cela a créé un effet de gestion différenciée entre les zones avec et sans placettes. Les placettes sont donc désormais invisibles et uniquement identifiables par les opérateurs des suivis qui enterrent des métaux dans le sol pour les retrouver. Un article du code civil autorisant toute personne à aller en forêt rend le suivi forestier plus facile à effectuer en toute discrétion, sans qu'aucune autorisation d'accès ne soit nécessaire. Les opérateurs des suivis disposent d'une application sur smartphone pour enregistrer les coordonnées GPS des emplacements des relevés (cette application a été partagée avec l'Allemagne qui peut donc s'en servir pour son suivi).

reste difficile. Depuis 2020, les cantons peuvent recevoir une aide financière de l'OFEV[40] pour réaliser des suivis de la biodiversité sur leur territoire. Une condition est que ces suivis soient compatibles avec les programmes nationaux (utilisation des mêmes protocoles).

[40] https://www.bafu.admin.ch/bafu/fr/home/themes/forets/info-specialistes/strategies-et-mesures-federales/conventions-programmes-dans-le-domaine-des-forets.html

3- Sous le pilotage de l'OFEV, différents niveaux de concertation et d'échange entre les dispositifs

Des échanges à différents niveaux sont organisés pour permettre la bonne coordination de cet ensemble, ainsi que la consultation de personnes extérieures. Chaque groupe de discussion a donc des objectifs différents.

- Des réunions bilatérales de pilotage sont régulièrement organisées entre le responsable du programme et l'OFEV. Elles permettent de discuter des objectifs de chaque programme, du développement des indicateurs, du déroulement du suivi, de l'analyse des données, de l'utilisation de celles-ci, des défis rencontrés, etc. Pour l'OFEV, l'objectif de ces rencontres est aussi de vérifier que les moyens mis à disposition sont utilisés à bon escient.

- Chaque programme de suivi possède un « groupe d'accompagnement » qu'il est chargé d'animer et qui se réunit une fois par an (l'OFEV participe à ces réunions). Des personnes extérieures au projet (scientifiques par exemple) sont invitées, peuvent prendre connaissance des résultats du suivi et donner leurs avis. Ces groupes ont la mission de valider scientifiquement les résultats des suivis.

- Des réunions entre les différents dispositifs à l'intérieur d'un même thème (biodiversité par exemple) sont également organisées deux fois par an. Deux responsables de chaque programme sont présents. Ces réunions permettent aux programmes de partager des informations et éventuellement d'initier des coopérations.

- Des formations sont aussi organisées par les programmes de suivi et tous les dispositifs peuvent être amenés à y participer (ce qui favorise les liens et les échanges).

Au niveau de l'administration fédérale, un groupe se réunit également, comprenant les différents chefs de projets (c'est-à-dire les responsables des différents dispositifs de suivi) de tout le réseau de suivi environnemental. Les sujets de ces réunions concernent par exemple le type de règles concernant la sécurité des données, le libre accès à celles-ci, etc.

4- Partage des données et communication

Les différents programmes de suivi ont chacun leur propre base de données, mais les données doivent régulièrement être transmises à un centre de données qui les rassemble et les met à disposition du public. Ainsi, les données brutes des suivis sont publiées chaque année et peuvent être utilisées pour la recherche scientifique. Par exemple, en ce qui concerne le suivi de la biodiversité, les données sont envoyées et publiées sur InfoSpecies, le Centre suisse d'informations sur les espèces[41].

La communication autour des résultats des différents suivis environnementaux est principalement gérée par l'OFEV. Si certains dispositifs possédaient auparavant leur propre communication, l'OFEV a repris ce rôle, notamment afin d'avoir une meilleure gestion politique de ce qui est communiqué. Ceci car l'OFEV possède en même temps, les rôles d'agence et de ministère. Pour chaque thème, les indicateurs, cartes et géodonnées sont structurés et mis en ligne sur le site de l'OFEV[42]. L'office produit régulièrement des rapports (bilans) sur l'état et l'évolution de l'environnement en Suisse (le dernier datant de 2018)[43] et de nombreux rapports thématiques. De cette façon, des rapports sur l'état et l'évolution de la biodiversité en Suisse sont publiés tous les 4 à 5 ans[44]. Ils synthétisent les résultats du suivi et valorisent la recherche scientifique faite sur ces données. Les résultats sont ensuite communiqués sur les réseaux sociaux afin de les rendre plus facilement accessibles au public.

Références

- Entretien du 15 juin 2021 avec Glenn Litsios, suppléant de la cheffe de section, section Politique de la Biodiversité, Division biodiversité et paysage ; Contact : Glenn.Litsios@bafu.admin.ch
- Site internet de l'OFEV : https://www.bafu.admin.ch/bafu/fr/home/etat/donnees/donnees-environnement.html
- Site internet du Monitoring de la Biodiversité : https://biodiversitymonitoring.ch/index.php/fr/home-fr
- OFEV (éd.) 2020 : Monitoring et suivi des effets dans le domaine de la biodiversité. Vue d'ensemble des programmes nationaux et de leurs recoupements avec les programmes cantonaux. Office fédéral de l'environnement, Berne. L'environnement pratique n° 2005, 58 p., www.bafu.admin.ch/uw-2005-f

[41] https://www.infospecies.ch/fr/
[42] https://www.bafu.admin.ch/bafu/fr/home/themes.html
[43] https://www.bafu.admin.ch/bafu/fr/home/documentation/rapports/rapport-environnement-2018.html
[44] Dernier rapport : OFEV,2017. Synthèse des résultats de la surveillance de la biodiversité. État : 2016. Série Etat de l'environnement de OFEV, 60 p.

II-O

Suivis acoustiques de biodiversité : perspectives et défis en milieu continental terrestre

Acoustic biodiversity monitoring: perspectives and challenges in continental terrestrial environments

Hélène Le Borgne[1] & Christophe Bouget[1]

[1] INRAE - UR Ecosystèmes forestiers, Domaine des Barres, F-45290 Nogent-sur-Vernisson

Auteur correspondant : Hélène Le Borgne

Email : helene.le.borgne.1@gmail.com

Email : christophe.bouget@inrae.fr

Résumé

Les animaux produisent des sons pendant leurs activités ou pour assurer diverses fonctions biologiques comme la défense de territoires, l'attraction de partenaires, la dissuasion des prédateurs. En enregistrant ces données acoustiques, les scientifiques obtiennent des informations essentielles sur la présence des espèces. Les nouvelles technologies d'identification des espèces sont plus abordables, efficaces et polyvalentes que les méthodes classiques et peuvent ainsi répondre au besoin urgent de documenter la biodiversité dans le contexte actuel de crise. Les enregistreurs acoustiques automatisés sont de plus en plus utilisés dans les suivis de biodiversité pour faire face (i) aux limites des méthodes plus traditionnelles, et (ii) à l'émergence de considérations déontologiques préconisant le développement de pièges non destructifs (i.e. non létaux). Nous présentons ici les outils d'acquisition des données en milieu continental terrestre, les méthodes de gestion et d'analyse des données pour la classification automatique des espèces l'étude des paysages sonores, et les avantages et les limites de l'utilisation de ces outils dans un objectif de suivi de la biodiversité en milieu terrestre.

Mots clés : biodiversité, sons, identification automatique, apprentissage automatique, acoustique

Abstract

Animals produce sounds during their activities, or to perform various biological functions, such as defending territories, attracting mates or deterring predators. By recording these acoustic data, scientists obtain essential information on the presence of species. New technologies for species identification are more affordable, efficient and versatile than conventional methods and can thus meet the urgent need to document biodiversity in the current environmental crisis. Automated acoustic recorders are increasingly used in biodiversity monitoring to address (i) the limitations of more traditional methods, and (ii) the emergence of ethical considerations advocating the development of non-destructive (i.e. non-lethal) traps. We present here the data acquisition tools in continental terrestrial environments, the data management and analysis methods for automatic species classification and the study of soundscapes, and the advantages and limitations of using these tools for biodiversity monitoring in terrestrial environments.

Keywords: biodiversity, sounds, automatic identification, machine learning, acoustic

Table des matières

I. Acquisition et pré-traitement des données ..... II-O 4

1) Enregistrements audio ..... II-O 4
2) Archivage des données ..... II-O 8
3) Gestion des données ..... II-O 9
1. Réduire les bruits de fond et détecter les signaux acoustiques ..... II-O 9
2. Extraction des caractéristiques des signaux d'un sonogramme ..... II-O 10

II. Discrimination et identification acoustique des espèces ..... II-O 12

1) Généralités ..... II-O 12
2) Méthodes de classification ..... II-O 13
1. Introduction ..... II-O 13
2. Classification par apprentissage profond ..... II-O 15
3) Librairies de sons ..... II-O 17
1. Sons de références ..... II-O 17
2. Banques de données disponibles ..... II-O 17
4) Logiciels et outils de traitement du son ..... II-O 18
5) Sciences participatives et applications grand public ..... II-O 21

III. Indices éco-acoustiques et paysage sonore ..... II-O 22

IV. Autres opportunités pour les études acoustiques ..... II-O 26

1) Détection d'espèces cibles ..... II-O 26
2) Identifier les individus d'une espèce ..... II-O 28
3) Identifier l'écologie et les comportements des espèces ..... II-O 29
4) Localisation des espèces et des individus ..... II-O 30
5) Etude acoustique des substrats ..... II-O 31

V. Coûts ..... II-O 32

VI. Conclusions ..... II-O 33

Remerciements ..... II-O 35

Références ..... II-O 36

I. Acquisition et pré-traitement des données

Les technologies émergentes d'identification des espèces promettent des méthodes d'échantillonnage plus abordables et polyvalentes que les méthodes classiques. Comme de nombreux animaux émettent des signaux acoustiques qui fournissent des informations sur leur présence, leurs activités et leurs interactions dans l'espace et le temps, des capteurs acoustiques passifs ont été développés pour les suivis de biodiversité. Cependant, les données audio qui en résultent peuvent être volumineuses, ce qui conduit à des complications à la fois logistiques et analytiques.

1) Enregistrements audio

Les sons peuvent se propager dans plusieurs directions, à travers des obstacles physiques et sur des distances relativement longues. Les animaux qui vocalisent sont donc généralement plus facilement détectables par l'audition que par la vision. Les capteurs acoustiques sont devenus la base de nombreux programmes d'évaluation de la biodiversité et de suivi de la faune, et sont de plus en plus populaires avec le développement de méthodes d'identification automatique. Le potentiel d'informations pertinentes pour la conservation qui peut être dérivé des signaux acoustiques associés à un comportement particulier est généralement moins exploité. Les vocalisations peuvent servir d'indicateurs comportementaux qui donnent un aperçu de l'état de conservation des populations (e.g. taux de reproduction et recrutement, alarme et défense, comportement social) (voir Teixeira *et al.* 2019 pour plus de détails).

Ces technologies numériques autonomes, non invasives, sans biais d'observateur, permettent de minimiser l'influence de la présence humaine lors de l'échantillonnage, et d'avoir accès à des plages horaires autrefois limitantes tout en permettant une validation ultérieure des données par des experts. Par ces enregistrements, il est maintenant possible d'étudier à la fois des espèces cibles, des communautés d'espèces et des environnements acoustiques (ou paysages sonores, Fig. 1). Par ailleurs, ils peuvent être ré-analysés par la suite lorsque de nouvelles questions de recherche se posent, quand de nouveaux outils sont disponibles ou pour comparer les conditions passées et présentes (Gibb *et al.* 2019). Par exemple, des enregistrements dédiés au suivi des chauve-souris ont été réutilisés a posteriori avec succès pour étudier et identifier des orthoptères (Newson *et al.* 2017). Les capteurs acoustiques ont l'avantage d'enregistrer les vocalisations d'espèces rares ou cryptiques et peuvent être installés dans une large gamme d'habitats, y compris les zones écologiquement sensibles ou les zones difficiles d'accès (Towsey *et al.* 2014). Les écologues utilisent maintenant principalement des enregistreurs acoustiques autonomes

pour déterminer la présence/absence des espèces. Ces enregistreurs automatiques sont spécialement conçus pour collecter des données sur de longues périodes de façon autonome, avec des régimes d'échantillonnage flexibles et très peu d'intervention humaine. On peut ainsi programmer ces enregistreurs, les installer et ne revenir que des semaines ou des mois plus tard pour récupérer les données (Bertrand 2011; Aide *et al.* 2013; Zahedi & Huang 2014). Les enregistreurs peuvent fonctionner 24/7, et sont donc capables de capturer à la fois l'environnement sonore diurne et nocturne. Cela permet aux chercheurs d'effectuer un suivi acoustique sur des périodes coïncidant avec les niveaux d'activité les plus élevés des espèces d'intérêt, et de suivre les écosystèmes sur de larges échelles spatiales et temporelles.

Les enregistreurs audio présentent l'avantage, par rapport aux caméras pièges, d'être généralement moins chers et de ne pas avoir de contraintes de ligne de visée. La plage de détection est plus ou moins large selon la fréquence d'enregistrement, la hauteur du microphone et le type d'habitat considéré (Darras *et al.* 2016), ce qui offre ainsi potentiellement moins de restrictions taxonomiques que pour les pièges photographiques. Le matériel acoustique est souvent plus discret que les pièges photos, et donc avec moins de contraintes lors des choix des lieux exposés. Ces deux méthodologies échantillonnent souvent des groupes complémentaires (e.g. grands mammifères terrestres qui vocalisent peu mais sont aisément détectables sur piège photos à comparer aux chiroptères ou orthoptères qui sont essentiellement détectés par des capteurs acoustiques). De plus, il est relativement facile d'intégrer des systèmes d'enregistrement acoustiques dans les réseaux de suivis déjà existants équipés de stations autonomes (Potamitis *et al.* 2014), la combinaison de ces technologies serait donc à préconiser lorsque cela est possible (Deichmann *et al.* 2018). Ces dernières années, le coût des enregistreurs acoustiques comme l'Audiomoth© a considérablement diminué (e.g. Hill *et al.* 2018).

Les principaux inconvénients des enregistrements sur le terrain sont (i) que les sons éloignés de l'enregistreur peuvent être faibles, (ii) que les signaux de diverses espèces se chevauchent et (iii) la présence de bruits interférents (e.g. vent, bord de mer, bruits anthropiques, …). Par conséquent, la méthodologie utilisée pour l'identification des espèces doit être capable de s'adapter à un grand nombre d'espèces, ou au moins d'éviter de classer à tort une espèce (faux positifs). En toute logique, cette méthodologie n'est généralement pas adaptée pour les taxons silencieux ou moins sonores. Pour la plupart des espèces, elle est incapable d'identifier les individus. De plus, les données audio peuvent être volumineuses car les fichiers audio s'accumulent très rapidement (surtout lors d'échantillonnages en continu et sur de longues

périodes) et être très lourds, ce qui conduit à des complications à la fois logistiques et analytiques. Les avantages et les inconvénients des différents types de méthodologies de suivis acoustiques sont souvent mal compris. Appréhender la comparabilité des données audio collectées par différents protocoles d'échantillonnage (ou capteurs) dans divers environnements reste un défi (Browning *et al.* 2017; Gibb *et al.* 2019). Cependant, certaines études cherchent maintenant à quantifier les sources de biais et à améliorer la standardisation des études (e.g. lignes directrices d'étalonnage des capteurs, évaluation de l'efficacité des plans d'échantillonnage sur la détection sonore, quantification des effets de la proximité du capteur aux caractéristiques de l'habitat sur la détection sonore, normes de métadonnées, …) (voir Gibb *et al*. 2019).

Lors du choix de l'équipement, les chercheurs devront clairement identifier les objectifs et les conditions environnementales de l'étude, ainsi que le ou les organismes cibles (Blumstein *et al.* 2011). En effet, les différents types de sons dans l'environnement (e.g. sons biotiques, sons anthropiques, bruits physiques naturels) sont caractérisés par des gammes de fréquences différentes. Les animaux en particulier ont des fréquences bien différentes (e.g. animaux avec fréquences audibles comme les mammifères et les oiseaux vs animaux avec des sons ultrasonores tels que les chauves-souris). La fréquence d'échantillonnage pour les enregistrements de la gamme audible est généralement de 44,1 kHz, mais pour les appareils enregistrant les ultrasons, la fréquence d'échantillonnage doit être beaucoup plus élevée (souvent entre 200 et 400 kHz) afin de conserver suffisamment d'informations sur les fréquences (Browning *et al.* 2017). Le type de capteur requis sera donc déterminé en grande partie par le type d'organismes ciblés par l'étude, car ce genre d'enregistreur est sensible à une gamme limitée de fréquences. Toutefois, il existe également de nombreux capteurs qui couvrent toute la gamme de fréquences du vivant. Les capteurs qui enregistrent les ultrasons fonctionnent selon deux méthodes principales, l'enregistrement sur tout le spectre et la division de fréquence. L'utilisation d'un enregistreur avec la division de fréquence permet de réduire les besoins en mémoire, mais perd des informations (ce qui peut poser des problèmes lors d'une analyse ultérieure). Il est donc recommandé, quand c'est possible, d'utiliser des enregistreurs à spectre complet pour préserver suffisamment d'informations utiles (Browning *et al.* 2017). La plupart des études utilisent des microphones omnidirectionnels qui échantillonnent les sons avec une efficacité plus ou moins égale dans toutes les directions. Si le site d'échantillonnage risque d'être perturbé (i.e. humains, animaux), il faut envisager d'incorporer un système de camouflage ou de dissuasion.

La qualité de l'enregistrement est un facteur essentiel à considérer pour la discrimination des espèces. Durant l'enregistrement numérique, l'amplitude du signal électrique est échantillonnée à une fréquence d'échantillonnage donnée (i.e. généralement mesurée en milliers d'échantillons par seconde, kHz) et à une profondeur de bit (i.e. nombre de niveaux d'amplitude possibles qui peuvent être mesurés), à partir desquels l'onde sonore sera ensuite reconstruite numériquement et lue (Fig. 2 A et B, Browning *et al*. 2017). Ces paramètres détermineront la résolution de la fréquence et de l'amplitude d'un enregistrement ; ce qui affectera la taille des fichiers acoustiques et, par conséquent, les exigences de stockage. En effet, la fréquence d'échantillonnage conventionnelle pour un son audible produit des tailles de fichier relativement gérables, mais l'enregistrement d'ultrasons (e.g. chauves-souris avec une fréquence d'échantillonnage souvent > 200 kHz) produit des fichiers volumineux, ce qui entraîne un compromis entre la qualité des données et la capacité de stockage (Gibb *et al.* 2019). Si l'étude nécessite des enregistrements ultrasonores ou sur de longues périodes, il faudra considérer un modèle pouvant contenir plusieurs cartes SD pour prolonger la durée d'enregistrement. La profondeur de bits détermine la résolution d'amplitude de l'audio enregistré et les fichiers sont généralement enregistrés à 16 bits minimum pour garantir une qualité appropriée. Il est également conseillé de stocker les données audio au format .wav non compressé ou dans un autre format sans perte (e.g. flac), afin d'éviter la perte d'informations sonores (Browning *et al.* 2017).

D'autre part, les facteurs tels que les conditions environnementales, la durée de l'étude et les risques de dégradation ont des effets substantiels sur la durabilité et la fiabilité des capteurs acoustiques. Les principaux risques de dommages lors de l'utilisation des enregistreurs sont l'encrassement biologique, les dégâts causés à l'enregistreur ou aux accessoires externes (e.g. microphones) par la faune ou les personnes, et l'action de l'humidité et à des extrêmes thermiques (Browning *et al.* 2017). Les besoins énergétiques peuvent aussi être influencés par divers facteurs, tels que le type d'échantillonnage considéré (en continu ou périodique), la température ambiante, la durée et le nombre d'échantillons acoustiques, ou encore la durée globale de l'étude. Le besoin en énergie pour effectuer l'étude déterminera le type de batterie à envisager, sa fréquence de remplacement , l'éventuelle addition de batterie externe et dans certains cas, la possibilité de capter l'énergie à l'aide de cellules solaires (Blumstein *et al.* 2011). Les dispositifs audio utilisés dans les études de suivis à long terme sont souvent limités par leur taille et leur poids en raison de leur forte consommation d'énergie (Wrege *et al.* 2017). La possibilité de programmer un horaire d'enregistrement sur le capteur peut être essentielle pour préserver la durée de vie de la batterie et l'espace de stockage si les capteurs sont déployés

longtemps sur le terrain. Si le capteur est déployé dans une zone à forte activité humaine, il faut envisager un moyen de protection, comme un modèle avec boîtier. Actuellement, les enregistreurs bioacoustiques peuvent être résistants aux intempéries (ou avec boîtier résistant), avec une longue durée de vie de la batterie, être alimentés par l'énergie solaire, être équipés d'un système de télétransmission des données (peu utilisé jusqu'à présent) et avoir une capacité de mémoire élevée. Il faut donc s'assurer que l'enregistreur soit conçu pour répondre aux objectifs de l'étude, bien adapté à l'environnement considéré, et tenir compte des éventuels coûts de protection et d'entretien de l'appareil.

Des informations détaillées sur la collecte de données acoustiques, le fonctionnement des capteurs, les limitations actuelles des suivis et le matériel disponible peuvent être trouvées dans le guide du WWF sur le suivi acoustique (Browning et al., 2017 ; https://www.wwf.org.uk/project/conservationtechnology/acoustic-monitoring). Par ailleurs, Rhinehart *et al.* (2020) décrivent les dernières tendances de la littérature afin d'identifier les éléments à prendre en considération par les biologistes souhaitant déployer ces outils sur le terrain. En particulier, ils donnent les informations nécessaires pour définir la question de recherche, construire un réseau de microphones à synchronisation temporelle, déployer ce réseau pour enregistrer les sons sur le terrain, traiter les enregistrements capturés sur le terrain, et déterminer la localisation des animaux à l'aide d'algorithmes d'estimation de la position.

2) Archivage des données

Pour construire une étude de relevé acoustique complète, il faut acquérir le matériel et les logiciels nécessaires, développer une méthode d'échantillonnage des données et déterminer un plan de stockage des fichiers acoustiques et des métadonnées associées. Les exigences d'archivages requises pour les systèmes acoustiques sont déterminées par une combinaison du taux d'échantillonnage, du nombre de bits, du nombre et de la durée des périodes d'échantillonnage acoustique et de la durée de l'étude. Pour gérer le problème du volume de données, il est possible de réduire la quantité stockée en appliquant des seuils ou des algorithmes embarqués qui ne déclenchent l'enregistrement que lorsque de potentiels sons d'intérêt sont présents (Hill *et al.* 2018), ce qui est couramment utilisé dans les études sur les chiroptères. Un filtrage préalable peut empêcher les données de devenir trop volumineuses et, combiné à la télétransmission des données (Aide *et al.* 2013), pourrait faciliter le suivi écologique et la production de rapports en temps réel. La technologie nécessaire pour stocker et analyser les données acoustiques s'améliore continuellement (Corrada Bravo *et al.* 2017) et certains détecteurs à ultrasons utilisent des méthodes d'enregistrement moins gourmandes (i.e.

en divisant la fréquence du signal entrant par un facteur spécifié, Gibb *et al.* 2019). Suivre un protocole de stockage et de métadonnées standard (i.e. données organisées et annotées de manière uniforme) permet à d'autres chercheurs d'utiliser ces données pour des questions supplémentaires, et de faciliter l'interopérabilité des données pour les programmes de suivi et l'évaluation des politiques publiques.

3) Gestion des données

Bien que l'acquisition de données audio se fasse de façon automatisée, le traitement manuel des enregistrements peut être long et fastidieux. Par conséquent, l'automatisation des processus de détection ou encore de reconnaissance des espèces est souvent préférable. Le processus d'identification des espèces via les signaux sonores est généralement divisé en deux étapes majeures: la détection d'un signal puis sa classification (Fig. 1). Ce processus de détection d'un signal acoustique consiste généralement en un prétraitement des données, impliquant le nettoyage et la suppression du bruit de fond de l'enregistrement brut, ainsi que la segmentation des signaux détectés. Cela est suivi par un processus d'extraction de caractéristiques, dans lequel le signal est transformé en un format adapté pour pouvoir être identifié par la suite.

1. Réduire les bruits de fond et détecter les signaux acoustiques

Les enregistrements sur le terrain capturent tous les sons présents dans la zone environnant l'enregistreur. Les études étant souvent axées sur des espèces ou des groupes taxonomiques bien spécifiques, les sons environnementaux ou anthropiques (e.g. vent, pluie, sons artificiels …) et ceux d'autres animaux non ciblés peuvent masquer les sons d'intérêts ou générer des biais tels que de faux positifs lors de la classification (Potamitis *et al.* 2014). Cette étape de prétraitement a pour objectifs d'identifier et d'isoler certains sons à partir des enregistrements. Manuellement, ce processus est subjectif, prend du temps, dépend du niveau d'expertise des individus les analysant et ses incertitudes peuvent être difficiles à quantifier (Gibb *et al.* 2019). La faible précision de la reconnaissance acoustique des espèces est parfois attribuée au bruit de fond des enregistrements (Aide *et al.* 2013). Ces sons indésirables dégradant la qualité du signal peuvent affecter l'ensemble du processus de reconnaissance, et sont donc généralement supprimés en tout premier lieu. Diverses techniques, comme les microphones directionnels, ont été développées pour les réduire des fichiers sonores (Alonso *et al.* 2017; Priyadarshani *et al.* 2018; Kvsn *et al.* 2020; Rhinehart *et al.* 2020). Une fois effectuée la réduction de ces sons, on obtient

un enregistrement plus propre, prêt à être utilisé en entrée des algorithmes de détection, de segmentation et de reconnaissance.

Les sons d'intérêt doivent être détectés, localisés dans le temps à partir de l'enregistrement brut. Cette étape peut être extrêmement difficile, car elle implique de distinguer des sons émis par plusieurs espèces qui se chevauchent dans le spectre des fréquences et dans le temps. Néanmoins, cela permet de réduire le temps passé par les chercheurs à des identifications manuelles puisqu'ils peuvent se concentrer uniquement sur les données pertinentes à l'étude, qui ne représentent généralement qu'une petite fraction de l'enregistrement brut. Bien que certaines études analysent les biais des outils de détection automatisés, ceux-ci sont généralement mal quantifiés et il existe peu d'informations sur l'exactitude de nombreux systèmes commerciaux (Mac Aodha *et al.* 2018). Une détection automatique fiable peut réduire le besoin en capacité de stockage de données, surtout si seuls les sons d'intérêt identifiés sont enregistrés. Il existe actuellement un certain nombre d'outils de détection automatique mobilisant une variété de méthodes plus ou moins complexes (Walters *et al.* 2013; Gibb *et al.* 2019). Chacun de ces outils à ses propres avantages et inconvénients (voir aussi le tableau 2 de Gibb et al., 2019 pour plus de détails).

2. Extraction des caractéristiques des signaux d'un sonogramme

Une fois détecté, un signal doit être identifié ou classifié (i.e. associé à une catégorie). La plupart du temps, c'est la mesure et l'extraction de caractéristiques acoustiques du son qui sont utilisées pour classifier le signal. Cette extraction est une étape primordiale pour la précision de la classification, mais elle est également sensible à des facteurs tels que la distance de l'individu au capteur, le bruit de fond et le chevauchement temporel entre les signaux (Gibb *et al.* 2019). Il faut extraire des caractéristiques discriminantes qui maximisent la dissimilarité entre les espèces tout en minimisant la dissimilarité intra-espèce des signaux sonores, avant de pouvoir les utiliser comme données d'entrée dans un classificateur. Ces caractéristiques spectrales et temporelles peuvent être basées sur le tracé d'amplitude (e.g. la bande passante, le nombre de passages par zéro, durée de l'appel, fréquence de crête et gamme de fréquences ; Browning *et al.* 2017), l'énergie du signal dans la fenêtre ou encore sur la transformée de Fourier (Fig 1 C). Beaucoup de ces caractéristiques sont liées les unes aux autres bien qu'elles soient basées sur des représentations différentes. Par exemple, la hauteur et le volume d'un cri d'oiseau sont respectivement corrélés à la fréquence et à l'énergie (Priyadarshani *et al.* 2018).

Les ondes audio sont généralement prétraitées pour récupérer les informations de fréquence et produire une représentation temps-fréquence-amplitude (spectrogramme avec le temps sur l'axe des x, la fréquence sur l'axe des y, et l'amplitude représentée par l'intensité de la couleur, Fig. 2D), généralement via un processus mathématique appelé transformée de Fourier (Fig. 2C). La transformée de Fourier calcule le spectre de puissance des composantes de fréquence d'un signal pour une période de temps donnée et génère un spectrogramme. Pour représenter visuellement un enregistrement sonore entier dans le domaine temps-fréquence, une transformée de Fourier est calculée dans une courte fenêtre coulissante chevauchante sur toute la longueur de l'enregistrement. Elle peut être utilisée pour exprimer n'importe quel signal avec une série infinie de sinusoïdes et de cosinus. Son principal inconvénient est de fournir uniquement une résolution de fréquence, ce qui signifie que l'on peut identifier toutes les fréquences présentes dans un signal, mais pas leur occurrence dans le temps. Les types de caractéristiques utilisées dans les processus d'analyse des études bioacoustiques peuvent être diverses (Kvsn *et al.* 2020) et relativement simples (e.g. valeurs brutes du spectrogramme). Cependant, on obtient parfois plus de succès avec des caractéristiques plus complexes (Alonso *et al*. 2017).

Compte tenu de la quantité de caractéristiques disponibles, il est possible de sélectionner les plus utiles en identifiant et supprimant celles qui sont redondantes afin de réduire la dimensionnalité d'entrée tout en conservant la plupart des informations. L'analyse à composantes principales (ACP), ou encore l'exploration des caractéristiques spectrales sont de potentiels outils à cet égard (Priyadarshani *et al.* 2018). En outre, l'extraction de caractéristiques sonores à haute résolution directement à partir des données de forme d'onde - évitant ainsi la perte d'informations associée à la génération du spectrogramme - peut améliorer la discrimination des espèces difficiles à distinguer (Stowell *et al.* 2018; Gibb *et al.* 2019). Ces caractéristiques complexes ou des combinaisons de caractéristiques sont ensuite utilisées pour la classification (Kiskin *et al.* 2020). La performance de reconnaissance dépend fortement de l'adéquation des caractéristiques considérées, et en général, si l'on ne sait pas quelles fonctionnalités seront utiles, la tendance est d'en ajouter d'autres (Priyadarshani *et al.* 2018).

II. Discrimination et identification acoustique des espèces

1) Généralités

Il existe deux approches principales d'analyse des enregistrements acoustiques relevant de la bio-acoustique : 1) l'assignation manuelle des signaux acoustiques aux espèces par écoute des enregistrements ou observation visuelle des spectrogrammes, 2) l'identification automatique des sons des espèces (algorithmes de classification) et une troisième relevant de l'éco-acoustique : 3) l'estimation des indices acoustiques pour résumer les variations du paysage sonore. Etant donné la quantité de données généralement collectée lors des études de suivis acoustiques, le traitement manuel de ces enregistrements par des experts implique des coûts importants, ce qui explique l'intérêt des scientifiques pour les systèmes de reconnaissance autonome. Le processus de classification le plus classique implique généralement l'extraction de caractéristiques spectrales et temporelles d'un son, puis les algorithmes de classification font correspondre les caractéristiques d'un son inconnu à un son provenant d'une bibliothèque de référence, et calculent généralement une probabilité de correspondance (Fig. 3 ; Browning *et al*. 2017). Les méthodes de classification utilisées peuvent être supervisées - dans lesquelles des données labellisées sont nécessaire pour pré-entraîner le système - ou non supervisées, ce qui implique que la structure des données va elle-même guider la discrimination entre les classes. Il est également possible de combiner classification automatique et identification manuelle en utilisant des classificateurs personnalisables, pour aider à surmonter les risques et biais associés à l'utilisation seule de la classification automatique. Cela a notamment été utilisé pour optimiser la classification des sons de chauves-souris (López-Baucells *et al.* 2019).

Bien que de nombreuses études ont utilisé des dispositifs de reconnaissance automatisés avec succès et obtenu des performances de classification élevées sur les données de test, ces études testent généralement leurs différentes méthodes de classification à l'aide de bibliothèques sur de courtes sections d'enregistrement. De plus, il y a actuellement plus de succès dans les ultrasons que dans le domaine de l'audible (où la diversité de sons susceptibles de se superposer est supérieure). L'incapacité de ces dispositifs de reconnaissance à s'adapter efficacement aux enregistrements de longue durée incluant des niveaux plus élevés de bruit environnemental a été mise en évidence (Priyadarshani *et al.* 2018; Brodie *et al.* 2020). Par ailleurs, la classification des espèces peut être rendue plus difficile pour les taxons dont les répertoires vocaux sont très variables selon le contexte écologique (i.e. signaux changeants en réponse à l'environnement, à des congénères, à des prédateurs, …). Les inconvénients majeurs des

approches de classification automatiques sont le temps nécessaire pris au départ de l'étude, la complexité des calculs, la quantité de données d'entraînement essentielle à la création des classificateurs, et le niveau d'expertise en programmation ou en traitement du signal pour développer ces modèles d'identification automatique. Même si les méthodologies s'améliorent rapidement, la précision limitée ou variable des outils d'identification automatique reste un problème majeur (Priyadarshani *et al.* 2018; Stowell *et al.* 2018). Il y a, pour le moment, peu de valorisations possibles à large échelle en dehors de quelques signaux particuliers (e.g. chiroptères, oiseaux ayant des chants très singuliers). Comme la diversité des espèces, la variabilité des appels et le bruit augmentent dans les enregistrements de plus longue durée, ce qui entraîne une perte de précision dans l'identification des signaux (Priyadarshani *et al.* 2018; Gibb *et al.* 2019). C'est pourquoi de plus en plus de chercheurs utilisent les indices de diversité acoustique.

2) Méthodes de classification

1. Introduction

A travers l'analyse manuelle, il est possible d'extraire les informations biologiques des enregistrements telles que des mesures manuelles de paramètres acoustiques par l'inspection visuelle ou auditive des spectrogrammes. Diverses méthodes de classification non supervisées comme les modèles de mélange gaussien (GMM), des arbres de décisions, la méthode des k plus proches voisins (k-NN) ou les modèles de Markov cachés (HMM) sont appliquées à une variété de caractéristiques extraites d'enregistrements. La détection se produit lorsque le coefficient de corrélation par rapport à un spectrogramme modèle dépasse une valeur spécifiée (Priyadarshani *et al.* 2018; Kiskin *et al.* 2020). Les algorithmes de clustering regroupent les signaux en fonction de la similitude de leurs caractéristiques et ne nécessitent pas de données d'entraînement, car le regroupement est basé sur la variation au sein de l'ensemble de données. Les modèles de Markov cachés, basés sur un modèle multi-états sous-jacent, déduisent si un signal d'intérêt est présent. Bien qu'ils permettent d'incorporer des détails temporels sur le signal, ils restent complexes à développer et requièrent des données de référence suffisantes (Kiskin *et al.* 2020)

Les caractéristiques extraites du fichier sonore peuvent être introduites dans un algorithme d'apprentissage automatique standard, qui regroupera ceux qui sont similaires de manière non supervisée (i.e. sans labellisation préalable) ou supervisée (i.e. données étiquetées

préalablement par des experts). Il existe de nombreux algorithmes d'apprentissage automatique (voir par exemple Priyadarshani *et al.* 2018), mais nous ne mentionnerons que certains d'entre eux qui sont plus fréquemment utilisés. Les machines à vecteurs de support produisent souvent des résultats intéressants, mais les coûts de calcul augmentent avec la quantité de données, les rendant ainsi peu pertinents pour le traitement d'un grand nombre de signaux. Plusieurs études se sont aussi intéressées aux arbres de décision ; un ensemble d'arbres de décision créés à l'aide de partitions aléatoires des données, qui produit indépendamment des sorties combinées par vote majoritaire, est appelé « forêt d'arbres décisionnels » (i.e. random forest). Ils sont relativement faciles à créer et à utiliser (Priyadarshani *et al.* 2018).

Par exemple, Roemer *et al*. (2021) ont développé un classificateur universel qui classe les cris de chauves-souris en fonction de la forme du cri et des fréquences dominantes. Pour y parvenir, ils ont défini huit catégories de sonotypes couvrant toutes les formes d'écholocation des chauves-souris dans le monde, pour ensuite entraîner un classificateur à l'aide de forêts d'arbres décisionnels avec une base de données de 1 154 835 sons étiquetés (i.e. sons de chauves-souris et d'autres animaux provenant de quatre continents). Après la classification, un processus permet de regrouper les événements sonores détectés en fonction des probabilités d'appartenance à une catégorie de sonotype prédites et de leur fréquence maximale. En fonction de la qualité du sonotype de chauve-souris testé, la performance de leur classificateur variait entre 0,77 et 1. Ce classificateur est capable de détecter des espèces décrites acoustiquement mais pour lesquelles un classificateur n'a pas été développé, ainsi que des espèces qui ne sont pas encore décrites acoustiquement. Les auteurs donnent libre accès au classificateur pour l'étude des chauves-souris dans le monde entier (scripts R : https://doi.org/10.5281/zenodo.5483030, et classificateur : https://doi.org/10.6084/m9.figshare.14340341.v1, séquences sonores vérifiées : https://figshare.com/articles/dataset/Validation_table_for_the_bat_sonotype_classifier/15149523).

Un des inconvénients de la plupart des outils de reconnaissances est le fait qu'ils soient formés sur un nombre relativement faible d'enregistrements de haute qualité, contrairement aux enregistrements de terrain plus bruyants. Cela doit donc être pris en compte pour les données d'apprentissage et de test afin de s'assurer que les possibles biais introduits notamment par l'enlèvement des bruits de fonds soient traités. En outre, la plupart des méthodes d'apprentissage automatique sont souvent entraînées sur la base de l'ensemble de données complet, et si

l'utilisateur souhaite ajouter de nouvelles espèces, un nouveau modèle doit être formé à partir de zéro.

2. Classification par apprentissage profond

Les modèles d'apprentissage profond (i.e. deep learning) tels que les réseaux de neurones convolutifs (CNN) sont de plus en plus populaires et performants (voir aussi la partie II.2.2 dans Le Borgne & Bouget 2023 à paraître). En effet, ils sont particulièrement intéressants dans le traitement des signaux acoustiques, car ils peuvent apprendre des informations spectro-temporelles discriminantes directement à partir de spectrogrammes annotés et donc éviter de passer par l'étape d'extraction de caractéristiques. En transformant les signaux au format spectrogramme, l'entrée est donc représentée par des matrices 2D, qui sont aussi utilisées comme données d'apprentissage. La performance des CNN est très bonne et peut même surpasser les méthodes alternatives de détection et de classification des sons biotiques et anthropiques (Mac Aodha *et al.* 2018; Ruff *et al.* 2019). Dans le défi de reconnaissance des oiseaux BirdCLEF, qui consiste à classer les chants de 1500 espèces d'oiseaux à partir de dizaines de milliers d'enregistrements, l'introduction de l'apprentissage profond et des CNN a permis d'améliorer drastiquement les scores de précision des modèles (Joly *et al.* 2016; Sevilla & Glotin 2017). Les modèles d'apprentissage sont ainsi capables de s'adapter à un nombre élevé de classes. Par exemple, dans le défi BirdCLEF 2016, des modèles ont été formés pour reconnaître 999 espèces d'oiseaux et évalués à la fois sur des paysages sonores omnidirectionnels (i.e. enregistrements ambiants sur le terrain) contenant plusieurs espèces et des enregistrements monodirectionnels ciblant une seule espèce (Goëau *et al.* 2016). Dans l'étude de Chen et al. (2020), un logiciel "Waveman" a été développé pour identifier des chauves-souris et préparer une bibliothèque de référence utilisant plus de 880 fichiers audio de 36 espèces asiatiques. Leur logiciel intègre un réseau "BatNet" et une stratégie de re-vérification pour maximiser la précision (précision globale de plus de 90 %). Un autre exemple est celui de CityNet, qui est un modèle d'apprentissage profond développé pour mesurer l'activité acoustique biotique (CityBioNet) et anthropique (CityAnthroNet) dans les villes à partir d'enregistrements audio (Fairbrass *et al.* 2019). Il a été entraîné sur un grand ensemble de données d'enregistrements audio annotés collectés à Londres (Royaume-Uni). En comparant la précision et le rappel de CityBioNet et CityAnthroNet séparément à d'autres algorithmes alternatifs disponibles, les auteurs ont observé que CityBioNet est l'algorithme le plus précis pour mesurer l'activité biotique. Les algorithmes, le code et les modèles pré-entraînés sont

disponibles gratuitement ainsi que deux bases de données audio urbaines annotées par des experts (base de données : https://doi.org/10.6084/m9.figshare.c.3904006.v1, code Python : https://github.com/mdfirman/CityNet, et Zenodo : https://doi.org/10.5281/zenodo.1463057).

Cependant, l'application des CNN reste limitée notamment par l'exigence au niveau des ressources en données d'entraînement (i.e. représentant la variabilité des répertoires acoustiques des espèces, du bruit de fond et de la distance des individus), en matériel numérique, ainsi que par leur sensibilité au sur-ajustement des données de formation. Le sur-ajustement se produit lorsque le modèle correspond trop à la base de données d'apprentissage (i.e. il est 'sur-ajusté' à cette base de données). Ce modèle est alors incapable de généraliser la reconnaissance d'espèces à de nouvelles données. Lorsque les bases d'apprentissage sont petites ou trop similaires, ce type de problème peut survenir, le réseau associant à tort une espèce à un autre son.

Il est possible de résoudre au moins partiellement certains des problèmes liés à la quantité de données d'entraînement nécessaire en augmentant artificiellement les données d'entraînement avec diverses techniques, comme l'utilisation de bruit de fond pour simuler différentes distances et environnements acoustiques, le décalage temporel et de fréquence et l'étirement des signaux cibles, et l'ajout de bruit gaussien, ce qui améliorait considérablement les performances (LeBien *et al.* 2020). Des données d'entraînement provenant de diverses sources géographiques sont également mises à disposition du public (voir aussi la section suivante). De plus, des projets d'étiquetage des données en ligne tels que Bat Detective (www.batdetective.org) vont contrer ces inconvénients en impliquant des scientifiques citoyens dans l'annotation des données d'apprentissage des CNN (Mac Aodha *et al.* 2018). Il faut également incorporer une classe de bruit de fonds pour tenir compte de l'audio ne contenant aucune espèce cible (e.g. Ruff *et al*. 2019). Par ailleurs, les classificateurs CNN pré-entraînés pour la détection et la classification d'espèces dans les enregistrements de paysages sonores (Florentin *et al.* 2020) permettent d'avoir des méthodologies transférables entre plusieurs espèces et conditions acoustiques, diminuant ainsi les temps d'analyse. Certaines études ont utilisé des modèles de prédiction multi-étiquettes pour classifier les enregistrements de paysages sonores pouvant contenir des occurrences simultanées de différents signaux cibles (Zhang *et al.* 2016; Kahl *et al.* 2017). Bien qu'ils aient rapporté une amélioration des performances dans la classification, ce type d'études de classification de paysages sonores multi-étiquettes reste limité en raison de la difficulté accrue d'acquérir des données

d'apprentissage avec une labellisation complète de tous les signaux contenus dans le paysage (LeBien *et al.* 2020).

3) Librairies de sons

1. Sons de références

Une des contraintes majeures dans la classification des signaux acoustiques est le degré de complétude des sonothèques de référence. Afin de développer un outil de classification robuste, il est souvent essentiel d'avoir une large base de données qui comprend des signaux acoustiques clairs. Idéalement, ces sons de références doivent représenter toutes les variations possibles de l'espèce cible, telles que les variations individuelles, les variations régionales (e.g. (Martinez & Martin 2020), plusieurs types de vocalisations ou des cris rapprochés (Priyadarshani *et al.* 2018). La bancarisation de ces données est une tâche laborieuse et chronophage, puisqu'il faut collecter des enregistrements audio de haute qualité et dont l'identification des espèces est vérifiée. Cela explique que lorsque ces sons de références sont disponibles, ils sont généralement de petite taille et manquent de variabilité dans le type de signaux, la qualité d'enregistrement et l'environnement acoustique (Gibb *et al.* 2019). Par ailleurs, ces données doivent également être labélisées manuellement pour fournir des données d'entraînement aux modèles de classification. Il est également nécessaire d'avoir des enregistrements bruts incluant les bruits de fonds et des annotations de terrain. Ces sonothèques de références sont souvent biaisées en faveur des vertébrés – et tout particulièrement des cétacés, des chauves-souris et des oiseaux – en Europe et Amérique du Nord, ce qui se traduit généralement par des biais dans la disponibilité des classificateurs (Gibb *et al.* 2019).

2. Banques de données disponibles

Il existe de grandes bases de données qui hébergent des données bioacoustiques en ligne telles que la base de données collaborative Xeno-Canto (www.xeno-canto.org, site web dédié au partage des sons d'animaux sauvages du monde entier, où l'on peut écouter, télécharger et explorer les enregistrements de la collection), l'archive d'échantillons de cris d'oiseaux du Cornell Lab of Ornithology (https://www.macaulaylibrary.org/), ChiroVox pour les chauves-souris (https://www.chirovox.org/, Görföl *et al.* 2022), FrogID pour les grenouilles (https://www.gbif.org/dataset/47c9fee2-619a-481c-a114-386bc4748256). D'autres grandes bases de données acoustiques disponibles sur internet incluent ARBIMON

(https://arbimon.rfcx.org/home), le Remote Environmental Assessment Laboratory (Kasten *et al.* 2012), Ecosounds (https://www.ecosounds.org/) et le Center for Global Soundscapes (https://centerforglobalsoundscapes.org). Les muséums peuvent également avoir des bases de données comme Tierstimmenarchiv (www.tierstimmenarchiv.de) du Museum für Naturkunde de Berlin regroupant plus de 120000 enregistrements d'oiseaux, de mammifères, d'invertébrés, de poissons, d'amphibiens et de reptiles, ou la sonothèque du Muséum National d'Histoire Naturelle (https://sonotheque.mnhn.fr/). Par ailleurs, la librairie Macaulay est également disponible au public pour fournir des conseils, des astuces afin d'optimiser la qualité des enregistrements d'oiseaux et d'autres animaux dans la nature (https://www.macaulaylibrary.org/resources/).

4) Logiciels et outils de traitement du son

Le principe de la reconnaissance automatisée des signaux acoustiques consiste donc à développer des algorithmes qui analysent les fichiers pour détecter les signaux cibles puis mesurer et extraire les caractéristiques à utiliser comme critères de classification et d'assignation aux espèces. Le développement d'algorithmes est une étape essentielle, mais chronophage et complexe pour les utilisateurs non experts. Malgré l'intérêt pour des systèmes automatisés, les études reposant sur des méthodes entièrement automatiques et intégrant à la fois la détection et la classification de plusieurs espèces dans des paysages sonores bruyants sont plutôt limitées. Toutes les méthodes de classification actuelles nécessitent un certain travail manuel par les opérateurs, et seules quelques-unes sont facilement accessibles dans des logiciels (i.e. Arbimon, Raven, Audacity, Sound Scope et Kaleidoscope). Le traitement manuel est souvent le plus précis mais est relativement subjectif et lent, alors que le traitement automatisé est beaucoup plus rapide mais sujet aux erreurs (Digby *et al.* 2013). De plus, les logiciels ne permettent de classifier les enregistrements que pour certains groupes taxonomiques et certaines zones géographiques (Walters *et al.* 2012; Aide *et al.* 2013; Bas *et al.* 2017). Ces outils sont relativement faciles à utiliser, mais leur transférabilité à de nouvelles données reste problématique et il semble risqué de s'appuyer sur des outils coûteux dont les méthodes sous-jacentes sont mal rapportées (Gibb *et al.* 2019).

Il existe de nombreux logiciels et outils permettant une mesure automatisée des paramètres sonores ainsi que quelques outils de classification (voir revue dans (Priyadarshani *et al.* 2018).

Il existe de nombreux exemples de logiciels pour les analyses acoustiques tels que:

- monitoR (package R), traite automatiquement les enregistrements sur le terrain et estime le nombre de signaux. Aide à créer, modifier, enregistrer et utiliser des modèles pour la détection des vocalisations d'animaux, ainsi qu'à afficher, vérifier et extraire les résultats.

https://cran.r-project.org/web/packages/monitoR/monitoR.pdf

- warbleR (package R) présente des fonctions visant à faciliter l'analyse de la structure des signaux acoustiques des animaux dans R. Il utilise des outils d'analyse sonore de base du package 'seewave', et offre de nouveaux outils pour l'analyse de la structure acoustique.

https://cran.r-project.org/web/packages/warbleR/index.html

- Le logiciel BatSound est un outil payant qui convient à l'analyse sonore en général, mais comprend également un certain nombre de fonctionnalités centrées sur l'analyse des signaux de chauves-souris enregistrés. https://batsound.com/

- SoundID est un système payant de reconnaissance sonore dédié aux études et applications bioacoustiques. Il n'est pas toujours facile d'accès pour les utilisateurs non experts et l'optimisation des paramètres peut prendre du temps et être difficile (Jinnai *et al.* 2012; Priyadarshani *et al.* 2018). http://www.soundid.net/

- Raven Pro a été développé par le Cornell Lab of Ornithology pour l'acquisition, la visualisation, la mesure et l'analyse des sons et semble utilisé majoritairement comme outil d'analyse de spectrogramme (Priyadarshani *et al.* 2018). Ce logiciel a une version pro payante, mais également une version lite (moins complète) gratuite. https://ravensoundsoftware.com/software/raven-pro/

- Song Scope, développé par Wildlife Acoustics, est également équipé d'un détecteur de signaux (Wildlife Acoustics 2011). Le principal inconvénient est que l'approche utilisée dans ce logiciel semble très sensible au bruit (Duan *et al.* 2013; Priyadarshani *et al.* 2018). Wildlife Acoustics a également présenté Kaleidoscope, qui est une suite intégrée d'outils d'analyse bioacoustique faisant progresser Song Scope.

https://www.wildlifeacoustics.com/images/documentation/Song-Scope-Users-Manual.pdf

- Avisoft-SASLab Pro est un outil polyvalent d'analyse, d'édition, de classification et de synthèse du son créé par Avisoft Bioacoustics. Il y a une variété d'options avancées d'analyse sonore dans la version payante, mais il existe également une version lite gratuite qui fournit encore des outils utiles. La société fournit également des appareils d'enregistrement bioacoustique et un logiciel d'enregistrement séparé. Le logiciel est utile pour mesurer automatiquement les paramètres sonores du spectrogramme et de la forme d'onde (Priyadarshani *et al.* 2018). http://www.avisoft.com/

- Arbimon est un réseau Web permettant de stocker, partager et analyser des données acoustiques. Leur cyber-infrastructure comprend une station de surveillance à distance alimentée à l'énergie solaire qui envoie des enregistrements d'une minute toutes les 10 minutes à une station de base, qui relaie les enregistrements en temps réel vers le serveur du projet, où les enregistrements sont traités et téléchargés sur le site Web du projet (Aide *et al.* 2013). Les enregistrements à analyser doivent être téléchargés sur Arbimon afin de voir les résultats. Cependant, leur fonction de reconnaissance en ligne est coûteuse et n'est pas faisable pour le traitement d'enregistrements de longue durée.

https://arbimon.rfcx.org/

- Sound Analysis Pro est un programme gratuit pour les analyses sonores qui effectue un enregistrement et une analyse automatisée de la vocalisation animale. Il peut gérer des données sonores sur des périodes prolongées.

http://soundanalysispro.com/

- Ishmael est un logiciel d'analyse bioacoustique en libre accès. Il comprend des affichages de formes d'ondes sonores et de spectrogrammes, une capacité d'enregistrement pour une entrée en temps réel, plusieurs méthodes de localisation acoustique et de reconnaissance automatique des signaux, ainsi qu'une fonction d'annotation sonore. http://www.bioacoustics.us/ishmael.html

- Luscinia est un logiciel libre d'accès d'archivage des enregistrements acoustiques, de mesure et d'analyse des signaux bioacoustique. Il fournit un moyen flexible, rapide et fiable de mesurer semi-automatiquement les signaux bioacoustiques et met en œuvre un large éventail de méthodes analytiques. https://rflachlan.github.io/Luscinia/

- RIBBIT (The Repeat Interval Based Bioacoustic Identification Tool) est un outil open-source d'identification des vocalisations bioacoustiques basé sur les intervalles de répétition. Il a été conçu pour détecter les vocalisations pulsées ou périodiques des anoures (grenouilles et crapauds) ou d'autres taxons vocaux dans les enregistrements audio sur la base de leur structure périodique. Il existe un notebook R (https://github.com/kitzeslab/r-ribbit) et une implémentation Python (dans la boîte à outils bioacoustique open-source OpenSoundscape ; https://github.com/kitzeslab/opensoundscape) de RIBBIT.

5) Sciences participatives et applications grand public

Les protocoles de sciences participatives standardisés sont considérés comme de bonnes solutions pour collecter de grandes quantités de données sur de larges échelles spatiales. Les technologies numériques, telles que les photographies et les enregistrements sonores, peuvent ainsi augmenter la quantité de données collectées tout en réduisant les biais dus à la variation des observateurs (Sueur *et al.* 2008; Dickinson *et al.* 2010). Le développement de nouvelles techniques de reconnaissance automatique des espèces basées sur la détection sonore est facilement applicable dans un cadre des sciences citoyennes. Par exemple, le projet 'New Forest Cicada' a permis d'équiper les visiteurs de la forêt d'une application pour téléphone intelligent capable de détecter et de reconnaître le chant d'une espèce de cigale (seule cigale présente naturellement au Royaume-Uni) afin d'aider à la localiser. Quant à Jeliazkov *et al.* (2016), ils ont estimé les tendances temporelles à grande échelle de populations d'insectes à l'aide de l'identification automatique de bases de données acoustiques provenant d'un programme de suivi citoyen du Muséum national d'histoire naturelle. En effet, ils rassemblent des données acoustiques de communautés d'orthoptères sur une grande partie de la France, à l'aide d'enregistreurs audio passifs supervisés par des bénévoles dans le cadre des programmes Vigie-Nature (programmes de sciences participatives ouverts à tous, https://www.vigienature.fr/fr). En Australie des chercheurs ont également développé FrogID (https://www.frogid.net.au/), qui est une base de données de biodiversité sur les occurrences de grenouilles reposant sur une validation acoustique par des experts (Rowley *et al.* 2019; Rowley & Callaghan 2020). FrogID compte sur les bénévoles qui enregistrent les cris de grenouille et leur permet de soumettre leurs sons (via la technologie des smartphones), pour ainsi fournir à la fois une base de données de biodiversité d'espèces de grenouilles géo-référencées, et une collection numérique de cris de grenouilles. La base de données qui est disponible et publiée, sur une année complète du projet (novembre 2017- novembre 2018), comprend 54 864 enregistrements de 172 espèces, soit 71 % des espèces de grenouilles connues en Australie (Rowley & Callaghan 2020). FrogID a notamment permis de collecter des données sur des espèces de grenouilles rares et menacées, de documenter le déclin d'espèces de grenouilles indigènes, et de détecter des espèces invasives.

Les sciences participatives peuvent également aider les chercheurs à labéliser les données nécessaires à l'entraînement de leurs modèles. Par exemple, Mac Aodha *et al.* (2018) ont développé un système open source entièrement automatique et efficace pour la détection des signaux d'écholocation de chauves-souris (en phase de recherche) dans des enregistrements bruyants et basé sur l'apprentissage profond. Ils ont fait appel aux sciences participatives pour

entraîner leurs algorithmes d'apprentissage profond sur des données audio ultrasoniques (collectées le long de transects routiers à travers l'Europe) et étiquetées par des scientifiques citoyens à l'aide du site www.batdetective.org. Afin d'améliorer les modèles de classification, il existe de nombreux défis de reconnaissance d'espèces à partir des signaux acoustiques sur internet et facilement accessibles tels que BirdCLEF (https://www.imageclef.org/BirdCLEF2020), NIPS4B, ou encore MLSP 2013. C'est également le cas du projet Nocturnal Bird Migration en France (https://nocturnal-bird-migration.com/fr, https://gitlab.com/nbm.challenge/nbm-nocturnal-bird-migration), qui s'appuie sur des bénévoles pour collecter et étiqueter des sons de référence issus d'enregistrements longs. Le projet cherche à développer des outils pour optimiser l'analyse automatique des heures d'enregistrement nocturne de migrations d'oiseaux et aider à leur suivi. Ce défi a été proposé dans le cadre du Hack4Nature (https://www.hackfornature.com/).

III. Indices éco-acoustiques et paysage sonore

La classification des espèces basée sur les signaux acoustiques peut être restreinte par les exigences des modèles d'apprentissage automatique, ainsi que par la disponibilité des logiciels gratuits et des grandes sonothèques. En parallèle, les chercheurs montrent un intérêt croissant pour les indices de diversité acoustique permettant de caractériser des communautés fauniques.

L'ensemble de tous les sons produits dans l'écosystème comprend des sons biologiques (i.e. les signaux acoustiques produit par les animaux), géophysiques et anthropiques, et constitue ce qu'on appelle « le paysage sonore » (Pijanowski *et al.* 2011). Le principe de base des indices acoustiques est d'écarter l'idée d'identification des espèces et d'aborder les questions de recherche au niveau de la communauté de sons. Il est ainsi possible de calculer des indices du paysage sonore qui reflètent différentes composantes de la diversité acoustique comme la complexité, la richesse et la composition des sons. Ces indices sont considérés comme des substituts efficaces pour des évaluations rapides de la biodiversité et offrent une méthode relativement rapide de traitement des données acoustiques (Sueur *et al.* 2008). Un indice acoustique est un résumé mathématique de la distribution de l'énergie acoustique et est utilisé pour estimer la diversité sonore d'un enregistrement (Towsey *et al.* 2014). Il existe une vaste gamme d'indices acoustiques qui sont généralement basés sur le calcul et la comparaison de la puissance acoustique dans les intervalles temporels et fréquentiels (Sueur *et al.* 2014; Gibb *et al.* 2019; Sugai *et al.* 2019). Ces indices ont plutôt tendance à refléter les schémas généraux de

l'activité sonore des espèces plutôt que de la diversité des espèces émettrices (Gasc *et al.* 2016). Ils permettent d'évaluer les qualités du paysage sonore telles que la régularité, l'entropie et la complexité. Les indices acoustiques donnent donc des informations au niveau communautaire à partir des paysages sonores entiers; ils sont relativement simples et facilement disponibles sur des logiciels open source (Metcalf *et al.* 2020). Ils peuvent notamment se calculer en utilisant les packages tels que soundecology (Villanueva-Rivera *et al.* 2018), tune R (Ligges *et al.* 2022), ou encore QUT Ecoacoustics Audio Analysis Software (Towsey *et al.* 2018).

Divers indices acoustiques existent (e.g. indice de complexité acoustique, indice de diversité acoustique, indice de régularité acoustique, indice de bioacoustique, indice de différence normalisée du paysage sonore), dont l'objectif est de décrire le paysage sonore de manière pertinente (e.g. Sueur *et al.* 2014; Rajan *et al.* 2019). La principale supposition sous-jacente à ces indices est que plus il y a d'espèces dans une communauté, plus il y aura de signaux produits en même temps, ce qui augmentera l'hétérogénéité de l'environnement acoustique (Sueur *et al.* 2008). Par exemple, ***l'indice de complexité acoustique*** mesure la variabilité de l'intensité d'un signal et vise à représenter l'hétérogénéité sonore tout en étant robuste au bruit non ciblé, et est appliqué à de larges gammes de fréquences. Il mesure l'irrégularité d'amplitude à travers les échantillons de temps par bande de fréquence, par rapport à l'amplitude totale de la bande de fréquence (Pieretti *et al.* 2011; Metcalf *et al.* 2020). En revanche, ***l'indice bioacoustique*** est généralement appliqué à des gammes de fréquences plus étroites. Il calcule l'énergie sonore totale dans cette gamme et peut être utilisé pour estimer une abondance relative de la communauté aviaire dans une plage de fréquences contenant la plupart des sons d'oiseaux (i.e. 2 à 8 kHz). Il mesure la disparité entre les tranches de fréquence de 1 kHz les plus silencieuses et les plus bruyantes (Boelman *et al.* 2007; Rajan *et al.* 2019; Metcalf *et al.* 2020). ***L'indice de diversité acoustique*** compare la diversité des signaux sonores dans un gradient d'activités anthropiques. Il est calculé en divisant le spectrogramme en N tranches de fréquence (i.e. 1 jusqu'à 10 kHz par défaut) et en prenant la proportion des signaux dans chaque case au-dessus d'un seuil (afin d'éliminer les sons vagues et les bruits), et correspond à l'indice de diversité de Shannon appliqué à ces tranches de fréquence (Villanueva-Rivera *et al.* 2011; Rajan *et al.* 2019). Enfin, ***l'indice de paysage sonore à différence normalisée (NDSI)*** permet de savoir si la biophonie ou l'anthrophonie est le constituant dominant d'un paysage sonore en fournissant une gamme de valeurs comparant l'intensité sonore entre les gammes de fréquences qui correspondent à la biophonie (2 à 12 kHz) et à l'anthropophonie (1 à 2 kHz). Les valeurs de NDSI approchant de + 1 représentent un paysage sonore dominé par la biophonie pure et

prennent des valeurs négatives lorsque la composante anthrophonique domine (Kasten *et al.* 2012; Ross *et al.* 2018; Rajan *et al.* 2019).

L'utilisation des indices acoustiques et du paysage sonore dans les études sur la biodiversité peut améliorer nos connaissances sur la biodiversité et apporter des informations nécessaires à la gestion et conservation des communautés et des écosystèmes.

Afin de gérer et analyser de longs enregistrements, des chercheurs ont combiné trois indices acoustiques calculés sur de courts segments de temps pour développer une méthode de visualisation des paysages sonores de 24h (Towsey *et al.* 2014). Ils ont ainsi pu générer un spectrogramme compressé « en fausses couleurs » de longue durée qui contient tout de même de nombreux détails sur les caractéristiques acoustiques. Cette méthode de visualisation basée sur des indices acoustiques semble également pouvoir détecter et suivre certaines espèces dans de larges bases de données. Ces spectrogrammes ont ainsi été utilisés pour mettre en évidence le son des oiseaux, des chœurs de grenouilles, ou encore d'écholocation de chauves-souris (Towsey *et al.* 2018). Par ailleurs, Brodie *et al*. (2020) ont montré que les indices acoustiques avaient du potentiel comme prédicteurs dans divers modèles de classification pour l'identification d'espèces de grenouilles avec des performances de classification relativement élevées. D'autre part, Rowe *et al*. (2021) ont conçu des encodeurs automatiques d'extraction de caractéristiques à partir d'enregistrements de longue durée de l'environnement. Cette méthode peut être utilisée pour analyser des données audio environnementales sur une petite échelle de temps. Elle offre une précision similaire ou supérieure à celle des méthodes existantes à un coût moindre.

La quantification de la résilience des écosystèmes dans le contexte actuel des changements globaux est essentielle pour la conservation des écosystèmes, car cela peut améliorer nos capacités à prévoir les impacts des perturbations, à estimer la perte des services écosystémiques et à mener une gestion adaptative. Cependant, l'évaluation quantitative de la résilience des systèmes naturels est une tâche qui reste complexe et difficile, en particulier pour les communautés animales. Gottesman *et al*. (2021) ont enregistré et analysé des paysages sonores pour quantifier la résilience des communautés animales des récifs coralliens et des forêts après perturbation (i.e. ouragan). Ainsi, ils ont démontré l'utilité des méthodologies des paysages sonores dans la mesure de la résilience des communautés animales et donc à la compréhension de l'évolution de la biodiversité et du fonctionnement des écosystèmes. Furumo & Mitchell Aide (2019) ont utilisé des données de paysages sonores pour évaluer la faune dans les paysages de palmiers à huile en Colombie et aider à guider le développement de futures plantations avec

des impacts minimes sur la biodiversité. De plus, des études ont démontré des connexions entre le paysage sonore et les caractéristiques de l'habitat et du paysage, les conditions écologiques, et la richesse des espèces d'oiseaux (Fuller *et al.* 2015; Zhao *et al.* 2022). Ainsi, les auteurs suggèrent que l'évaluation du paysage sonore à distance peut être mise en œuvre comme un outil de surveillance écologique dans les paysages forestiers fragmentés. D'autre part, avec l'augmentation des enregistreurs acoustiques pour le suivi des espèces et des paysages sonores de la planète, la collection de sons provenant d'écosystèmes actuels s'accroît. Ces enregistrements constitueront des 'capsules temporelles bioacoustiques' et deviendront des références pour la recherche écologique future. Cela aidera notamment à la compréhension du changement global en fournissant des informations historiques singulières sur la structure et la dynamique des écosystèmes passés et l'activité de la faune éteinte (i.e. 'fossiles acoustiques') (Sugai & Llusia 2019). Il est important de noter que cela nécessitera de disposer d'une infrastructure mutualisée d'archivage de ces données sonores, ce qui n'est pas totalement le cas actuellement.

Malgré la popularité croissante de ces indices, ils ne sont pas toujours efficaces pour répondre aux questions liées à la conservation ou à la gestion des ressources naturelles (Sugai *et al.* 2019; Metcalf *et al.* 2020). En effet, ils ont été appliqués dans les études acoustiques avec un succès variable (Buxton *et al.* 2018; Bateman & Uzal 2022) et certaines études montrent des corrélations significatives entre les indices acoustiques et les mesures de la diversité des espèces - suggérant qu'ils peuvent fonctionner comme des indicateurs écologiques - tandis que d'autres ne trouvent peu ou pas de corrélation (Metcalf *et al.* 2020; Shamon *et al.* 2021). Ces difficultés de généralisation à travers les taxons et les écosystèmes peuvent expliquer qu'il n'y ait pas encore de consensus sur les indices les plus efficaces (Deichmann *et al.* 2018). De plus, il est conseillé d'interpréter avec prudence les indices de diversité acoustique, qui peuvent être influencés par d'autres sources d'hétérogénéité acoustique (Gasc *et al.* 2015). En effet, les performances des indices sont particulièrement affectées par les sons d'insectes, les conditions météorologiques et anthropiques (Buxton *et al.* 2018). Par ailleurs, le lien supposé entre la communauté et la diversité sonore biotique reste controversé (Gibb *et al.* 2019). Malgré cela, l'utilisation d'une combinaison d'indices acoustiques pertinents peut prédire avec précision la diversité des sons biologiques dans les enregistrements acoustiques terrestres (Towsey *et al.* 2014; Buxton *et al.* 2018). Dans leur étude, Zwerts *et al.* (2022) n'ont pas trouvé de relation entre la saturation du paysage sonore (i.e. indicateur de la diversité acoustique qui calcule le degré d'utilisation des niches acoustiques) et l'abondance de plusieurs guildes de mammifères basée sur des pièges photographiques. Les auteurs concluent qu'avec cette couverture

complémentaire des espèces, il y a un intérêt à avoir une approche combinant des enregistreurs acoustiques et du piégeage par caméra.

IV. Autres opportunités pour les études acoustiques

Les données de suivis acoustiques permettent aux chercheurs d'aborder diverses problématiques de l'écologie comme la détection des espèces cibles, la localisation des animaux et le suivi de leurs mouvements à petite et grande échelle, l'identification des individus, l'utilisation de l'habitat et l'étude des comportements et de la communication des animaux.

1) Détection d'espèces cibles

Les signaux acoustiques peuvent être utilisés pour le suivi d'un nombre restreint d'espèces cibles. Ces types de systèmes sont souvent conçus pour les espèces d'importance économique ou sanitaire et la plupart du temps, dans le but de lutter contre les ravageurs dans les écosystèmes agricoles causant des pertes de récoltes annuelles coûteuses. En particulier, différents systèmes automatisés ont été développés pour détecter et suivre diverses espèces d'insectes nuisibles (Cardim Ferreira Lima *et al.* 2020). Ces nouvelles technologies sont prometteuses pour la détection précoce des organismes nuisibles aux récoltes et le suivi à de grandes échelles spatiales. Par exemple, Potamitis *et al.* (2017) ont modifié un piège en plastique classique en ajoutant des capteurs optoélectroniques pour surveiller l'entrée du piège afin de détecter et identifier les espèces d'insectes entrants grâce à l'analyse du spectre optoacoustique de leur battement d'aile (Fig. 4). Ils ont par la suite amélioré ce système grâce à un capteur optoélectronique bimodal basé sur des lentilles de Fresnel et un appareil d'enregistrement stéréo qui enregistre le battement des ailes d'un insecte en vol sous forme de lumière rétrodiffusée et d'extinction (Potamitis *et al.* 2018). Ce piège électronique examine le contenu spectral du battement des ailes de l'insecte volant et restitue via une technologie sans fil les dénombrements et l'identité des espèces. Ainsi, ces pièges électroniques à insectes signalent quasiment en temps réel le niveau de la population de ravageurs du champ directement à un opérateur humain. Afin de généraliser l'utilisation de ce type de piège, les auteurs fournissent un accès libre aux détails de mise en œuvre, aux enregistrements et au code de classification développé. D'autres études se concentrent sur des techniques automatisées de détection optique des signaux de battements d'ailes des insectes (notamment avec des algorithmes issus du domaine de l'apprentissage automatique), comme Kalfas *et al*. (2021).

L’étude de la répartition spatiale des espèces est essentielle pour la conservation de la faune, mais peut constituer un défi notamment pour les espèces menacées ou cryptiques car il y a souvent un faible nombre d'observations. Ainsi, le suivi acoustique a été utilisé avec succès pour surveiller les populations d'espèces menacées et rares telles que le kiwi d’Owen (*Apteryx owenii* Gould, 1847) (Digby *et al.* 2013). Leur méthode avait une précision très élevée (>98%) et nécessitait moins de 3% du temps nécessaire au suivi par observation directe sur le terrain. Les auteurs suggèrent que les méthodes acoustiques automatisées offrent une alternative appropriée et extrêmement efficace aux comptages ponctuels des observateurs sur le terrain pour le suivi des espèces. Campos-Cerqueira & Aide (2016) ont combiné une approche d'identification automatisée spécifique basée sur des enregistrements sonores avec des modèles d'occupation qui tiennent compte de la détectabilité imparfaite pour améliorer les estimations de la répartition des espèces. Ils ont ainsi déterminé la répartition spatiale de la Paruline d’Angela (*Setophaga angelae* Kepler et Parkes, 1972), qui est une espèce d'oiseau rare et menacée. Ils ont pu montrer que l'utilisation de modèles d'identification automatisée spécifiques réduit considérablement la quantité d'enregistrements qui doivent être validés pour développer des modèles d'occupation non biaisés et précis. La bioacoustique a également était utilisée comme outil pour discriminer sur le terrain des espèces cryptiques de mammifères terrestres (Ancillotto *et al.* 2017). En raison de leur ressemblance morphologique et de leur fréquente sympatrie, l'identification sur le terrain des espèces de rongeurs du genre *Apodemus spp.* peut se révéler très compliquée. Les espèces ne peuvent être identifiées de manière fiable qu'en laboratoire par l’examen de la morphologie du crâne (i.e. spécimens morts) ou d'ADN (i.e. échantillonnage invasif de tissus comme le poinçon d'oreille, la biopsie de la queue ou la coupe d'orteils). C’est pourquoi des chercheurs ont présenté une approche nouvelle moins invasive pour l'identification des souris, dans laquelle ils combinent des données de taille, de masse corporelle et de variables acoustiques des cris de détresse pour développer des fonctions discriminantes. Ils ont ainsi obtenu des taux de classification correcte relativement élevés (de 86,4 à 98,1%) pour trois espèces cryptiques en Italie.

Un autre exemple d’utilisation du suivi acoustique pour détecter certaines espèces dans un environnement acoustique complexe est celui de l’étude d’Awano *et al.* (2021), qui ont développé un dispositif discriminant plusieurs espèces d'animaux nocturnes dans leur habitat naturel sur la base des différences dans les caractéristiques spectrales de leurs signaux acoustiques. Ce dispositif – équipé d'un microphone, d'une diode électroluminescente et d'un filtre passe-bande – s’éclaire uniquement lors de la détection des cris d’une espèce focale en accordant la fréquence centrale du filtre pour inclure une fréquence dominante des cris de

l’espèce cible. Dans cette étude en particulier, ils ont réglé les dispositifs de discrimination sonore pour qu'ils détectent les cris de deux espèces de grenouilles mâles (*Hyla japonica*, Günter 1859 ou *Rhacophorus schlegelii*, Günter 1858). Par la suite, le dispositif permet de localiser et de distinguer les cris de deux espèces de grenouilles dans leur habitat naturel, d'extraire la chronologie des cris sous forme de séries chronologiques et de quantifier la structure temporelle du chœur multi-espèces de grenouilles.

2) Identifier les individus d’une espèce

Identifier les animaux individuellement est essentiel pour la conservation de la faune car cela permet d'obtenir des informations détaillées sur l’écologie et les comportements. En effet, avoir ces informations sur les individus est nécessaire pour estimer la taille de population et la survie, et quantifier les mouvements (i.e. utilisation de l'espace et des ressources). Etre capable d’obtenir des estimations précises des populations est un élément crucial de la biologie et de la conservation des espèces sauvages et permet de prendre des décisions de gestion éclairées (Sadhukhan *et al.* 2021). De nombreuses espèces d’animaux produisent des vocalisations distinctives qui peuvent ensuite être utilisées pour identifier, recenser et suivre des individus. L'identification acoustique des individus est considérée comme une alternative non invasive et efficace aux méthodes d'identification par marquage-recapture. Elle convient particulièrement au suivi individuel des espèces menacées ou vulnérables à la capture et à la manipulation. Cette méthode peut être utilisée efficacement pour suivre des individus dans le temps et fournir des informations sur la survie, la dynamique territoriale et les remplacements, ainsi que sur la migration (Petrusková *et al.* 2016; Wijers *et al.* 2021; Linhart *et al.* 2022). Linhart *et al*. (2022) présentent notamment dans leur étude le processus à suivre pour une identification automatique réussie chez une espèce donnée. Ils ont passé en revue les études faites sur la variation individuelle des vocalisations des mammifères ainsi que les études pilotes utilisant l'identification acoustique pour recenser les mammifères et les oiseaux.

Les loups sont connus pour leur communication de longue portée par le biais de hurlements qui est un processus de communication sociale, vital pour le comportement général de nombreuses espèces de canidés. En raison de sa grande amplitude et de sa basse fréquence, un hurlement peut se propager sur des distances de plus de six kilomètres, ce qui en fait des candidats idéaux pour les études acoustiques. Le hurlement pourrait s’avérer être un outil utile pour identifier les individus afin d'obtenir des informations sur la taille des populations, les schémas de dispersion, la composition des meutes et la présence de petits. En enregistrant les

hurlements de loups des Indes (*Canis lupus pallipes* Sykes, 1831), des chercheurs ont pu identifier quatre individus avec précision, de manière non-invasive à partir de leurs seuls hurlements en utilisant une méthode de classification supervisée (Sadhukhan *et al.* 2021). Les signaux acoustiques ont été utilisés pour identifier des loups avec précision chez plusieurs sous-espèces telles que les loups de l'Est (*Canis lupus lycaon* Schreber, 1775) (Root-Gutteridge *et al.* 2014), les loups des Indes (Sadhukhan *et al.* 2021), et les loups ibériques (*Canis lupus signatus* Cabrera, 1907) (Palacios *et al.* 2007) ; et il a été démontré que les loups ont des signatures vocales différentes selon les sous-espèces (Kershenbaum *et al.* 2016). D'après Larsen *et al*. (2022), le suivi acoustique pourrait être un outil précieux et efficace en complément des pièges photographiques, en permettant d'améliorer la détection des loups sur de longues distances. Il a également été démontré que l'analyse des enregistrements de rugissements de lions (*Panthera leo* Linnaeus, 1758) peut différencier et localiser des individus (Wijers *et al.* 2021).

3) Identifier l'écologie et les comportements des espèces

Les chercheurs utilisent fréquemment diverses techniques de suivi acoustique pour collecter des données individualisées ou non sur les comportements dans le temps et l'espace et sur les relations entre espèces (e.g. Kalan *et al.* 2016; Wrege *et al.* 2017; Kershenbaum *et al.* 2019; Papin *et al.* 2019; Pérez-Granados & Schuchmann 2020; Wijers *et al.* 2021; Linhart *et al.* 2022). Par exemple, le suivi acoustique a été utilisé avec succès pour étudier les rencontres entre le méliphage bruyant (*Manorina melanocephala* Latham, 1802) et les prédateurs terrestres dans des zones boisées fragmentées avec l'aide d'un protocole d'évaluation semi-automatique pour détecter les vocalisations d'alarme (McDonald *et al.* 2021). Les patrons de vocalisations ont ainsi mis en évidence un risque de prédation perçu plus élevé le long des bordures, notamment dans les petites parcelles (i.e. "paysage de la peur").

Les suivis acoustiques peuvent fournir des estimations d'abondance des populations à partir des données de vocalisation et ainsi améliorer la surveillance de nombreux taxons acoustiquement actifs (Thompson *et al.* 2010; Marques *et al.* 2013). Bien que les indices acoustiques soient principalement appliqués à la quantification de la diversité des assemblages multi-espèces, ils peuvent également être appliqués à des assemblages monospécifiques (i.e. plusieurs individus d'une même espèce) et servir de proxy d'abondance (i.e. basé sur les chœurs émis par une espèce). Certains indices acoustiques se sont avérés prometteurs pour le recensement des meutes de loups gris (Papin *et al.* 2019).

Les informations fournies par ces types de suivis peuvent être particulièrement pertinentes et utiles pour les espèces rares, peu visibles, difficiles d'accès ou cryptiques. Les estimations de densité faites sur des lémuriens de Madagascar à partir de données acoustiques sont en accord avec les estimations précédentes basées sur des animaux marqués individuellement réalisées dans la même zone (Markolf *et al.* 2022). Pérez-Granados & Schuchmann (2020) ont évalué l'utilité d'enregistreurs autonomes, couplés à un logiciel de reconnaissance automatique des signaux, pour suivre les périodes d'activités et de reproduction de deux espèces d'ibijaux (*Nyctibius griseus* Gmelin, 1789 et *Nyctibius grandis* Gmelin, 1789), des oiseaux nocturnes énigmatiques de la canopée. L'utilisation de la surveillance acoustique a également permis d'améliorer le suivi en vol des migrations d'oiseaux (Sanders & Mennill 2014) et la compréhension des réponses hivernales des chauves-souris aux perturbations causées par des facteurs naturels tels que la météo, les perturbations anthropiques ou l'introduction de maladies (i.e. syndrome du nez blanc) (Bernard & McCracken 2017).

Par ailleurs, les signaux acoustiques, largement utilisés dans la reproduction chez les animaux, sont exploités par les chercheurs pour des suivis de populations. Certaines espèces tropicales d'anoures concentrent leur reproduction sur de courtes durées et forment des chœurs massifs de reproducteurs de multiples espèces, dont le déterminisme environnemental, la phénologie et la composition ont été analysées par une combinaison de données acoustiques et environnementales (Ulloa *et al.* 2019).

4) Localisation des espèces et des individus

Les suivis acoustiques offrent des opportunités pour étudier l'utilisation de l'espace par les animaux. Kalan *et al.* (2016) ont utilisé la surveillance acoustique de sons à longue distance comme méthode de suivi indirect et non invasif de l'aire de répartition et des territoires de chimpanzés (*Pan troglodytes* Blumenbach, 1776), vivant dans deux habitats différents (la forêt et la savane-bois). La méthode la plus courante pour localiser des animaux dans l'espace avec un réseau de plusieurs microphones placés autour du site d'étude, consiste à utiliser la différence de temps d'arrivée du son à chaque microphone pour trianguler la source du son à partir des signaux enregistrés (Suzuki *et al.* 2018; Rhinehart *et al.* 2020; Sumitani *et al.* 2021). Ainsi, la localisation acoustique par un réseau de microphones permet de localiser précisément des oiseaux chanteurs dans un environnement perturbé et d'évaluer dans quelle mesure leur répartition évolue en fonction du couvert forestier et de la présence de conspécifiques (Wilson & Bayne 2018). Un système de localisation similaire a aussi été présenté afin de localiser avec

précision des loups (*Canis lupus* Linnaeus, 1758) (Kershenbaum *et al.* 2019) et des lions (Wijers *et al.* 2021).

Une autre méthode de localisation des animaux a été développée pour suivre les trajectoires de vol de 5 espèces de chauve-souris par Wallis & Elmeros (2021), par la détection de l'angle d'un capteur par rapport à la direction d'un cri d'animal. Ce système consiste à détecter la différence de phase entre des microphones placés à proximité les uns des autres. Avec le dispositif d'Awano *et al.* (2021), le son des espèces cibles est détecté par le microphone et la LED s'active lorsqu'une d'entre elles est détectée. Une fois les dispositifs déployés sur le terrain, il est possible d'enregistrer les lumières de tous les dispositifs à l'aide d'une caméra vidéo, d'analyser le schéma d'éclairage des dispositifs déployés, et de localiser les espèces de grenouilles dont les cris peuvent se chevaucher ou alterner. Par ailleurs, la localisation de sons peut localiser des braconniers via les sons des coups de feu ou l'exploitation forestière illégale via les sons produits par les tronçonneuses (e.g. Sharma 2018; Ahmad & Singh 2019; Mporas *et al.* 2020; Andreadis *et al.* 2021; Wijers *et al.* 2021). Par exemple, 'Rainforest Connection' construit et déploie des systèmes de surveillance acoustique qui peuvent mettre fin à l'exploitation illégale des forêts et au braconnage, tout en permettant de mesurer et de surveiller la biodiversité (https://rfcx.org). Leurs systèmes envoient des alertes en temps réel pour la détection de tronçonneuses, camions, voitures, motos et autres signes d'incursion dans les zones protégées. La possibilité d'utiliser l'apprentissage profond sur des données de sismomètres a été explorée pour distinguer les éléphants d'Afrique (*Loxodonta africana* Cuvier, 1825) des autres espèces, ainsi que pour classer leurs comportements et leurs interactions sociales, à partir des vibrations du sol résultant de leurs pas, et de leurs vocalisations à basse fréquence qui se propagent dans l'air comme dans le sol (Szenicer *et al.* 2022). Les sismomètres ne sont pas limités par une ligne de visée, sont de grande portée et non intrusifs, génèrent un faible volume de données et sont économes en énergie, si bien qu'ils peuvent être déployés pendant des mois en zones éloignées sans entretien ni inspection. D'après Reinwald *et al*. (2021), la localisation sismique des individus est plus précise que l'acoustique.

5) Etude acoustique des substrats

L'analyse des suivis acoustiques effectués dans divers substrats peut fournir des informations importantes sur la présence, l'écologie et les déplacements d'espèces cibles. Plusieurs recherches ont été menées avec succès pour détecter et identifier le charançon rouge, ravageur des palmiers (*Rhynchophorus ferrugineus* Olivier, 1790), à partir des signaux sonores émis par

les larves se nourrissant dans les troncs (Fiaboe *et al.* 2011; Martin *et al.* 2015; Mankin *et al.* 2016; Hetzroni *et al.* 2016). Fiaboe *et al*. (2011) ont pu détecter l'activité des larves grâce à l'analyse d'oscillogrammes et de spectrogrammes provenant de données acoustiques enregistrées par un capteur inséré dans le tronc de l'arbre en filtrant le bruit des oiseaux et du vent. Un réseau connecté de capteurs des signaux sonores des larves permet de les détecter rapidement et de lutter contre l'infestation des cocotiers dès les premiers stades (Srinivas 2013).

Des suivis acoustiques de l'activité biologique dans le sol sont moins invasifs et laborieux que les méthodes traditionnelles. Les ondes résultant de l'activité des vers de terre, véritables ingénieurs de l'écosystème, caractérisées par des fréquences élevées (1 à 100 kHz), peuvent être surveillées à l'aide de capteurs piézoélectriques hautement sensibles. Le suivi de ces émissions acoustiques du sol offre l'opportunité d'avoir des informations dynamiques et in situ sur des processus biomécaniques du sol souvent inobservables tels que les modèles d'activité des vers de terre ou la croissance des racines (Lacoste *et al.* 2018). Par ailleurs, bien que le sol soit un milieu difficile pour le suivi acoustique en raison de son hétérogénéité, des capteurs acoustiques insérés dans le sol ont été utilisés pour détecter des infestations de vers blancs (Mankin *et al.* 2011), les stridulations de larves de Scarabaeidae ravageurs (Görres & Chesmore 2019) et pour estimer les types et le nombre d'invertébrés du sol (Sergei & Fu 2020). Le suivi acoustique dans le sol a également été employé pour étudier les patrons d'activité souterraine des jeunes tortues vertes (*Chelonia mydas* Brongniart, 1800) (Nishizawa *et al.* 2021).

V. Coûts

Il est possible de réduire le coût des suivis acoustiques en réutilisant les technologies existantes ou en utilisant des dispositifs basés sur des ordinateurs modulaires open source avec des capteurs externes adaptés aux besoins. Cependant, ce type de dispositif exige un investissement considérable en temps pour installer et configurer chaque appareil et des compétences en développement de logiciels. De plus, ces appareils nécessitent généralement une plus grande capacité de batterie, ce qui les rend encombrants pour les déploiements sur le terrain à grande échelle ou dans des zones reculées (Hill *et al.* 2018).

Pour répondre à ces problèmes de taille et de facilité d'utilisation, des détecteurs légers et plus faciles d'utilisation ont été développés, mais ceux-ci sont souvent malheureusement peu personnalisables. Ceux-ci ont souvent un coût initial qui peut être important et problématique

pour les études à large échelle. Citons par exemple l'enregistreur de chauves-souris Peersonic RPA3 (~280 USD), l'enregistreur ARBIMON, basé sur un smartphone (~300 USD), ou encore la série commerciale Song Meter de WildLife Acoustics, de qualité audio optimale (1000 USD). Il faut également penser à ajouter les coûts de maintenance (e.g. remplacement régulier des batteries et cartes SD).

Le matériel pour le suivi acoustique évolue et se développe rapidement. Par exemple, l'AudioMoth est un appareil de suivi acoustique intelligent et personnalisable qui a été développé à faible coût (environ 43 USD). Il est capable d'effectuer une analyse acoustique embarquée en temps réel, ainsi que de filtrer ou de classer les données pertinentes avant le stockage. Cette capacité réduit à la fois les besoins de stockage sur l'appareil et le budget de post-traitement après la collecte des données. Avec moins d'énergie nécessaire pour alimenter l'appareil, il peut fonctionner avec des piles plus petites (Hill *et al.* 2018). Un autre système récemment développé permet l'enregistrement de données acoustiques et environnementales. Baptisé 'l'enregistreur de Kinabalu', il a été testé dans un environnement tropical (100 USD; Karlsson *et al.* 2021). A ce coût, la configuration associe suivi acoustique sur du long terme et capteurs de données environnementales et comprend la fabrication et l'assemblage des cartes, le capteur de température, le baromètre, deux batteries, un boîtier étanche et deux cartes micro SD de 64 Go.

VI. Conclusions

Les études acoustiques sont de plus en plus utilisées pour étudier la biodiversité de nombreux groupes taxonomiques dans divers écosystèmes (Tab. 1). Les suivis acoustiques fournissent des informations essentielles pour la description de l'environnement et la conservation des espèces et des écosystèmes. Bien que ces études soient généralement développées et mises en place pour évaluer la présence d'espèces animales, elles ont ouvert de nouvelles voies dans d'autres domaines de l'écologie : effet de la présence d'espèces invasives sur la biodiversité, déplacements et comportement des espèces, lutte contre le braconnage et l'abattage illégal d'arbres (Sharma 2018; Ahmad & Singh 2019; Afendi *et al.* 2020; Mporas *et al.* 2020; Andreadis *et al.* 2021) ou encore suivis des fonctions écologiques (e.g. Wijers *et al.* 2021; Szenicer *et al.* 2022; Zaluar *et al.* 2022; McGrann *et al.* 2022; Folliot *et al.* 2022). Par exemple, Folliot *et al.* (2022) ont suivi la pollinisation par les insectes et l'utilisation du bois par les pics dans une forêt alpine en utilisant des enregistreurs autonomes et l'intelligence artificielle (CNN). Par ailleurs, les enregistrements des sons environnementaux (i.e. paysages sonores)

permettent d'obtenir des informations sur les assemblages d'espèces, et ont l'avantage de pouvoir être utilisés même s'ils incluent des espèces non décrites et si les bibliothèques sonores sont limitées ou absentes.

L'observation de la diversité de la faune via des enregistrements acoustiques apporte divers avantages : elle couvre de nombreux groupes taxonomiques, elle est plus facile à mettre en œuvre (à la fois au niveau technique et au niveau des ressources), elle est peu coûteuse, elle prend moins de temps, elle peut être mise en œuvre sur de larges échelles spatiales et temporelles, elle ne nécessite pas d'échantillonnage destructeur, et elle ne perturbe pas la faune sauvage. De plus, les données acoustiques offrent la possibilité de vérifier les identifications ou de (re)faire des analyses post hoc. Les détections provenant de réseaux de capteurs peuvent fournir des données sur l'activité de la faune très détaillées dans l'espace et dans le temps. Les données en temps réel apportent ainsi des informations essentielles à la conservation des espèces en permettant l'atténuation des conflits Homme-faune ou encore en signalant l'exploitation forestière illégale ou le braconnage dans des zones protégées. Ces technologies peuvent facilement s'intégrer dans un contexte de sciences citoyennes. Néanmoins, quelques inconvénients limitent l'utilisation de ces outils : l'incomplétude des bases de données de références, mais aussi le besoin de développer des produits complets d'outils d'auto-identification, des procédures et des normes de métadonnées standardisées et d'améliorer les capacités d'analyse de ce type de données.

Les systèmes de capture automatique des sons sont facilement adaptables à des dispositifs déjà existants – ou peuvent être intégrés à de nouveaux systèmes plus complexes – et ainsi fournir des informations supplémentaires et complémentaires sur les recherches en biodiversité. Par exemple, la combinaison de pièges photographiques et d'enregistreurs acoustiques permet de collecter des informations sur la composition des communautés, la dynamique des populations, la répartition et le comportement des animaux dans des gradients de perturbation anthropiques (Buxton *et al.* 2018). Récemment, des chercheurs ont proposé un réseau de stations majoritairement autonomes composées de plusieurs capteurs automatisés afin de faire un suivi de la biodiversité (i.e. 'AMMOD' ou Automated Multisensor stations for Monitoring of species Diversity ; Wägele *et al.* 2022). Ce réseau associe avec l'informatique de la biodiversité (i.e. reconnaissance des espèces à l'aide d'images, de l'acoustique et du métabarcoding) des technologies de pointe comme des pièges à caméra pour les mammifères et les petits invertébrés, mais aussi des échantillonneurs autonomes pour les insectes, le pollen

et les spores, des enregistreurs audio pour les animaux sonores et des capteurs pour les composés organiques volatils émis par les plantes.

Remerciements

Ce travail s’inscrit dans le cadre du projet Passifor2, financé par le ministère de l'Écologie. Les auteurs remercient chaleureusement Antoine Lévêque pour son aide tout au long de la rédaction de ce document. Merci à Julie Dorioz pour sa relecture attentive et ses commentaires. Nous remercions également Jacques Comolet-Tirman et Stanislas Wroza pour leurs commentaires et leur révision attentive en vue d'améliorer notre manuscrit.

Références

AFENDI A.S.M., YUSOFF M. & OMAR M. 2020. — Mel-log energies analysis of authentic audible intrusion activities in a Malaysian forest. *Bulletin of Electrical Engineering and Informatics* 9 (2): 582–587. https://doi.org/10.11591/eei.v9i2.2091

AHMAD S.F. & SINGH D.K. 2019. — Automatic detection of tree cutting in forests using acoustic properties. *Journal of King Saud University - Computer and Information Sciences*. https://doi.org/10.1016/j.jksuci.2019.01.016

AIDE T.M., CORRADA-BRAVO C., CAMPOS-CERQUEIRA M., MILAN C., VEGA G. & ALVAREZ R. 2013. — Real-time bioacoustics monitoring and automated species identification. *PeerJ* 1: e103. https://doi.org/10.7717/peerj.103

ALONSO J.B., CABRERA J., SHYAMNANI R., TRAVIESO C.M., BOLAOS F., GARCA A., VILLEGAS A. & WAINWRIGHT M. 2017. — Automatic anuran identification using noise removal and audio activity detection. *Expert Systems with Applications: An International Journal* 72 (C): 83–92. https://doi.org/10.1016/j.eswa.2016.12.019

ANCILLOTTO L., MORI E., SOZIO G., SOLANO E., BERTOLINO S. & RUSSO D. 2017. — A novel approach to field identification of cryptic Apodemus wood mice: calls differ more than morphology. *Mammal Review* 47 (1): 6–10. https://doi.org/10.1111/mam.12076

ANDREADIS A., GIAMBENE G. & ZAMBON R. 2021. — Monitoring illegal tree cutting through ultra-low-power smart iot devices. *Sensors* 21 (22). https://doi.org/10.3390/s21227593

AWANO H., SHIRASAKA M., MIZUMOTO T., OKUNO H.G. & AIHARA I. 2021. — Visualization of a chorus structure in multiple frog species by a sound discrimination device. *Journal of Comparative Physiology A* 207 (1): 87–98. https://doi.org/10.1007/s00359-021-01463-9

BAS Y., BAS D. & JULIEN J.-F. 2017. — Tadarida: A Toolbox for Animal Detection on Acoustic Recordings. *Journal of Open Research Software* 5 (1): 6. https://doi.org/10.5334/jors.154

BATEMAN J. & UZAL A. 2022. — The relationship between the Acoustic Complexity Index and avian species richness and diversity: a review. *Bioacoustics* 31 (5): 614–627. https://doi.org/10.1080/09524622.2021.2010598

BERNARD R.F. & MCCRACKEN G.F. 2017. — Winter behavior of bats and the progression of white-nose syndrome in the southeastern United States. *Ecology and Evolution* 7 (5): 1487–1496. https://doi.org/10.1002/ece3.2772

BERTRAND A. 2011. — Applications and trends in wireless acoustic sensor networks: A signal processing perspective*In:* 2011 18th IEEE Symposium on Communications and Vehicular Technology in the Benelux (SCVT). p. 1–6. https://doi.org/10.1109/SCVT.2011.6101302

BLUMSTEIN D.T., MENNILL D.J., CLEMINS P., GIROD L., YAO K., PATRICELLI G., DEPPE J.L., KRAKAUER A.H., CLARK C., CORTOPASSI K.A., HANSER S.F., MCCOWAN B., ALI A.M. & KIRSCHEL A.N.G. 2011. — Acoustic monitoring in terrestrial environments using microphone arrays: applications, technological considerations and prospectus. *Journal of Applied Ecology* 48 (3): 758–767. https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2011.01993.x

BOELMAN N.T., ASNER G.P., HART P.J. & MARTIN R.E. 2007. — Multi-Trophic Invasion Resistance in Hawaii: Bioacoustics, Field Surveys, and Airborne Remote Sensing. *Ecological Applications* 17 (8): 2137–2144. https://doi.org/10.1890/07-0004.1

BRODIE S., ALLEN-ANKINS S., TOWSEY M., ROE P. & SCHWARZKOPF L. 2020. — Automated species identification of frog choruses in environmental recordings using acoustic indices. *Ecological Indicators* 119: 106852. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2020.106852

BROWNING E., GIBB R., GLOVER-KAPFER P. & JONES K.E. 2017. — Passive acoustic monitoring in ecology and conservation. Report. *WWF-UK*. https://doi.org/10.25607/OBP-876

BUXTON R.T., LENDRUM P.E., CROOKS K.R. & WITTEMYER G. 2018. — Pairing camera traps and acoustic recorders to monitor the ecological impact of human disturbance. *Global Ecology and Conservation* 16: e00493. https://doi.org/10.1016/j.gecco.2018.e00493

BUXTON R.T., MCKENNA M.F., CLAPP M., MEYER E., STABENAU E., ANGELONI L.M., CROOKS K. & WITTEMYER G. 2018. — Efficacy of extracting indices from large-scale acoustic recordings to monitor biodiversity. *Conservation Biology* 32 (5): 1174–1184. https://doi.org/10.1111/cobi.13119

CAMPOS-CERQUEIRA M. & AIDE T.M. 2016. — Improving distribution data of threatened species by combining acoustic monitoring and occupancy modelling. *Methods in Ecology and Evolution* 7 (11): 1340–1348. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12599

CARDIM FERREIRA LIMA M., DAMASCENA DE ALMEIDA LEANDRO M.E., VALERO C., PEREIRA CORONEL L.C. & GONÇALVES BAZZO C.O. 2020. — Automatic Detection and Monitoring of Insect Pests—A Review. *Agriculture* 10 (5): 161. https://doi.org/10.3390/agriculture10050161

CHEN X., ZHAO J., CHEN Y., ZHOU W. & HUGHES A.C. 2020. — Automatic standardized processing and identification of tropical bat calls using deep learning approaches. *Biological Conservation* 241: 108269. https://doi.org/10.1016/j.biocon.2019.108269

CORRADA BRAVO C.J., ÁLVAREZ BERRÍOS R. & AIDE T.M. 2017. — Species-specific audio detection: a comparison of three template-based detection algorithms using random forests. *PeerJ Computer Science* 3: e113. https://doi.org/10.7717/peerj-cs.113

DARRAS K., PÜTZ P., FAHRURROZI, REMBOLD K. & TSCHARNTKE T. 2016. — Measuring sound detection spaces for acoustic animal sampling and monitoring. *Biological Conservation* 201: 29–37. https://doi.org/10.1016/j.biocon.2016.06.021

DEICHMANN J.L., ACEVEDO-CHARRY O., BARCLAY L., BURIVALOVA Z., CAMPOS-CERQUEIRA M., D'HORTA F., GAME E.T., GOTTESMAN B.L., HART P.J., KALAN A.K., LINKE S., NASCIMENTO L.D., PIJANOWSKI B., STAATERMAN E. & AIDE T.M. 2018. — It's time to listen: there is much to be learned from the sounds of tropical ecosystems. *Biotropica* 50 (5): 713–718. https://doi.org/10.1111/btp.12593

DICKINSON J.L., ZUCKERBERG B. & BONTER D.N. 2010. — Citizen Science as an Ecological Research Tool: Challenges and Benefits. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 41 (1): 149–172. https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-102209-144636

DIGBY A., TOWSEY M., BELL B.D. & TEAL P.D. 2013. — A practical comparison of manual and autonomous methods for acoustic monitoring. *Methods in Ecology and Evolution* 4 (7): 675–683. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12060

DUAN S., ZHANG J., ROE P., WIMMER J., DONG X., TRUSKINGER A. & TOWSEY M. 2013. — Timed Probabilistic Automaton: A Bridge between Raven and Song Scope for Automatic Species Recognition. *IAAI*

FAIRBRASS A.J., FIRMAN M., WILLIAMS C., BROSTOW G.J., TITHERIDGE H. & JONES K.E. 2019. — CityNet—Deep learning tools for urban ecoacoustic assessment. *Methods in Ecology and Evolution* 10 (2): 186–197. https://doi.org/10.1111/2041-210X.13114

FIABOE K.K.M., MANKIN R.W., RODA A.L., KAIRO M.T.K. & JOHANNS C. 2011. — Pheromone-Food-Bait Trap and Acoustic Surveys of Rhynchophorus ferrugineus (Coleoptera: Curculionidae) in Curacao1. *Florida Entomologist* 94 (4): 766–773. https://doi.org/10.1653/024.094.0406

FLORENTIN J., DUTOIT T. & VERLINDEN O. 2020. — Detection and identification of European woodpeckers with deep convolutional neural networks. *Ecological Informatics* 55: 101023. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2019.101023

FOLLIOT A., HAUPERT S., DUCRETTET M., SÈBE F. & SUEUR J. 2022. — Using acoustics and artificial intelligence to monitor pollination by insects and tree use by woodpeckers. *Science of The Total Environment* 838: 155883. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.155883

FULLER S., AXEL A.C., TUCKER D. & GAGE S.H. 2015. — Connecting soundscape to landscape: Which acoustic index best describes landscape configuration? *Ecological Indicators* 58: 207–215. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2015.05.057

FURUMO P.R. & MITCHELL AIDE T. 2019. — Using soundscapes to assess biodiversity in Neotropical oil palm landscapes. *Landscape Ecology* 34 (4): 911–923. https://doi.org/10.1007/s10980-019-00815-w

GASC A., PAVOINE S., LELLOUCH L., GRANDCOLAS P. & SUEUR J. 2015. — Acoustic indices for biodiversity assessments: Analyses of bias based on simulated bird assemblages and recommendations for field surveys. *Biological Conservation* 191: 306–312. https://doi.org/10.1016/j.biocon.2015.06.018

GASC A., FRANCOMANO D., DUNNING J.B. & PIJANOWSKI B.C. 2016. — Future directions for soundscape ecology: The importance of ornithological contributions. *The Auk* 134 (1): 215–228. https://doi.org/10.1642/AUK-16-124.1

GIBB R., BROWNING E., GLOVER-KAPFER P. & JONES K.E. 2019. — Emerging opportunities and challenges for passive acoustics in ecological assessment and monitoring. *Methods in Ecology and Evolution* 10 (2): 169–185. https://doi.org/10.1111/2041-210X.13101

GOËAU H., GLOTIN H., VELLINGA W.-P., PLANQUÉ R. & JOLY A. 2016. — LifeCLEF Bird Identification Task 2016: The arrival of Deep learning*In:* , Évora, Portugal. p. 440–449.

GÖRFÖL T., HUANG J.C.-C., CSORBA G., GYŐRÖSSY D., ESTÓK P., KINGSTON T., SZABADI K.L., MCARTHUR E., SENAWI J., FUREY N.M., TU V.T., THONG V.D., KHAN F.A.A., JINGGONG E.R., DONNELLY M., KUMARAN J.V., LIU J.-N., CHEN S.-F., TUANMU M.-N., HO Y.-Y., CHANG H.-C., ELIAS N.-A., ABDULLAH N.-I., LIM L.-S., SQUIRE C.D. & ZSEBŐK S. 2022. — ChiroVox: a public library of bat calls. *PeerJ* 10: e12445. https://doi.org/10.7717/peerj.12445

GÖRRES C.-M. & CHESMORE D. 2019. — Active sound production of scarab beetle larvae opens up new possibilities for species-specific pest monitoring in soils. *Scientific Reports* 9 (1): 10115. https://doi.org/10.1038/s41598-019-46121-y

GOTTESMAN B.L., OLSON J.C., YANG S., ACEVEDO-CHARRY O., FRANCOMANO D., MARTINEZ F.A., APPELDOORN R.S., MASON D.M., WEIL E. & PIJANOWSKI B.C. 2021. — What does resilience sound like? Coral reef and dry forest acoustic communities respond differently to Hurricane Maria. *Ecological Indicators* 126: 107635. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2021.107635

HETZRONI A., SOROKER V. & COHEN Y. 2016. — Toward practical acoustic red palm weevil detection. *Computers and Electronics in Agriculture* 124: 100–106. https://doi.org/10.1016/j.compag.2016.03.018

HILL A.P., PRINCE P., COVARRUBIAS E.P., DONCASTER C.P., SNADDON J.L. & ROGERS A. 2018. — AudioMoth: Evaluation of a smart open acoustic device for monitoring biodiversity and the environment. *Methods in Ecology and Evolution* 9 (5): 1199–1211. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12955

JELIAZKOV A., BAS Y., KERBIRIOU C., JULIEN J.-F., PENONE C. & LE VIOL I. 2016. — Large-scale semi-automated acoustic monitoring allows to detect temporal decline of bush-crickets. *Global Ecology and Conservation* 6: 208–218. https://doi.org/10.1016/j.gecco.2016.02.008

JINNAI M., BOUCHER N., FUKUMI M. & TAYLOR H. 2012. — A new optimization method of the geometric distance in an automatic recognition system for bird vocalisations, *in* D'ACOUSTIQUE S.F. (ed.), Nantes, France.

JOLY A., GOËAU H., GLOTIN H., SPAMPINATO C., BONNET P., VELLINGA W.-P., CHAMP J., PLANQUÉ R., PALAZZO S. & MÜLLER H. 2016. — LifeCLEF 2016: Multimedia Life Species Identification Challenges, *in* FUHR N., QUARESMA P., GONÇALVES T., LARSEN B., BALOG K., MACDONALD C., CAPPELLATO L. & FERRO N. (eds.), Évora, Portugal. (Experimental IR Meets

Multilinguality, Multimodality, and Interaction)Springer. p. 286–310. https://doi.org/10.1007/978-3-319-44564-9_26

KAHL S., WILHELM-STEIN T., HUSSEIN H., KLINCK H., KOWERKO D., RITTER M. & EIBL M. 2017. — *Large-Scale Bird Sound Classification using Convolutional Neural Networks*

KALAN A.K., PIEL A.K., MUNDRY R., WITTIG R.M., BOESCH C. & KÜHL H.S. 2016. — Passive acoustic monitoring reveals group ranging and territory use: a case study of wild chimpanzees (Pan troglodytes). *Frontiers in Zoology* 13 (1): 1–11

KALFAS I., DE KETELAERE B. & SAEYS W. 2021. — Towards in-field insect monitoring based on wingbeat signals: The importance of practice oriented validation strategies. *Computers and Electronics in Agriculture* 180: 105849. https://doi.org/10.1016/j.compag.2020.105849

KARLSSON E.C.M., TAY H., IMBUN P. & HUGHES A.C. 2021. — The Kinabalu Recorder, a new passive acoustic and environmental monitoring recorder. *Methods in Ecology and Evolution* 12 (11): 2109–2116. https://doi.org/10.1111/2041-210X.13671

KASTEN E.P., GAGE S.H., FOX J. & JOO W. 2012. — The remote environmental assessment laboratory's acoustic library: An archive for studying soundscape ecology. *Ecological Informatics* 12: 50–67. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2012.08.001

KERSHENBAUM A., OWENS J.L. & WALLER S. 2019. — Tracking cryptic animals using acoustic multilateration: A system for long-range wolf detection. *The Journal of the Acoustical Society of America* 145 (3): 1619–1628. https://doi.org/10.1121/1.5092973

KERSHENBAUM A., ROOT-GUTTERIDGE H., HABIB B., KOLER-MATZNICK J., MITCHELL B., PALACIOS V. & WALLER S. 2016. — Disentangling canid howls across multiple species and subspecies: Structure in a complex communication channel. *Behavioural Processes* 124: 149–157. https://doi.org/10.1016/j.beproc.2016.01.006

KISKIN I., ZILLI D., LI Y., SINKA M., WILLIS K. & ROBERTS S. 2020. — Bioacoustic detection with wavelet-conditioned convolutional neural networks. *Neural Computing and Applications* 32 (4): 915–927. https://doi.org/10.1007/s00521-018-3626-7

KVSN R.R., MONTGOMERY J., GARG S. & CHARLESTON M. 2020. — Bioacoustics Data Analysis – A Taxonomy, Survey and Open Challenges. *IEEE Access* 8: 57684–57708. https://doi.org/10.1109/ACCESS.2020.2978547

LACOSTE M., RUIZ S. & OR D. 2018. — Listening to earthworms burrowing and roots growing - acoustic signatures of soil biological activity. *Scientific Reports* 8 (1): 10236. https://doi.org/10.1038/s41598-018-28582-9

LARSEN H.L., PERTOLDI C., MADSEN N., RANDI E., STRONEN A.V., ROOT-GUTTERIDGE H. & PAGH S. 2022. — Bioacoustic Detection of Wolves: Identifying Subspecies and Individuals by Howls. *Animals* 12 (5): 631. https://doi.org/10.3390/ani12050631

LE BORGNE H. & BOUGET C. 2023. — Suivis de biodiversité par la reconnaissance automatique des espèces sur photographies : perspectives et défis. *Naturae*

LEBIEN J., ZHONG M., CAMPOS-CERQUEIRA M., VELEV J.P., DODHIA R., FERRES J.L. & AIDE T.M. 2020. — A pipeline for identification of bird and frog species in tropical soundscape recordings using a convolutional neural network. *Ecological Informatics* 59: 101113. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2020.101113

LIGGES U., PREUSSER A., THIELER A., MIELKE J., WEIHS C., & OTHERS 2022. — Package 'tuneR'

LINHART P., MAHAMOUD-ISSA M., STOWELL D. & BLUMSTEIN D.T. 2022. — The potential for acoustic individual identification in mammals. *Mammalian Biology*. https://doi.org/10.1007/s42991-021-00222-2

LÓPEZ-BAUCELLS A., TORRENT L., ROCHA R., E.D. BOBROWIEC P., M. PALMEIRIM J. & F.J. MEYER C. 2019. — Stronger together: Combining automated classifiers with manual post-validation optimizes the workload vs reliability trade-off of species identification in bat acoustic surveys. *Ecological Informatics* 49: 45–53. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2018.11.004

MAC AODHA O., GIBB R., BARLOW K.E., BROWNING E., FIRMAN M., FREEMAN R., HARDER B., KINSEY L., MEAD G.R., NEWSON S.E., PANDOURSKI I., PARSONS S., RUSS J., SZODORAY-PARADI A., SZODORAY-PARADI F., TILOVA E., GIROLAMI M., BROSTOW G. & JONES K.E. 2018. — Bat detective—Deep learning tools for bat acoustic signal detection. *PLoS Computational Biology* 14 (3). https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1005995

MANKIN R.W., HAGSTRUM D.W., SMITH M.T., RODA A.L. & KAIRO M.T.K. 2011. — Perspective and Promise: a Century of Insect Acoustic Detection and Monitoring. *American Entomologist* 57 (1): 30–44. https://doi.org/10.1093/ae/57.1.30

MANKIN R., AL-AYEDH H., ALDRYHIM Y. & ROHDE B. 2016. — Acoustic Detection of Rhynchophorus ferrugineus (Coleoptera: Dryophthoridae) and Oryctes elegans (Coleoptera: Scarabaeidae) in Phoenix dactylifera (Arecales: Arecacae) Trees and Offshoots in Saudi Arabian Orchards. *Journal of Economic Entomology* 109: tov398. https://doi.org/10.1093/jee/tov398

MARKOLF M., ZINOWSKY M., KELLER J.K., BORYS J., CILLOV A. & SCHÜLKE O. 2022. — Toward Passive Acoustic Monitoring of Lemurs: Using an Affordable Open-Source System to Monitor Phaner Vocal Activity and Density. *International Journal of Primatology*. https://doi.org/10.1007/s10764-022-00285-z

MARQUES T.A., THOMAS L., MARTIN S.W., MELLINGER D.K., WARD J.A., MORETTI D.J., HARRIS D. & TYACK P.L. 2013. — Estimating animal population density using passive acoustics. *Biological Reviews* 88 (2): 287–309. https://doi.org/10.1111/brv.12001

MARTIN B., SHABY S.M. & PREMI M.S.G. 2015. — Studies on Acoustic Activity of Red Palm Weevil the Deadly Pest on Coconut Crops, 2nd International Conference on Nanomaterials and Technologies (CNT 2014). *Procedia Materials Science* 10: 455–466. https://doi.org/10.1016/j.mspro.2015.06.081

MARTINEZ N. & MARTIN R. 2020. — Geographical variation in Common Redstart calls. *Dutch Birding* 42: 163–174

MCDONALD P.G., DOOHAN S.J. & EVELEIGH K.J. 2021. — Using referential alarm signals to remotely quantify ‘landscapes of fear’ in fragmented woodland. *Bioacoustics* 0 (0): 1–17. https://doi.org/10.1080/09524622.2021.2013319

MCGRANN M.C., WAGNER B., KLAUER M., KAPHAN K., MEYER E. & FURNAS B.J. 2022. — Using an acoustic complexity index to help monitor climate change effects on avian diversity. *Ecological Indicators* 142: 109271. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.109271

METCALF O.C., BARLOW J., DEVENISH C., MARSDEN S., BERENGUER E. & LEES A.C. 2020. — Acoustic indices perform better when applied at ecologically meaningful time and frequency scales. *Methods in Ecology and Evolution* n/a (n/a). https://doi.org/10.1111/2041-210X.13521

MPORAS I., PERIKOS I., KELEFOURAS V. & PARASKEVAS M. 2020. — Illegal logging detection based on acoustic surveillance of forest. *Applied Sciences (Switzerland)* 10 (20): 1–12. https://doi.org/10.3390/app10207379

NEWSON S.E., BAS Y., MURRAY A. & GILLINGS S. 2017. — Potential for coupling the monitoring of bush-crickets with established large-scale acoustic monitoring of bats. *Methods in Ecology and Evolution* 8 (9): 1051–1062. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12720

NISHIZAWA H., HASHIMOTO Y., RUSLI M.U., ICHIKAWA K. & JOSEPH J. 2021. — Sensing underground activity: diel digging activity pattern during nest escape by sea turtle hatchlings. *Animal Behaviour* 177: 1–8. https://doi.org/10.1016/j.anbehav.2021.04.013

PALACIOS V., FONT E. & MÁRQUEZ R. 2007. — Iberian Wolf Howls: Acoustic Structure, Individual Variation, and a Comparison with North American Populations. *Journal of Mammalogy* 88 (3): 606–613. https://doi.org/10.1644/06-MAMM-A-151R1.1

PAPIN M., AZNAR M., GERMAIN E., GUÉROLD F. & PICHENOT J. 2019. — Using acoustic indices to estimate wolf pack size. *Ecological Indicators* 103: 202–211. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2019.03.010

PÉREZ-GRANADOS C. & SCHUCHMANN K.-L. 2020. — Monitoring the annual vocal activity of two enigmatic nocturnal Neotropical birds: the Common Potoo (Nyctibius griseus) and the Great Potoo (Nyctibius grandis). *Journal of Ornithology* 161 (4): 1129–1141. https://doi.org/10.1007/s10336-020-01795-4

PETRUSKOVÁ T., PIŠVEJCOVÁ I., KINŠTOVÁ A., BRINKE T. & PETRUSEK A. 2016. — Repertoire-based individual acoustic monitoring of a migratory passerine bird with complex song as an efficient tool for tracking territorial dynamics and annual return rates. *Methods in Ecology and Evolution* 7 (3): 274–284. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12496

PIERETTI N., FARINA A. & MORRI D. 2011. — A new methodology to infer the singing activity of an avian community: The Acoustic Complexity Index (ACI). *Ecological Indicators* 11 (3): 868–873. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2010.11.005

PIJANOWSKI B.C., FARINA A., GAGE S.H., DUMYAHN S.L. & KRAUSE B.L. 2011. — What is soundscape ecology? An introduction and overview of an emerging new science. *Landscape Ecology* 26 (9): 1213–1232. https://doi.org/10.1007/s10980-011-9600-8

POTAMITIS I., NTALAMPIRAS S., JAHN O. & RIEDE K. 2014. — Automatic bird sound detection in long real-field recordings: Applications and tools. *Applied Acoustics* 80: 1–9. https://doi.org/10.1016/j.apacoust.2014.01.001

POTAMITIS I., RIGAKIS I. & TATLAS N.-A. 2017. — Automated Surveillance of Fruit Flies. *Sensors* 17 (1): 110. https://doi.org/10.3390/s17010110

POTAMITIS I., RIGAKIS I., VIDAKIS N., PETOUSIS M. & WEBER M. 2018. — Affordable Bimodal Optical Sensors to Spread the Use of Automated Insect MonitoringAvailable from https://www.hindawi.com/journals/js/2018/3949415/ [accessed 18 February 2021]. https://doi.org/10.1155/2018/3949415

PRIYADARSHANI N., MARSLAND S. & CASTRO I. 2018. — Automated birdsong recognition in complex acoustic environments: a review. *Journal of Avian Biology* 49 (5): jav-01447. https://doi.org/10.1111/jav.01447

RAJAN S.C., ATHIRA K., JAISHANKER R., SOORAJ N.P. & SAROJKUMAR V. 2019. — Rapid assessment of biodiversity using acoustic indices. *Biodiversity and Conservation* 28 (8): 2371–2383. https://doi.org/10.1007/s10531-018-1673-0

REINWALD M., MOSELEY B., SZENICER A., NISSEN-MEYER T., ODUOR S., VOLLRATH F., MARKHAM A. & MORTIMER B. 2021. — Seismic localization of elephant rumbles as a monitoring approach. *Journal of the Royal Society Interface* 18 (180): 20210264

RHINEHART T.A., CHRONISTER L.M., DEVLIN T. & KITZES J. 2020. — Acoustic localization of terrestrial wildlife: Current practices and future opportunities. *Ecology and Evolution* 10 (13): 6794–6818. https://doi.org/10.1002/ece3.6216

ROEMER C., JULIEN J.-F. & BAS Y. 2021. — An automatic classifier of bat sonotypes around the world. *Methods in Ecology and Evolution* 12 (12): 2432–2444. https://doi.org/10.1111/2041-210X.13721

ROOT-GUTTERIDGE H., BENCSIK M., CHEBLI M., GENTLE L.K., TERRELL-NIELD C., BOURIT A. & YARNELL R.W. 2014. — Identifying individual wild Eastern grey wolves (Canis lupus lycaon) using fundamental frequency and amplitude of howls. *Bioacoustics* 23 (1): 55–66. https://doi.org/10.1080/09524622.2013.817317

ROSS S.R.P.-J., FRIEDMAN N.R., DUDLEY K.L., YOSHIMURA M., YOSHIDA T. & ECONOMO E.P. 2018. — Listening to ecosystems: data-rich acoustic monitoring through landscape-scale sensor networks. *Ecological Research* 33 (1): 135–147. https://doi.org/10.1007/s11284-017-1509-5

ROWE B., EICHINSKI P., ZHANG J. & ROE P. 2021. — Acoustic auto-encoders for biodiversity assessment. *Ecological Informatics* 62: 101237. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2021.101237

ROWLEY J.J.L. & CALLAGHAN C.T. 2020. — The FrogID dataset: expert-validated occurrence records of Australia's frogs collected by citizen scientists. *ZooKeys* 912: 139–151. https://doi.org/10.3897/zookeys.912.38253

ROWLEY J.J., CALLAGHAN C.T., CUTAJAR T., PORTWAY C., POTTER K., MAHONY S., TREMBATH D.F., FLEMONS P. & WOODS A. 2019. — FrogID: Citizen scientists provide validated biodiversity data on frogs of Australia. *Herpetological Conservation and Biology* 14 (1): 155–170

RUFF Z.J., LESMEISTER D.B., DUCHAC L.S., PADMARAJU B.K. & SULLIVAN C.M. 2019. — Automated identification of avian vocalizations with deep convolutional neural networks. *Remote Sensing in Ecology and Conservation* 6 (1): 79–92. https://doi.org/10.1002/rse2.125

SADHUKHAN S., ROOT-GUTTERIDGE H. & HABIB B. 2021. — Identifying unknown Indian wolves by their distinctive howls: its potential as a non-invasive survey method. *Scientific Reports* 11 (1): 7309. https://doi.org/10.1038/s41598-021-86718-w

SANDERS C.E. & MENNILL D.J. 2014. — Acoustic monitoring of nocturnally migrating birds accurately assesses the timing and magnitude of migration through the Great Lakes. *The Condor* 116 (3): 371–383. https://doi.org/10.1650/CONDOR-13-098.1

SERGEI C. & FU S. 2020. — Applications of physical methods in estimation of soil biota and soil organic matter. *Soil Ecology Letters* 2 (3): 165–175. https://doi.org/10.1007/s42832-020-0038-2

SEVILLA A. & GLOTIN H. 2017. — Audio Bird Classification with Inception-v4 extended with Time and Time-Frequency Attention Mechanisms. *CLEF (Working Notes)* 1866: 1–8

SHAMON H., PARASKEVOPOULOU Z., KITZES J., CARD E., DEICHMANN J.L., BOYCE A.J. & MCSHEA W.J. 2021. — Using ecoacoustics metrices to track grassland bird richness across landscape gradients. *Ecological Indicators* 120: 106928. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2020.106928

SHARMA G. 2018. — Acoustic Signal Classification for Deforestation Monitoring: Tree Cutting Problem. *Journal of Computer Science & Systems Biology* 11 (2). https://doi.org/10.4172/jcsb.1000269

SRINIVAS S. 2013. — Efficient Protection of Palms from RPW Larvae using Wireless Sensor Networks 10 (3): 9

STOWELL D., WOOD M.D., PAMUŁA H., STYLIANOU Y. & GLOTIN H. 2018. — Automatic acoustic detection of birds through deep learning: The first Bird Audio Detection challenge. *Methods in Ecology and Evolution* 10 (3): 368–380. https://doi.org/10.1111/2041-210X.13103

SUEUR J., FARINA A., GASC A., PIERETTI N. & PAVOINE S. 2014. — Acoustic Indices for Biodiversity Assessment and Landscape Investigation. *Acta Acustica united with Acustica* 100 (4): 772–781. https://doi.org/10.3813/AAA.918757

SUEUR J., PAVOINE S., HAMERLYNCK O. & DUVAIL S. 2008. — Rapid Acoustic Survey for Biodiversity Appraisal. *PLOS ONE* 3 (12): e4065. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0004065

SUGAI L.S.M. & LLUSIA D. 2019. — Bioacoustic time capsules: Using acoustic monitoring to document biodiversity. *Ecological Indicators* 99: 149–152. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2018.12.021

SUGAI L.S.M., SILVA T.S.F., RIBEIRO J.W. & LLUSIA D. 2019. — Terrestrial Passive Acoustic Monitoring: Review and Perspectives. *BioScience* 69 (1): 15–25. https://doi.org/10.1093/biosci/biy147

SUMITANI S., SUZUKI R., ARITA T., NAKADAI K. & OKUNO H.G. 2021. — Non-Invasive Monitoring of the Spatio-Temporal Dynamics of Vocalizations among Songbirds in a Semi

Free-Flight Environment Using Robot Audition Techniques. *Birds* 2 (2): 158–172. https://doi.org/10.3390/birds2020012

SUZUKI R., MATSUBAYASHI S., SAITO F., MURATE T., MASUDA T., YAMAMOTO K., KOJIMA R., NAKADAI K. & OKUNO H.G. 2018. — A spatiotemporal analysis of acoustic interactions between great reed warblers (Acrocephalus arundinaceus) using microphone arrays and robot audition software HARK. *Ecology and Evolution* 8 (1): 812–825. https://doi.org/10.1002/ece3.3645

SZENICER A., REINWALD M., MOSELEY B., NISSEN-MEYER T., MUTINDA MUTETI Z., ODUOR S., MCDERMOTT-ROBERTS A., BAYDIN A.G. & MORTIMER B. 2022. — Seismic savanna: machine learning for classifying wildlife and behaviours using ground-based vibration field recordings. *Remote Sensing in Ecology and Conservation* 8 (2): 236–250. https://doi.org/10.1002/rse2.242

TEIXEIRA D., MARON M. & VAN RENSBURG B.J. 2019. — Bioacoustic monitoring of animal vocal behavior for conservation. *Conservation Science and Practice* 1 (8): e72. https://doi.org/10.1111/csp2.72

THOMPSON M.E., SCHWAGER S.J., PAYNE K.B. & TURKALO A.K. 2010. — Acoustic estimation of wildlife abundance: methodology for vocal mammals in forested habitats. *African Journal of Ecology* 48 (3): 654–661. https://doi.org/10.1111/j.1365-2028.2009.01161.x

TOWSEY M., ZHANG L., COTTMAN-FIELDS M., WIMMER J., ZHANG J. & ROE P. 2014. — Visualization of Long-duration Acoustic Recordings of the Environment, 2014 International Conference on Computational Science. *Procedia Computer Science* 29: 703–712. https://doi.org/10.1016/j.procs.2014.05.063

TOWSEY M., ZNIDERSIC E., BROKEN-BROW J., INDRASWARI K., WATSON D., PHILLIPS Y., TRUSKINGER A. & ROE P. 2018. — Long-duration, false-colour spectrograms for detecting species in large audio data-sets. *Journal of Ecoacoustics* 2. https://doi.org/10.22261/JEA.IUSWUI

ULLOA J.S., AUBIN T., LLUSIA D., COURTOIS É.A., FOUQUET A., GAUCHER P., PAVOINE S. & SUEUR J. 2019. — Explosive breeding in tropical anurans: environmental triggers, community composition and acoustic structure. *BMC Ecology* 19 (1): 28. https://doi.org/10.1186/s12898-019-0243-y

VILLANUEVA-RIVERA L.J., PIJANOWSKI B.C., DOUCETTE J. & PEKIN B. 2011. — A primer of acoustic analysis for landscape ecologists. *Landscape Ecology* 26 (9): 1233. https://doi.org/10.1007/s10980-011-9636-9

VILLANUEVA-RIVERA L.J., PIJANOWSKI B.C. & VILLANUEVA-RIVERA M.L.J. 2018. — Package 'soundecology'. *R package version* 1 (3): 3

WÄGELE J.W., BODESHEIM P., BOURLAT S.J., DENZLER J., DIEPENBROEK M., FONSECA V., FROMMOLT K.-H., GEIGER M.F., GEMEINHOLZER B., GLÖCKNER F.O., HAUCKE T., KIRSE A., KÖLPIN A., KOSTADINOV I., KÜHL H.S., KURTH F., LASSECK M., LIEDKE S., LOSCH F., MÜLLER S., PETROVSKAYA N., PIOTROWSKI K., RADIG B., SCHERBER C., SCHOPPMANN L., SCHULZ J., STEINHAGE V., TSCHAN G.F., VAUTZ W., VELOTTO D., WEIGEND M. & WILDERMANN S. 2022. — Towards a multisensor station for automated biodiversity monitoring. *Basic and Applied Ecology* 59: 105–138. https://doi.org/10.1016/j.baae.2022.01.003

WALLIS D. & ELMEROS M. 2021. — Tracking European bat species with passive acoustic directional monitoring. *Bioacoustics* 30 (4): 418–436. https://doi.org/10.1080/09524622.2020.1801506

WALTERS C.L., COLLEN A., LUCAS T., MROZ K., SAYER C.A. & JONES K.E. 2013. — Challenges of Using Bioacoustics to Globally Monitor Bats, *in* ADAMS R.A. & PEDERSEN S.C. (eds.), *Bat Evolution, Ecology, and Conservation*. New York, NY, Springer. p. 479–499. https://doi.org/10.1007/978-1-4614-7397-8_23

WALTERS C.L., FREEMAN R., COLLEN A., DIETZ C., FENTON M.B., JONES G., OBRIST M.K., PUECHMAILLE S.J., SATTLER </BR>THOMAS, SIEMERS B.M., PARSONS S. & JONES K.E. 2012. — A continental-scale tool for acoustic identification of European bats. *Journal of Applied Ecology* 49 (5): 1064–1074. https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2012.02182.x

WIJERS M., LOVERIDGE A., MACDONALD D.W. & MARKHAM A. 2021. — CARACAL: a versatile passive acoustic monitoring tool for wildlife research and conservation. *Bioacoustics* 30 (1): 41–57. https://doi.org/10.1080/09524622.2019.1685408

WIJERS M., TRETHOWAN P., DU PREEZ B., CHAMAILLÉ-JAMMES S., LOVERIDGE A.J., MACDONALD D.W. & MARKHAM A. 2021. — Vocal discrimination of African lions and its potential for collar-free tracking. *Bioacoustics* 30 (5): 575–593. https://doi.org/10.1080/09524622.2020.1829050

WILSON S. & BAYNE E. 2018. — Use of an acoustic location system to understand how presence of conspecifics and canopy cover influence Ovenbird (Seiurus aurocapilla) space use near reclaimed wellsites in the boreal forest of Alberta. *Avian Conservation and Ecology* 13 (2). https://doi.org/10.5751/ACE-01248-130204

WREGE P.H., ROWLAND E.D., KEEN S. & SHIU Y. 2017. — Acoustic monitoring for conservation in tropical forests: examples from forest elephants. *Methods in Ecology and Evolution* 8 (10): 1292–1301. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12730

ZAHEDI F. & HUANG H. 2014. — A wireless acoustic emission sensor remotely powered by light. *Smart Materials and Structures* 23 (3): 035003. https://doi.org/10.1088/0964-1726/23/3/035003

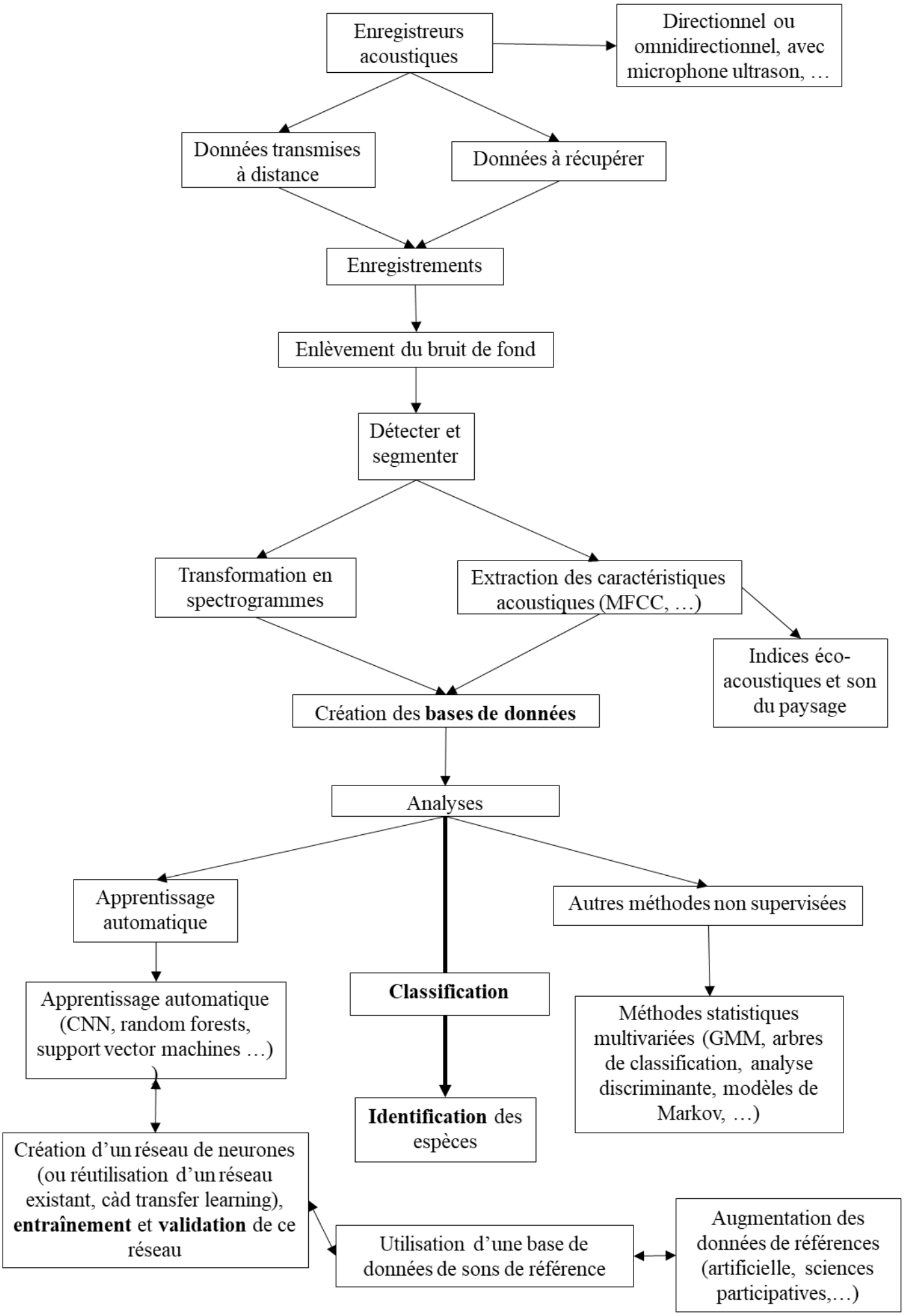
ZALUAR M.T., TARDIN R., LLUSIA D., NIEMEYER J., RIBEIRO M.C. & VALE M.M. 2022. — Impact of invasive marmosets (Primates, Callitrichidae) on bird acoustic diversity in a large neotropical urban forest. *Biological Invasions* 24 (6): 1725–1737. https://doi.org/10.1007/s10530-022-02748-z

ZHANG L., TOWSEY M., XIE J., ZHANG J. & ROE P. 2016. — Using multi-label classification for acoustic pattern detection and assisting bird species surveys. *Applied Acoustics* 110: 91–98. https://doi.org/10.1016/j.apacoust.2016.03.027

ZHAO Y., SHEPPARD S., SUN Z., HAO Z., JIN J., BAI Z., BIAN Q. & WANG C. 2022. — Soundscapes of urban parks: An innovative approach for ecosystem monitoring and adaptive management. *Urban Forestry & Urban Greening* 71: 127555. https://doi.org/10.1016/j.ufug.2022.127555

ZWERTS J.A., (YANNICK) WIEGERS J.N., STERCK E.H.M. & (MARIJKE) VAN KUIJK M. 2022. — Exploring spatio-temporal variation in soundscape saturation of an African tropical forest landscape. *Ecological Indicators* 137: 108712. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.108712

Groupe taxonomique	Références
Chiroptères	Andreassen *et al.* 2014; Chen *et al.* 2020; Tuneu-Corral *et al.* 2020; Voigt *et al.* 2021; De Aguiar Silva *et al*. 2022; López-Bosch *et al*. 2022; Yoh *et al.* 2022
Amphibiens & reptiles	Xie *et al.* 2017; Rowley *et al.* 2019; Awano *et al.* 2021; Boullhesen *et al.* 2021; Campos-Cerqueira *et al.* 2021; Lapp *et al.* 2021; Campos-Cerqueira & Aide 2021
Oiseaux	Vidaña-Vila *et al.* 2020; Maegawa *et al.* 2021; Pahuja & Kumar 2021; Permana *et al.* 2021; Tuncer *et al.* 2021; Akbal *et al.* 2022; Ulloa *et al.* 2016; Stevens *et al.* 2019; Doser *et al.* 2021; Ducrettet *et al.* 2020
Arthropodes	Jeliazkov *et al.* 2016; Aide *et al.* 2017; Newson *et al.* 2017; Gasc *et al.* 2018; Desjonquères *et al.* 2020; Høye *et al.* 2021; Van Klink *et al*. 2022
Mammifères	Wrege *et al.* 2017; Vu & Tran 2019; Bjorck *et al.* 2019; Crunchant *et al.* 2020; Dufourq *et al.* 2021; Markolf *et al.* 2022
Paysage sonore et indices acoustiques	Deichmann *et al.* 2017; Burivalova *et al.* 2018; Buxton *et al.* 2018; Eldridge *et al.* 2018; Bradfer-Lawrence *et al.* 2020; Morgan & Braasch 2021; Gottesman *et al.* 2021; Hao *et al.* 2021; Wu *et al.* 2021; Scarpelli *et al.* 2021; Barbaro *et al*. 2022; Maeder *et al*. 2022


Enregistreurs acoustiques
Directionnel ou omnidirectionnel, avec microphone ultrason, …
Données transmises à distance
Données à récupérer
Enregistrements
Enlèvement du bruit de fond
Détecter et segmenter
Transformation en spectrogrammes
Extraction des caractéristiques acoustiques (MFCC, …)
Indices éco-acoustiques et son du paysage
Création des **bases de données**
Analyses
Apprentissage automatique
Autres méthodes non supervisées
Apprentissage automatique (CNN, random forests, support vector machines …)
Classification
Méthodes statistiques multivariées (GMM, arbres de classification, analyse discriminante, modèles de Markov, …)
Identification des espèces
Création d'un réseau de neurones (ou réutilisation d'un réseau existant, càd transfer learning), **entraînement** et **validation** de ce réseau
Utilisation d'une base de données de sons de référence
Augmentation des données de références (artificielle, sciences participatives,…)

II-P

Suivis de biodiversité par la reconnaissance automatique des espèces sur photographies : perspectives et défis

Biodiversity monitoring with automatic species recognition based on photographs: perspectives and challenges

Hélène Le Borgne[1] & Christophe Bouget[1]

[1] INRAE - UR Ecosystèmes forestiers, Domaine des Barres, F-45290 Nogent-sur-Vernisson

Auteur correspondant : Hélène Le Borgne

Email : helene.le.borgne.1@gmail.com

Résumé

La reconnaissance d'espèces basée sur des données d'images analysées par l'intelligence artificielle est de plus en plus populaire dans les suivis de biodiversité pour faire face (i) aux limites des méthodes plus traditionnelles, et (ii) à l'émergence de considérations déontologiques préconisant le développement de pièges non destructifs (i.e. non létaux, « no kill »). Cette augmentation dans l'utilisation de nouvelles technologies peut largement s'expliquer par un besoin de gain en temps et en précision. Ce type de méthodologie est particulièrement intéressant pour les non-experts qui n'ont pas l'expertise nécessaire pour distinguer de nombreuses espèces telles que les insectes. De plus, les données photos sont moins susceptibles de créer un biais observateur que l'observation directe, sont réutilisables et vérifiables. Dans ce document nous allons voir comment les données peuvent être acquises en milieu terrestre (i.e. méthodologies et outils de capture) et la manière dont les images sont ensuite traitées pour la classification des espèces (i.e. gestion des données et analyses). En particulier, nous avons considéré la possibilité d'automatiser les grands volumes de données collectées à l'aide de techniques d'apprentissage automatique et d'apprentissage profond afin de réaliser l'identification des espèces. Cette étude présente également les avantages et les limites de l'utilisation de ces outils pour l'identification automatique des espèces dans un contexte de suivi de biodiversité en milieu terrestre.
Mots clés : biodiversité, photos, identification automatique, apprentissage automatique

Abstract

Species recognition based on image data and analysed by artificial intelligence is becoming increasingly popular in biodiversity monitoring studies to address (i) the limitations of more traditional methods, and (ii) the emergence of ethical considerations advocating the development of non-destructive (i.e. non-lethal, "no kill") traps. This increase in the use of new technologies can largely be explained by a need to gain time and accuracy. This type of methodology is particularly interesting for non-experts who do not have the expertise to distinguish many species such as insects. In addition, photo data are less likely to create observer bias than direct observation, are reusable and verifiable. In this paper we will discuss how data can be acquired in terrestrial environments (i.e. capture methodologies and tools) and how images are then processed for species classification (i.e. data management and analysis).

In particular, we considered the possibility of automating large volumes of collected data using machine learning and deep learning techniques to perform species identification. This study also presents the advantages and limitations that can be encountered when using these tools in the automatic identification of species in a context of biodiversity monitoring in terrestrial environment.
Keywords: biodiversity, photography, automatic identification, machine learning

Table des matières

I. Acquisition des images ..... II-P 5
1. Photographie de spécimens en laboratoire après échantillonnage classique ..... II-P 5
1) Généralités sur les prises de photographies ..... II-P 5
2) Photographies manuelles ou semi-automatiques ..... II-P 6
3) Photographies automatiques ..... II-P 7
2. Acquisition des images – sur le terrain ..... II-P 7
1. Généralités ..... II-P 7
2. Système de capture d'image sans intelligence artificielle embarquée ..... II-P 9
1) Pièges photographiques ..... II-P 9
a. Le matériel et ses caractéristiques ..... II-P 9
b. Les considérations à prendre en compte dans ce type d'étude ..... II-P 12
2) Pièges avec appareil photo intégré ..... II-P 14
3) Appareils photos numériques mobiles ..... II-P 17
3. Système de capture d'image avec intelligence artificielle embarquée ..... II-P 18
II. Discrimination et identification automatiques des espèces ..... II-P 20
1. Gestion des données ..... II-P 20
2. Méthodes de classification des espèces ..... II-P 22
1) Généralités ..... II-P 22
2) Apprentissage profond ..... II-P 23
3. Photothèques de référence ..... II-P 27
1) Bases de données disponibles ..... II-P 27
2) Photographie des spécimens de collections de muséum ..... II-P 28
4. Sciences participatives et applications grand public ..... II-P 30
III. Conclusion ..... II-P 32
Remerciements ..... II-P 34
Références ..... II-P 35
Figures & tableaux ..... II-P 50

I. Acquisition des images

La reconnaissance d'espèces basée sur des données d'images analysées par l'intelligence artificielle nécessite l'acquisition de données photos de bonnes qualité et passe donc par une étape essentielle de réflexion sur les méthodologies et outils de capture envisagés (Fig. 1A).

1. Photographie de spécimens en laboratoire après échantillonnage classique

1) Généralités sur les prises de photographies

L'acquisition de photos en laboratoire concerne essentiellement l'identification d'espèces d'insectes ramenées du terrain au laboratoire, ce qui facilite le contrôle du système d'acquisition d'images. Idéalement, les spécimens sont imagés à haute résolution et issus d'échantillons bien conservés ou ramenés récemment du terrain. Dans le cadre d'un environnement de laboratoire, il est possible d'avoir un dispositif (incl. capteur optique, système d'éclairage, etc.). Les chercheurs ont la possibilité de contrôler la prise de photo en ajustant divers paramètres tels que la qualité de l'image, l'orientation ou encore l'éclairage. Par ailleurs, il existe des systèmes de manipulation qui permettent le positionnement et la rotation de l'échantillon pour obtenir plusieurs angles de vue ou la meilleure vue possible pour l'identification (Lytle, Martínez-Muñoz et al. 2010).

Plusieurs paramètres de la prise de photographies tels que la profondeur de champ (i.e. influence la netteté des clichés sur l'intégralité du spécimen), les angles de prise de vue (e.g. dessus, dessous, profil…), le grossissement et la résolution vont influencer les processus d'identification automatique des espèces et sont donc à prendre en compte lors de cette étape. Les opérateurs devront faire un compromis entre résolution et champ de vision, pour conserver l'intégralité des gros spécimens tout en maintenant un maximum de détails. La prise de vue globale des spécimens est généralement essentielle, mais souvent insuffisante pour l'identification notamment des insectes. Il est donc particulièrement important de considérer la pose optimale des spécimens pour mettre l'accent sur certaines zones spécifiques des individus, décisives pour l'identification (e.g. face dorsale d'un insecte). A l'inverse, une pose sans contraintes induira une variabilité de l'orientation de l'individu et donc de ses formes, détails et couleurs apparents (Martineau *et al.* 2017). En effet, la plupart des espèces animales et végétales sont composées de plusieurs parties (e.g. ailes, antennes, abdomen, feuilles, …), parfois discriminantes, sur lesquelles les chercheurs devront se concentrer pour différencier les espèces

entres elles. Ces parties peuvent être soit prises directement en photo soit extraites à l'aide de méthodes de traitement d'image pour utilisation ultérieure dans la reconnaissance des espèces. Par exemple beaucoup d'études utilisent les ailes comme la partie la plus déterminante pour l'extraction de caractéristiques dans la classification d'une photo d'insecte.

La possibilité de contraindre la pose et l'orientation des spécimens est un des avantages de l'acquisition de photo en laboratoire. Cela améliore la qualité des images et facilite la reconnaissance automatique en diminuant les sources de variabilité. Paradoxalement, c'est également un inconvénient majeur si les photos sont prises manuellement puisque la manipulation du système par un opérateur est fastidieuse (e.g. fixation de l'insecte, ajustement de l'angle de prise de vue et de l'éclairage...). Il est envisageable de prendre des photos de multiples spécimens pour réduire ce temps, mais dans ce cas, le système de classification va devoir faire face à d'autres problèmes de traitement d'image (e.g. segmentation des différents individus sur la photo). Les opérateurs seront notamment capables de faire varier la profondeur de champ (i.e. ce qui jouera sur la netteté des images ou de zones ciblées des spécimens), le grossissement ou encore la résolution, ainsi que de multiplier les angles de prises de vues.

2) Photographies manuelles ou semi-automatiques

Dans la plupart des études, les systèmes d'acquisition photographique sont manipulés manuellement par un opérateur. La photographie peut se faire sur une lame de microscope sous éclairage (e.g. fibre optique, lampe de bureau, …), avec un scanner, ou avec un appareil photo numérique. Il est alors possible de recourir au zoom pour avoir davantage de détails sur le spécimen ou pour n'en capturer que certaines parties (e.g. aile, organes génitaux, etc.). Par ailleurs, il existe des appareils semi-automatiques qui vont faciliter la manipulation des spécimens et les captures d'images. Par exemple, le système BugID photographie automatiquement les échantillons avec une intervention minimale de l'utilisateur (Lytle *et al.* 2010). Cet appareil positionne automatiquement les échantillons sous un microscope avant de capturer des images. Les échantillons sont déposés individuellement dans un tube en Plexiglas® rempli d'éthanol, où une pompe de recirculation va amener les individus au niveau d'un microscope équipé d'une caméra. Un capteur infrarouge détecte l'échantillon et provoque l'arrêt de la pompe. Un jet est capable de faire tourner les échantillons jusqu'à ce qu'une vue dorsale soit disponible, et l'opérateur peut alors choisir quand prendre un cliché. Les images sont ensuite redimensionnées et traitées pour supprimer le bruit de fond et les données sont traitées avec un algorithme de reconnaissance (cf. II du document).

3) Photographies automatiques

Plus récemment, la machine BIODISCOVER a été créée (Ärje *et al*. 2020; Fig. 2) dans le but de complètement automatiser la création de bases de données de spécimens conservés dans des liquides, ce qui est généralement le cas pour les insectes collectés sur le terrain. La machine fonctionne en quatre étapes : le spécimen est déposé dans un tube, la machine le prend en photo sous plusieurs angles, enregistre les données capturées de manière optimisée pour l'apprentissage profond, et peut trier les spécimens en fonction de leur identité taxonomique ou de leurs tailles.

Wührl *et al.* (2022) ont également présenté un robot de triage appelé DiversityScanner qui prépare les spécimens à partir d'échantillons en vrac (Fig. 3). Il est capable de détecter, d'imager et mesurer les spécimens individuels d'un échantillon, puis de les déplacer dans les puits d'une microplaque à 96 puits. Ces images ont été ensuite utilisée pour entraîner des réseaux de neurones convolutifs (CNN, cf. II.2 du document pour plus de détails) capables d'assigner les spécimens à 14 taxons d'insectes (généralement des familles) particulièrement communs dans les échantillons provenant de pièges Malaise. Pour obtenir des informations sur la biomasse, les images sont également utilisées pour mesurer la longueur des spécimens et estimer le volume corporel. Avec ce type d'équipement, un laboratoire équipé sera en mesure de traiter plusieurs échantillons complets de pièges malaise par jour puisqu'un DiversityScanner peut imager 1000 spécimens par jour avec un minimum de travail manuel. De plus, après l'imagerie, les spécimens peuvent être automatiquement transférés dans des microplaques pour le barcoding de l'ADN. Une autre caractéristique du DiversityScanner est qu'il permet de faire un sous-échantillonnage spécifique aux taxons, car le robot peut être chargé de ne transférer qu'un nombre limité de spécimens pour les taxons les plus abondants.

2. Acquisition des images – sur le terrain

1. Généralités

La capture d'image se fait directement sans aucune contrainte de pose sur le terrain. L'acquisition est effectuée par un appareil qui peut être mobile et le spécimen peut être vivant (ce qui est le cas généralement) ou non lorsque la photo est prise. En effet, il est possible soit d'avoir un appareil photo mobile avec les équipes (e.g. appareil photo standard, smartphone, …), soit d'avoir un appareil fixe (e.g. pièges photographiques ou intégrés à la configuration

d’autres pièges classiques comme des pièges à phéromones d’insectes ou d’autres pièges plus ou moins sélectifs). Dans certains cas, les systèmes développés permettent aux images d’être directement télétransmises par les réseaux GSM à un serveur distant où elles seront ensuite post-traitées et analysées. Il existe ainsi de nombreux modèles de pièges pour capturer des images de divers taxa et disponibles dans le commerce (Tableau 1).

Les différents objectifs des études vont grandement influencer le choix du matériel photographique considéré. Par exemple, la résolution et la clarté des images sont particulièrement essentielles pour les études des petits animaux, notamment si des espèces sympatriques avec des caractéristiques morphologiques similaires coexistent (Rovero *et al.* 2013). Par ailleurs, les individus cibles photographiés peuvent avoir des tailles variables, et requièrent des caméras à zoom automatique pour adapter le grossissement à la taille du spécimen. D’autres facteurs sont également à prendre en compte comme le fait que les spécimens d’animaux sont souvent en mouvement. Le flou induit par le mouvement peut être réduit par une vitesse d'obturation plus rapide (i.e. régler le ‘shutter speed’) surtout si les individus peuvent être identifiés par des singularités morphologiques externes. Cependant, plus la résolution de l'image est élevée, plus la vitesse d'obturation est lente. Un compromis entre résolution et vitesse d'obturation est donc à rechercher pour avoir les images les plus nettes possibles (Rovero & Zimmermann 2016). En conséquence, les conditions réelles de terrain peuvent poser de nouveaux défis et compliquer les tâches d’identification automatiques par la variabilité des points de vue, des poses différentes des spécimens ou encore par celle associée à la complexité apportée par l'environnement (e.g. divers arrières plans, qualité variant avec la lumière naturelle et la météo, …). En particulier, la mutilation (i.e. perte de membres ou d’appendices), la décoloration ou encore la superposition de spécimens vont rendre le processus d'identification des insectes plus difficile (De Cesaro Júnior & Rieder 2020). Les populations d'insectes sont notamment difficiles à étudier ; mais l’intérêt pour les espèces ayant une importance économique ou sanitaire a suscité le développement de méthodologies de capture d’images relativement avancées.

Ces pièges capables de prendre des photos, garantissent des économies de temps d’opérateur, en espaçant dans le temps les visites sur le terrain pour récupérer les données (si les données ne sont pas télétransmises), s’assurer du fonctionnement du dispositif, vider les pièges ou encore remplacer les leurres. En limitant le temps et la qualification des opérateurs requis, surtout lorsqu'ils sont combinés avec une identification automatique fiable, ces pièges peuvent être multipliés et déployés sur de larges échelles spatiales et temporelles. Les pièges avec appareils photographiques font économiser du temps et de l'argent, et ce au moins sur le long terme si ce

n’est pas sur le court terme pour certains taxons (i.e. le coût plus élevé d’achat initial du piège est amorti par le besoin très limité d'heures de travail par piège) (Preti *et al.* 2021).

Il existe encore peu de systèmes d'identification complètement automatiques sur le terrain (i.e. avec intelligence artificielle embarquée dans le piège), en dehors de ceux développés pour détecter les ravageurs agricoles. Cependant, cette technologie est en plein essor et les projets se développent rapidement, particulièrement pour fournir des données en temps réel et initier des alertes de traitement phytosanitaire. Actuellement, les coûts associés à ce genre de dispositifs semblent empêcher l'utilisation massive des pièges automatisés pour le suivi de biodiversité en milieu forestier. Néanmoins, en raison des progrès constants dans ces nouvelles techniques, il est raisonnable de penser que lorsque les coûts de ces pièges automatisés auront baissé, ce type de méthodologie pour le suivi de la biodiversité sera plus largement exploité et répandu dans de nombreux écosystèmes.

2. Système de capture d’image sans intelligence artificielle embarquée

1) Pièges photographiques

a. Le matériel et ses caractéristiques

Les pièges photographiques (i.e. caméras qui sont activées à distance via un capteur, ‘camera trap’) offrent une méthode efficace d’échantillonnage en continu, peu invasive et apte à détecter la faune (en incluant des espèces cryptiques qui se montrent peu) tout en réduisant l'effort d’échantillonnage dans des zones parfois difficiles d’accès. Ce matériel permet de prendre une image fixe ou une vidéo (plus ou moins longue) dès qu’un individu a été détecté dans le champ visuel de la caméra. Ces images sont associées à des métadonnées telles que la date, l'heure, ou encore la température. Par ailleurs, l'utilisation de normes pour fixer les métadonnées facilite la reproduction, la comparaison et la synthèse entre les études (Caravaggi *et al.* 2017). Les données de ces pièges ont été utilisées avec succès pour étudier la biodiversité, l’abondance relative des populations (notamment grâce à l’identification d’individus), les patrons d’activité temporelle, l’occupation des sites d’échantillonnage, ou encore les comportements de divers taxa (Rovero *et al.* 2013; Trolliet *et al.* 2014; Burton *et al.* 2015; Rovero & Zimmermann 2016). De plus, avec un protocole d’échantillonnage bien conçu, des chercheurs ont montré le potentiel des données de pièges photographiques pour identifier individuellement une espèce qui présente des marques subtiles (e.g. chez le renard roux *Vulpes vulpes* (Linnaeus, 1758), Dorning & Harris 2019). Ils ont notamment montré que la précision de l’identification individuelle était

améliorée par les protocoles délivrant un grand nombre d'images couleur à haute résolution, prises sous plusieurs angles et dans des conditions environnementales variables. En effet, il est généralement recommandé de placer les pièges photos par paires pour pouvoir capturer les deux flancs de l'animal qui passe si on veut les identifier (Rovero & Zimmermann 2016). En plus de leur polyvalence, ces pièges gagnent en popularité grâce aux constantes améliorations technologiques et à la diminution des coûts d'équipement (Caravaggi *et al.* 2017). De plus, les pièges photographiques sont plus efficaces et moins coûteux sur le long terme que les méthodes plus traditionnelles utilisées pour acquérir des données d'occurrence (Welbourne *et al.* 2015).

Lorsqu'on utilise des pièges photographiques, il est important de considérer les diverses caractéristiques inhérentes au matériel lors du choix de l'équipement (Trolliet *et al.* 2014). En effet, les caractéristiques telles que la vitesse de déclenchement, la zone de détection, le temps de récupération, la détection nocturne et la consommation de la batterie peuvent varier considérablement selon le matériel considéré et avoir un impact sur les données (e.g. nombre d'espèces détectées). La vitesse de déclenchement (i.e. délai pour prendre une photo une fois qu'un animal a interrompu le faisceau infrarouge dans la zone de détection) est une caractéristique cruciale à considérer selon les études. Si elle est trop lente, l'appareil photo peut ne capter qu'une partie de l'animal ou prendre des photos trop tard et donc vides. La zone de détection (i.e. zone couverte par le faisceau infrarouge de la caméra dans laquelle le mouvement peut être détecté) est un autre critère important jouant à la fois sur le taux de détection et le nombre de photos prises. Elle est également à prendre en considération avec le champ de vision (i.e. zone couverte par l'objectif de la caméra et qui apparaît sur les photos de l'appareil). En effet, si la zone de détection est plus large que le champ de vision, il sera plus facile de capturer des animaux en mouvement rapide mais il y aura des photos vides lorsque les individus se situent dans la zone de détection mais pas dans le champ de vision. De façon similaire, si la zone de détection est plus petite que le champ de vision, on obtiendra des images bien centrées, mais on aura potentiellement moins d'images car les animaux peuvent occuper le champ de vision sans être dans la zone de détection. Le temps de récupération (i.e. temps pour prendre la photo suivante après l'enregistrement de la précédente) entre les photographies, quant à lui dépendra principalement des objectifs d'étude et de l'autonomie énergétique de la station de mesure. Par exemple, lorsque l'objectif est purement centré sur la biodiversité, une seule image par espèce est nécessaire et un temps de récupération lent sera plus pertinent.

La résolution des images, exprimée en mégapixels, va influencer l'archivage des données car plus la résolution est forte, plus les photos seront lourdes. Etant donné les améliorations technologiques dans ce domaine, les cartes mémoires actuelles ont de relativement grandes

capacités, à un prix abordable, et permettent de prendre des clichés à haute résolution sans saturer prématurément l'espace mémoire. Bien que souvent mal renseigné par les fabricants, les informations sur la taille du capteur sont importantes pour déterminer la qualité d'image. En effet, pour une taille de capteur donnée, une augmentation du nombre de pixels est liée à une diminution de la taille des pixels, or les petits pixels sont moins sensibles à la lumière et produisent plus de bruit. Il est donc tout à fait possible d'avoir une meilleure qualité de photo avec un grand capteur et moins de pixels qu'avec un appareil muni d'un petit capteur mais de plus de pixels (Trolliet *et al.* 2014). Il est aussi faisable d'intégrer un système de télétransmission d'images via Global Packet Radio Service (GPRS), *in natura*, ou Wi-Fi, en laboratoire ou en muséum, pour permettre de stocker les données à distance (Caravaggi *et al.* 2017).

Par ailleurs, les photographies de nuit peuvent être essentielles au projet de recherche et il existe deux méthodes pour ce type de piège: le flash incandescent et la lumière infrarouge. Bien que la première méthode permette de prendre des photos en couleur de meilleure résolution, son flash a un fort risque d'effrayer l'animal. La deuxième méthode - qui est la plus largement utilisée dans la littérature – est quant à elle plus discrète et permet de prendre des photos en noir et blanc, avec une lumière rouge légèrement visible. Il existe également des pièges photo équipés d'un flash infrarouge 'sans lueur' qui n'émettent aucune lumière visible (Trolliet *et al.* 2014). Il faut également prendre en considération le niveau de consommation d'énergie en mode surveillance et pour le traitement d'image de jour et de nuit puisqu'ils vont varier en fonction de l'habitat, de la composition faunistique présente ou encore de l'accessibilité de la caméra pour le changement des piles. L'autonomie de la batterie est généralement essentielle lors du choix de matériel, notamment si les sites d'études sont éloignés ou s'il fait très froid. Certaines marques (e.g. Reconyx, Scoutguard, Spypoint) fournissent également des panneaux solaires autonomes (Trolliet *et al.* 2014).

Tout comme en laboratoire, il est également possible de prendre différents types de photographies sur le terrain avec ces types de pièges. Il existe notamment des caméras panoramiques réglables sur un affichage panoramique pour obtenir des photographies avec un plus large champ de vision. Les pièges photographiques utilisés pour la grande faune peuvent notamment être trouvés avec cette option (e.g. Moultrie® Panoramic 150) et ont été utilisées dans des études de biodiversité et les recherches sur les interactions entre espèces (e.g. Urbanek & Sutton 2019; Vilgats *et al.* 2021). Il est également possible de monter des appareils photographiques plus classiques sur des trépieds spécialisés (e.g. Gigapan Epic) afin d'obtenir ce type de photos panoramiques pour pouvoir suivre la faune et leurs comportements (Lynch *et*

al. 2015). Les pièges peuvent également être construits avec différents composants biens spécifiques si les pièges plus classiques du commerce ne répondent pas aux objectifs de l'étude. Par exemple, Haucke & Steinhage (2021) ont développé une approche automatisée basée sur des pièges photographiques 3D pour détecter et identifier les animaux en utilisant l'estimation de la profondeur. Ils ont ainsi conçu et construit un piège photographique RVB-D en utilisant des composants bon marché et en mettant l'accent sur la polyvalence par rapport à des conditions d'éclairage variables (i.e. utilisent Intel® RealSense™ D435). Bien que ces pièges avec capteurs de distance ne soient pas largement déployés, les données issues de ces caméras 3D peuvent être utiles dans les études en écologie pour détecter les animaux, distinguer les animaux individuels dans les hordes animales, localiser les animaux dans l'environnement observé, ou encore faciliter l'automatisation d'études telle que l'estimation des densités de population (Howe *et al.* 2017; Wägele *et al.* 2022). En effet, Klasen & Steinhage (2022) se sont servis du même dispositif cité précédemment (Haucke & Steinhage 2021) pour faire un suivi des déplacement de la faune sauvage en établissant un suivi multi-objets (i.e. MOT, Multiple Object Tracking) en 3D.

b. Les considérations à prendre en compte dans ce type d'étude

Cette approche peut générer un très grand volume d'images et la gestion de ces données représente un travail laborieux et fastidieux. Un système de reconnaissance automatique peut diminuer le temps de travail associé à la création de la base de données. Contrairement aux photographies prises en laboratoire, les images des pièges photographiques sont plus variables tant au niveau des poses des sujets capturés que de la qualité, ce qui complexifie la tâche de reconnaissance des espèces. Effectivement, les images contenant le corps entier de l'animal sont rares et la qualité des images sera souvent influencée par : les conditions environnementales (e.g. obstruction par la végétation, déficit de lumière, surexposition, pluie, brouillard …), le comportement des animaux (e.g. animaux trop proches de la caméra, en mouvement, position du corps, cumul de plusieurs espèces, images vides …) et le matériel (e.g. résolution, temps entre les images, éclairage nocturne, …) (Gomez Villa *et al.* 2017). Malgré cela, les méthodes d'apprentissage profonds (e.g. réseaux de neurones convolutifs, CNN) ont déjà été utilisées pour aider à la classification automatisée des espèces avec de hautes performances (Norouzzadeh *et al.* 2018; Tabak *et al.* 2019; Willi *et al.* 2019; Benet *et al.* 2020; Norouzzadeh *et al.* 2021).

Les études utilisant les pièges photographiques se concentrent principalement sur les mammifères et les oiseaux - surtout pour des recherches comportementales - et à un degré moindre, sur d'autres espèces comme les reptiles, les amphibiens et les insectes (e.g. Burton *et al.* 2015). Le succès des pièges photographiques lorsqu'ils sont utilisés pour étudier de petits animaux reste mitigé (e.g. Fig. 4A et 4B pour les petits mammifères et reptiles, Dundas *et al.* 2019; et Fig. 4C et 4D pour les reptiles, Richardson *et al.* 2018). En effet, les systèmes de détection infrarouge fonctionnent bien pour les mammifères de moyenne et grande taille, mais ne sont pas toujours fiables pour les ectothermes (i.e. reptiles, amphibiens et invertébrés) ou les petits mammifères (Hobbs & Brehme 2017). Pour contrer ce problème, les chercheurs utilisent généralement les options de déclenchement non provoqué à intervalles réguliers, ou provoqué par l'interruption d'ultrasons ou d'un faisceau de lumière (laser) émis par le détecteur. Comme la prise de photos par intervalles conduit généralement à de grandes quantités d'images (i.e. avec et sans animaux dessus), des chercheurs ont développé un système qui utilise un déclencheur optique HALT (Hobbs Active Light Trigger) ciblant les petits animaux et capable de se coupler à des caméras infrarouge classique. Il surpasse la capacité de détection des caméras infrarouges et permet l'utilisation fiable et efficace des caméras pour échantillonner les animaux de petite taille, et particulièrement les reptiles, les amphibiens, les petits mammifères et les grands invertébrés (Hobbs & Brehme 2017). Grâce à de récents développements techniques, le piégeage par caméra pourrait être un bon outil pour l'étude des assemblages de squamates mais nécessite encore des recherches supplémentaires (Welbourne *et al.* 2015, 2017). Il a également été efficace dans la détection de tortues terrestres et de certains reptiles (Ballouard *et al.* 2016). Des pièges photographiques programmés avec une courte distance focale et placés verticalement sont capables d'échantillonner efficacement de petits arthropodes de la litière sur du long terme et résoudre certains des biais associés aux pièges fosses (i.e. pièges mortels, qui demandent beaucoup de travail de tri en aval, et peuvent présenter des biais d'échantillonnage taxinomique). Cependant, les pièges photographiques ne permettent l'identification de ces arthropodes qu'avec une précision au niveau de l'ordre manuellement (Collett & Fisher 2017). Par ailleurs, Høye *et al.* (2021) ont récemment établi que des pièges photographiques personnalisés peuvent enregistrer des données d'image à partir desquelles un modèle d'apprentissage profond peut estimer la dynamique spatiale, diurne et saisonnière locale des abeilles mellifères et d'autres insectes qui visitent les fleurs.

Les caméras peuvent être appâtées comme des pièges traditionnels ou placées sur des ressources naturelles éphémères (e.g. fleurs, fruits, excréments, champignons, …) ou simplement placées aléatoirement ou dans des zones fortement fréquentées par l'espèce cible.

Bien que les pièges photographiques soient considérés comme peu intrusifs (i.e. ne causant peu ou pas de perturbations), les flashs peuvent être visibles et les sons d'enregistrements détectés par la faune. De plus, un mauvais fonctionnement, une carte mémoire pleine, des dommages causés par la faune sauvage ou encore le vol de ces appareils sont des évènements tout à fait probables, et qui peuvent entrainer de lourdes pertes de données si la fréquence de relevé est faible. Il faut également savoir que les études utilisant ces caméras font face à des biais d'utilisation comme le problème de la détection imparfaite (i.e. les individus présents dans une zone mais non détectés), erreur courante des échantillonnages. En effet, la probabilité de détection des espèces et des individus peut varier selon l'emplacement du piège, les caractéristiques de l'habitat, le moment et la durée de l'échantillonnage, la densité des espèces dans le paysage, leur taille corporelle, leur vitesse de déplacement, ou encore leur curiosité ou méfiance à l'égard des pièges (Burton *et al.* 2015; Caravaggi *et al.* 2017). Pour contrer ces biais méthodologiques, il faut des protocoles d'échantillonnage soigneusement planifiés et des approches analytiques prenant en compte cette détection imparfaite. Actuellement, les principaux obstacles au déploiement des pièges photographiques sont le coût, le vol et les performances des capteurs (Glover-Kapfer *et al.* 2019). La fiabilité des données de caméra pour les objectifs multi-espèces est une question de recherche qui reste d'actualité. Ce type d'étude nécessite une organisation minutieuse pour s'assurer que le protocole d'échantillonnage maximise les chances de capturer un assemblage d'espèces tout en prenant en compte d'autres facteurs comme l'indépendance des sites d'échantillonnage. Le choix et l'emplacement des caméras doivent être dictés par les objectifs de l'étude, l'écologie de l'espèce étudiée ou encore les analyses statistiques ultérieures (Burton *et al.* 2015; Caravaggi *et al.* 2017).

2) Pièges avec appareil photo intégré

Des appareils photos peuvent être intégrés par aménagement mécatronique de pièges traditionnels à installer sur le terrain, même si les options sont limitées par le manque d'électricité ou les conditions météorologiques. Généralement, un piège à insectes équipé d'une caméra implique deux modules: le matériel et le logiciel. Le matériel est composé de la structure du piège contenant les insectes piégés (et l'appât si nécessaire), un boîtier électronique avec la caméra, une batterie et éventuellement une alimentation externe (e.g. panneau solaire) et un modem de transmission de données. Le logiciel est le répertoire en ligne dans lequel les images sont stockées et accessibles, ainsi que potentiellement des algorithmes de classification d'images en option pour identifier et compter automatiquement les captures. La plupart du

temps, les pièges avec appareil photo intégré sont de forme et de taille très similaires à ceux qui sont connus comme fonctionnels pour la ou les espèces cibles, tout en veillant à minimiser la dimension du module électronique et à éviter de modifier les caractéristiques d'entrée du piège (Preti *et al.* 2021).

Dans certains cas, la lumière naturelle peut suffire sur le terrain, mais une lumière additionnelle est généralement requise. Des lumières de spectres ou couleurs spécifiques peuvent être utilisées pour minimiser l'impact sur les spécimens ou renforcer le contraste entre l'arrière-plan et les caractéristiques nécessaires à l'identification, notamment lorsqu'elles sont combinées avec des filtres sur l'objectif. Pour les études nocturnes, la lumière infrarouge (IR) est souvent utilisée pour observer les sujets tout en minimisant les perturbations, car la plupart des insectes ne peuvent pas détecter la lumière dans le spectre IR. Toute configuration d'éclairage, peut toutefois avoir des effets significatifs sur les comportements observés (Manoukis & Collier 2019). Si l'objectif de l'étude est l'identification des espèces, il faut sélectionner un appareil photographique avec une résolution et une netteté d'image suffisamment élevées (pour pouvoir observer les détails morphométriques). Cela est particulièrement pertinent si on étudie des insectes, puisqu'il faudra prendre en compte la petite taille des espèces ciblées et choisir une caméra de résolution plus élevée (Preti *et al.* 2021). Les choix de matériel photographique sont nombreux et le plus souvent basés sur un compromis entre la qualité d'image, le coût du dispositif, sa taille et sa consommation d'énergie.

La reconnaissance des insectes est généralement basée sur des images d'espèces qui ont été capturées avec un piège lumineux ou un piège avec un leurre à phéromones et un revêtement adhésif. De nombreux articles décrivent des prototypes de pièges avec plaque collante, surmontée d'un appareil photo pour immortaliser les insectes immobilisés. Ces pièges sont parfois équipés d'un rouleau motorisé de bande collante, la rotation étant déclenchée à distance ou automatiquement à intervalles réguliers. Les images sont alors collectées soit manuellement, soit par un micro-ordinateur embarqué et transmises à distance à un serveur où elles sont analysées. Beaucoup d'études qui ajoutent des dispositifs électroniques aux pièges sur le terrain se concentrent sur le suivi d'espèces d'intérêt économique tels que les insectes ravageurs agricoles (e.g. Preti *et al.* 2021 : fig. 2). Des études ont déjà utilisé avec succès des données provenant de pièges avec caméras et des systèmes de reconnaissance automatique pour détecter des ravageurs sur le terrain (e.g. Ding & Taylor 2016; Rustia *et al.* 2020). Par exemple, une équipe a récemment présenté un système intégré utilisant l'imagerie et des capteurs environnementaux pour acquérir simultanément et en continu des images de pièges avec papier collant dans une serre. Les modules de capteurs sont reliés à un réseau sans fil pour pouvoir

transmettre et stocker les données sur un serveur où un algorithme de traitement d'image est utilisé pour détecter et compter automatiquement les insectes ravageurs sur les images. Ce système permet de fournir des informations sur le nombre d'insectes et les conditions environnementales quasiment en temps réel (Fig. 5 ; Rustia *et al.* 2020). Un autre exemple est fourni par les deux versions de pièges collants pour les mouches à fruits présentés par Shaked *et al.* (2018) et intégrant des modules électroniques et basés sur la transmission sans fil d'images des insectes piégés sur les surfaces collées des e-traps. Ces prototypes transmettent des images des surfaces du piège à un serveur en temps réel. Rassati *et al.* (2016) ont quant à eux, couplé des caméras à un piège 'multi-entonnoirs' pour faire le suivi d'espèces de coléoptères ravageurs forestiers (i.e. scolytes et longicornes). Ces caméras sont équipées d'une batterie rechargeable, d'un modem GPRS (General Packet Radio Service) pour la connexion et d'une carte mémoire numérique (SD). Ces pièges comportent une chambre de prise de vue, qui peut s'encombrer d'eau ou de déchets (feuilles mortes…), à évacuer par l'ouverture d'une trappe de vidange, commandée à distance ou automatisée à intervalles réguliers.

La consommation énergétique du capteur optique et du système de télétransmission est une des limitations de ce type de piège avec caméra intégrée. Pour optimiser cette consommation et s'assurer du fonctionnement de l'appareil sur le long terme, les chercheurs programment la prise de photos à des intervalles de temps prédéfinis, entraînant ainsi un nombre restreint de captures par jour. Il sera important de définir le meilleur moment pour prendre la photo quotidienne, en tenant compte de la phénologie d'activité des espèces et des conditions extérieures (e.g. luminosité, ombre, rosée, …) afin de maximiser la qualité de l'image. Certaines études peuvent prendre plusieurs photos par jour ou faire des suivis en continu, et dans ce cas, les pièges seront personnalisés avec une capacité de batterie accrue et/ou des panneaux solaires plus grands pour fournir une alimentation suffisante. Les pièges peuvent également être associés à d'autres capteurs permettant la détection des individus (e.g. capteur infrarouge détectant les mouvements), ce qui est généralement observé dans le cas de suivis en temps réel (Preti *et al.* 2021).

Il est maintenant possible de surveiller les pièges à distance via Internet à l'aide de la technologie de communication sans fil installée dans le piège. En effet, de plus en plus d'études incluent un système de transmission de données permettant la communication à distance entre le piège et un poste de commande distant, limitant ainsi les déplacements sur le terrain. Ces pièges permettent en plus de vérifier les captures du piège et tout problème de fonctionnement à distance et rapidement. Les transmissions des données peuvent se faire à l'aide de la présence d'un modem GPRS, un réseau de débits de données améliorés pour GSM Evolution, d'un

module du système global pour les communications mobiles (GSM), ou encore un réseau cellulaire (Preti *et al.* 2021). Cependant, les pièges placés dans des sites isolés comme des forêts ou des montagnes, peuvent être déconnectés de tout réseau sans fil à haut débit, et donc sans possibilité de transmettre des images au serveur en ligne, en l'absence de réémetteurs intermédiaires additionnels (Sun *et al.* 2018).

Dans d'autres études, un réseau de pièges équipés de caméras et interconnectés entre eux fonctionne comme un complexe de dispositifs où le système de transfert de données repose sur une seule passerelle partagée (López *et al.* 2012; Potamitis *et al.* 2017; Shaked *et al.* 2018; Ramalingam *et al.* 2020; Preti *et al.* 2021). Par exemple, pour Potamitis *et al.* (2017), un piège est un objet dans le contexte de l'Internet des objets (IoT), c'est-à-dire un piège en plastique typique associé à une caméra, un capteur qui enregistre la présence des individus et à un dispositif de communication sans fil pour diffuser les données détectées. Chaque piège constitue un nœud unique dans un réseau d'interactions ; il peut se rapporter directement à Internet via la couverture de téléphonie mobile (i.e. via la fonctionnalité GPRS). Cela permet de réduire les coûts et donne l'opportunité de créer une grille à haute résolution (i.e. augmente la résolution temporelle du suivi) dans chaque site.

3) Appareils photos numériques mobiles

Des appareils photos standards ou des téléphones intelligents (i.e. smartphones) sont souvent utilisés pour l'acquisition des images. Les végétaux sont relativement faciles à prendre en photo sur le terrain avec des appareils mobiles selon différents angles et certains gros insectes (e.g. papillons, demoiselles, …) peuvent être identifiés grâce à des relevés visuels. Dans certains cas, les individus peuvent être capturés, puis identifiés ou photographiés (Montgomery *et al.* 2021). Ces photographies peuvent aider à l'identification des espèces ou des individus par la suite. Les spécimens vivants peuvent être photographiés sur le terrain ou plus tard en laboratoire après refroidissement (e.g. glacière, réfrigérateur) pour les rendre immobiles, puis relâchés sans causer de dommages (Ford *et al.* 2020). Chaque individu peut même être identifié s'il existe des motifs ornementaux visibles et référencés (e.g. des taches au niveau de la tête pour le crotale de Mangshan (*Protobothrops mangshanensis*) (Zhao, 1990); Yang *et al.* 2013). Malheureusement, toutes les espèces ne peuvent pas être identifiées sur le terrain, il est parfois nécessaire de faire un examen de certaines parties internes ou moins visibles du corps pour l'identification.

Il est également possible d'utiliser des véhicules aériens de type drones pour obtenir des photographies. Dunn *et al.* (2021) ont notamment estimé le potentiel des véhicules aériens sans équipage (i.e. UAV, 'un-crewed aerial vehicles') dans l'étude des populations de trois espèces d'oiseaux de mer nichant en sympatrie. Les données provenant de ces appareils mobiles ont aussi été utilisées pour développer un système de suivi visuel pour les animaux filmés dans leur environnement naturel qui exploite une méthode d'inférence globale pour détecter le mouvement d'un animal sur un arrière-plan encombré (Haalck *et al.* 2020). Les drones ont notamment été utilisés avec des caméras RVB, pour détecter des espèces animales et collecter des données de répartition et d'abondance en environnement terrestre (i.e. des oiseaux aux grands mammifères) et marin (Wich & Koh 2018).

3. Système de capture d'image avec intelligence artificielle embarquée

Il existe quelques pièges complétement automatisés intégrant à la fois la capture d'image et la reconnaissance automatique des espèces sur le terrain (sans passer par un serveur distant). L'intégration de modèles d'apprentissage profond pour identifier les animaux et filtrer ces images directement dans l'équipement apporte des avantages dans l'économie du stockage, de la transmission des données ou du temps d'analyse des données. Un piège lumineux automatisé a notamment été créé pour suivre les papillons de nuit et autres insectes attirés par la lumière (Bjerge *et al.* 2020, 2021; Fig. 6). Ce système avec une caméra et plusieurs éclairages est capable d'attirer, de détecter le mouvement, prendre des photos puis de les enregistrer et de classifier automatiquement les images des spécimens capturés par le piège. Les auteurs ont développé un algorithme basé sur l'apprentissage profond et appelé 'Moth Classification and Counting' qui est capable de compter le nombre d'insectes et d'identifier les espèces connues de papillons de nuit. Le système repose sur un ordinateur et une caméra haute résolution, capable de capturer des images détaillées des insectes, et est alimenté par une batterie de 12V reliée à un panneau solaire. La compatibilité entre le matériel de terrain, l'apprentissage profond et l'Internet des objets (IoT) devrait permettre d'intégrer les algorithmes aux caméras, d'avoir ainsi des systèmes complètement autonomes sur le terrain et qui pourront rapporter en temps réel les données de détection et de classification à l'utilisateur (ou sur des portails en ligne) (Potamitis *et al.* 2017; Ramalingam *et al.* 2020; Høye *et al.* 2021).

Une équipe a développé une méthode prometteuse de détection par apprentissage profond pour dénombrer les individus d'une espèce de scolyte ravageur (*Dendroctonus valens* ;

LeConte, 1860) avec des appareils directement embarqués dans un piège à phéromones (Sun *et al.* 2018; Fig. 7A-D). Les images de scolytes sont capturées par un appareil photo numérique intégré dans la coupelle de collecte du piège à phéromones. Ces images portent sur des spécimens dont la taille, la pose, l'orientation, l'intégrité et la position sont sans contraintes. Le piège propose également un système de détection capable de distinguer cette espèce de ravageur des cinq autres espèces de scolytes attirées par les phéromones utilisées. Les dispositifs embarqués qui capturent et traitent les images directement permettent d'avoir une alerte précoce de possibles épidémies.

Récemment, l'intelligence artificielle a été introduite dans certains pièges avec caméras pour surmonter le problème du grand nombre d'images vides conservées dans les pièges traditionnels. Ce système nécessite un matériel programmable, où le piège lui-même est en mesure de décider quand enregistrer et quelles vidéos ou photos doivent être conservées. Dans l'article de Riechmann *et al.* (2022), les auteurs détaillent (i) leur mécanisme de déclenchement qui fonctionne uniquement sur la vidéo de la caméra - sans utiliser de capteurs supplémentaires pour déclencher le processus de capture (i.e. sans utiliser de capteur infrarouge) - ainsi que (ii) le pipeline de filtrage des images vidéo (composé d'un traitement basé sur le mouvement et l'image). Le filtrage élimine les images vides en temps quasi réel et retient les images d'animaux. Le pipeline de filtrage est reconfigurable à distance sans intervention sur le matériel pour s'adapter à d'éventuelles exigences expérimentales nouvelles. Déployé sur un ordinateur Raspberry Pi abordable, compact, de faible puissance et doté d'une connectivité sans fil pour permettre le téléchargement automatisé des observations vers des plateformes choisies par l'utilisateur, ce système réduit le nombre d'images vides capturées, facilite la détection et l'identification des animaux. Le code open-source de l'algorithme de filtrage est fourni avec sa documentation à https://dynaikon.com/trap.

Par ailleurs, il existe un système de reconnaissance automatique de pollen basé sur des images (Oteros *et al.* 2015, 2020). Sans intervention humaine dans le processus de reconnaissance, l'appareil automatique BAA500 (www.hund.de/en/instruments/pollen-monitor) extrait le pollen de l'air ambiant, le dépose sur des porte-échantillons spéciaux et scanne l'échantillon sous un microscope inversé équipé d'une caméra numérique, alors qu'un système de traitement d'image analyse et compte les grains de pollen. Divers critères (e.g. longueur, largeur, diamètre, texture, …) sont utilisés pour la classification automatique d'une quarantaine de taxa, les résultats sont signalés en ligne et les images stockées pour vérifications ultérieures. La précision multi-classes de cette procédure automatique atteint plus de 90%. Elle

est plus précise que la méthode manuelle, avec moins de divergences entre les déterminations par des paires de moniteurs qu'entre des paires d'opérateurs humains.

II. Discrimination et identification automatiques des espèces

Une fois les données acquises, un processus plus ou moins complexe de traitement et d'analyse des données doit-être pensé avant d'obtenir l'identification des espèces (Fig. 1B).

1. Gestion des données

Il semble important d'utiliser le prétraitement d'image pour la normalisation des images avant l'étape de classification, et ce particulièrement lorsque les images proviennent de données terrain qui sont plus variables.

Avant d'utiliser les images dans les systèmes de reconnaissance automatique d'espèces, il est possible de :

- Redimensionner les photos en carrés ayant une taille fixe (e.g. généralement redimensionnées en carrés de 224 × 224 pixels), sans changer la résolution, pour éviter les distorsions de taille de spécimen, un des critères utiles à la discrimination des espèces ;
- Améliorer l'image : rognage des bords, amélioration du contraste, de la saturation et de la luminosité, ou encore séparer des objets de l'arrière-plan ;
- Restaurer l'image (e.g. effacer le flou de mouvement, les bruits de fond).

Le traitement des images peut être opéré manuellement grâce à des logiciels tels que Photoshop ou ImageJ, mais la plupart des études font appel à des algorithmes. Dans leur étude de revue sur l'identification automatique des insectes à partir d'images, De Cesaro Júnior et Rieder (2020) ont remarqué que 80% des études utilisaient uniquement des algorithmes pour le prétraitement des images, tels que la correction de la luminosité, la saturation, le recadrage, le redimensionnement ou encore la suppression du bruit et des objets plus petits que ceux d'intérêt. En utilisant la segmentation d'objets, c'est-à-dire la séparation des objets de l'arrière-plan, il est possible d'améliorer les performances des modèles pour la classification des images (Rabinovich *et al.* 2007). Avant de pouvoir segmenter, le système doit savoir quelle zone de l'image est importante et fait souvent appel à un algorithme de détection. De plus, si on est dans un cas où de multiples individus sont sur la photo, il est intéressant de lancer un algorithme de détection et de segmentation pour séparer chaque spécimen.

La classification automatisée des espèces basée sur les données de pièges photographiques montre généralement de bons résultats. L'application de modèles formés dans une région à des

images collectées dans de nouvelles zones géographiques peut être difficile (voir aussi section III.2.2 sur l'apprentissage profond). De plus, les pièges photographiques fournissent d'énormes quantités d'images dont beaucoup sont vides (i.e. faux déclenchement) et les traiter manuellement peut être très long. C'est pourquoi une équipe propose de combiner un détecteur générique avec des classificateurs plus spécifiques à chaque projet (Beery *et al.* 2019). Ils ont ainsi créé un détecteur capable de trouver et de localiser des animaux dans divers écosystèmes du monde entier et qui fonctionne même pour des espèces non vues pendant la phase d'entraînement (Fig. 8). Cela permet à la fois de réduire le temps passé à filtrer les images vides et de simplifier le processus d'entrainement des classificateurs puisqu'ils peuvent se concentrer uniquement sur les animaux (i.e. images recadrées sur les individus et donc pas d'arrière-plan). Ce seul détecteur semble fonctionner sur un large éventail de régions et d'espèces.

De façon similaire, Price Tack *et al.* (2016) ont développé 'AnimalFinder' dans MATLAB® pour identifier la présence d'animaux dans les images de pièges photographiques en comparant des photos individuelles à toutes les autres images contenues dans le sous-ensemble d'images afin de minimiser le temps et les coûts nécessaires à l'étude des photos. Divers outils sont disponibles sur GitHub pour la formation, l'exécution et l'évaluation des détecteurs et des classificateurs pour les images collectées à partir de pièges photographiques déclenchés par le mouvement (https://github.com/microsoft/CameraTraps). Yousif *et al.* (2019) ont développé Animal Scanner qui est basé sur des algorithmes pour détecter et classer les objets en mouvement afin de séparer les détections d'animaux des images vides et des photos d'humains. Ils associent la segmentation des objets de premier plan par soustraction de l'arrière-plan à la classification par apprentissage profond afin de fournir un schéma rapide et précis pour la détection des humains et des animaux. Ces programmes sont fournis sous forme d'interface graphique Matlab et d'invite de commande développée en C++. Le logiciel permet de lire des dossiers d'images et produit des images annotées avec des boîtes de délimitation autour des objets en mouvement et un fichier texte résumant les résultats. Les logiciels sont archivés sur : https://figshare.com/s/cfc1070ca5a9bdda4cd8. Quant à Nazri *et al.* (2018), ils ont développé un système de reconnaissance automatique basé sur des images de ravageurs provenant de pièges collants et capable de gérer les défis qui leur sont associés (e.g. problèmes de qualité d'image, de mouvement, de flou, de décomposition ou de spécimens mutilés, …). La première étape du prétraitement des données consiste à segmenter l'image originale en un ensemble d'images indépendantes contenant un seul spécimen. Ensuite, il y a une étape de transformation binaire qui commence par l'utilisation d'un filtre médian pour réduire le bruit de fond et préserver les bords des insectes. L'application d'un algorithme itératif de seuillage multiple a permis de

séparer les pixels de l'image au premier plan et à l'arrière-plan. Les insectes indésirables et plus petits qu'un seuil spécifique d'intérêt ont été éliminés à l'aide d'opérations morphologiques (méthode de filtrage par taille). Finalement, les images binaires ont été transformées par l'une des six opérations binaires sélectionnées par les auteurs (contour, trou de remplissage, squelette, carte de distance, bassin versant et Voronoi) pour pouvoir être entrées dans un réseau neuronal convolutif et extraire les caractéristiques des images filtrées.

Les spécimens contigus ou chevauchants sur les images peuvent causer des problèmes lors de la classification (Sun *et al.* 2018). Quelques études utilisent donc des implémentations spécifiques pour résoudre ce problème (voir De Cesaro Júnior & Rieder 2020). Par exemple, Bakkay *et al.* (2018) ont travaillé sur la création d'une méthode pour détecter à la fois des spécimens bien séparés et ceux qui se touchent à partir d'images de pièges dans des conditions extrêmes. Cette méthode combine des approches récentes sur la segmentation en fonction des contours et de la région, et montre des résultats très prometteurs puisqu'elle permet de détecter les insectes avec une précision supérieure à celle des approches courantes.

Il est également possible d'extraire certaines caractéristiques des images, et ces caractéristiques, telles que les structures des ailes, les caractéristiques de l'histogramme couleur, les mesures morpho-métriques, ont été utilisées pour la classification des insectes. Par exemple, quelques études ont basé leur reconnaissance automatique des espèces sur des données morpho-métriques comme les distances ou les rapports entre les nervures présentes sur les ailes des spécimens photographiés (voir Martineau *et al.* 2017).

2. Méthodes de classification des espèces

1) Généralités

La classification est l'étape à laquelle la reconnaissance des espèces est effectuée sur la base des images ou des informations qui en ont été extraites. Il va falloir faire face aux contraintes liées à la gestion des images et savoir gérer les bruits et variations qui y sont associées. Les systèmes de reconnaissance d'images peuvent offrir de nouvelles opportunités pour la recherche scientifique, surtout pour les chercheurs qui ne possèdent pas de connaissances taxonomiques avancées. Ils permettent de faire des suivis continus et non invasifs de la biodiversité sur des saisons entières. Cela libérera également du temps aux chercheurs, et en particulier aux experts taxonomistes, pour effectuer d'autres tâches que les identifications ordinaires.

Plusieurs types d'analyses sont possibles pour cette tâche, mais les modèles d'apprentissage profond et tout particulièrement les réseaux de neurones convolutifs (i.e. 'convolutional neural

network' ou CNN) et leurs variantes, sont apparus récemment comme la méthode la plus efficace (i.e. avec de hautes performances) pour la reconnaissance et la détection d'objets (Ding & Taylor 2016). Ces modèles d'apprentissage profond sont ainsi capables d'extraire les caractéristiques d'un ensemble d'images et d'apprendre à les différencier. La popularité des méthodes d'apprentissage profond et des CNN est en partie inhérente à leur capacité à extraire automatiquement les caractéristiques pertinentes pour discriminer les espèces par eux-mêmes, sans intervention humaine (Valan *et al.* 2019). Bien qu'actuellement devenues minoritaires, d'autres méthodologies ont été utilisées dans les processus de classification : les machines à vecteurs de support (SVM), les réseaux de neurones artificiels (ANN), les analyses à composantes principales (ACP), les forêts aléatoires (i.e. 'random forest'), les analyses discriminantes linéaires, les k-plus proches voisins (KNN) et les méthodes d'ensemble (Ding & Taylor 2016; Martineau *et al.* 2017; De Cesaro Júnior & Rieder 2020). Le système ABIS (i.e. 'Automatic Bee Identification System') se sert notamment de la méthode SVM ou d'une analyse discriminante basée sur les caractéristiques géométriques des ailes pour différencier les espèces d'abeilles (Arbuckle *et al.* 2001).

2) Apprentissage profond

Contrairement aux approches traditionnelles de l'apprentissage automatique - nécessitant une extraction de caractéristiques manuelles - l'apprentissage profond permet un apprentissage des caractéristiques uniquement en s'entraînant de manière itérative à partir d'un ensemble de données d'entraînement (i.e. données brutes bien labellisées). Il existe deux modes possibles dans cet apprentissage : un mode non supervisé où le réseau crée des classes en séparant automatiquement les données images et un mode supervisé où les opérateurs vont choisir les classes pour l'apprentissage (mode le plus souvent utilisé). Dans le cas du mode d'apprentissage supervisé, il faut donc fixer le nombre d'espèces (i.e. nombre de classes) à reconnaître lors de cet entraînement et de grands jeux de données étiquetées (e.g. image avec le nom de l'espèce) sont nécessaires pour cette étape. Ces images peuvent être variables et composées de différentes vues, parties du corps ou stades de développement, et le modèle va trouver automatiquement l'ensemble des caractéristiques pertinentes et discriminantes entre espèces pour la tâche à accomplir (Valan *et al.* 2019; Høye *et al.* 2021). Une fois le système entraîné, il pourra alors être évalué avec un autre jeu de données (~20% des données) pour vérifier sa précision, puis déployé sur un jeu de données de terrain (ou labo). Les CNN sont efficaces dans les tâches de classification d'images et des résultats impressionnants ont été obtenus ces dernières années. En

effet, la précision des classifications obtenues pour l'identification d'insectes à partir de spécimens photographiés se rapproche de la précision des experts humains (Valan *et al.* 2019; Høye *et al.* 2021). Cette précision est toutefois plus faible lorsque les spécimens vivants sont pris en photo dans leur environnement naturel (Van Horn *et al.* 2018). Lorsque les modèles CNN ont des performances moyennes d'identification des images à l'espèce, ils peuvent classer avec plus de confiance les spécimens à une résolution taxinomique plus grossière (Hansen *et al.* 2020).

Le développement extrêmement rapide des algorithmes de classification, de leur complexité et de leurs performances, peut partiellement s'expliquer par l'augmentation de la puissance de calcul fournie par les unités de traitement graphique (GPU) modernes (Valan *et al.* 2019). Considérant leur vitesse d'évolution et l'accès facilité à des bases d'entrainement de photos labellisées, on peut s'attendre à voir rapidement des améliorations dans les performances et l'accessibilité de ces modèles de classification. Le nombre d'images labélisées pour la phase d'entraînement est crucial, car si l'on réduit ce nombre par classe, les performances du modèle vont diminuer. De façon générale, plus l'ensemble de données est grand, meilleures sont les performances de généralisation (Ding & Taylor 2016). Le nombre requis n'est pas toujours très clair et peut dépendre de la tâche demandée. Il est généralement recommandé d'avoir des images représentatives, en quantité importante et variées pour chaque classe considérée, ainsi que des quantités de photos similaires entre les classes d'objets. Pour certains, le déséquilibre en nombre d'images d'entrainement entre les classes reflète la distribution des espèces dans le monde réel et les modèles de classification devraient être capables d'y faire face (Van Horn *et al.* 2018). Un autre problème au niveau des exigences en images annotées survient pour les espèces cryptiques et/ou rares. Il est possible que, pour certaines espèces, les opérateurs ne soient pas en mesure de fournir des images avec une identification certaine, ou en nombre trop limité pour la phase d'entrainement du modèle. Il faudra peut-être avoir recours à des dissections ou des extractions d'ADN pour avoir une identification précise des spécimens (si la photo est prise au préalable). Un des problèmes majeurs à l'utilisation des CNN est que pour atteindre de bonnes performances, les algorithmes nécessitent à la fois de grands ensembles d'images d'apprentissage labélisées pour la phase d'entrainement du réseau et une puissance de calcul consistante. En effet, l'augmentation de la complexité et de la taille des réseaux de neurones pour améliorer les performances de classification va entrainer un besoin conséquent en puissance de calcul (i.e. GPU). Cependant, non seulement ces cartes GPU sont coûteuses à acheter - même si elles peuvent aussi être louées - mais elles sont également grandes

consommatrices d'énergie (coût écologique). Il peut être intéressant d'acheter ce matériel à titre collectif pour mutualiser les coûts.

Les taxons variables (au niveau des formes, des couleurs, …) sont généralement plus difficiles à reconnaître pour les classificateurs que les groupes plus uniformes qui ont des caractéristiques discriminantes claires. Il est courant pour les bases de données d'images taxonomiques d'utiliser une vue standard (i.e. spécimens orientés de la même manière, à la même hauteur, avec peu d'éléments étrangers dans le fond), et donc de limiter la variation au sein des catégories d'images. Lorsque les bases de données sont petites ou les arrière-plans des photos d'entraînement trop similaires, on peut faire face à des problèmes de sur-ajustement, où par exemple le réseau peut associer à tort une espèce à un arrière-plan. Il faut donc penser à intégrer de l'hétérogénéité dans les photos d'entraînement pour surmonter ces problèmes et pouvoir généraliser plus facilement cette reconnaissance par la suite. Des techniques artificielles peuvent augmenter les données du jeu d'entrainement par des transformations géométriques ou colorimétriques des photos d'origines (e.g. recadrage, retournement, rotation, décalage et déformation, ombrage, changement de canaux de couleur ou modification de la luminosité ou d'arrière-plan). Les images d'origine et leurs copies transformées peuvent être ensuite utilisées dans l'apprentissage du réseau. Cela peut malheureusement augmenter aussi les exigences au niveau de la puissance de calcul (Valan *et al.* 2019). De plus, les précisions d'identification des systèmes sont généralement plus faibles pour les groupes qui n'ont pas ou peu été vus durant la période d'entraînement. Il faut donc ne pas oublier de créer un catégorie 'poubelle/autre' lors de l'entraînement et d'inclure les espèces qui n'ont pas encore été rencontrées dans l'aire d'étude (e.g. espèce envahissante).

Une partie des problèmes liés à l'utilisation des CNN peut être résolue en utilisant un réseau de neurones dont l'architecture a déjà été créée et qui a été pré-entrainé sur une tâche générique de classification d'images similaires. On appelle cela l'apprentissage par transfert (i.e. 'transfer learning') où le réseau pré-entraîné est exposé à de nouvelles données d'entraînement. Le principe est qu'il n'y ait que quelques réglages des paramètres du modèle à faire afin que le CNN puisse résoudre la nouvelle tâche (Norouzzadeh *et al.* 2021). Cette approche est largement applicable et apporte des améliorations sur la performance des modèles par rapport aux méthodes précédentes. Elle est relativement facile à appliquer pour le développement de systèmes d'identification taxinomique automatisés, même lorsque la base de données d'entrainement est petite et les budgets de calcul limités (Valan *et al.* 2019). L'apprentissage par transfert devrait ainsi permettre de réduire la charge de calcul nécessaire tout en bénéficiant d'un CNN sophistiqué même lorsque le jeu de données d'entrainement n'est pas très grand.

Il existe une variante de l'apprentissage par transfert qui est le transfert de caractéristiques, avec un CNN pré-entraîné comme extracteur de caractéristiques automatisé. Le CNN pré-entraîné est alors exposé à un jeu de données de la tâche spécialisée, et les informations nécessaires sont ensuite extraites des couches intermédiaires du réseau CNN. Ces informations sur les caractéristiques importantes pour l'identification sont ensuite utilisées pour former un système d'apprentissage automatique plus simple (e.g. machine à vecteurs de support) sur cette même tâche spécialisée. Cette technique est efficace pour les calculs, fonctionne pour des ensembles d'images plus petits par classe, et les SVM sont moins sensibles au sur-ajustement lorsqu'ils travaillent avec des ensembles de données déséquilibrés (Valan *et al.* 2019).

Les principaux réseaux de neurones pour la classification d'image disponibles sont : VGG, ResNet et Inception. La mise en place des réseaux de neurones profonds nécessite d'être formé au langage Python et l'éventuel recours à des informaticiens. Les principales bibliothèques logicielles pour l'apprentissage profond, et principalement construites avec Python sont : TensorFlow (https://www.tensorflow.org), Keras (https://keras.io), PyTorch (https://keras.io), Darknet University of Washington (https://pjreddie.com/darknet), Scikit-learn (https://scikit-learn.org/stable/), CoreML Apple (https://developer.apple.com/documentation/coreml), Caffe University of Berkley (https://caffe.berkeleyvision.org), MSCT Microsoft Corp. (https://docs.microsoft.com/en-us/cognitive-toolkit/), et ONNIX Microsoft Corp. (https://onnx.ai).Les chercheurs donnent de plus en plus accès à leurs codes de programmation (par ex. sur www.github.com), ce qui devrait faciliter l'extension de cette méthode à de nouvelles tâches d'identification. La programmation avec le logiciel R se démocratise également: https://tensorflow.rstudio.com, https://keras.rstudio.com, https://torch.mlverse.org (voir Tabak *et al.* 2019).

Par ailleurs, certains logiciels ont déjà été développés pour aider les chercheurs sans connaissances informatiques pointues à gérer les données photographiques et reconnaître automatiquement les espèces sur les images. Par exemple, le logiciel ClassifyMe (http://classifymeapp.com/) a été créé pour filtrer et trier les données provenant de pièges photos que ce soit des faux déclencheurs ou des animaux (Falzon *et al.* 2020). Ainsi, les utilisateurs peuvent télécharger un modèle pré-entraîné (spécifique à leur emplacement d'intérêt) et ClassifyMe est capable de filtrer les images vides et de détecter et identifier les animaux (et autres objets tels que les véhicules) dans les données fournies. Le logiciel fournit un rapport avec les détections d'espèces les plus probables et trie automatiquement les images dans des sous-dossiers correspondant à ces catégories d'espèces. Ce logiciel fonctionne sans connexion Internet, sur la machine locale de l'utilisateur (sur le terrain ou au bureau). Le site 'Wildlife

Insights' (https://wildlifeinsights.org) est une plateforme basée sur le cloud qui utilise l'apprentissage automatique pour identifier les animaux sur les images de pièges à caméra. Elle combine une expertise du terrain et des capteurs, une technologie de pointe et des analyses avancées pour partager des données sur la faune et livrer des outils aux praticiens du monde entier. Tout opérateur peut télécharger ses images sur la plateforme afin que les espèces soient automatiquement identifiées grâce à l'intelligence artificielle.

3. Photothèques de référence

Comme indiqué précédemment, l'apprentissage profond nécessite un ensemble d'images annotées pour la phase d'entrainement et d'évaluation du système de reconnaissance. Il existe plusieurs voies pour augmenter la volumétrie des images référencées.

1) Bases de données disponibles

L'utilisation de bases de données génériques, avec des photos déjà référencées, telle qu'ImageNet, comme base d'apprentissage pour reconnaître les espèces est un premier moyen d'appréhender ce problème (https://image-net.org/update-mar-11-2021.php). Différentes bases de données plus spécialisées et couvrant de multiples taxons existent:

- sur les oiseaux (http://www.vision.caltech.edu/visipedia/CUB-200-2011.html, https://github.com/google/goldfinch, …),
- sur les fleurs (https://github.com/quocthang0507/17-FlowerCategoryClassificationWithML.NET),
- sur les feuilles (http://leafsnap.com/dataset/), …

D'autres sites fournissent des images de référence :

- iNaturalist (https://github.com/visipedia/inat_comp/tree/master/2017, https://www.gbif.org/fr/dataset/50c9509d-22c7-4a22-a47d-8c48425ef4a7),
- FlickR(https://www.flickr.com/, https://paperswithcode.com/dataset/flickr30k),
- Lila BC labeled information library of Alexandria (http://lila.science/),
- Base de données Caltech 101 (http://www.vision.caltech.edu/Image_Datasets/Caltech101/),
- Kaggle (https://www.kaggle.com/datasets),
- COCO (https://cocodataset.org/),
- Google (https://opensource.google/projects/open-images-dataset)

Certaines de ces bases de données ont été créées en effectuant des recherches sur Internet avec des robots d'exploration Web automatisés et peuvent par conséquent contenir une proportion

d'images incorrectes. Même des bases de données vérifiées manuellement comme ImageNet peuvent contenir jusqu'à 4% d'erreur pour certaines catégories (Van Horn *et al.* 2015). Bien que les modèles d'apprentissage profonds semblent robustes à ces bruits dans la labellisation, il est important d'avoir des jeux de données propres pour la validation, le test du modèle et vérifier sa performance (Van Horn *et al.* 2018)

2) Photographie des spécimens de collections de muséum

Les spécimens des collections des muséum d'histoire naturelle et des herbiers représentent un vaste catalogue d'informations sur la biodiversité, les écosystèmes et les ressources naturelles. Des efforts considérables sont donc déployés pour numériser ces collections dans le monde entier (Hedrick *et al.* 2020). Ces efforts de numérisation alimenteront les bases de données référencées disponibles pour les chercheurs à travers le monde et devraient aider au développement de systèmes d'identification automatisés. La numérisation des collections de sciences naturelles a motivé des initiatives comme DISSCo (www.dissco.eu) ou iDigBio (https://www.idigbio.org/). DiSSCo ('Distributed System of Scientific Collections') œuvre pour l'intégration numérique de tous les actifs européens des sciences naturelles pour un accès commun, et vise à garantir que les données soient facilement trouvables, accessibles, interopérables et réutilisables (i.e. principe FAIR, 'Findable, Accessible, Interoperable and Reusable)'. iDigBio ('Integrated Digitized Biocollections') est un référentiel permanent d'informations numérisées de toutes les collections biologiques américaines dans l'objectif à mener à de nouvelles découvertes grâce à la recherche et à une meilleure compréhension et appréciation de la biodiversité grâce à une meilleure sensibilisation.

La plupart des bases de données existantes sont constituées de numérisations à vue unique de spécimens épinglés. Cependant, le coût des numérisations traditionnelles de ces collections est énorme - à la fois aux niveaux financiers et humains. C'est pourquoi des méthodes pour numériser les spécimens plus rapidement et en masse ont été développées (Blagoderov *et al.* 2012; Short *et al.* 2018). Bien qu'on puisse prendre directement une seule photographie des tiroirs de collection, la résolution est alors limitée pour les spécimens individuels. Afin d'améliorer la résolution et d'accéder à toutes les informations nécessaires, des images composites du tiroir sont généralement créées en assemblant plusieurs images des fractions du tiroir. Par exemple, Blagoderov *et al.* (2012) ont créé une méthode de numérisation de masse des collections fondée sur le système de numérisation de plateaux SatScan®. Cette méthode assure une numérisation standardisée des plateaux de collection de musée avec la meilleure

qualité d'image possible, ainsi qu'une collection simplifiée des métadonnées (via le programme Metadata Creator). Le système est adapté pour la numérisation de plusieurs spécimens, uniformément montés ou disposés dans des tiroirs, des lames de microscope stockées horizontalement ou des feuilles d'herbier. En conséquence, divers logiciels ont été développés pour pouvoir gérer les données issues de la numérisation des tiroirs (Short *et al.* 2018). Par exemple, Hudson *et al.* (2015) fournissent la suite modulaire Inselect (https://naturalhistorymuseum.github.io/inselect/), facile d'utilisation et multiplateforme d'outils logiciels open source, pour identifier et isoler presque automatiquement les spécimens d'un tiroir imagé.

Toutefois, l'orientation de la prise de vue des spécimens (i.e. dorsale) et la résolution de ces techniques de numérisation des tiroirs de collection semblent insuffisantes pour l'inspection de détails morphologiques souvent nécessaires dans les recherches taxonomiques. Les images avec une résolution plus élevée nécessitent généralement que les échantillons soient imagés individuellement. Les approches d'imagerie semi-automatisée de spécimens individuels sont de plus en plus privilégiées. Les méthodes de numérisation se diversifient et il est maintenant possible d'observer des données de spécimens obtenues à l'aide de plusieurs capteurs et de modèles 3D (Short *et al.* 2018; Ströbel *et al.* 2018). Par exemple, l'appareil Darmstadt Insect SCanner 3D (DISC3D, https://www.econetlab.net/disc3d) combine une imagerie à large profondeur de champ et à vues multiples sur tous les côtés pour fournir des données de numérisation des spécimens d'insectes (ou autres petits objets) en modèles 3D, tout en minimisant les étapes de traitement manuel (Ströbel *et al.* 2018). Un autre exemple, est le système GIGAmacro Magnify2 (http://www.gigamacro.com/gigapixel-macro-imaging-system/), qui comprend l'automatisation robotique, la capture d'image, le post-traitement de 44 spécimens épinglés imagés en une seule session, la visualisation en ligne, le partage et l'annotation. La position de chaque échantillon est enregistrée par l'opérateur dans le logiciel, et le système procédera sans surveillance pour prendre des images de chaque échantillon. Les échantillons épinglés peuvent ensuite être tournés pour obtenir des clichés d'autres caractéristiques sous différents angles (Short *et al.* 2018). Il existe encore d'autres solutions d'imagerie personnalisées, comme une plate-forme rotative qui permet de photographier les insectes épinglés de différents côtés (ZooSphere, http://www.zoosphere.net).

La numérisation des collections des muséums d'histoire naturelle sur la biodiversité a conduit à la création du système distribué de collections scientifiques ('Distributed System of Scientific Collections' ou DiSSCo, www.dissco.eu) qui est une nouvelle infrastructure de recherche de classe mondiale pour les collections de sciences naturelles. Il a pour objectif

l'unification numérique de tous les actifs européens des sciences naturelles en une base de connaissances intégrée dans le cadre de politiques et de pratiques communes de conservation et d'accès. Celles-ci visent à rendre les données facilement trouvables, plus accessibles, interopérables et réutilisables (i.e. principe 'FAIR' : Findable, Accessible, Interoperable and Reusable). DiSSCo représente ainsi un des plus grands accords conclus entre les musées d'histoire naturelle, les jardins botaniques et les universités détenant des collections dans le monde entier.

4. Sciences participatives et applications grand public

Les sciences citoyennes peuvent à la fois aider à obtenir des données photos mais aussi à les annoter. En effet, en partageant leurs observations d'espèces et en téléchargeant leurs photos sur des sites tels que www.iNaturalist.org, https://ebird.org/home et www.observation.org, les utilisateurs donnent directement accès à de nouvelles données, dont la validation d'identification peut se faire avec la participation d'autres utilisateurs. Chaque observation comporte généralement une date, une localisation, des images et des étiquettes contenant le nom de l'espèce. iNaturalist permet notamment d'appliquer une étiquette «de qualité recherche » à l'observation si la communauté parvient à un consensus sur les taxons dans l'observation. iNaturalist met ensuite à la disposition de la communauté des sciences de l'environnement des archives de données d'observation de ce niveau via le Global Biodiversity Information Facility (Van Horn *et al.* 2018). Ces types de sites permettent ainsi aux naturalistes de cartographier et de partager des observations photographiques de la biodiversité à travers le monde via un portail Web personnalisé et parfois des applications mobiles. Cela génère de grands ensembles de photos d'animaux et de plantes qui pourront être très utiles pour les entrainements des modèles d'apprentissage profond. Les images d'iNaturalist sont caractérisées par un déséquilibre d'effectif dans leurs classes (i.e. certaines espèces sont beaucoup plus susceptibles d'être observées), une qualité variable d'images prises avec différents types de caméras, et une précision variable des annotations vérifiées par plusieurs scientifiques citoyens. Une équipe de chercheurs a testé des modèles de classification et de détection sur des jeux de données d'iNaturalist contenant plus de 5000 espèces et représentant des conditions difficiles du monde réel (Van Horn *et al.* 2018). Bien que leurs résultats de classification et de détection soient globalement encourageants, ils sont plutôt médiocres pour les classes avec un petit nombre de données d'entrainement. De façon similaire, l'utilisation des photos mises en lignes par des touristes ou des naturalistes sur les réseaux sociaux pourront par la suite contribuer à l'étape d'apprentissage du réseau de neurones.

De nombreuses applications disponibles sur téléphone intelligent permettent d'identifier les espèces à partir d'images prises par les utilisateurs (Pl@ntNet, LeafSnap, Flora Incognita, NatureID, Picture Bird, Merlin Bird ID, iNaturalist, Mushroom ID, …). Généralement, les utilisateurs doivent télécharger leurs photos des espèces observées et les portails en ligne vont leur fournir instantanément des espèces candidates grâce à l'action d'algorithmes d'apprentissage profond. Les identifications de ces applications sont le plus souvent validées par la communauté. Certaines applications sont connectées à des sites tels que www.iNaturalist.org et www.observation.org pour aider à l'identification des espèces. Il est conseillé aux utilisateurs de fournir des photos de bonne qualité (centrées, pas floues, …) avec un fond peu encombré, pour faciliter le fonctionnement des algorithmes. Ces types de plateformes ont un potentiel énorme dans le cadre de l'utilisation de modèles d'apprentissage profond pour pallier le besoin en photo annotées. Par exemple, Pl@ntNet est une plateforme participative s'appuyant sur la participation de personnes non-expertes pour l'identification des plantes basée sur des images. Ce système s'est fortement développé depuis sa création (Joly *et al.* 2016) tant dans le nombre d'utilisateurs et de photos que dans ses performances. Récemment, une base de données d'images (306 146 images de 1 081 espèces) a été créée à partir de la base de données Pl@ntnet (Garcin *et al.* 2021). Ce jeu de données est caractérisé par un fort déséquilibre de classe et de nombreuses espèces sont visuellement similaires, et cela afin de pouvoir évaluer et comparer des algorithmes de classification.

La plupart des projets de pièges photographiques et de science citoyenne implique généralement de présenter au volontaire des images collectées par un chercheur et de le faire participer à la classification des espèces. En particulier, des sites comme www.zooniverse.org impliquent le public dans l'annotation et le contrôle de la qualité d'images d'animaux. Un des avantages de cette plateforme, est qu'elle donne directement accès à une large base de bénévoles. Plusieurs projets de pièges photographiques ont utilisé Zooniverse, et des codes open source ont été déposés sur GitHub (https://github.com/zooniverse/help) pour aider à la création de nouveaux projets et à l'analyse des données obtenues. Il est également possible de déposer des données d'images pour faire intervenir des volontaires dans la classification des espèces sur les plateformes CitSci.org (www.citsci.org) et iNaturalist (https://www.inaturalist.org/). Ce type d'association avec les sciences citoyennes devrait générer de nombreuses données/photos de terrain annotées assez rapidement (Høye *et al.* 2021). Par exemple, Willi *et al.* (2019) ont utilisé plusieurs ensembles de jeux de données très variables provenant de pièges photographiques et étiquetés par des scientifiques citoyens sur Zooniverse pour entrainer le modèle de classification. Ils ont estimé qu'en combinant un modèle pré-entraîné avec des

annotations par des scientifiques citoyens, l'effort humain a été réduit de 43% tout en maintenant la précision globale. De plus, les sciences citoyennes sont particulièrement pertinentes pour les données de pièges photographiques et il existe de nombreux projets qui invitent également les participants à contribuer à leurs recherches en identifiant les espèces ou en installant les pièges (e.g. https://www.mammalweb.org/en/, https://instantwild.zsl.org, https://emammal.si.edu/, https://csgrid.org/csg/wildlife/, https://digivol.ala.org.au/, https://www.wildlifeinsights.org/home). Certains projets vont donc faire contribuer des participants à la classification des images de pièges photographiques qu'ils ont eux-mêmes collectées. L'intérêt de ce type de projet est de soutenir l'installation et le suivi d'un grand nombre de pièges, de placer des pièges dans une zone géographique plus large, d'avoir accès à des territoires privés, de minimiser les risques de vol (par un engagement fort de la communauté d'utilisateurs) et une aide financière si les participants fournissent leurs propres pièges ou participent aux frais d'expédition (Green *et al.* 2020).

Les progrès des modèles de reconnaissance d'objets ont été accélérés par la construction et la publication des bases de données des chercheurs, ainsi que par les compétitions mises en place sur ces bases de données disponibles. Il existe des plateformes Internet telles que Kaggle, PlantCLEF, SnakeClef, … qui mettent en place des compétitions ou des défis et invitent les scientifiques à se pencher sur des problèmes précis (e.g. défis de reconnaissances d'images), et offrent parfois des récompenses pour les meilleures performances. Ces défis implémentent les bases de données, permettent d'évaluer les performances des derniers modèles proposés (voir Joly et al., 2018) et participent à l'évolution rapide des techniques et modèles d'apprentissage profonds. Exemple : https://www.kaggle.com/jessicali9530/caltech256, http://image-net.org/challenges/LSVRC/2017/, http://host.robots.ox.ac.uk/pascal/VOC/.

III. Conclusion

L'identification manuelle des animaux est généralement chronophage, monotone, fastidieuse et nécessite une bonne expertise humaine. Ainsi, le développement et les progrès constant dans l'identification automatique basée sur des techniques d'apprentissage automatique et d'apprentissage profond facilitent le traitement et l'analyse de grandes quantités de données plus rapidement et souvent plus efficacement (Petso *et al.* 2021). La littérature sur cette thématique de reconnaissance automatique des espèces basées sur des images est large, couvre de très nombreux groupes taxonomiques (voir les exemples du Tableau 2) et ne cesse d'augmenter ces dernières années. Un des avantages majeurs de ces techniques est qu'elles sont

déontologiquement plus acceptables dans un contexte de protection et de conservation de la nature car elles sont non létales. Aujourd'hui, de nombreux efforts sont déployés pour la conservation des animaux et les nouvelles technologies telles que l'intelligence artificielle peuvent grandement aider. L'identification des animaux en temps réel est particulièrement importante pour la conservation des espèces à travers la lutte contre les conflits hommes-animaux comme les collisions avec les animaux, les espèces envahissantes ou contre des opérations de braconnage (e.g. développement de TrailGuard AI de Resolve, https://www.resolve.ngo/trailguard.htm; Aota *et al.* 2021; Petso *et al.* 2021; Gupta *et al.* 2022). Malgré l'augmentation actuelle des capacités d'identification automatique, il existe encore des limitations à ces méthodologies (e.g. la qualité des images, la complexité des analyses, les photographies de références, …). Un atout supplémentaire à prendre en compte est le fait que ces photos sont facilement archivées et peuvent donc être ré-analysées par la suite en prenant en compte les progrès des photothèques de référence et des algorithmes. Ils peuvent également être considéré comme outils efficaces pour réduire les coûts humains liés aux suivis des espèces et améliorer l'efficacité des initiatives de conservation. En effet, les coûts liés à la mise en place de ce type de méthodologie évoluent rapidement et sont de plus en plus abordables (voir les estimations faites dans le Tableau 3).

Par ailleurs, avec les divers progrès observés ces dernières années, les chercheurs peuvent implémenter diverses méthodologies sur le terrain afin d'améliorer les reconnaissances des espèces. Actuellement, il existe des dispositifs qui peuvent être basés sur plusieurs sources d'identification, avec une identification basée sur plusieurs signaux. Par exemple, le dispositif Volito est un capteur stationnaire de FaunaPhotonics qui identifie individuellement des insectes en fonction de la fréquence des battements d'ailes, de la taille du corps et d'autres caractéristiques propres à chaque insecte (https://faunaphotonics.com/faunaphotonics/on-the-ground/). Les systèmes de captures d'images sont également facilement adaptables à des dispositifs déjà existant - ou peuvent être intégrés dans de nouveaux systèmes plus complexes - et ainsi fournir des informations supplémentaires et complémentaires sur les recherches en biodiversité. Récemment, des chercheurs ont proposé un réseau de stations majoritairement autonomes composées de plusieurs capteurs automatisés afin de faire un suivi de la biodiversité (i.e. 'AMMOD' ou Automated Multisensor stations for Monitoring of species Diversity ; Wägele *et al.* 2022). Ce réseau combine des technologies de pointe avec l'informatique de la biodiversité (i.e. reconnaissance des espèces à l'aide d'images, de l'acoustique et du métabarcoding) en utilisant des pièges à caméra pour les mammifères et les petits invertébrés, mais aussi des échantillonneurs autonomes pour les insectes, le pollen et les spores, des

enregistreurs audio pour les animaux qui vocalisent, des capteurs pour les composés organiques volatils émis par les plantes.

Remerciements

Ce travail s’inscrit dans le cadre du projet Passifor2, financé par le ministère de l'Écologie. Les auteurs remercient chaleureusement Antoine Lévêque pour son aide tout au long de la rédaction de ce document. Merci à Julien Orensanz pour son aide dans l’estimation des coûts liés à l’identification des espèces à partir d’images, ainsi qu’à Bernard Benet pour sa relecture attentive et ses commentaires et ses estimations de coûts. Nous remercions également les rapporteurs pour leurs commentaires et leur révision attentive en vue d'améliorer notre manuscrit.

Références

AOTA T., ASHIZAWA K., MORI H., TODA M. & CHIBA S. 2021. — Detection of Anolis carolinensis using drone images and a deep neural network: an effective tool for controlling invasive species. *Biological Invasions* 23 (5): 1321–1327. https://doi.org/10.1007/s10530-020-02434-y

ARBUCKLE T., SCHRÖDER S., STEINHAGE V. & WITTMANN D. 2001. — Biodiversity Informatics in Action: Identification and Monitoring of Bee Species using ABIS: 6

ÄRJE J., MELVAD C., JEPPESEN M.R., MADSEN S.A., RAITOHARJU J., RASMUSSEN M.S., IOSIFIDIS A., TIRRONEN V., GABBOUJ M., MEISSNER K. & HØYE T.T. 2020. — Automatic image-based identification and biomass estimation of invertebrates. *Methods in Ecology and Evolution* 11 (8): 922–931. https://doi.org/10.1111/2041-210X.13428

BAKKAY M.C., CHAMBON S., RASHWAN H.A., LUBAT C. & BARSOTTI S. 2018. — Automatic detection of individual and touching moths from trap images by combining contour-based and region-based segmentation. *IET Computer Vision* 12 (2): 138–145. https://doi.org/10.1049/iet-cvi.2017.0086

BALLOUARD J.-M., BONNET X., GRAVIER C., AUSANNEAU M. & CARON S. 2016. — Artificial water ponds and camera trapping of tortoises, and other vertebrates, in a dry Mediterranean landscape. *Wildlife Research* 43 (7): 533–543. https://doi.org/10.1071/WR16035

BARDIER C., SZÉKELY D., AUGUSTO-ALVES G., MATÍNEZ-LATORRACA N., SCHMIDT B.R. & CRUICKSHANK S.S. 2020. — Performance of visual vs. software-assisted photo-identification in mark-recapture studies: a case study examining different life stages of the Pacific Horned Frog (Ceratophrys stolzmanni). *Amphibia-Reptilia* 42 (1): 17–28. https://doi.org/10.1163/15685381-bja10025

BEERY S., MORRIS D. & YANG S. 2019. — Efficient Pipeline for Camera Trap Image Review. *arXiv:1907.06772 [cs]*

BENET B., MÅRELL A. & BOSCARDIN Y. 2020. — Utilisation de techniques d'intelligence artificielle pour la détection d'animaux en forêt. *Cahiers des Techniques de l'INRA* (101): 12 p.

BJERGE K., MANN H.M. & HØYE T.T. 2021. — Real-time insect tracking and monitoring with computer vision and deep learning. *Remote Sensing in Ecology and Conservation*. https://doi.org/10.1002/rse2.245

BJERGE K., NIELSEN J.B., SEPSTRUP M.V., HELSING-NIELSEN F. & HØYE T.T. 2021. — An Automated Light Trap to Monitor Moths (Lepidoptera) Using Computer Vision-Based Tracking and Deep Learning. *Sensors* 21 (2): 343. https://doi.org/10.3390/s21020343

BJERGE K., NIELSEN J.B., SEPSTRUP M.V., HELSING-NIELSEN F. & HØYE T.T. 2020. — A light trap and computer vision system to detect and classify live moths (Lepidoptera) using tracking and deep learning. *bioRxiv*: 2020.03.18.996447. https://doi.org/10.1101/2020.03.18.996447

BLAGODEROV V., KITCHING I.J., LIVERMORE L., SIMONSEN T.J. & SMITH V.S. 2012. — No specimen left behind: industrial scale digitization of natural history collections. *ZooKeys* (209): 133–146. https://doi.org/10.3897/zookeys.209.3178

BURTON A.C., NEILSON E., MOREIRA D., LADLE A., STEENWEG R., FISHER J.T., BAYNE E. & BOUTIN S. 2015. — REVIEW: Wildlife camera trapping: a review and recommendations for linking surveys to ecological processes. *Journal of Applied Ecology* 52 (3): 675–685. https://doi.org/10.1111/1365-2664.12432

BUTERA L., FERRANTE A., JERMINI M., PREVOSTINI M. & ALIPPI C. 2022. — Precise Agriculture: Effective Deep Learning Strategies to Detect Pest Insects. *IEEE/CAA Journal of Automatica Sinica* 9 (2): 246–258. https://doi.org/10.1109/JAS.2021.1004317

CARAVAGGI A., BANKS P.B., BURTON A.C., FINLAY C.M.V., HASWELL P.M., HAYWARD M.W., ROWCLIFFE M.J. & WOOD M.D. 2017. — A review of camera trapping for conservation behaviour research. *Remote Sensing in Ecology and Conservation* 3 (3): 109–122. https://doi.org/10.1002/rse2.48

COLLETT R.A. & FISHER D.O. 2017. — Time-lapse camera trapping as an alternative to pitfall trapping for estimating activity of leaf litter arthropods. *Ecology and Evolution* 7 (18): 7527–7533. https://doi.org/10.1002/ece3.3275

DE CESARO JÚNIOR T. & RIEDER R. 2020. — Automatic identification of insects from digital images: A survey. *Computers and Electronics in Agriculture* 178: 105784. https://doi.org/10.1016/j.compag.2020.105784

DE CESARO JÚNIOR T., RIEDER R., DI DOMÊNICO J.R. & LAU D. 2022. — InsectCV: A system for insect detection in the lab from trap images. *Ecological Informatics* 67: 101516. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2021.101516

DIEZ Y., KENTSCH S., FUKUDA M., CACERES M.L.L., MORITAKE K. & CABEZAS M. 2021. — Deep Learning in Forestry Using UAV-Acquired RGB Data: A Practical Review. *Remote Sensing* 13 (14): 2837. https://doi.org/10.3390/rs13142837

DING W. & TAYLOR G. 2016. — Automatic moth detection from trap images for pest management. *Computers and Electronics in Agriculture* 123: 17–28. https://doi.org/10.1016/j.compag.2016.02.003

DORNING J. & HARRIS S. 2019. — The challenges of recognising individuals with few distinguishing features: Identifying red foxes Vulpes vulpes from camera-trap photos. *PLOS ONE* 14 (5): e0216531. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0216531

DUGGAN M.T., GROLEAU M.F., SHEALY E.P., SELF L.S., UTTER T.E., WALLER M.M., HALL B.C., STONE C.G., ANDERSON L.L. & MOUSSEAU T.A. 2021. — An approach to rapid processing of camera trap images with minimal human input. *Ecology and Evolution* 11 (17): 12051–12063. https://doi.org/10.1002/ece3.7970

DUNDAS S., RUTHROF K., HARDY G. & FLEMING P. 2019. — Pits or pictures: A comparative study of camera traps and pitfall trapping to survey small mammals and reptiles. *Wildlife Research* 46. https://doi.org/10.1071/WR18074

DUNN M.J., ADLARD S., TAYLOR A.P., WOOD A.G., TRATHAN P.N. & RATCLIFFE N. 2021. — Un-crewed aerial vehicle population survey of three sympatrically breeding seabird species at Signy Island, South Orkney Islands. *Polar Biology* 44 (4): 717–727. https://doi.org/10.1007/s00300-021-02831-6

FALZON G., LAWSON C., CHEUNG K.-W., VERNES K., BALLARD G.A., FLEMING P.J.S., GLEN A.S., MILNE H., MATHER-ZARDAIN A. & MEEK P.D. 2020. — ClassifyMe: A Field-Scouting Software for the Identification of Wildlife in Camera Trap Images. *Animals* 10 (1): 58. https://doi.org/10.3390/ani10010058

FAN J., LIU X., WANG X., WANG D. & HAN M. 2021. — Multi-Background Island Bird Detection Based on Faster R-CNN. *Cybernetics and Systems* 52 (1): 26–35. https://doi.org/10.1080/01969722.2020.1827799

FERREIRA A.C., SILVA L.R., RENNA F., BRANDL H.B., RENOULT J.P., FARINE D.R., COVAS R. & DOUTRELANT C. 2020. — Deep learning-based methods for individual recognition in small birds. *Methods in Ecology and Evolution* 11 (9): 1072–1085. https://doi.org/10.1111/2041-210X.13436

FIGUEROA-MATA G. & MATA-MONTERO E. 2020. — Using a Convolutional Siamese Network for Image-Based Plant Species Identification with Small Datasets. *Biomimetics* 5 (1): 8. https://doi.org/10.3390/biomimetics5010008

FORD S., KIDD P., NASH K. & RIETVELD A. 2020. — Artificial light and moth biodiversity: a comparison of moth diversity across different habitats on Lundy to investigate the effect of artificial light. *Journal of the Lundy Field Society* 7: 53–68

FRICKER G.A., VENTURA J.D., WOLF J.A., NORTH M.P., DAVIS F.W. & FRANKLIN J. 2019. — A Convolutional Neural Network Classifier Identifies Tree Species in Mixed-Conifer Forest from Hyperspectral Imagery. *Remote Sensing* 11 (19): 2326. https://doi.org/10.3390/rs11192326

GARCIN C., JOLY A., BONNET P., AFFOUARD A., CHOUET M., SERVAJEAN M. & SALMON J. 2021. — Pl@ntNet-300K: a new plant image dataset for the evaluation of set-valued classifiers: 10

GEROVICHEV A., SADEH A., WINTER V., BAR-MASSADA A., KEASAR T. & KEASAR C. 2021. — High Throughput Data Acquisition and Deep Learning for Insect Ecoinformatics. *Frontiers in Ecology and Evolution* 9: 309. https://doi.org/10.3389/fevo.2021.600931

GLOVER-KAPFER P., SOTO-NAVARRO C.A. & WEARN O.R. 2019. — Camera-trapping version 3.0: current constraints and future priorities for development. *Remote Sensing in Ecology and Conservation* 5 (3): 209–223. https://doi.org/10.1002/rse2.106

GOMEZ VILLA A., SALAZAR A. & VARGAS F. 2017. — Towards automatic wild animal monitoring: Identification of animal species in camera-trap images using very deep convolutional neural networks. *Ecological Informatics* 41: 24–32. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2017.07.004

GOULD J., CALLEN A., MAYNARD C., KNIBB G., MCGREGOR J., GILL L., SANDERS S., DAVIES B., SCHMAHL K., DONELLY R., TURNER A. & MCHENRY C. 2021. a — Standing out in a crowd: Intraspecific variability in dorsal patterning allows for photo-identification of a threatened anuran. *Austral Ecology* 46 (8): 1383–1391. https://doi.org/10.1111/aec.13092

GOULD J., CLULOW J. & CLULOW S. 2021. b — Using citizen science in the photo-identification of adult individuals of an amphibian based on two facial skin features. *PeerJ* 9: e11190. https://doi.org/10.7717/peerj.11190

GRACANIN A., GRACANIN V. & MIKAC K.M. 2019. — The selfie trap: A novel camera trap design for accurate small mammal identification. *Ecological Management & Restoration* 20 (2): 156–158. https://doi.org/10.1111/emr.12345

GREEN S.E., REES J.P., STEPHENS P.A., HILL R.A. & GIORDANO A.J. 2020. — Innovations in Camera Trapping Technology and Approaches: The Integration of Citizen Science and Artificial Intelligence. *Animals* 10 (1): 132. https://doi.org/10.3390/ani10010132

GUPTA S., MOHAN N., NAYAK P., NAGARAJU K.C. & KARANAM M. 2022. — Deep vision-based surveillance system to prevent train–elephant collisions. *Soft Computing* 26 (8): 4005–4018. https://doi.org/10.1007/s00500-021-06493-8

HAALCK L., MANGAN M., WEBB B. & RISSE B. 2020. — Towards image-based animal tracking in natural environments using a freely moving camera. *Journal of Neuroscience Methods* 330: 108455. https://doi.org/10.1016/j.jneumeth.2019.108455

HANSEN O.L.P., SVENNING J.-C., OLSEN K., DUPONT S., GARNER B.H., IOSIFIDIS A., PRICE B.W. & HØYE T.T. 2020. — Species-level image classification with convolutional neural network enables insect identification from habitus images. *Ecology and Evolution* 10 (2): 737–747. https://doi.org/10.1002/ece3.5921

HAUCKE T. & STEINHAGE V. 2021. — Exploiting Depth Information for Wildlife Monitoring. *arXiv:2102.05607 [cs]*

HEDRICK B.P., HEBERLING J.M., MEINEKE E.K., TURNER K.G., GRASSA C.J., PARK D.S., KENNEDY J., CLARKE J.A., COOK J.A., BLACKBURN D.C., EDWARDS S.V. & DAVIS C.C. 2020. — Digitization and the Future of Natural History Collections. *BioScience* 70 (3): 243–251. https://doi.org/10.1093/biosci/biz163

HOBBS M.T. & BREHME C.S. 2017. — An improved camera trap for amphibians, reptiles, small mammals, and large invertebrates. *PLOS ONE* 12 (10): e0185026. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0185026

HOMAN D. & DU PREEZ J.A. 2021. — Automated feature-specific tree species identification from natural images using deep semi-supervised learning. *Ecological Informatics* 66: 101475. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2021.101475

HOWE E.J., BUCKLAND S.T., DESPRÉS-EINSPENNER M.-L. & KÜHL H.S. 2017. — Distance sampling with camera traps. *Methods in Ecology and Evolution* 8 (11): 1558–1565. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12790

HØYE T.T., ÄRJE J., BJERGE K., HANSEN O.L.P., IOSIFIDIS A., LEESE F., MANN H.M.R., MEISSNER K., MELVAD C. & RAITOHARJU J. 2021. — Deep learning and computer vision will transform entomology. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 118 (2). https://doi.org/10.1073/pnas.2002545117

HUDSON L.N., BLAGODEROV V., HEATON A., HOLTZHAUSEN P., LIVERMORE L., PRICE B.W., WALT S. VAN DER & SMITH V.S. 2015. — Inselect: Automating the Digitization of Natural History Collections. *PLOS ONE* 10 (11): e0143402. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0143402

JOLY A., BONNET P., GOËAU H., BARBE J., SELMI S., CHAMP J., DUFOUR-KOWALSKI S., AFFOUARD A., CARRÉ J., MOLINO J.-F., BOUJEMAA N. & BARTHÉLÉMY D. 2016. — A look inside the Pl@ntNet experience. *Multimedia Systems* 22 (6): 751–766. https://doi.org/10.1007/s00530-015-0462-9

JOLY A., GOËAU H., BOTELLA C., GLOTIN H., BONNET P., VELLINGA W.-P., PLANQUÉ R. & MÜLLER H. 2018. — Overview of LifeCLEF 2018: A Large-Scale Evaluation of Species Identification and Recommendation Algorithms in the Era of AI*In:* , Avignon, France. (Experimental IR Meets Multilinguality, Multimodality, and Interaction) p. 247–266. https://doi.org/10.1007/978-3-319-98932-7_24

KATTENBORN T., EICHEL J. & FASSNACHT F.E. 2019. — Convolutional Neural Networks enable efficient, accurate and fine-grained segmentation of plant species and communities from high-resolution UAV imagery. *Scientific Reports* 9 (1): 17656. https://doi.org/10.1038/s41598-019-53797-9

KLASEN M. & STEINHAGE V. 2022. — Improving wildlife tracking using 3D information. *Ecological Informatics* 68: 101535. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2021.101535

LA ROSA L.E.C., SOTHE C., FEITOSA R.Q., DE ALMEIDA C.M., SCHIMALSKI M.B. & OLIVEIRA D.A.B. 2021. — Multi-task fully convolutional network for tree species mapping in dense forests using small training hyperspectral data. *ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing* 179: 35–49. https://doi.org/10.1016/j.isprsjprs.2021.07.001

LI W., ZHENG T., YANG Z., LI M., SUN C. & YANG X. 2021. — Classification and detection of insects from field images using deep learning for smart pest management: A systematic review. *Ecological Informatics* 66: 101460. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2021.101460

LIU M., HAN Z., CHEN Y., LIU Z. & HAN Y. 2021. — Tree species classification of LiDAR data based on 3D deep learning. *Measurement* 177: 109301. https://doi.org/10.1016/j.measurement.2021.109301

LÓPEZ O., RACH M.M., MIGALLON H., MALUMBRES M.P., BONASTRE A. & SERRANO J.J. 2012. — Monitoring Pest Insect Traps by Means of Low-Power Image Sensor Technologies. *Sensors* 12 (11): 15801–15819. https://doi.org/10.3390/s121115801

LYNCH T.P., ALDERMAN R. & HOBDAY A.J. 2015. — A high-resolution panorama camera system for monitoring colony-wide seabird nesting behaviour. *Methods in Ecology and Evolution* 6 (5): 491–499. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12339

LYTLE D.A., MARTÍNEZ-MUÑOZ G., ZHANG W., LARIOS N., SHAPIRO L., PAASCH R., MOLDENKE A., MORTENSEN E.N., TODOROVIC S. & DIETTERICH T.G. 2010. — Automated processing and identification of benthic invertebrate samples. *Freshwater Science* 29 (3): 867–874. https://doi.org/10.1899/09-080.1

MANOUKIS N.C. & COLLIER T.C. 2019. — Computer Vision to Enhance Behavioral Research on Insects. *Annals of the Entomological Society of America* 112 (3): 227–235. https://doi.org/10.1093/aesa/say062

MARTIN H., MONNET J., DE BOISVILLIERS M., CHEVALIER R. & VILLAR M. 2020. — Remote sensing of american maple in alluvial forests: a case study in an island complex of the Loire valley (France). *iForest - Biogeosciences and Forestry* 13 (1): 409–416. https://doi.org/10.3832/ifor3237-013

MARTINEAU M., CONTE D., RAVEAUX R., ARNAULT I., MUNIER D. & VENTURINI G. 2017. — A survey on image-based insect classification. *Pattern Recognition* 65: 273–284. https://doi.org/10.1016/j.patcog.2016.12.020

MÄYRÄ J., KESKI-SAARI S., KIVINEN S., TANHUANPÄÄ T., HURSKAINEN P., KULLBERG P., POIKOLAINEN L., VIINIKKA A., TUOMINEN S., KUMPULA T. & VIHERVAARA P. 2021. — Tree species classification from airborne hyperspectral and LiDAR data using 3D convolutional neural networks. *Remote Sensing of Environment* 256: 112322. https://doi.org/10.1016/j.rse.2021.112322

METTOURIS O., MEGREMIS G. & GIOKAS S. 2016. — A newt does not change its spots: using pattern mapping for the identification of individuals in large populations of newt species. *Ecological Research* 31 (3): 483–489. https://doi.org/10.1007/s11284-016-1346-y

MODZELEWSKA A., FASSNACHT F.E. & STEREŃCZAK K. 2020. — Tree species identification within an extensive forest area with diverse management regimes using airborne hyperspectral data. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation* 84: 101960. https://doi.org/10.1016/j.jag.2019.101960

MOHTASHAMIAN M., KARIMIAN M., MOOLA F., KAVOUSI K. & MASOUDI-NEJAD A. 2021. — Automated Plant Species Identification Using Leaf Shape-Based Classification Techniques: A Case Study on Iranian Maples. *Iranian Journal of Science and Technology, Transactions of Electrical Engineering* 45 (3): 1051–1061. https://doi.org/10.1007/s40998-020-00398-2

MONTGOMERY G.A., BELITZ M.W., GURALNICK R.P. & TINGLEY M.W. 2021. — Standards and Best Practices for Monitoring and Benchmarking Insects. *Frontiers in Ecology and Evolution* 8. https://doi.org/10.3389/fevo.2020.579193

MOORE H.A., CHAMPNEY J.L., DUNLOP J.A., VALENTINE L.E. & NIMMO D.G. 2020. — Spot on: using camera traps to individually monitor one of the world's largest lizards. *Wildlife Research* 47 (4): 326–337. https://doi.org/10.1071/WR19159

MOURA M.M., DE OLIVEIRA L.E.S., SANQUETTA C.R., BASTOS A., MOHAN M. & CORTE A.P.D. 2021. — Towards Amazon Forest Restoration: Automatic Detection of Species from UAV Imagery. *Remote Sensing* 13 (13): 2627. https://doi.org/10.3390/rs13132627

NATESAN S., ARMENAKIS C. & VEPAKOMMA U. 2020. — Individual tree species identification using Dense Convolutional Network (DenseNet) on multitemporal RGB images from UAV1. *Journal of Unmanned Vehicle Systems*. https://doi.org/10.1139/juvs-2020-0014

NAZRI A., MAZLAN N. & MUHARAM F. 2018. — PENYEK: Automated brown planthopper detection from imperfect sticky pad images using deep convolutional neural network. *PLOS ONE* 13 (12): e0208501. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0208501

NIEMI J. & TANTTU J.T. 2020. — Deep learning–based automatic bird identification system for offshore wind farms. *Wind Energy* 23 (6): 1394–1407. https://doi.org/10.1002/we.2492

NIEMI J. & TANTTU J.T. 2018. — Deep Learning Case Study for Automatic Bird Identification. *Applied Sciences* 8 (11): 2089. https://doi.org/10.3390/app8112089

NIPKO R.B., HOLCOMBE B.E. & KELLY M.J. 2020. — Identifying Individual Jaguars and Ocelots via Pattern-Recognition Software: Comparing HotSpotter and Wild-ID. *Wildlife Society Bulletin* 44 (2): 424–433. https://doi.org/10.1002/wsb.1086

NOROUZZADEH M.S., MORRIS D., BEERY S., JOSHI N., JOJIC N. & CLUNE J. 2021. — A deep active learning system for species identification and counting in camera trap images. *Methods in Ecology and Evolution* 12 (1): 150–161. https://doi.org/10.1111/2041-210X.13504

NOROUZZADEH M.S., NGUYEN A., KOSMALA M., SWANSON A., PALMER M.S., PACKER C. & CLUNE J. 2018. — Automatically identifying, counting, and describing wild animals in camera-trap images with deep learning. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 115 (25): E5716–E5725. https://doi.org/10.1073/pnas.1719367115

OTEROS J., PUSCH G., WEICHENMEIER I., HEIMANN U., MÖLLER R., RÖSELER S., TRAIDL-HOFFMANN C., SCHMIDT-WEBER C. & BUTERS J.T.M. 2015. — Automatic and Online Pollen Monitoring. *International Archives of Allergy and Immunology* 167 (3): 158–166. https://doi.org/10.1159/000436968

OTEROS J., WEBER A., KUTZORA S., ROJO J., HEINZE S., HERR C., GEBAUER R., SCHMIDT-WEBER C.B. & BUTERS J.T.M. 2020. — An operational robotic pollen monitoring network based on automatic image recognition. *Environmental Research* 191: 110031. https://doi.org/10.1016/j.envres.2020.110031

PÄRTEL J., PÄRTEL M. & WÄLDCHEN J. 2021. — Plant image identification application demonstrates high accuracy in Northern Europe. *AoB PLANTS* 13 (4): plab050. https://doi.org/10.1093/aobpla/plab050

PERRY J.R., SUMNER S., THOMPSON C. & HART A.G. 2021. — 'Citizen identification': online learning supports highly accurate species identification for insect-focussed citizen science. *Insect Conservation and Diversity* 14 (6): 862–867. https://doi.org/10.1111/icad.12528

PETSO T., JAMISOLA R.S. & MPOELENG D. 2021. — Review on methods used for wildlife species and individual identification. *European Journal of Wildlife Research* 68 (1): 3. https://doi.org/10.1007/s10344-021-01549-4

POTAMITIS I., ELIOPOULOS P. & RIGAKIS I. 2017. — Automated Remote Insect Surveillance at a Global Scale and the Internet of Things. *Robotics* 6 (3): 19. https://doi.org/10.3390/robotics6030019

POTTER L.C., BRADY C.J. & MURPHY B.P. 2019. — Accuracy of identifications of mammal species from camera trap images: A northern Australian case study. *Austral Ecology* 44 (3): 473–483. https://doi.org/10.1111/aec.12681

PRETI M., VERHEGGEN F. & ANGELI S. 2021. — Insect pest monitoring with camera-equipped traps: strengths and limitations. *Journal of Pest Science* 94 (2): 203–217. https://doi.org/10.1007/s10340-020-01309-4

PRICE TACK J.L., WEST B.S., MCGOWAN C.P., DITCHKOFF S.S., REEVES S.J., KEEVER A.C. & GRAND J.B. 2016. — AnimalFinder: A semi-automated system for animal detection in time-lapse camera trap images. *Ecological Informatics* 36: 145–151. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2016.11.003

RABINOVICH A., VEDALDI A. & BELONGIE S. 2007. — *Does Image Segmentation Improve Object Categorization?*

RAMALINGAM B., MOHAN R.E., POOKKUTTATH S., GÓMEZ B., BORUSU C., TENG T. & TAMILSELVAM Y. 2020. — Remote Insects Trap Monitoring System Using Deep Learning Framework and IoT. *Sensors (Basel, Switzerland)* 20. https://doi.org/10.3390/s20185280

RASSATI D., FACCOLI M., CHINELLATO F., HARDWICK S., SUCKLING D.M. & BATTISTI A. 2016. — Web-based automatic traps for early detection of alien wood-boring beetles. *Entomologia Experimentalis et Applicata* 160 (1): 91–95. https://doi.org/10.1111/eea.12453

RICHARDSON E., NIMMO D.G., AVITABILE S., TWORKOWSKI L., WATSON S.J., WELBOURNE D. & LEONARD S.W.J. 2018. — Camera traps and pitfalls: an evaluation of two methods for surveying reptiles in a semiarid ecosystem. *Wildlife Research* 44 (8): 637–647. https://doi.org/10.1071/WR16048

RIECHMANN M., GARDINER R., WADDINGTON K., RUEGER R., LEYMARIE F.F. & RUEGER S. 2022. — Motion vectors and deep neural networks for video camera traps. *Ecological Informatics* 69: 101657. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2022.101657

ROVERO F. & ZIMMERMANN F. 2016. — *Camera Trapping for Wildlife Research*.Pelagic Publishing Ltd. 362 p.

ROVERO F., ZIMMERMANN F., BERZI D. & MEEK P. 2013. — 'Which camera trap type and how many do I need?' A review of camera features and study designs for a range of wildlife research applications. *Hystrix, the Italian Journal of Mammalogy* 24 (2): 148–156. https://doi.org/10.4404/hystrix-24.2-8789

RUSTIA D.J.A., LIN C.E., CHUNG J.-Y., ZHUANG Y.-J., HSU J.-C. & LIN T.-T. 2020. — Application of an image and environmental sensor network for automated greenhouse insect pest monitoring. *Journal of Asia-Pacific Entomology* 23 (1): 17–28. https://doi.org/10.1016/j.aspen.2019.11.006

RZANNY M., MÄDER P., DEGGELMANN A., CHEN M. & WÄLDCHEN J. 2019. — Flowers, leaves or both? How to obtain suitable images for automated plant identification. *Plant Methods* 15 (1): 77. https://doi.org/10.1186/s13007-019-0462-4

SAARINEN N., VASTARANTA M., NÄSI R., ROSNELL T., HAKALA T., HONKAVAARA E., WULDER M.A., LUOMA V., TOMMASELLI A.M.G., IMAI N.N., RIBEIRO E.A.W., GUIMARÃES R.B., HOLOPAINEN M. & HYYPPÄ J. 2018. — Assessing Biodiversity in Boreal Forests with UAV-Based Photogrammetric Point Clouds and Hyperspectral Imaging. *Remote Sensing* 10 (2): 338. https://doi.org/10.3390/rs10020338

SHAKED B., AMORE A., IOANNOU C., VALDÉS F., ALORDA B., PAPANASTASIOU S., GOLDSHTEIN E., SHENDEREY C., LEZA M., PONTIKAKOS C., PERDIKIS D., TSILIGIRIDIS T., TABILIO M.R., SCIARRETTA A., BARCELÓ C., ATHANASSIOU C., MIRANDA M.A., ALCHANATIS V., PAPADOPOULOS N. & NESTEL D. 2018. — Electronic traps for detection and population monitoring of adult fruit flies (Diptera: Tephritidae). *Journal of Applied Entomology* 142 (1–2): 43–51. https://doi.org/10.1111/jen.12422

SHORT A.E.Z., DIKOW T. & MOREAU C.S. 2018. — Entomological Collections in the Age of Big Data. *Annual Review of Entomology* 63 (1): 513–530. https://doi.org/10.1146/annurev-ento-031616-035536

SPARKES J., FLEMING P.J.S., MCSORLEY A. & MITCHELL B. 2021. — How many feral cats can be individually identified from camera trap images? Population monitoring, ecological utility and camera trap settings. *Ecological Management & Restoration* 22 (3): 246–255. https://doi.org/10.1111/emr.12506

SPROTT A.H. & PIWOWAR J.M. 2021. — How to recognize different types of trees from quite a long way away: combining UAV and spaceborne imagery for stand-level tree species identification. *Journal of Unmanned Vehicle Systems* 9 (3): 166–181. https://doi.org/10.1139/juvs-2020-0040

STRÖBEL B., SCHMELZLE S., BLÜTHGEN N. & HEETHOFF M. 2018. — An automated device for the digitization and 3D modelling of insects, combining extended-depth-of-field and all-side multi-view imaging. *ZooKeys* (759): 1–27. https://doi.org/10.3897/zookeys.759.24584

SUN Y., LIU X., YUAN M., REN L., WANG J. & CHEN Z. 2018. — Automatic in-trap pest detection using deep learning for pheromone-based Dendroctonus valens monitoring. *Biosystems Engineering* 176: 140–150. https://doi.org/10.1016/j.biosystemseng.2018.10.012

TABAK M.A., NOROUZZADEH M.S., WOLFSON D.W., SWEENEY S.J., VERCAUTEREN K.C., SNOW N.P., HALSETH J.M., SALVO P.A.D., LEWIS J.S., WHITE M.D., TETON B., BEASLEY J.C., SCHLICHTING P.E., BOUGHTON R.K., WIGHT B., NEWKIRK E.S., IVAN J.S., ODELL E.A., BROOK R.K., LUKACS P.M., MOELLER A.K., MANDEVILLE E.G., CLUNE J. & MILLER R.S. 2019. — Machine learning to classify animal species in camera trap images: Applications in ecology. *Methods in Ecology and Evolution* 10 (4): 585–590. https://doi.org/10.1111/2041-210X.13120

TAKIMOTO H., SATO Y., NAGANO A.J., SHIMIZU K.K. & KANAGAWA A. 2021. — Using a two-stage convolutional neural network to rapidly identify tiny herbivorous beetles in the field. *Ecological Informatics* 66: 101466. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2021.101466

THEIVAPRAKASHAM H. 2021. — Identification of Indian butterflies using Deep Convolutional Neural Network. *Journal of Asia-Pacific Entomology* 24 (1): 329–340. https://doi.org/10.1016/j.aspen.2020.11.015

TROLLIET F., HUYNEN M.-C., VERMEULEN C. & HAMBUCKERS A. 2014. — Use of camera traps for wildlife studies. A review. *Biology Agriculture Science Environnement* 18: 446–454

TSAI M.-F. & TSENG H.-J. 2021. — Enhancing the identification accuracy of deep learning object detection using natural language processing. *The Journal of Supercomputing* 77 (7): 6676–6691. https://doi.org/10.1007/s11227-020-03525-2

URBANEK R.E. & SUTTON H. 2019. — Mesocarnivore presence and behavior on a barrier island during sea turtle nesting season. *Ocean & Coastal Management* 178: 104850. https://doi.org/10.1016/j.ocecoaman.2019.104850

VALAN M., MAKONYI K., MAKI A., VONDRÁČEK D. & RONQUIST F. 2019. — Automated Taxonomic Identification of Insects with Expert-Level Accuracy Using Effective Feature Transfer from Convolutional Networks. *Systematic Biology* 68: 876–895. https://doi.org/10.1093/sysbio/syz014

VAN HORN G., BRANSON S., FARRELL R., HABER S., BARRY J., IPEIROTIS P., PERONA P. & BELONGIE S. 2015. — Building a bird recognition app and large scale dataset with citizen scientists: The fine print in fine-grained dataset collection*In:* , Boston, MA, USA. IEEE. p. 595–604. https://doi.org/10.1109/CVPR.2015.7298658

VAN HORN G., MAC AODHA O., SONG Y., CUI Y., SUN C., SHEPARD A., ADAM H., PERONA P. & BELONGIE S. 2018. — The iNaturalist Species Classification and Detection Dataset. *arXiv:1707.06642 [cs]*

VILGATS M.S., OTT R. & COSTER S.S. 2021. — Camera trap survey suggests forestry and prescribed burns attract wildlife, but may not enhance diversity. https://doi.org/10.25778/FENX-2Z64

WÄGELE J.W., BODESHEIM P., BOURLAT S.J., DENZLER J., DIEPENBROEK M., FONSECA V., FROMMOLT K.-H., GEIGER M.F., GEMEINHOLZER B., GLÖCKNER F.O., HAUCKE T., KIRSE A., KÖLPIN A., KOSTADINOV I., KÜHL H.S., KURTH F., LASSECK M., LIEDKE S., LOSCH F., MÜLLER S., PETROVSKAYA N., PIOTROWSKI K., RADIG B., SCHERBER C., SCHOPPMANN L., SCHULZ J., STEINHAGE V., TSCHAN G.F., VAUTZ W., VELOTTO D., WEIGEND M. & WILDERMANN S. 2022. — Towards a multisensor station for automated biodiversity monitoring. *Basic and Applied Ecology* 59: 105–138. https://doi.org/10.1016/j.baae.2022.01.003

WÄLDCHEN J., RZANNY M., SEELAND M. & MÄDER P. 2018. — Automated plant species identification—Trends and future directions. *PLOS Computational Biology* 14 (4): e1005993. https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1005993

WELBOURNE D.J., MACGREGOR C., PAULL D. & LINDENMAYER D.B. 2015. — The effectiveness and cost of camera traps for surveying small reptiles and critical weight range mammals: a comparison with labour-intensive complementary methods. *Wildlife Research* 42 (5): 414–425. https://doi.org/10.1071/WR15054

WELBOURNE D.J., PAULL D.J., CLARIDGE A.W. & FORD F. 2017. — A frontier in the use of camera traps: surveying terrestrial squamate assemblages. *Remote Sensing in Ecology and Conservation* 3 (3): 133–145. https://doi.org/10.1002/rse2.57

WICH S.A. & KOH L.P. 2018. — *Conservation Drones: Mapping and Monitoring Biodiversity*.Oxford University Press. 126 p.

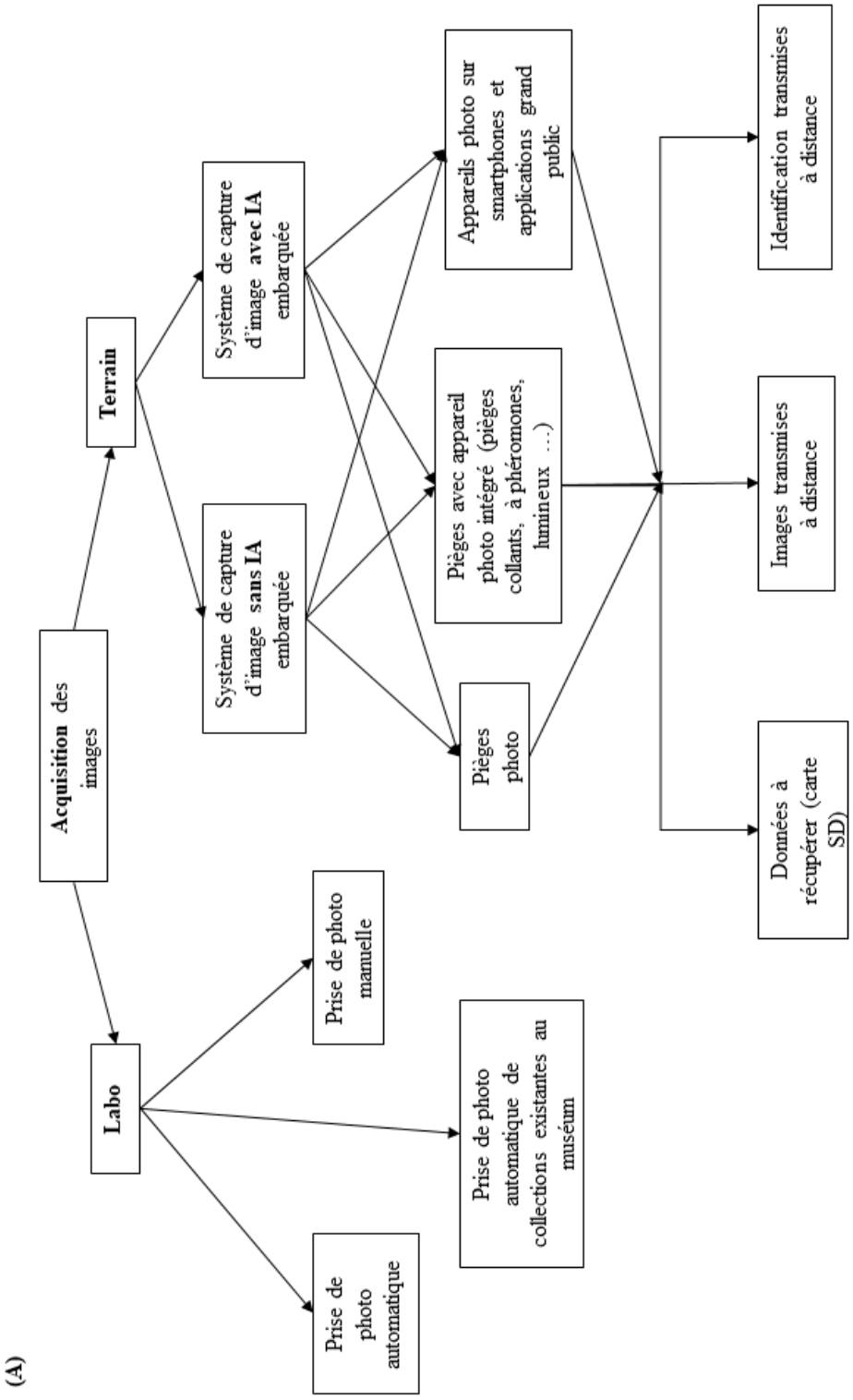
WILLI M., PITMAN R.T., CARDOSO A.W., LOCKE C., SWANSON A., BOYER A., VELDTHUIS M. & FORTSON L. 2019. — Identifying animal species in camera trap images using deep learning and citizen science. *Methods in Ecology and Evolution* 10 (1): 80–91. https://doi.org/10.1111/2041-210X.13099

WÜHRL L., PYLATIUK C., GIERSCH M., LAPP F., VON RINTELEN T., BALKE M., SCHMIDT S., CERRETTI P. & MEIER R. 2022. — DiversityScanner: Robotic handling of small invertebrates with machine learning methods. *Molecular Ecology Resources* 22 (4): 1626–1638. https://doi.org/10.1111/1755-0998.13567

YANG D., CHEN S., CHEN Y. & YAN Y. 2013. — Using Head Patch Pattern as a Reliable Biometric Character for Noninvasive Individual Recognition of an Endangered Pitviper. *Asian Herpetological Research* 4 (2): 134–139

YOUSIF H., YUAN J., KAYS R. & HE Z. 2019. — Animal Scanner: Software for classifying humans, animals, and empty frames in camera trap images. *Ecology and Evolution* 9 (4): 1578–1589. https://doi.org/10.1002/ece3.4747

Figures & tableaux



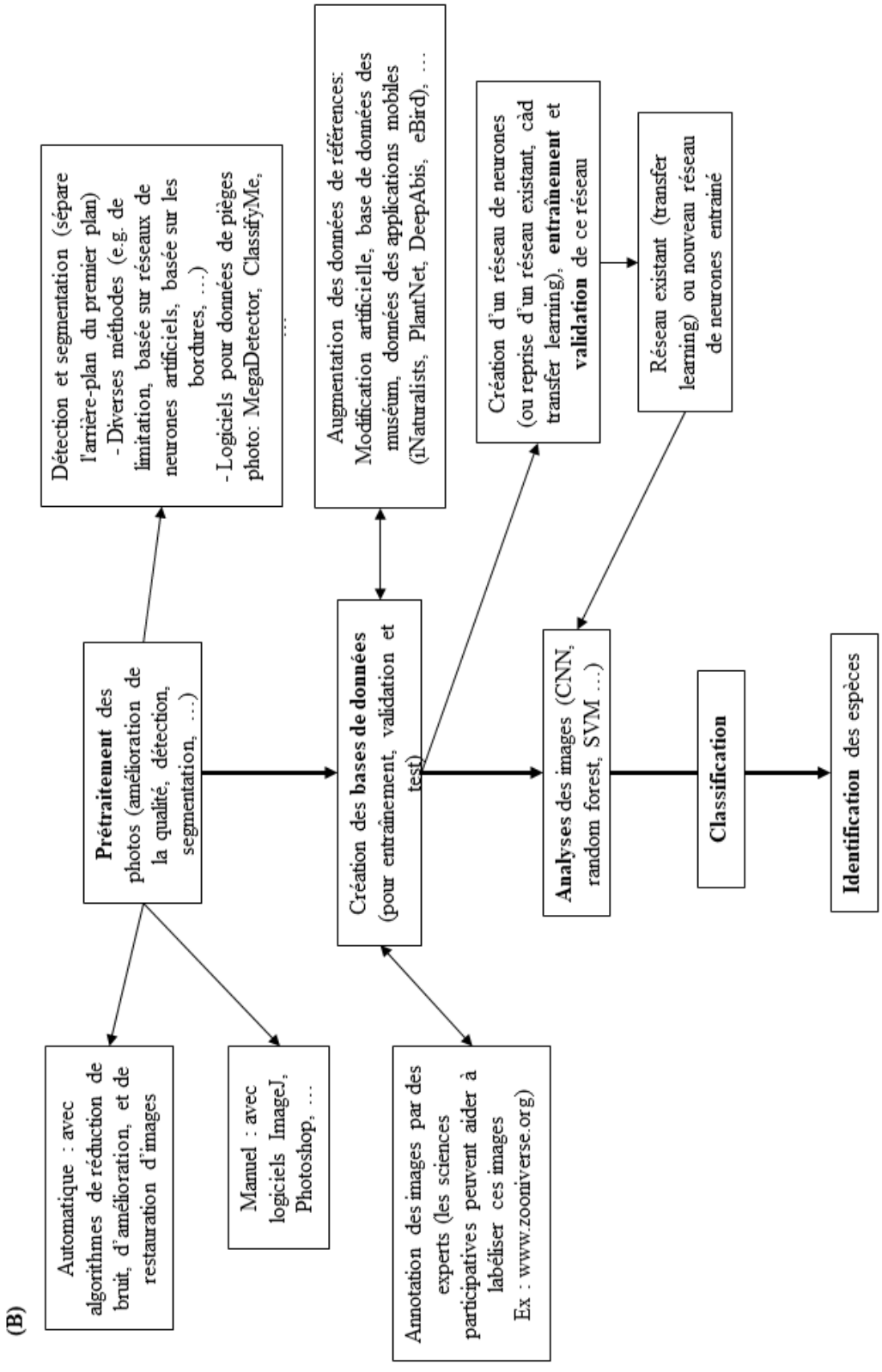


Figure 1. Schéma opérationnel sur l'identification des espèces à partir d'image, de l'acquisition de données en milieu terrestre (i.e. méthodologies et outils de capture, A) à la manière dont les images sont ensuite traitées pour la classification des espèces (i.e. gestion des données et analyses, B).

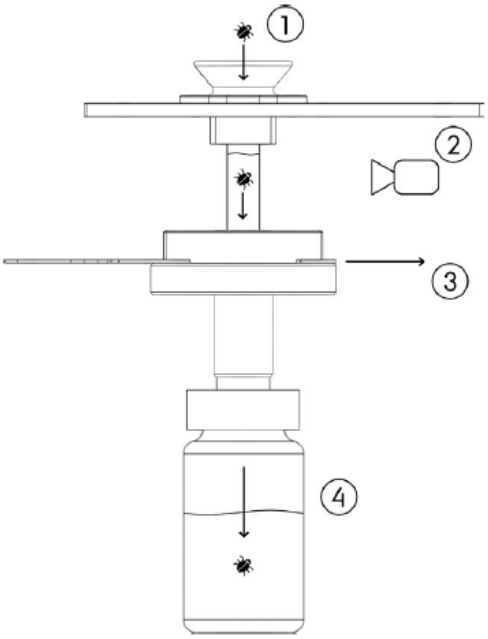


Figure 2. Fonctionnement de la machine BIODISCOVER (Figure extraite d'Ärje et al. 2020) (1) Un entonnoir permet de remplir la cuvette d'éthanol sans bulles d'air et on y dépose l'échantillon, (2) lorsque l'échantillon est dans l'éthanol, deux caméras capturent des images de celui-ci sous deux angles, (3) une vanne est alors ouverte pour faire tomber l'échantillon dans (4) un récipient pour pouvoir l'archiver par la suite. Ce système est connecté à un ordinateur avec un logiciel intégré qui contrôle la machine. Le programme est capable de détecter le spécimen et déclencher la capture d'image, ainsi que de recadrer les images (i.e. échantillon au centre de l'image). Les spécimens sont ensuite classifiés (grâce à un CNN) et le logiciel peut les trier dans différents contenants en fonction de la taille ou de la taxonomie. Les auteurs travaillent également sur la création d'un bras robotisé qui déposerait directement les échantillons afin d'automatiser complètement leur système.

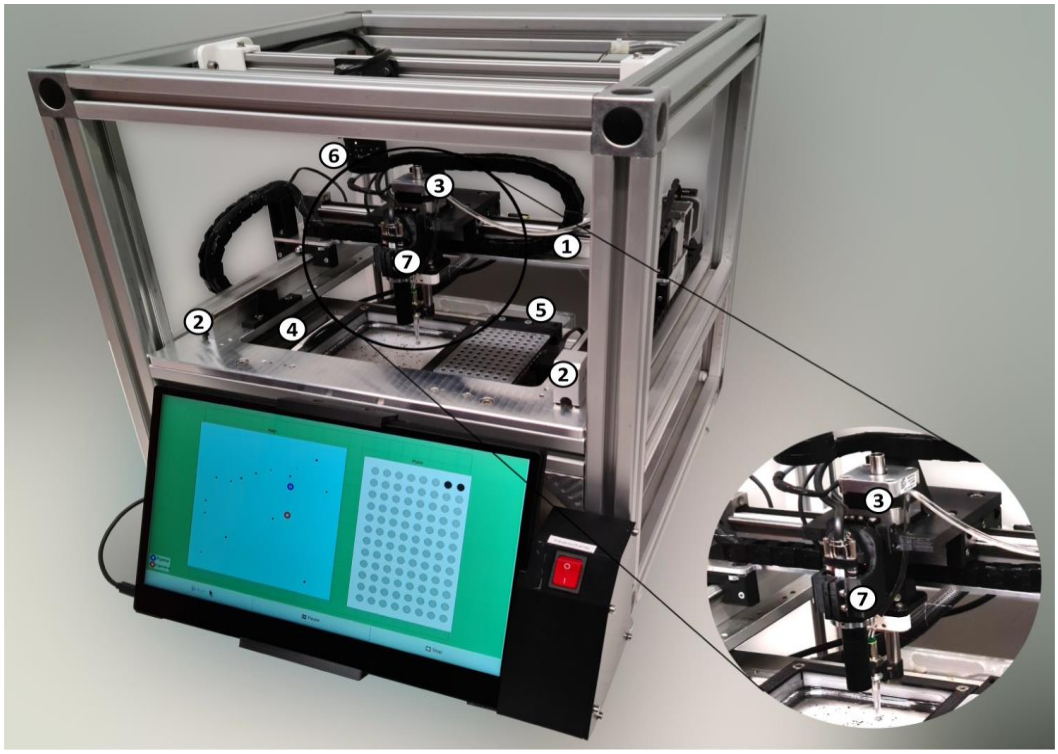


Figure 3. Image extraite de Wührl *et al.* (2022) représentant le robot de triage DiversityScanner avec (1) : axe x ; (2) : axe y ; (3) : axe z ; (4) : boîte de Pétri ; (5) : plaque de micropuits ; (6) : caméra d'aperçu, (7) : caméra de spécimen. L'écran tactile fournit des mises à jour sur le processus de tri (e.g. la détection des insectes, la position de l'embout de la pipette et le carmera du spécimen) et peut être utilisé pour démarrer et arrêter le robot. Le Raspberry Pi, l'unité de contrôle du moteur et le pousse-seringue sont cachés derrière l'écran.

Figure 4. Système de pièges photo (‘camera trap’) utilisé par Dundas et al (2019) : (A) et (B) ; et par Richardson et al. (2018) : (C) et (D), pour photographier les reptiles.

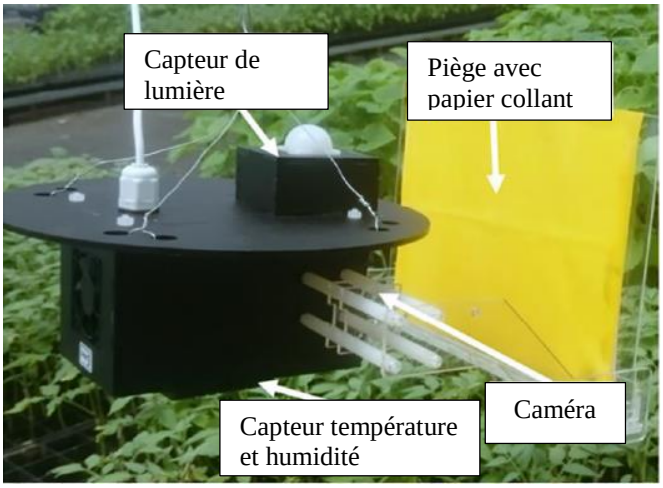


Figure 5. Piège avec papier collant, appareil photo intégré et permettant la transmission des données (extrait de Rustia et al. 2020). Les chercheurs ont développé un système intégré utilisant un appareil photo et des capteurs environnementaux pour acquérir simultanément et en continu des images de pièges, et mesurer la température, l'humidité et les niveaux d'intensité lumineuse dans une serre. Un algorithme de traitement d'image a été utilisé pour détecter et compter automatiquement les insectes nuisibles sur es les images. Les modules de capteurs sont reliés à un réseau de capteurs sans fil pour fournir des informations instantanées sur le nombre d'insectes et les conditions environnementales.

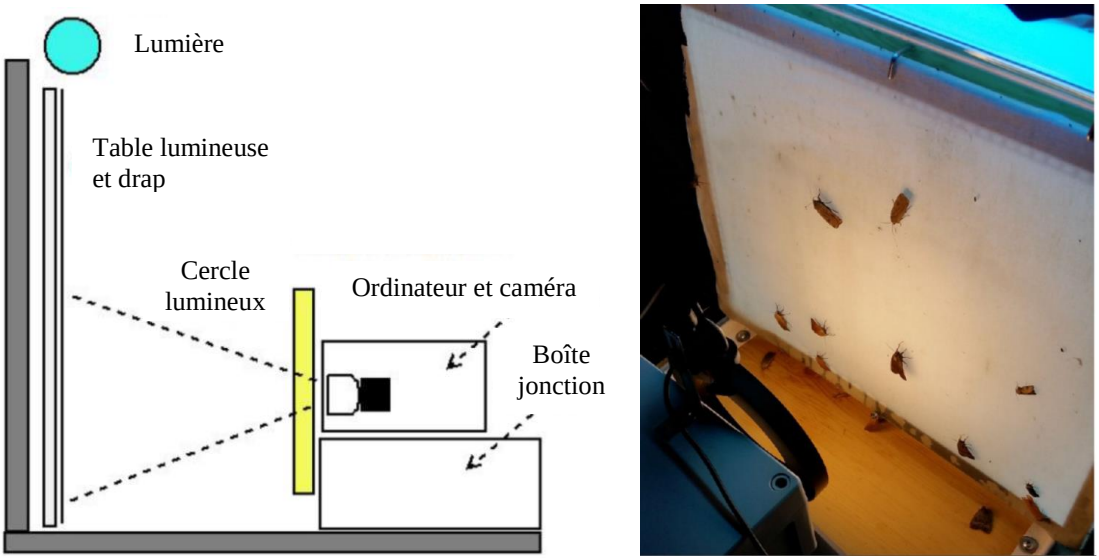
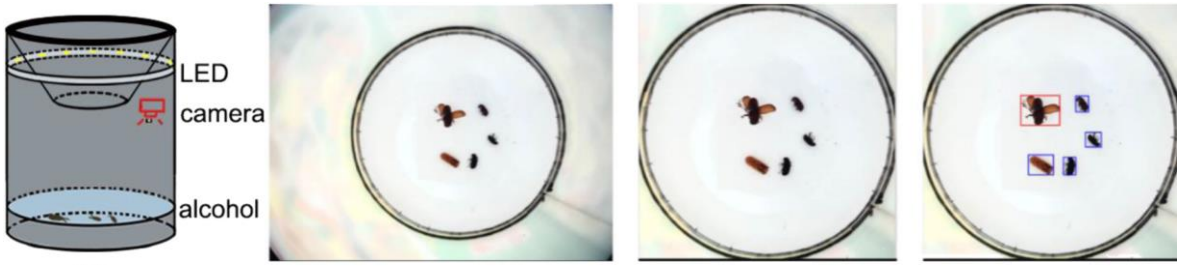


Figure 6. Bjerge et al. (2020) ont développé un piège lumineux portable avec IA intégrée. Le piège est constitué de différentes sources de lumière : une table lumineuse couverte d'un drap blanc et une lumière UV pour attirer les papillons de nuits vivants et d'anneaux lumineux pour éclairer les spécimens, ainsi que d'un appareil photo et d'un ordinateur. Le système attire les papillons et prend automatiquement des photos après détection de mouvement. Il est également muni d'un algorithme capable de détecter et reconnaître 8 espèces de papillons de nuit.



(A) (B) (C) (D)

Figure 7. Acquisition et annotation d'images dans un piège à phéromones (Sun et al. 2018). (A) Les images ont été acquises par la caméra intégrée dans la coupelle de collecte du piège à phéromones. Une bande lumineuse LED a été installée sur la paroi de la coupelle afin de contrôler l'exposition. (B) La coupelle est prise en photo par l'appareil (image d'origine dans le piège sans contraintes), (C) l'image est recadrée, et (D) un exemple d'image avec annotations (la boîte rouge représente l'espèce d'intérêt).

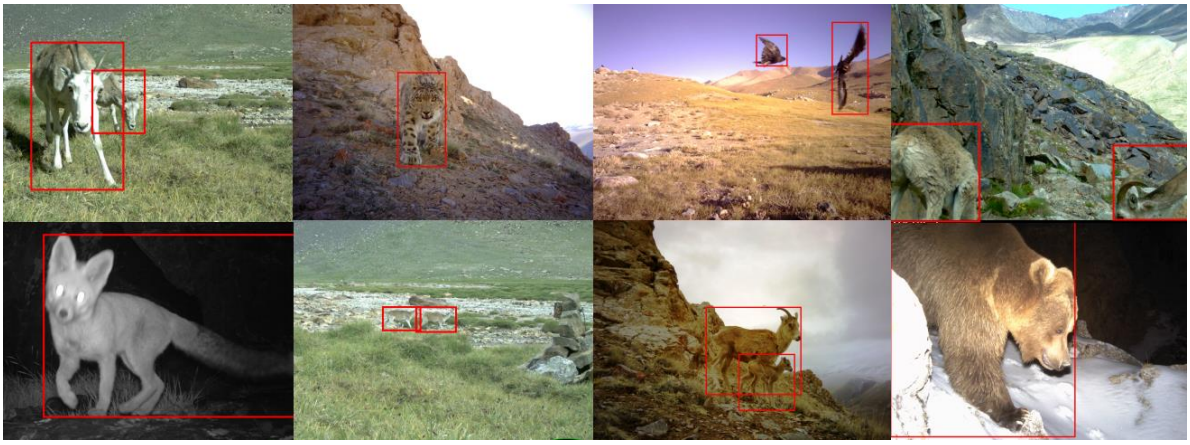


Figure 8. https://github.com/microsoft/CameraTraps/blob/master/megadetector.md

Une équipe de recherche a créé un détecteur d'animaux sur images provenant de pièges photo – appelé MegaDetector – qui est capable de détecter et localiser des animaux dans divers écosystèmes du monde entier (ici nous voyons les résultats de ce détecteur sur des images provenant de différentes régions ; Beery et al. 2019). Ce système fonctionne également sur des espèces qui n'ont pas été observé pendant la phase d'entraînement du modèle de détection. La détection et localisation des individus permet de: (1) réduire considérablement le temps passé à filtrer les images vides de ce type de piège photo, et (2) simplifier le processus d'entraînement pour la classification des espèces par la suite, puisque les images peuvent être recadrées sur chaque spécimen détecté (i.e. la classification se fait ainsi directement sur les pixels 'animaux' et non pas les pixels de l'arrière-plan).

Exemple de pièges commerciaux	Groupe taxonomique	Détails
SnapTrap https://www.snaptrap.com.au/	mouche des fruits, le carpocapse et autres ravageurs horticoles	Système de suivis des pièges pour les producteurs de fruits pour optimiser la gestion des ravageurs, la biosécurité et la production. Rassemble les photos, les enregistrements des capteurs et d'autres données pour une analyse en ligne.
DTN Smart Trap https://www.dtn.com/agriculture/agribusiness/smart-trap/	Ravageurs de cultures	Piège intelligent à comptage automatique avec décomptes quotidiens des populations de ravageurs. La caméra embarquée détecte, compte et signale et nuisibles en temps quasi réel et peut faire la distinction entre ravageurs ciblés et non ciblés. Accès aux photos et décomptes pour vérification sur plateforme web.
CapTrap http://www.captrap.io/Pieges/produits.php	Ravageurs des cultures	Produits proposés par Cap2020 pour le piégeage des ravageurs. Pièges connectés (piège entonnoir avec phéromone, piège nasse avec phéromone et piège vision avec plaques engluées), non connectés et liste d'accessoires disponibles. Les comptages sont envoyés sur un compte CapTrap et permettent un suivi en temps réel de la présence du ravageur.
e-GLEEK http://www.e-gleek.com/	Pucerons, cicadelle, carpocapse, méligèthe, charançon, tordeuse(s) et thrips	Piège connecté (3 modèles) qui analyse le nombre d'insectes volant piégés et émet des alertes lorsqu'un vol d'insectes est détecté ou lorsque la feuille gluante est saturée. Classification des insectes par taille.

	propose l'identification d'insectes spécifiques aux cultures	La version 3G met à disposition les résultats et les images sur un compte utilisateur. Jusqu'à trois espèces d'insectes peuvent être suivies simultanément.
Trapview https://trapview.com/	Divers ravageurs de cultures	Fournit un aperçu de la situation en temps réel, peut prévoir la situation future des parasites et simuler différents scénarios de mesures de protection des plantes. Accès aux données à distance.
iSCOUT https://metos.at/fr/iscout/	Insectes des milieux agricoles	Piège à insectes avec un système électronique intégré (caméra, modem, source d'alimentation avec panneau solaire) et une plaque collante. Propose différents types de pièges, pour couvrir un large éventail d'espèces d'insectes. Toutes les photos et données des logiciels de vision par ordinateur sont affichées en ligne, sur la plateforme web FieldClimate.
BEECAM http://www.advansee.com/bee_home	Caractérise les interactions entre le monde animal et les végétaux.	BEECAM est associée à des logiciels de comptage et d'analyse, et permet de réaliser divers inventaires (agronomie, milieux agricole, viticole, ...) Exemple: comptage des pollinisateurs (volants ou terrestres) en plein champ, analyse de l'activité des ruches, suivi et analyse du développement d'une maladie sur un végétal, phénotypage ...
Reconyx https://www.reconyx.com/product/Professional_Series	Mammifères, reptiles, amphibiens, oiseaux	Pièges photographiques (divers modèles et possibilité de transmettre les photos à distance) permettant de prendre des photos ou vidéos de façon programmable. Options de personnaliser les modèles.

Bushnell https://www.bushnell.com/trail-cameras-2/	Mammifères, reptiles, amphibiens, oiseaux	Pièges photographiques avec des modèles de divers spécificité, permettant de prendre des photos ou vidéos et avec possibilité de transmission sans fil.
https://www.natural-solutions.eu/i-feed-bird-mangeoire-connectee ou https://mybirdbuddy.com/	Oiseaux	Développement de diverses mangeoires avec système de caméras connectées permettant l'identification des espèces d'oiseaux pris en photo et la transmission des données.
Smart Bridge https://www.hackthepoacher.com/smart-camera-trap	Mammifères, reptiles, amphibiens, oiseaux	Système modifiant les pièges photographiques existants et utilise l'apprentissage automatique pour analyser les photos en temps réel sur l'appareil afin de détecter les animaux et les humains. Le système envoie des alertes aux rangers (développé pour lutter contre le braconnage) si quelque chose a été détecté. Equipé d'une liaison satellite le système peut fonctionner n'importe où sur le globe sans aucune dépendance à un réseau GSM/Wifi ou Lora.

Tableau 1. Exemples de pièges avec appareil photo incluant ou non un système d'intelligence artificielle et commercialisés.

Groupe taxonomique	Etudes basée sur la reconnaissance d'espèces à partir d'images
Mammifères	Gomez Villa *et al.* 2017; Norouzzadeh *et al.* 2018, 2021; Gracanin *et al.* 2019; Potter *et al.* 2019; Willi *et al.* 2019; Nipko *et al.* 2020; Falzon *et al.* 2020; Duggan *et al.* 2021; Sparkes *et al.* 2021
Amphibiens & reptiles	Mettouris *et al.* 2016; Moore *et al.* 2020; Bardier *et al.* 2020; Gould *et al.* 2021a, 2021b
Oiseaux	Niemi & Tanttu 2018; Niemi & Tanttu 2020; Ferreira *et al.* 2020; Fan *et al.* 2021; Tsai & Tseng 2021
Arthropodes	Hansen *et al.* 2020; Bjerge *et al.* 2021; Li *et al.* 2021; Takimoto *et al.* 2021; Gerovichev *et al.* 2021; Perry *et al.* 2021; Preti *et al.* 2021; Theivaprakasham 2021; Butera *et al.* 2022; De Cesaro Júnior *et al.* 2022
Plantes	Wäldchen *et al.* 2018; Kattenborn *et al.* 2019; Rzanny *et al.* 2019; Figueroa-Mata & Mata-Montero 2020; Mohtashamian *et al.* 2021; Pärtel *et al.* 2021; Wägele *et al.* 2022
Arbres	Saarinen *et al.* 2018; Fricker *et al.* 2019 ; Martin *et al.* 2020; Modzelewska *et al.* 2020; Natesan *et al.* 2020; Diez *et al.* 2021; Liu *et al.* 2021; Mäyrä *et al.* 2021 ; La Rosa *et al.* 2021; Moura *et al.* 2021; Homan & Du Preez 2021; Sprott & Piwowar 2021

Tableau 2. Exemples d'études sur l'identification d'espèces à partir d'images.

		Estimation A	Estimation B	
		Coûts interne	Coût interne	Coût sous-traitance
Identification à partir d'images				
Acquisition des données terrain	Caméras	200 €	100€+3m/h	340 € Captrap vision clés en mains, prix pour une campagne d'acquisition de 4 mois avec frais télécom, archivage, interface. Prix valable pour 1 dispositif, dégressivité avec nombre.
	Pièges	200 €	50 €	
	Télétransmission	100 €	150€+4m/h *	
	Carte mémoire	100 €	30	
	Source d'énergie : batteries ou panneau solaire	100 €	100€+2m/h	
	Abonnements transmission données	50 €	20€+2m/h	
	Archivage des données	100 €	20€+2m/h	
	Coût temporel (hommes-jours) par unité d'échantillonnage (installation, montage, ...)	10 (j/h)	1 à 2 j/h **	
Gestion des données brutes	Développement algorithme - apprentissage automatique (temps apprentissage CNN)	20 (j/h)	6 m/h ou plus Développement initial de l'architecture algorithmique, y compris hors CNN : segmentation, nettoyage de l'image, etc...	
	Coût de l'application du réseau de neurone sur les données (heure de travail)	10 (j/h)	coût négligeable, 6 à 7 h d'apprentissage selon machine, et moins si GPU	
	Transfer learning (temps d'apprentissage CNN)	10 (j/h)	négligeable	
	Centre de calcul (accès aux ressources informatiques, puissances de calcul)	10 (j/h)	~ 2 k€ (station de travail classique si possible avec GPU ou cloud)	
	Données de référence (création librairie si nécessaire)		30 à 40 j/h (acquisition du jeu de données, préparation des données de campagne de 4 mois)	
Autre	Divers coûts liés à l'acquisition ou à la gestion des données	100 €	On peut ajouter : - adaptation mécanique de l'électronique au dispositif - adaptation de la prise d'image, éclairage, première validation (POC) pour faisabilité de la classification à partir des images acquises et éventuellement modification éclairage, résolution, etc... - travail sur la durabilité du dispo - éventuellement : certifications electromagnétique	

Tableau 3: Estimation des coûts liés à l'identification des espèces à partir d'images (les chiffres fournis ici sont présentés comme des ordres de grandeur). L'estimation A est faite par un chercheur spécialisé dans les études sur l'intelligence artificielle et la reconnaissance d'image (en particulier dans les applications de détection et d'identification d'objets naturels). L'estimation B est faite par une société qui travaille avec et conçoit large gamme

de pièges automatiques et connectés (avec algorithmes embarqués) pour répondre à la problématique de suivi des insectes ravageurs sur les territoires agricoles.

* Considère que ce n'est pas juste télétransmission mais une carte électronique pour piloter la prise d'image, transmettre les infos. Le pilotage de la prise d'image, s'il est basé sur un événement extérieur doit être asservi à un capteur (mouvement, détection, etc...)

** campagne de 4 mois, 1 relevé manuel par mois (nettoyage piège, renouvellement attractif si attractif, installation démontage, et une intervention dépannage éventuelle, le tout tenant compte de l'économie d'échelle lorsqu'on a plusieurs dispositifs.

II-Q

Suivis de biodiversité par la reconnaissance des espèces basée sur l'ADN: perspectives et défis

Biodiversity monitoring with species recognition based on DNA: perspectives and challenges

Hélène Le Borgne[1] & Christophe Bouget[1]

[1] INRAE - UR Ecosystèmes forestiers, Domaine des Barres, F-45290 Nogent-sur-Vernisson

Auteur correspondant : Hélène Le Borgne

Email : helene.le.borgne.1@gmail.com

Résumé

Face aux changements globaux actuels, l'enjeu des suivis de la dynamique de la biodiversité est croissant et entraîne une forte demande d'évaluations rapides et détaillées des changements de biodiversité. L'identification moléculaire des espèces est ainsi de plus en plus utilisée pour remplacer ou compléter les méthodes de surveillance écologique plus classiques. Le métabarcoding est considéré comme un outil de surveillance, car il permet de générer des données sur la biodiversité de manière rapide, précise et fiable, sur un large éventail d'organismes. Ce type de méthodologie est particulièrement intéressant pour les observatoires dépourvus de l'expertise nécessaire pour distinguer les nombreuses espèces de groupes hyper diversifiés comme les insectes. La reconnaissance des espèces à partir de l'ADN d'échantillons environnementaux (ADNe), tels que l'eau, les sédiments, le sol, l'air ou diverses matières organiques, a un large champ d'application. Par son caractère non invasif et non destructif, ces approches sont importantes pour l'évaluation déontologique de la biodiversité. Les chercheurs intègrent de plus en plus l'ADNe dans leurs études pour la biosurveillance en raison de sa précision et de sa facilité de déploiement. Dans ce document, nous donnons un aperçu des champs d'application des méthodes basées sur l'ADN pour le suivi de la biodiversité, des méthodes d'acquisition des données, de traitement des données pour la classification des espèces, et nous évoquons les défis inhérents à chacune de ces étapes.

Mots clés : biodiversité, ADN, métabarcoding, ADN environnemental, identification

Abstract

In response to ongoing global changes, the challenge of monitoring the dynamics of biodiversity is growing and leads to a strong demand for rapid and detailed assessments of changes in biodiversity. Molecular identification of species is thus increasingly used to replace or complement more traditional ecological monitoring methods. Metabarcoding is considered a monitoring tool because it can generate biodiversity data quickly, accurately and reliably on a wide range of organisms. This type of methodology is particularly interesting for monitoring systems lacking the expertise to distinguish the many species of hyper diverse groups such as

insects. Species recognition based on DNA from environmental samples (eDNA), such as water, sediments, soil, air, or various biotic materials, has a wide range of applications. Because of its non-invasive and non-destructive nature, these approaches are important for the ethical assessment of biodiversity. Researchers are increasingly incorporating eDNA into their biomonitoring studies because of its accuracy and ease of deployment. In this paper, we provide an overview of the scopes of DNA-based methods for biodiversity monitoring, data acquisition methods, data processing for species classification, and discuss the challenges inherent in each of these steps.

Keywords: biodiversity, DNA, barcoding, metabarcoding, environmental DNA, identification

Table des matières

I – Acquisition des données moléculaires pour les méthodes génétiques ..... II-Q 5

1. Barcoding d'un spécimen ..... II-Q 5
2. Métabarcoding d'une communauté ..... II-Q 8
3. ADN environnemental ..... II-Q 12
   a. Identification d'espèces à partir des liquides de piégeage ou de conservation .. II-Q 15
   b. Suivis de biodiversité en milieu aquatique ..... II-Q 18
   c. Suivis de biodiversité dans le sol ..... II-Q 20
   d. Suivis de biodiversité atmosphérique ..... II-Q 22
   e. Suivis de biodiversité grâce à d'autres sources d'ADNe ..... II-Q 23

II – Considérations techniques pour l'échantillonnage de matériel génétique ..... II-Q 26

1. Décontamination et manipulation des échantillons d'ADN ..... II-Q 26
2. Méthodologies de conservation et archivage des échantillons ..... II-Q 28
3. Traitement des échantillons en laboratoire ..... II-Q 29
   a. Extraction ..... II-Q 30
   b. Amplification par PCR ..... II-Q 31
   c. Séquençage ..... II-Q 34
4. Autres approches méthodologiques ..... II-Q 37
   a. Abondance et quantification : qPCR et ddPCR ..... II-Q 37
   b. Métagénomique ..... II-Q 38

III – Traitement des données de séquençage et identification des espèces ..... II-Q 40

1. Analyse et outils bio-informatiques ..... II-Q 40
2. Bases de données de référence ..... II-Q 43
3. Méthodes génétiques et programmes de sciences citoyennes ..... II-Q 44

IV – Conclusion ..... II-Q 46

Remerciements ..... II-Q 48

Références ..... II-Q 49

Figures & tableaux ..... II-Q 70

I – Acquisition des données moléculaires pour les méthodes génétiques

1. Barcoding d'un spécimen

L'ADN contient des informations génétiques spécifiques à chaque espèce et certains fragments d'ADN sont très conservés au sein d'une même espèce, mais variables entre les espèces. De courts fragments d'ADN composés d'une région hypervariable et appelés code-barres ADN ou marqueurs génétiques, sont utilisés pour discriminer les espèces. Le terme barcoding fait ainsi référence à l'identification taxonomique des espèces basée sur le séquençage d'un seul échantillon. Les régions conservées du code-barres ADN permettent de définir des amorces qui serviront à amplifier ces gènes chez la plupart des organismes. Les marqueurs pour le barcoding vont être soit des gènes codant des protéines (e.g. COI ou rbcL), soit des gènes ribosomiques (e.g. 18S, 16S, …), et peuvent donc être construits différemment. Bien que les gènes codant pour des protéines soient généralement uniformes - le code génétique étant redondant - certaines bases vont varier selon les espèces et permettre ainsi une bonne identification des espèces. En couplant le séquençage des spécimens avec une base de données associant des séquences génétiques de référence à des noms de taxa, on est capable de faire une identification fiable et simple d'un spécimen.

Le barcoding peut donc être défini comme le séquençage d'un marqueur génétique spécifique et servant de code-barres normalisé (e.g. région du gène COI du génome mitochondrial pour les animaux) qui est caractérisé par une forte spécificité au sein d'une espèce et une grande variabilité entre les espèces. En effet, l'analyse des divergences de séquence d'ADN mitochondrial permet de capturer les discontinuités biologiques reconnues par les taxonomistes comme des espèces car elles sont ordinairement plus importantes entre les espèces qu'au sein des espèces. Dans le cas des espèces animales, le marqueur génétique choisi comme code-barres ADN standard pour leur discrimination est un fragment d'environ 650 paires de bases du gène mitochondrial codant la Cytochrome c Oxydase I (COI). Le marqueur COI est sélectionné pour identifier les espèces animales en raison de ses petites différences intra-spécifiques et de ses grandes différences inter-spécifiques (Hebert *et al.* 2003, 2004). Il a été démontré que le COI permet de faire des identifications au niveau des espèces pour de nombreux groupes taxonomiques d'animaux comme les insectes, les oiseaux, les poissons ou encore les crustacés. Par exemple, une étude a démontré que les codes-barres COI étaient efficaces pour différencier les espèces d'oiseaux nord-américains, tout en identifiant quatre nouvelles espèces probables (Hebert *et al.* 2004). Chez les plantes, trois régions du génome du

chloroplaste (rbcL, matK et trnH-psbA) ainsi que la région ITS ribosomale nucléaire ont été utilisées comme codes-barres ADN. Le code-barres ADN est également un outil puissant pour l'identification des échantillons de champignons avec la région ITS comme marqueur (Xu 2016).

Les codes-barres ADN sont de plus en plus utilisés dans les études de la biodiversité car ils permettent notamment la discrimination d'un large éventail d'espèces (e.g. oiseaux, chauves-souris, mammifères, divers invertébrés, …), l'identification de nouveaux taxa, l'identification de juvéniles (voire d'oeufs), ou encore la détection d'espèces cryptiques (Rougerie *et al.* 2009). Par exemple, le barcoding a été utilisé dans une étude sur les vers de terre et aidé à la discrimination des espèces, à l'identification des spécimens fragmentés et des juvéniles qui étaient non identifiables en regardant uniquement la morphologie (Decaens *et al.* 2013). Les grains de pollen présentent des morphologies souvent spécifiques à l'espèce, mais il reste parfois difficile de discriminer les espèces étroitement apparentées morphologiquement. Par conséquent l'utilisation d'outils moléculaires comme les code-barres ADN pour identifier de tels organismes semble avoir un fort potentiel et a été appliqué avec succès à divers groupes taxonomiques, incluant les plantes et leur pollen (Hebert *et al.* 2003; Chen *et al.* 2010). La méthodologie innovante du code-barres ADN pourrait compenser la perte d'expertise taxonomique, car une fois les séquences de référence établies avec l'appui des experts taxonomistes, la technique est autonome. Bien que l'utilisation de codes-barres ADN réduira vraisemblablement la tâche d'identification standard des taxonomistes, ils continueront à jouer un rôle essentiel dans l'analyse des complexes d'espèces soulevés par la génétique, dans la description de la grande partie inconnue de la biodiversité et tout en bénéficiant d'un outil efficace de révision (Rougerie *et al.* 2009).

Actuellement, les codes-barres ADN sont couramment utilisés pour identifier des spécimens bien spécifiques et l'approche a des applications dans la conservation de la biodiversité, la gestion de l'environnement, la biologie des invasions (voir Encart), ou encore l'étude des interactions trophiques. Cette méthodologie est notamment importante pour associer une séquence aux spécimens de référence des collections d'histoire naturelle et le dépôt de leurs séquences uniques dans les bases de données de référence, qui pourront être ensuite utilisés pour attribuer des séquences inconnues à des espèces connues. Les informations taxonomiques associées aux codes-barres standard permettent ainsi d'identifier les séquences de métabarcoding (i.e. MOTUs – Molecular Operational Taxonomic Unit – ou OTUs pour unités taxonomiques opérationnelles moléculaires, voir section suivante). L'approche des code-barres

ADN fait des liens entre les écologistes moléculaires et les taxonomistes morphologiques en générant des bases de données de référence basées sur des spécimens vérifiés et conservés (Cristescu 2014).

Les avantages de cette méthode sont nombreux et incluent le fait qu'elle: (1) est reproductible (vérifiable), (2) peut parfois être plus rapide et moins coûteuse que les identifications morphologiques traditionnelles, (3) est accessible à tous et en tout lieu où des installations de séquençage existent, (4) peut être utilisée pour les plus petits animaux, et (5) fonctionne pour tous les stades de la vie et tous les types de tissus organiques (Rougerie *et al.* 2009; Decaens *et al.* 2013) (6) permet d'utiliser les OTUs non assignées dans les études écologiques. Les codes-barres ADN peuvent représenter une ressource cruciale pour discriminer les groupes ayant peu d'expertise taxonomique disponible. Par ailleurs la plupart des étapes de cette méthodologie peuvent être sous-traitées à des laboratoires commerciaux si les chercheurs ou les naturalistes n'ont ni les compétences techniques, ni les équipements nécessaires pour effectuer des analyses génétiques. Un des inconvénients couramment notés est que l'utilisation d'un seul marqueur mitochondrial de niveau de divergence arbitraire peut occasionner des faux négatifs (e.g. codes-barres ADN identiques dans deux espèces différentes) et des faux positifs (e.g. différents codes-barres ADN entre individus appartenant à la même espèce). C'est pourquoi, il est conseillé d'utiliser les codes-barres ADN avec prudence en associant plusieurs marqueurs génétiques et en les combinant avec d'autres données telles que la morphologie ou des caractéristiques écologiques, éthologiques et biogéographiques (Rougerie *et al.* 2009).

Ces méthodologies basées sur l'ADN sont intrinsèquement différentes des approches classiques d'identification des espèces. Tout d'abord, elles requièrent des méthodologies d'échantillonnage préservant l'ADN (voir section II.2). Il y a également plusieurs étapes de laboratoire (i.e. extraction de l'ADN, amplification par PCR et séquençage, voir aussi section II.3), qui vont nécessiter des connaissances techniques et un choix éclairé à chaque étape pour une détection fiable des espèces (Fig. 1). Finalement, l'interprétation des données obtenues après séquençage requiert certaines compétences spécifiques en bio-informatique (voir aussi section III.1) (Liu *et al.* 2020).

2. Métabarcoding d’une communauté

Plus récemment, les améliorations techniques et les réductions de prix du séquençage à haut débit ont permis l’extension du barcoding à l'identification d’ADN que l’on peut qualifier de multi-spécifique. Le métabarcoding élargit ainsi l'identification basée sur l'ADN des spécimens d’espèces aux communautés d'individus appartenant à plusieurs espèces (Ruppert *et al.* 2019; Compson *et al.* 2020). Cette méthode d'identification multi-spécifique implique un séquençage parallèle massif d'échantillons d’ADN issu d’un échantillon mixte ou composite (i.e. mélange d’organismes entiers collectés sur le terrain) ou d’ADN environnemental (Voir section I.3), en utilisant des amorces d’amplification plus ou moins génériques. Le métabarcoding peut soit cibler des groupes spécifiques d'organismes (i.e. amorces ciblées), soit cibler plusieurs groupes taxonomiques (i.e. amorces générales ou universelles). Le rythme rapide des progrès et la baisse des coûts laissent envisager que le métabarcoding devienne un outil standard pour les écologistes dans le futur (Deiner *et al.* 2017).

Pour utiliser cette méthode, il faut vérifier qu’il est possible de définir des amorces spécifiques pour le gène choisi, et que la taille du fragment à amplifier (i.e. amplicon) est compatible avec la longueur des séquences obtenue avec la technologie de séquençage choisie (Falentin *et al.* 2019). Le choix du marqueur est essentiel et se décline en fonction des groupes d’espèces étudiées (cf I.1. Barcoding). L’ADN peut être dégradé et l'amplification de ces fragments d'ADN plus courts doit être pris en compte pour l’utilisation de codes-barres normalisés. Le fragment amplifié doit avoir une bonne résolution taxonomique et être discriminant, idéalement au niveau de l'espèce. L’efficacité de l’attribution taxonomique va dépendre du degré de complétude de la base de référence contenant les codes-barres, ce qui représente une des grandes difficultés actuelles liées à l’interprétation des données de métabarcoding. Lors du choix du code-barres, il est donc important de prendre en compte la disponibilité d'une base de données de référence taxonomique complète et qu’elle soit basée sur plusieurs spécimens morphologiquement vérifiés et conservés pour couvrir la variabilité génétique de chaque espèce. Les estimations de la biodiversité de ces études vont donc dépendre de la résolution du marqueur utilisé, de la qualité des séquences, et finalement des pipelines bio-informatiques utilisés (voir aussi section III).

Par ailleurs, il est possible d’utiliser une approche de métabarcoding multi-marqueurs afin de pouvoir faire des suivis de biodiversité de plusieurs groupes taxonomiques en combinant les marqueurs les plus utilisés pour chacun des taxa ciblés (e.g. 16S pour les procaryotes, COI et 18S pour les animaux et rcbl ou matK pour les plantes) (Drummond *et al.* 2015). L’utilisation

de deux marqueurs peut parfois fournir des données complémentaires sur le même groupe taxonomique dans l'échantillon. Ainsi, un marqueur conservé avec une couverture taxinomique élevée (e.g. 18S), assurant la détection de tous les groupes principaux du taxon cible, combiné avec un marqueur plus variable (e.g. COI), fournissent des informations à une résolution taxonomique plus élevée, mais au prix d'un certain biais d'amplification (Marquina *et al.* 2019).

Comme énoncé précédemment, les banques de données de référence ne sont pas exhaustives et il n'est pas toujours possible de faire une assignation taxonomique sur les séquences obtenues après séquençage. De plus, l'identification spécifique des MOTUs a tendance à être biaisée en faveur des espèces les mieux connues qui sont généralement les premières référencées dans les bases de données. Même sans aller jusqu'à l'identification de l'espèce, les unités taxonomiques opérationnelles moléculaires sont des lectures correspondant à un groupe taxonomique individualisé. Il est donc tout à fait possible de garder les MOTUs comme des inconnues pour les analyses de communautés et ainsi associer les taxa connus et inconnus dans ces analyses. En effet, certaines analyses écologiques de la richesse et de la composition spécifiques ne nécessitent pas l'identité taxonomique, et l'utilisation des unités taxonomiques opérationnelles moléculaires ou des variants de séquences d'amplicons (ASV, Amplicon Sequence Variants voir section III) reste suffisante. Considérant les avancées rapides au niveau des différentes technologies associées au métabarcoding, il est facile de penser que les données de séquences brutes ou les ADN archivés pourront être ré-analysées avec des pipelines bio-informatiques améliorés ou de nouvelles bases de données de référence dans le futur.

Les invertébrés sont parmi les taxa les plus étudiés avec la méthodologie de métabarcoding dans les études de suivis de la biodiversité terrestre ou d'eau douce (Liu *et al.* 2020). Ainsi, le métabarcoding à base d'échantillons composites nécessite simplement que le personnel soit capable d'effectuer des protocoles de collecte d'échantillons standards (e.g. pièges Malaise, Winkler ou pièges lumineux) et des techniques de laboratoire. Les spécimens sont ensuite le plus souvent broyés pour former une pâte (e.g. Watts *et al.* 2019) ou homogénéisés à l'aide d'un mixeur (i.e. transformé en 'soupe ', Yu *et al*. 2012). Malheureusement, cette procédure empêche ultérieurement un retour au spécimen physique pour un examen morphologique et une vérification. La séparation des spécimens et des matières additionnelles (i.e. sédiments et autres matières inorganiques) n'est généralement pas indispensable. Le passage des études de terrain conventionnelles au métabarcoding est souvent facilement réalisable pour les invertébrés. Les échantillons d'ADN d'organismes mixtes peuvent

contenir de l'ADN provenant de tissus, de cellules ou encore d'organites d'autres organismes (Deiner *et al.* 2017).

Les analyses d'échantillons composites sont souvent basées sur l'extraction des tissus homogénéisés des échantillons (e.g. Emilson *et al*. 2017). Les spécimens dans ces types d'échantillons vont généralement varier au niveau de la composition en espèces, de l'abondance et de la biomasse, ce qui peut affecter l'évaluation des communautés avec la méthode de métabarcoding (Deiner *et al.* 2017). Il est également possible de faire, au préalable, un tri en fonction de la taille pour réduire la distorsion du séquençage par les grands spécimens puisqu'ils ont tendance à libérer plus d'ADN (i.e. ce qui peut conduire à ce que les plus petits spécimens à l'ADN très dilué dans celui des gros spécimens ne soient pas détectés) et améliorer la détection des espèces (Elbrecht *et al.* 2017). Par exemple, les communautés peuvent être homogénéisées en faisant un sous-échantillonnage préalable de parties du corps des organismes les plus grands qui sinon peuvent submerger les séries de séquençage (Creer *et al.* 2016). Elbrecht et al. (2017) quant à eux font un tri en plusieurs classes de taille, puis les mettent en commun proportionnellement à leur abondance dans chaque classe de taille (i.e. pour réduire l'influence des grands spécimens dans l'extraction) et ont obtenu une amplification plus équitable des taxa. Cela leur a permis de récupérer 30 % de taxa en plus dans les échantillons triés que dans les échantillons non triés, avec une même profondeur de séquençage. Ces étapes de tri des échantillons peuvent prendre beaucoup de temps et être source de contamination croisée entre les échantillons, et ne sont donc pas toujours recommandées. Par exemple, les auteurs ne conseillent pas cette méthode de tri par taille si l'échantillon ne comporte que des spécimens dont la biomasse relative varie peu, ou si la profondeur de séquençage est suffisamment élevée pour détecter également les taxa petits et rares (ou de façon similaire, s'il n'est pas nécessaire de détecter ces types de taxa).

Cette méthodologie de métabarcoding a rapidement été considérée comme une approche intéressante pour les études à grande échelle, notamment lorsqu'il y a de fortes contraintes liées à l'identification traditionnelle des espèces d'un point de vue logistique ou financier (Liu *et al.* 2020). Le métabarcoding est donc de plus en plus utilisé dans les études sur le suivi de la diversité des espèces dans un écosystème, car cela permet une évaluation rapide de la biodiversité en identifiant plusieurs taxa simultanément dans un échantillon. En effet, elle peut rapidement caractériser les espèces présentes dans un échantillon et analyser des centaines d'échantillons en un seul cycle de séquençage, permettant ainsi d'augmenter le nombre d'échantillons analysés, tout en réduisant le temps et les coûts associés. Cette approche permet

une résolution taxonomique améliorée, des résultats rapides et des méthodes d'échantillonnage non invasives (majoritairement dans le cas de l'ADN environnemental). Au fur et à mesure de l'avancée des technologies de séquençage et de l'augmentation du nombre de laboratoires sous-traitants, de nouvelles possibilités s'offrent à la communauté scientifique pour produire des données génomiques à diverses échelles (i.e. régionale, nationale et mondiale). De plus, ces analyses peuvent facilement être incluses dans les programmes de suivis plus traditionnels et fournir des données complémentaires. Le métabarcoding fournit un plus grand volume de données que les méthodes d'échantillonnage conventionnelles (Compson *et al.* 2020). Le métabarcoding est utilisé comme méthode efficace pour l'identification et la détection des espèces et est suffisamment développé pour que les chercheurs non spécialistes puissent s'en servir et bénéficier de ses avantages. Par ailleurs, si les spécimens ne sont pas détruits dans le processus d'extraction, l'identification peut ensuite être vérifiée taxonomiquement, et de nouvelles espèces auparavant confondues peuvent être décrites.

Actuellement, les principales limites du métabarcoding sont liées à l'incomplétude des bases de données de référence de code-barres ADN et l'inadéquation de certaines collections utilisées pour la production de ces séquences de références la nature parfois destructive des méthodes d'échantillonnage, mais aussi et surtout à l'impossibilité d'estimer l'abondance. Le fait que cette technique permette uniquement de détecter la présence d'espèces dans les échantillons plutôt que leur abondance absolue et relative est en effet généralement considéré comme un défaut majeur. Plusieurs études ont pourtant démontré des relations positives entre la biomasse des espèces dans l'échantillon initial et le nombre de séquences. Cependant, une méta-analyse récente a révélé la capacité quantitative limitée du métabarcoding (Lamb *et al.* 2019). La raison de la variation de ces relations n'est pas entièrement comprise, et peut résulter de multiples facteurs sur le terrain et en laboratoire. Par exemple, le nombre de copies d'ADN provenant d'un individu dans un échantillon environnemental (voir section suivante pour plus de détails) peut être influencée par des caractéristiques de l'ADN telles que son origine, son état ou encore son transport. De même, le biais lié aux amorces utilisés en laboratoire peut entraîner une variance accrue de l'abondance des lectures de séquençage par rapport à leur abondance réelle dans un échantillon environnemental (Deiner *et al.* 2017, voir aussi section III.4b).

Par ailleurs, il existe différents biais inhérents à la technique de métabarcoding (erreurs et contamination au niveau de l'échantillonnage, de l'extraction, de la PCR, du séquençage, …) qui vont à leur tour générer des erreurs dans les lectures de séquences. En particulier, il faut être

conscient de la présence de faux positifs (i.e. la détection d'un signal ADN en l'absence de cet organisme) et de faux négatifs (i.e. non-détection d'un ADN alors que cette espèce est présente dans le site) qui sont des biais majeurs pour les études basées sur les données d'ADN. Il est donc fortement conseillé d'inclure systématiquement des témoins négatifs, des témoins positifs et des réplicats et de les traiter avec les échantillons de terrain durant l'ensemble du processus (i.e. pour essayer d'identifier les sources de contaminations par la suite si nécessaire), ainsi que de prendre des précautions lors des manipulations successives de plusieurs échantillons (Falentin *et al.* 2019).

3. ADN environnemental

L'ADN environnemental (i.e. ADNe) représente tout ADN présent dans l'environnement, et peut provenir de cellules de la peau, des muqueuses, du mucus, de la salive, du sperme, des œufs, des matières fécales, de l'urine, du sang, des racines, des feuilles, des fruits, du pollen ou encore des corps en décomposition. L'ADN environnemental comprend donc à la fois de l'ADN intracellulaire (i.e. ADN trouvé dans les cellules d'organismes vivants ou récemment morts), et de l'ADN extracellulaire. L'ADNe peut être collecté à partir de multiples type d'échantillons environnementaux tels que l'eau, le sol, l'air, divers supports (fleurs, écorces, pelages, …), les contenus intestinaux partiellement digérés (qui peuvent être basé sur du sang pour les hématophages), les excréments ou encore des liquides conservateurs d'échantillons (Compson *et al.* 2020). L'ADNe est isolé directement à partir d'un matériel environnemental et suppose implicitement que l'organisme entier n'est pas présent dans l'échantillon. Bien que la définition de l'ADN environnemental semble simple, la classification entre les différentes formes d'ADN peut devenir floue puisque l'ADNe peut comprendre à la fois de l'ADN provenant d'organismes entiers de petite taille, ou des traces d'organismes de plus grande taille.

La détectabilité de l'ADNe peut dépendre de facteurs environnementaux et biologiques tels que la production, la décomposition et le transport de l'ADN. La production dans l'environnement peut varier sensiblement dans le temps et l'espace et dépend largement de l'abondance d'un taxon, ainsi que de ses caractéristiques biologiques et physiologiques. Par exemple, les poissons et les batraciens sont plus susceptibles de libérer d'importantes quantités d'ADN dans leur environnement que les arthropodes, et les Diptères davantage que les Coléoptères, en raison de la perméabilité différentielle de leur tégument (Pawlowski *et al.* 2020). Une espèce peut ainsi produire des quantités d'ADNe variables suivant son métabolisme,

son activité ou le nombre d'individus présents (Goldberg *et al.* 2016). La décomposition de l'ADN quant à elle va varier en fonction de divers facteurs physicochimiques et biologiques (i.e. température, UV, pH, …). Ainsi, les traces génétiques peuvent être conservées dans l'environnement pendant un temps très variable (de plusieurs heures à plusieurs décennies) et l'ADNe peut être échantillonné à partir d'environnements modernes ou anciens (e.g. carottes de sédiments, de glace ou de pergélisol). La décomposition de l'ADNe, sa fragmentation, la désamination des cytosines, va engendrer la diminution du nombre de molécules détectables et ultérieurement entraver le processus d'identification des espèces (Orlando *et al.* 2021). L'ADNe peut notamment se caractériser par un nombre de paires de base très faible du fait de sa dégradation. En conséquence, la dégradation de l'ADN dans l'environnement réduit la portée des études basée sur l'ADNe, car il ne reste souvent que de petits segments de matériel génétique (Ruppert *et al.* 2019). Par ailleurs, on observe des mouvements passifs dans l'environnement de l'ADN intracellulaire et extracellulaire via l'eau ou le vent (Pawlowski *et al.* 2020)

Bien qu'il soit connu que l'abondance, la persistance et le mouvement de l'ADN dans l'environnement, peuvent être affectés par différents facteurs abiotiques (e.g. température, lumière, oxygène) et biotiques (e.g. richesse en espèces, biomasse relative des espèces, comportement individuel) ; la dynamique de l'ADNe dans l'environnement reste peu connue (Compson *et al.* 2020). Or, les différentes durées de dégradation et le potentiel de transport de l'ADN a d'importantes ramifications sur l'interprétation de l'échelle d'inférence spatio-temporelle et doivent donc être considérés avec soin lors des conclusions sur la présence de l'espèce dans la communauté. En effet, l'organisme qui a produit l'ADN trouvé dans ces échantillons peut en réalité se situer dans un endroit différent de celui où il a été échantillonné, ou l'ADN a été déposé dans l'environnement plusieurs années auparavant, ou encore l'ADN peut avoir été transporté par une autre espèce plus mobile (Deiner *et al.* 2017; Ruppert *et al.* 2019). Ce type de problèmes rend généralement la distinction entre les deux types d'ADN (i.e. communautaire et environnemental) importante puisque cela fait la différence entre la présence connue d'organismes à un moment et un endroit particuliers (même si l'ADN intestinal inclut des proies potentiellement exogènes) ou le fait qu'une espèce puisse provenir d'un endroit ou d'un moment différent (Deiner *et al.* 2017; Ruppert *et al.* 2019).

De nombreuses études sur l'ADNe ont adopté des procédures quantitatives d'échantillonnage sur le terrain (e.g. échantillonnage du sol avec des carottiers, filtration de volumes fixes d'eau). Divers facteurs de terrain peuvent influencer la détectabilité de l'ADN tels que la proximité du site d'échantillonnage avec l'habitat de l'espèce considérée, la quantité

de matériel échantillonné (e.g. volume d'eau prélevé), la taille du filtre ou encore la méthode de conservation (Compson *et al.* 2020; Pawlowski *et al.* 2020). Il existe quelques protocoles d'échantillonnage normalisés pour l'échantillonnage quantitatif pour les invertébrés du sol (e.g. ISO 23611), ou encore pour les macroinvertébrés aquatiques (Liu *et al.* 2020; Bruce *et al.* 2021; Pawlowski *et al.* 2022; Leese *et al.* 2016). Développer ces approches d'échantillonnage standardisées permettrait une observation cohérente et comparable dans différents environnements et écosystèmes, et maximiserait la puissance des données de métabarcoding (Compson *et al.* 2020).

Comme expliqué précédemment, l'inclusion de divers tests de métabarcoding avec différents gènes marqueurs permet d'élargir la couverture taxonomique des résultats pour les échantillons. Il est donc relativement facile qu'un échantillon d'ADNe puisse être utilisé à la fois pour une évaluation sur une espèce cible et sur la biodiversité au sens large d'un système. Même si le métabarcoding de l'ADNe est probablement moins sensible à la détection de certaines espèces (e.g. le taux de détection change en fonction de la richesse des espèces), il va permettre de détecter la présence de nombreuses espèces simultanément, y compris des espèces dont on ne soupçonnait pas la présence auparavant (Deiner *et al.* 2017). Par ailleurs, comme pour les échantillons mixtes, l'extrait d'ADN peut facilement être archivé une fois l'échantillon d'ADNe analysé dans le cadre d'un objectif précis, et être séquencé de nouveau ultérieurement à l'aide d'analyses supplémentaires avec d'autres objectifs. L'ADNe permet de collecter des échantillons plus rapidement, plus facilement et dans des endroits plus éloignés et donc d'étendre les efforts d'échantillonnage sur des échelles spatio-temporelles sans précédent (Compson *et al.* 2020). L'ADNe est capable de détecter des espèces rares ou cryptiques, et cette méthodologie semble idéale pour compléter les études plus traditionnelles. Par exemple, elle peut les compléter en ciblant différentes espèces, en échantillonnant une plus grande diversité ou en augmentant la résolution taxonomique (Deiner *et al.* 2017). Finalement, l'ADNe n'est ni invasif ni destructif pour les organismes, puisqu'il n'est pas nécessaire d'échantillonner les individus. Il permet d'échantillonner tous les organismes (i.e. ne dépend pas des taxa) et a le potentiel de fournir des données à de hautes résolutions spatiale et temporelle.

De façon générale, afin d'optimiser l'utilisation de la méthode de métabarcoding, l'analyse du signal dans l'environnement doit être accompagnée d'une connaissance préalable du site et du groupe taxonomique considéré. Il est également important de considérer les biais inhérents à cette méthodologie et pouvant induire des faux positifs et faux négatifs. Ces types d'erreurs peuvent être liés à la contamination en laboratoire, sur le terrain, à une trop faible

quantité d'ADNe présent dans l'échantillon ou encore à la présence d'inhibiteurs environnementaux de l'amplification moléculaire. Par ailleurs, l'ADNe étant composé de petits fragments répartis de manière hétérogène dans l'environnement, il est possible que ces fragments ne soient pas captés lors des étapes de laboratoires, même s'il n'y a pas d'erreur lors de ces processus (Goldberg *et al*. 2016). Pour pallier au moins partiellement ces biais, il est souvent recommandé d'inclure plusieurs répétitions d'échantillonnage par site (e.g. si une espèce est détectée dans plusieurs réplicats du même site, sa présence dans l'environnement est donc plus probable), et tout particulièrement pour les sites où la distribution de l'ADNe est très irrégulière. Avec les échantillons d'ADNe, il faut donc garder à l'esprit que même si une espèce n'est pas détectée, cela ne veut pas dire qu'elle n'est pas présente (Ruppert *et al.* 2019). Il est également possible de combiner diverses techniques d'échantillonnage pour obtenir une vision plus exhaustive de la faune locale. Par exemple, Kirse et al. (2021) ont utilisé une approche de métabarcoding à la fois sur de l'ADNe et sur des échantillons composites (provenant de pièges Malaise) pour étudier les arthropodes. Ainsi, en faisant des séries d'échantillons d'arthropodes composites et d'ADNe du sol dans les mêmes endroits et à différentes périodes, ils ont obtenu des données complémentaires et une image plus complète de la diversité des arthropodes, leur phénologie et leur cycle de vie dans différents types de microhabitats et de forêts.

Les échantillonnages et les protocoles d'ADNe dépendent du type d'écosystème et du groupe taxonomique analysés (e.g. Lear *et al*. 2018). Il existe différents types d'échantillons environnementaux pour lesquels il est possible d'isoler de l'ADN pour les suivis de biodiversités : les milieux liquides, les sédiments, la terre, l'air, les nids et les gites ou encore les produits de digestion.

a. Identification d'espèces à partir des liquides de piégeage ou de conservation

Les spécimens collectés sur le terrain sont majoritairement tués et stockés dans de l'éthanol avant de pouvoir faire des analyses moléculaires. Afin d'éviter certains inconvénients associés au métabarcoding des échantillons mixtes, comme la destruction des spécimens ou encore l'étape du tri, des protocoles non destructifs basés sur (i) l'extraction de l'ADN dans des solutions spécifiques à partir de l'agrégat de spécimens, ou (ii) les liquides de piégeage ou de conservation des spécimens – généralement l'éthanol – ont été développés. Plusieurs protocoles impliquant des tampons de lyse (plus ou moins agressifs en termes de dégradation des tissus)

ont été étudiés pour extraire l'ADN d'un mélange multi-spécifique d'arthropodes sans broyer les spécimens (Martoni *et al.* 2022; Marquina *et al.* 2022). Zizka *et al.* (2018), ont quant à eux filtré l'éthanol employé pour préserver les échantillons de macro-invertébrés, extrait l'ADN du filtre et ensuite fait les analyses moléculaires. Ces protocoles basés sur l'ADN récupéré à partir d'éthanol de préservation des échantillons va inclure des organismes non cibles, ainsi que des inhibiteurs potentiels de la PCR provenant par exemple de l'éthanol, des sédiments ou matériel de plantes (Martins *et al.* 2019). L'ADN extrait de l'éthanol de conservation ou de piégeage a été utilisé avec succès tout aussi bien pour des séquençages d'organismes terrestres, d'eau douce ou encore d'eau salée (Zizka *et al.* 2018; Martins *et al.* 2019; Zenker *et al.* 2020; Couton *et al.* 2021). Par exemple, Martins *et al.* (2019) ont confirmé que le métabarcoding basé sur l'ADN de l'éthanol utilisé pour préserver les échantillons mixtes de macroinvertébrés d'eau douce peut fournir des informations fiables sur la diversité et la composition de ces taxa. Cependant, d'autres études observent des communautés différentes selon les types d'échantillons (éthanol vs spécimens) suggérant ainsi que l'extraction d'ADN à partir d'éthanol ne remplace pas l'extraction des échantillons en vrac (Marquina *et al.* 2019; Persaud *et al.* 2021).

Bien que cette technique semble constituer une alternative prometteuse au métabarcoding d'échantillons composites lorsqu'on veut conserver les spécimens, de nombreuses questions se posent encore puisqu'elle est encore relativement récente, n'a pas été minutieusement étudiée et la quantité d'ADN extraite par la solution d'éthanol reste inconnue (Persaud *et al.* 2021). La méthode a notamment été utilisé avec succès par Zizka *et al*. (2018) comparativement aux méthodes conventionnelles d'échantillons d'ADNe, mais certains taxa étaient sous-représentés (e.g. ceux de petite taille ou ceux avec un exosquelette épais). Cela suggère que pour un suivi exhaustif de la biodiversité, cette méthode n'est pas suffisante mais serait un bon complément. Par ailleurs, dans une autre étude, le métabarcoding à partir de l'éthanol a identifié moins de genres et de familles que la morphométrie conventionnelle – même si le niveau de résolution était meilleur – pour des macroinvertébrés aquatique en milieu forestier (Erdozain *et al.* 2019). L'une des principales explications des valeurs de richesse plus faibles est la faible amplification de l'ADN d'individus ayant de faibles masses proportionnelles dans l'échantillon, et cela pourrait avoir des répercussions sur les conclusions et les mesures de gestion découlant des résultats. Bien que l'éthanol conservateur d'échantillons d'insectes (obtenus par des pièges lumineux) puisse être utilisé avec succès, il est également recommandé de stocker les échantillons d'éthanol dans des conditions appropriées pour éviter la dégradation de l'ADN des insectes et augmenter le succès de la PCR (Zenker *et al.* 2020). De plus,

l’utilisation des échantillons d'ADNe d'éthanol pour évaluer des communautés de macroinvertébrés ne se fait pas toujours avec succès. Récemment, certains chercheurs ont constaté que la composition de la communauté variait amplement selon la source d’ADN et que peu de taxa étaient partagés entre des échantillons d’ADN provenant de tissus mixtes et d'éthanol (qui contenait moins de séquences cibles), suggérant que l’ADNe à base d'éthanol n'est pas un substitut acceptable (Persaud *et al.* 2021). Certaines études se sont également penchées sur la question de l’influence de la durée d’archivage des échantillons sur les analyses moléculaires à partie de l’ADN extrait de l’éthanol. Par exemple, Martins *et al*. (2019) ont échantillonné des macroinvertébrés d’eau douce et ont sous-échantillonné l'éthanol qui conserve ces échantillons composites de 1 à 14 jours après stockage pour ensuite extraire l’ADN. Ils ont observé des effets significatifs du jour de sous-échantillonnage sur les résultats de métabarcoding et que l’efficacité de l’ADN extrait de l’éthanol de conservation pour identifier les taxa était meilleure dans une période de 7–14 jours après échantillonnage.

Par ailleurs, il est possible d’utiliser la méthode de métabarcoding dans d’autres types de solutions de conservation des spécimens. En effet, plus récemment, un protocole de métabarcoding a été utilisé avec succès sur de l'ADNe provenant d’un fluide de conservation de pièges constitué de solution saline saturée (Young *et al.* 2021). Ce type de fluide a été utilisé car il conserve les spécimens tout en résolvant les problèmes liés à la préservation des caractéristiques morphologiques (i.e. l'éthanol peut fragiliser et dégrader les spécimens d'insectes), au taux d'évaporation élevé de l'éthanol dans les pièges et au placement de pièges non surveillés à forte concentration d'éthanol dans des endroits accessibles au public (i.e. problèmes de sécurité publique). De plus, Milián-García *et al.* (2021) ont également optimisé et validé un protocole rapide et à moindre coût de métabarcoding sur des échantillons d’ADNe de pièges à entonnoir Lindgren qui contenaient une solution saline saturée dans le bocal de collecte pour étudier la diversité des insectes et des microorganismes. Il faut tout de même noter qu’il existe, pour le moment, un manque d’information sur la conservation de l'ADNe dans ces solutions salines saturées (efficace au moins jusqu’à 4 semaines pour les deux études citées) et sur les risques de dégradation (par le sel, le pH changé ou par hydrolyse) avec des temps de stockage plus longs.

b. Suivis de biodiversité en milieu aquatique

L'une des approches les plus fréquemment utilisées pour le métabarcoding de l'ADNe est l'échantillonnage d'eau dans les systèmes d'eau douce (Lear *et al.* 2018; Compson *et al.* 2020). Il existe deux techniques courantes pour récolter de l'ADNe à partir d'échantillons d'eau. L'eau des échantillons peut être soit filtrée soit concentrée, et cette décision (tout comme la taille du filtre) dépend des taxa cibles, car différents taxa peuvent être isolés plus efficacement de différentes manières (Ruppert *et al.* 2019). La méthodologie appliquée à l'ADNe en milieu aquatique consiste le plus souvent à filtrer une certaine quantité d'eau pour récupérer les molécules d'ADNe, car cela permet d'utiliser de plus grandes quantités d'eau. L'utilisation de filtres permet de collecter l'ADN sur la matrice de filtrage, et plusieurs méthodes de filtration existent (e.g. filtration manuelle, par pompe péristaltique ou encore par pompe à vide), mais aucune solution unique optimale n'existe. Comme les techniques de filtration sont influencées par les particules en suspension et que la précipitation est moins sensible à ce problème, cette technique peut être plus avantageuse dans certains cas. Par exemple, cette technique de précipitation est généralement utilisée pour détecter les batraciens des étangs. Durant la précipitation, un mélange de sels et d'éthanol est utilisé pour précipiter l'ADN/l'ARN présent dans l'eau. Ce mélange est ensuite centrifugé pour récolter l'ADN, ce qui limite généralement le volume traité (Pawlowski *et al.* 2020). Cette méthode peut facilement compléter les méthodes conventionnelles en échantillonnant une plus grande diversité. Par exemple, Valentini *et al.* (2016) ont démontré que, pour divers systèmes aquatiques, le nombre d'espèces d'amphibiens détectées à l'aide du métabarcoding d'ADNe était égal, voir supérieur au nombre estimé avec des méthodes plus traditionnelles.

Lors de l'échantillonnage d'ADNe provenant de l'eau, il faut savoir que l'échantillonnage de la biodiversité est limité par le volume d'eau traité en raison des limites des membranes filtrantes. Par exemple, la taille des pores d'un filtre peut déterminer le type d'ADNe récolté, et bien que des pores de petites tailles permettent de capturer la plupart des cellules, le volume d'eau qu'on pourra filtrer avant que le filtre ne s'encrasse sera moindre (Pawlowski *et al.* 2020). Certaines études suggèrent que ces contraintes seraient responsables de l'hétérogénéité observée parmi les échantillons, et que multiplier le nombre de réplicats d'échantillon aiderait à la détection précise des espèces. Trois à neuf répétitions d'échantillonnage dans chaque site d'étude sont ainsi recommandées pour une meilleure estimation de la biodiversité (Ficetola *et al.* 2014; Grey *et al.* 2018; Beentjes *et al.* 2019). La filtration sur le terrain va diminuer le risque de contamination et faciliter le transport des

échantillons, tandis que la filtration en laboratoire va permettre de filtrer de grandes quantités, mais ne pourra s'effectuer que si les échantillons rejoignent le laboratoire rapidement pour éviter la décomposition de l'ADNe (Pawlowski *et al.* 2020).

Même si elles présentent des similitudes, il n'existe pas de technique d'échantillonnage ADNe standard s'appliquant à tous les types d'eaux car la méthode va dépendre des propriétés chimiques et physiques des eaux (Pawlowski *et al.* 2020). Par exemple, les étangs sont caractérisés par des flux réduits, des températures variables ou encore une haute turbidité, ce qui va avoir un impact sur la répartition et la dégradation de l'ADN, ainsi que sur les processus de filtration, et ultimement influencera les méthodes d'échantillonnage considérées. De façon similaire, il convient de considérer les groupes taxonomiques ciblés lors de la construction des plans d'échantillonnage. Par exemple, un biofilm peut se créer à la surface de galets en contact direct avec l'eau et est constitué de bactéries et d'algues unicellulaires. L'ADN des diatomées est donc échantillonné à partir de ce biofilm recouvrant des galets (i.e. retiré à l'aide d'une brosse à dents à usage unique, puis stocké dans une solution tampon) plutôt qu'en échantillonnant directement l'eau. Les échantillons de biofilm sont utilisés principalement pour évaluer les communautés de diatomées vivantes (la plupart des organismes morts du biofilm sont emportés par le courant). De plus, la communauté de ces biofilms est sensible et réagit directement aux changements de qualité de l'eau (Pawlowski *et al.* 2020).

L'inférence spatio-temporelle pose particulièrement problèmes dans les systèmes aquatiques car les espèces détectées peuvent être présentes non pas parce qu'elles sont bien présentes, mais parce que leur ADN a été transporté d'un endroit en amont. L'ARN est souvent considéré comme moins stable que l'ADN (en raison de sa structure et de la présence de groupes hydroxyle augmentant la dégradation chimique abiotique), se dégradant rapidement et ne pouvant pas être détecté en quantités biologiquement significatives. Ainsi, l'utilisation de l'ARN environnemental (ARNe) pour l'identification des espèces reste relativement peu explorée. Cependant, des études récentes suggèrent que l'ARNe pourrait refléter la présence ou l'absence d'espèces avec une résolution spatiale et temporelle plus élevée. En effet, l'ARN devrait être produit principalement par des organismes physiologiquement actifs et pourrait donc mieux refléter les assemblages d'organismes métaboliquement actifs. En conséquence, il serait notamment utile pour améliorer la résolution de détection des organismes et l'interprétation des détections positives (Cristescu 2019; Marshall *et al.* 2021; Yates *et al.* 2021). La question de l'échelle temporelle (i.e. communauté actuelle vs passée) se pose d'autant plus lorsqu'on échantillonne des sédiments. En effet, la durée de conservation de l'ADN est plus longue dans

les sédiments que dans l'eau, puisque des particules organiques et inorganiques présentes dans ces sédiments peuvent se lier à l'ADN et le stabiliser. Le matériel nécessaire à la récolte de l'ADNe issu des sédiments va généralement dépendre de la profondeur ainsi que de l'accessibilité des sites d'échantillonnage. La quantité de sédiments échantillonnée quant à elle, dépend de la méthode d'extraction (e.g. des kits commerciaux) (Pawlowski *et al.* 2020).

c. Suivis de biodiversité dans le sol

Le sol est un des substrats les plus omniprésents et très riche en biodiversité, contenant diverses bactéries, champignons, protistes et métazoaires. Il est estimé qu'au moins 25% des espèces animales décrites résident exclusivement dans le sol et la litière, et si le bois mort et les excréments sont pris en compte, la majorité des espèces animales terrestres semble être des habitants du sol (Decaëns *et al.* 2006). Le sol est un substrat prometteur pour les analyses de métabarcoding d'ADNe car il contient des restes d'ADN provenant de nombreux organismes et incluant l'ADN provenant de cellules ou d'organismes multicellulaires vivants, et l'ADN extracellulaire (i.e. provenant de la lyse cellulaire et représentant une proportion importante de l'ADN total du sol) (Taberlet *et al.* 2012). En effet, l'ADN extrait d'échantillons de sol peut être efficace pour le suivi de la biodiversité des écosystèmes terrestres. Par exemple, la méthode de métabarcoding a été utilisée sur de l'ADN extrait du sol et a détecté un éventail de taxa d'invertébrés plus diversifié que par les techniques d'échantillonnage conventionnelles. L'ADN isolé des sols a été notamment utilisé pour caractériser la biodiversité des vers de terre, des invertébrés, des plantes ou encore de certaines espèces de vertébrés (Deiner *et al.* 2017).

Comme l'ADN est probablement plus sensible aux petites quantités de biomasse, une approche basée sur l'ADN du sol peut atténuer certains problèmes rencontrés avec les méthodologies traditionnelles au niveau de la détection de certaines espèces en raison des effets observateurs, des plantes entrant en dormance, ou encore de leurs raretés. Les informations obtenues grâce aux données issues du sol peuvent ainsi compléter les données des méthodologies plus traditionnelles et estimer les composantes de la diversité sur des échelles temporelles plus longues puisque l'ADN est susceptible de s'accumuler dans le sol pendant plusieurs années (Yoccoz *et al.* 2012).

Pour les études des sols, un petit volume de matière fraîche est généralement utilisé dans les protocoles d'extraction d'ADN ciblant les petits organismes, tandis que pour les études sur des plus gros taxa (i.e. et donc pouvant présenter des distributions inégales et un grand nombre d'espèces rares) il faut traiter des volumes de sol plus importants pour assurer un

échantillonnage précis (Creer *et al.* 2016). Comme il existe une forte hétérogénéité entre les échantillons provenant d'un même endroit, certains protocoles ont été proposés afin d'obtenir un échantillon de sol aussi représentatif que possible de la biodiversité locale. Par exemple, Taberlet *et al.* (2012) ont développé un protocole efficace et conseillent de prélever sur chaque site au moins deux échantillons de sol. Ces échantillons doivent être composés de plusieurs petits échantillons de carottes (20 à 50 g de sol par carottage) collectés et mélangés ensemble, et ayant été eux même échantillonnés au hasard ou sur une grille et incluant du matériel de différentes profondeurs. Les carottes de sol doivent être collectées avec un carottier correctement nettoyé et stérilisé entre chaque site afin de bien enlever tout reste de terre. L'ADN extracellulaire du sol peut être extrait par un tampon de phosphate saturé sans passer par une étape de lyse cellulaire. Pour avoir un exemple de protocole détaillé et standardisé d'échantillonnage d'insectes et de sol, ainsi que des procédures de laboratoires pour l'analyse moléculaire voir Ritter *et al*. (2019).

Ces protocoles d'échantillonnage du sol ont généralement l'avantage de pouvoir être mis en place à tout moment de l'année (i.e. introduisant de la flexibilité dans la planification du terrain), sans connaissances préalable du types d'organismes à échantillonner. Ils réduisent la probabilité d'une identification erronée sur le terrain, et offrent la possibilité de standardiser les échantillonnages et d'analyser de multiples organismes avec un seul type d'échantillonnage (Taberlet *et al.* 2012; Yoccoz *et al.* 2012).

Comme pour tout ADNe, une large portion de l'ADN provenant du sol est susceptible d'être dégradée et donc son utilisation posera certains défis techniques. Il faudra notamment utiliser des marqueurs ADN plus courts pour pouvoir maximiser le nombre de correspondances pour l'identification taxonomique et faire un compromis entre leur pouvoir discriminant et leur capacité à être efficace sur des échantillons d'ADN de sols dégradés (Yoccoz *et al.* 2012). Par exemple, des amorces spécifiques aux mammifères ont été utilisées pour caractériser la diversité des grands vertébrés à partir de courts fragments d'ADN extraits du sol (Andersen *et al.* 2012). Certaines recherches suggèrent que la longueur du fragment amplifiée peut modifier la résolution temporelle d'un échantillon de sol car de longs fragments d'ADN se décomposent rapidement, alors que les courts fragments restent détectables pendant des jours ou des années après la présence de l'espèce (Deiner *et al.* 2017)

d. Suivis de biodiversité atmosphérique

Les bioaérosols proviennent de tous les types d'environnements (i.e. l'atmosphère, le sol, l'eau douce et les océans) et leur dispersion dans l'air est variable dans le temps et dans l'espace. Les bioaérosols sont composés de particules (dont la taille peut grandement varier) provenant d'organismes vivants (i.e. d'origine microbienne, végétale ou animale). Ils incluent des bactéries, des propagules de dispersion aérienne (spores de bryophytes et de champignons, pollen), des virus, des substances allergènes, des fibres végétales, ou encore des débris de la peau ou des cheveux (Pumkaeo *et al.* 2021). Les échantillons d'air présentent donc un fort potentiel pour les études basées sur le matériel génétique, et l'application des techniques moléculaires sur l'analyse des particules en suspension dans l'air se développe rapidement. Le métabarcoding en particulier, a été récemment appliqué dans le monde entier pour décrire la composition des assemblages de bactéries, champignons et plantes en suspension dans l'air (Banchi *et al.* 2020).

Les études sur l'ADNe en suspension dans l'air sont concentrées sur la détection, la composition et le suivi des bioaérosols ayant des impacts négatifs sur les écosystèmes agricoles ou la santé humaine (e.g. provoquant des infections ou des réactions allergiques) (Yoo *et al.* 2017). Par exemple, Kraaijeveld *et al*. (2015) ont collecté le pollen dans l'air ambiant à l'aide de techniques classiques, puis ont extrait l'ADN du pollen collecté afin d'identifier les pollens causant des allergies en utilisant le séquençage de l'ADN. La méthode de métabarcoding a été utilisée avec succès sur des échantillons d'air filtré pour identifier des pollens et des champignons avec une meilleure résolution taxonomique que les méthodes visuelles (i.e. microscopie) habituelles (e.g. Kraaijeveld *et al*. 2015; Banchi *et al*. 2018). Le métabarcoding de l'ADN environnemental offre ainsi des informations particulièrement pertinentes dans le cadre du suivi de la diversité et la composition des communautés aériennes (voir Banchi *et al*. 2020). Plus récemment, une étude a démontré le potentiel des échantillons d'air dans l'évaluation de la composition et de la diversité de la communauté d'insectes grâce à l'ADN présent dans les particules en suspension dans l'air. Bien que la récupération du matériel biologique ait été plus difficile en raison des faibles concentrations de biomasse, ils ont réussi à valider la présence de traces biologiques d'origine animale dans les aérosols (Pumkaeo *et al.* 2021). (Lynggaard *et al.* 2022) ont également testé le fait que l'ADNe capturé dans l'air peut offrir une nouvelle méthode d'étude et de surveillance des espèces animales terrestres. En effet, grâce au métabarcoding de l'air – et bien qu'une distance plus courte par rapport au dispositif d'échantillonnage de l'air et une biomasse animale plus élevée augmentent la probabilité de

détection – ils ont détecté un large éventail de groupes taxonomiques et ainsi ont pu obtenir une caractérisation simple des communautés de vertébrés terrestres. De façon similaire, Clare *et al.* (2022) ont démontré que l'ADN d'animaux terrestres peut être identifié à partir d'échantillons d'air collectés dans des environnements naturels et utilisés pour identifier les espèces et leurs interactions écologiques. Leurs données ont montré que l'ADNe dans l'air se concentre autour des zones récemment habitées mais se disperse loin des sources, soulignant le potentiel d'échantillonnage à distance.

La dispersion des champignons se fait dans l'atmosphère et dépend fortement des caractéristiques des taxa, des conditions abiotiques ou encore des phénomènes climatiques (e.g. vent, température, humidité, phénologie…). On observe donc une forte hétérogénéité géographique et temporelle des communautés aériennes fongiques et la distance parcourue par ces particules en suspension dans l'air depuis leurs sources demeure une question régulière (Tordoni *et al.* 2021). Les micro-organismes en suspension dans l'air étant fortement dispersés, cela rend leurs concentrations plus faibles que dans d'autres environnements, tels que le sol ou l'eau. Le choix du dispositif d'échantillonnage et le volume d'air semblent donc représenter des facteurs importants à prendre en compte pour ce type d'étude. Bien que de multiples méthodes d'échantillonnage existent pour collecter les particules en suspension dans l'air, on ne sait toujours pas laquelle est la plus performante pour les analyses moléculaires. Le choix de la méthode d'échantillonnage la plus appropriée est essentiellement déterminé par les objectifs de l'étude. La filtration est l'une des méthodes d'échantillonnage des bioaérosols atmosphériques les plus utilisées et consiste à pomper de l'air à travers un filtre à membrane poreuse pour capturer les bioaérosols. Les champignons et les plantes sont généralement échantillonnés par filtration, et plus rarement par collecte passive ou à l'aide d'échantillonneurs Andersen à aspiration. Par ailleurs, il faut faire attention car les bandes adhésives de certains pièges peuvent contenir des inhibiteurs de PCR (Banchi *et al.* 2020).

e. Suivis de biodiversité grâce à d'autres sources d'ADNe

Il existe de nombreuses sources supplémentaires d'ADNe telles que les fluides physiologiques (le sang, la salive, la sève) ou encore les contenus d'appareil digestif (ADNi = « ingested DNA ») et les déjections. Par exemple, l'analyse moléculaire des os de pelotes de réjection est efficace dans l'identification d'espèces de petits mammifères proies, et a révélé des espèces non détectées auparavant, voire de nouvelles espèces (Rocha *et al.* 2015). Par ailleurs, les mouches

se nourrissant sur des carcasses, des plaies ou des fèces représentent une source d'ADN de mammifères et peuvent donner une image relativement impartiale de leur diversité locale (Calvignac-Spencer *et al.* 2013). La classification du matériel génétique extrait à partir des échantillons tels que les matières fécales, est parfois problématique, mais ils sont généralement appelés ADNe (Deiner *et al*. 2017). Ces diverses sources d'ADNe ne sont pas toujours utilisées pour évaluer les communautés terrestres, mais offrent d'autres opportunités d'études et tout particulièrement au niveau des réseaux trophiques (e.g. Clare, 2014). L'ADN provenant des déjections est ainsi fréquemment utilisé pour évaluer la composition du régime alimentaire, la dynamique des populations, détecter des espèces d'intérêts ou encore aborder la génétique des populations (Rodgers & Janečka 2013). La salive déposée sur des brindilles broutées a été prélevée comme source d'ADNe et utilisée pour identifier les espèces qui ont consommé la plante (Nichols *et al.* 2012). Il est également possible de collecter l'ADN de la salive des prédateurs sur les coquilles d'œufs d'espèces d'oiseaux nichant au sol et considérés comme en danger, ainsi que sur les carcasses afin d'identifier des espèces de prédateurs (Hopken *et al.* 2016). D'autres auteurs ont étudié les proies consommées par une espèce d'araignée localisée dans diverses forêts (Lantman *et al.* 2021). Ils ont donc regardé le régime alimentaire des araignées à l'aide de la méthode de métabarcoding et ont pu confirmer que l'espèce était un prédateur généraliste et que la composition des espèces d'arbres affectait à la fois la richesse spécifique des proies et leur taille dans le régime alimentaire de l'araignée.

Fortement lié à l'ADNe, l'ADN 'dérivé d'invertébrés' (i.e. où le matériel génétique des vertébrés est extrait des invertébrés), est apparu ces dernières années comme une méthode pertinente pour suivre les vertébrés terrestres et augmenter leur détectabilité (Schnell *et al.* 2015). De multiples invertébrés (e.g. sangsues, mouches, … ou autrement dit les hématophages, coprophages et saprophages) ont été considérés comme des échantillonneurs efficaces de divers vertébrés et utilisés pour détecter et identifier leurs espèces hôtes en séquençant l'ADN contenu dans leurs repas. Par exemple, des sangsues terrestres ont été utilisées comme sources d'échantillons d'ADN, et le métabarcoding a permis de détecter des espèces de vertébrés menacées malgré une incertitude sur le cadre spatio-temporel de l'échantillonnage (Schnell *et al.* 2015). L'ADN provenant de sangsue a permis d'obtenir des données complémentaires à d'autres méthodologies comme les pièges caméras, et particulièrement pour des espèces difficiles à détecter (Schnell *et al.* 2012). Une autre étude a également détecté davantage d'espèces de mammifères en analysant l'ADN extrait de mouches qu'avec les pièges photographiques (Lee *et al.* 2016). La plupart des études se concentrent sur les mammifères,

mais une étude récente a démontré que ce type d'ADN peut être utilisé pour des suivis de la diversité des grenouilles et permet d'augmenter la détectabilité de certaines espèces par rapport aux échantillonnages traditionnels (Cutajar & Rowley 2020). Les diverses études publiées sur cet ADN provenant de l'ingestion de matériel génétique par les invertébrés semblent démontrer ce potentiel puisqu'elles ont détecté avec succès l'ADN de l'hôte, ce qui particulièrement prometteur dans la détection d'espèces rares.

Une grande majorité des plantes à fleurs sont pollinisées par des insectes et les fleurs sont des ressources pour des milliers d'espèces d'arthropodes. C'est pourquoi des chercheurs se sont intéressés au potentiel des fleurs sauvages en tant que nouvelle source d'ADNe d'arthropodes (Thomsen & Sigsgaard 2019). Ils ont effectué le métabarcoding de l'ADNe de fleurs de plusieurs espèces végétales à l'aide de deux ensembles d'amorces génériques, et ont découvert que les arthropodes laissent des traces d'ADN sur les fleurs avec lesquelles ils interagissent. De plus, leurs données semblaient indiquer qu'une richesse encore plus élevée pourrait être obtenue en utilisant cette approche d'ADNe. Cette nouvelle approche d'ADNe non invasive pourrait permettre d'obtenir une meilleure estimation de la composition et de la distribution des espèces, ou encore d'aider au suivi d'espèces cryptiques, menacées ou envahissantes.

Les études évaluant la diversité des arthropodes dans des échantillons mixtes avec la méthode du métabarcoding se sont majoritairement concentrées sur l'identification de ces taxa d'arthropodes. Or, un grand nombre d'espèces d'invertébrés se nourrissent de vertébrés et échantillonnent ainsi leur ADN. Une récente étude s'est posée la question de savoir s'il était possible d'optimiser les informations obtenues à partir d'échantillons d'arthropodes mixtes en utilisant des méthodes pour détecter l'ADN de vertébrés dans ces échantillons (i.e. sans cibler un invertébré spécifique se nourrissant sur des vertébrés). Pour cela, Lynggaard et al. (2019) ont utilisé deux ensembles d'amorces de métabarcoding de vertébrés et de mammifères sur de l'ADN extrait d'échantillons d'arthropodes mixtes collectés à l'aide de pièges Malaise aériens et de pièges Barber au sol. Ils ont ainsi observé que les deux approches pouvaient être combinées, et qu'avec un surcroît d'investissement assez faible, ils pouvaient obtenir des informations supplémentaires sur la diversité des vertébrés grâce à des échantillons d'arthropodes mixtes.

De plus, une autre étude suggère que l'application du métabarcoding à des échantillons d'insectes peut permettre d'évaluer à la fois la biodiversité des insectes, mais aussi la diversité procaryotique et eucaryotique de ces échantillons (i.e. incluant les organismes présents sur et à

l'intérieur des corps d'insectes et toute nourriture restant dans leur système digestif). En effet, les auteurs ont échantillonné des insectes à l'aide de pièges SLAM ou Malaise et ont ensuite comparé les résultats des analyses moléculaires des échantillons composites avec les résultats obtenus à partir d'ADNe du sol provenant des mêmes sites. Ils ont observé une composition taxonomique différente entre les échantillons de sol et d'insectes, ce qui laisse penser que les échantillons composites d'insectes complémentent la couverture taxonomique des échantillons de sol (Ritter *et al.* 2019).

Une étude récente a utilisé le métabarcoding de prélèvements de sciure de bois pour étudier la dynamique temporelle des communautés bactériennes et fongiques et des guildes écologiques microbiennes dans la décomposition de disques de bois expérimentalement placés sur un sol forestier (Viotti *et al.* 2021).

II – Considérations techniques pour l'échantillonnage de matériel génétique

L'ADN collecté doit être préservé, extrait, amplifié et séquencé, pour permettre la classification des espèces par assignation taxonomique à l'aide des bases de données de référence. Pour avoir plus de détails sur les méthodes d'extraction, de stockage, d'amplification et de séquençage de l'ADN à partir d'échantillons environnementaux, voir la revue de Lear et al. (2018). Une attention toute particulière aux procédures d'échantillonnage est nécessaire pour éviter la contamination de l'ADN et s'assurer de sa bonne conservation. Les méthodologies de laboratoire ont tendance à être bien documentées, car la plupart utilisent des kits commerciaux d'extraction d'ADN standardisés et des ensembles d'amorces déjà publiés (Compson *et al.* 2020). L'efficacité de la détection de l'ADN va dépendre des procédés moléculaires employés, et l'activité de laboratoire du métabarcoding montre une complexité qui doit être prise en compte dans les études de suivis de biodiversité (e.g. kits d'extraction d'ADN, choix des amorces PCR, ...). Ce sont des étapes cruciales, car elles peuvent toutes être susceptible d'introduire des biais (e.g. biais d'extraction, d'amplification par PCR) ou des erreurs dans les séquences introduites lors des PCR ou du séquençage.

1. Décontamination et manipulation des échantillons d'ADN

Un défi majeur de l'utilisation des méthodes de métabarcoding de l'ADN est d'éviter la contamination croisée entre sites lors des prélèvements d'échantillons sur le terrain (la

contamination par de l'ADN humain est moins problématique, car facile à éliminer de la liste des séquences), ainsi que d'avoir des techniques de décontamination qui sont compatibles avec le matériel génétique. Tout équipement et matériel entrant en contact avec l'échantillon d'ADN doit être dépourvu d'ADN. Pour cela, il est possible soit d'avoir recours à de l'équipement stérilisé à usage unique (e.g. flacons, tubes, bouteilles, filtres à eau, …), soit de décontaminer le matériel au préalable. Par exemple, l'usage de gants stériles renouvelés pendant l'échantillonnage sur le terrain est fortement conseillé, ainsi que l'utilisation de sacs et flacons stériles pour le transfert des échantillons. Néanmoins, il est également recommandé de faire des contrôles négatifs sur le terrain et durant les étapes d'analyse pour s'assurer de la validité d'un échantillonnage et éventuellement identifier et quantifier de potentielles contaminations (Goldberg *et al.* 2016; Deiner *et al.* 2017).

L'utilisation de matériels à usage unique peut vite augmenter les coûts et les scientifiques souhaiteront réutiliser le matériel pour les diminuer. Pour cela, la décontamination est souvent la solution envisagée. Le personnel doit être particulièrement prudent s'il veut réutiliser l'équipement pour l'échantillonnage, car la sensibilité à détecter des traces d'ADN lors du séquençage crée des risques de contamination non négligeables par transfert d'ADN. Le plus couramment, l'équipement est lavé entre chaque échantillon afin de minimiser la contamination et maintenir l'indépendance, ce qui est particulièrement important pour les études d'ADNe (Liu *et al.* 2020). Ces traitements variés peuvent être relativement simples tels qu'un lavage avec de l'eau de javel, ou avec de l'eau savonneuse. Tremper l'équipement dans de l'eau de javel à 10% pendant au moins 10 min semble une méthode simple et efficace pour la de l'ADN, surtout si un traitement supplémentaire de rinçage à l'éthanol ou à l'eau stérilisée pour éliminer l'eau de javel restante est utilisé sur le terrain (Liu *et al.* 2020). Comme il est préférable d'éviter l'utilisation de grandes quantités d'eau de javel sur le terrain, certains produits de décontamination commerciaux (e.g. DNA away, DNA-ExitusPlus) – dont le prix est souvent élevé – existent (Pawlowski *et al.* 2020). Il est également possible d'avoir des procédures plus compliquées et strictes, constituées d'étapes où il est demandé de laver successivement à l'eau savonneuse, rincer à l'eau distillée, puis à l'éthanol, faire un traitement pour éliminer les ARN, DNases et ADN (e.g. ELIMINase) et exposer le matériel à l'irradiation UV (i.e. lumière du soleil) pendant un jour avant utilisation. De plus, les matériaux sont à nouveau rincés avec de l'éthanol et de l'eau courante prélevée sur le site immédiatement avant échantillonnage pour éliminer toute trace résiduelle de solution décontaminante pouvant dégrader l'ADN (Erdozain *et al.* 2019).

2. Méthodologies de conservation et archivage des échantillons

La décomposition de l'ADN juste après échantillonnage et pendant les étapes de traitement en laboratoire doit être prise en compte. Les échantillons doivent donc être stockés et manipulés de manière à garantir au mieux la conservation de l'ADN. Il est important d'optimiser cette conservation qui aura un impact sur la qualité de l'ADN. De plus, l'archivage de ce matériel génétique est essentiel car il permet d'autres ré-analyses ultérieures (Compson *et al.* 2020). Ainsi, une bonne conservation des échantillons permettra par la suite de les réutiliser pour de nouvelles questions de recherches ou des questions auxquelles nous ne pouvons pas actuellement répondre (limitations liées à la technologie), en changeant d'amorces ou en les comparant avec d'autres données par exemple.

Il faut bien évidemment éviter les conservateurs génériques qui ne conviennent pas à la conservation de l'ADN (e.g. formaldéhyde, éthylène glycol, éthanol trop dilué (<70%), …). L'utilisation d'alcools transformés et de formol doit être évitée car ils dénaturent les acides nucléiques (Creer *et al.* 2016). La conservation immédiate des échantillons est essentielle pour éviter la dégradation, sous l'influence de variables environnementales telles que la température, le pH ou encore l'exposition à la lumière. Il existe différents types de conservation adéquates, comme le séchage, la congélation à -20 ° C, la conservation dans de l'éthanol à 100% ou un tampon de lyse cellulaire (Creer *et al.* 2016; Goldberg *et al.* 2016). La température étant un facteur clé de la préservation de l'ADN, les températures ambiantes ne sont à tolérer que pour les stockages à court terme. La plupart des études stockent les échantillons en dessous de la température ambiante pour réduire la dégradation de l'ADN (conditions de stockage de -20 ou -80 ° C en laboratoire) (Liu *et al.* 2020).

Les protocoles ayant pour objectif d'empêcher ou de limiter la dégradation de l'ADN pendant l'échantillonnage et le stockage sont divers et changent selon la source (e.g. terrestre, eau douce, sédiments), l'origine (i.e. échantillons mixtes ou ADNe) ou la durée du stockage des échantillons. Diverses méthodes de stockage sont envisageables, comme le refroidissement à 4, -20 ou -80°C, le séchage, la lyophilisation ou encore l'ajout de tampons de conservation (Lear *et al.* 2018). Dans le cas des échantillons mixtes où le refroidissement des échantillons sur le terrain est difficile, il est possible de les transporter et de les stocker à des températures plus élevés (i.e. ~5°C ou à température ambiante), si l'échantillon est directement mis dans une solution de conservation ou un tampon qui stabilise l'ADN. Cependant, il est généralement

recommandé d'au minimum les placer dans un réfrigérateur ou d'abaisser la température de la pièce de stockage pour ralentir la décomposition de l'ADN (Pawlowski *et al.* 2020). Il est également recommandé de transférer les échantillons dans un congélateur à -20°C dans les 48 heures pour un stockage à court terme (e.g. semaines ou mois) et dans des congélateurs à -80°C pour un pour un stockage à plus long terme (e.g. mois ou années) (Lear *et al.* 2018).

Il est particulièrement important d'optimiser la préservation des spécimens dans les échantillonnages par piégeage qui accumulent des arthropodes sur de longues périodes de temps sur le terrain. Le type d'agent de conservation et les conditions de transport et de stockage vont être tous deux importants. La plupart des études utilisent de l'éthanol à > 95% de qualité moléculaire comme agent de conservation pour piéger les invertébrés terrestres. Le propylène glycol de qualité alimentaire est également une alternative intéressante à considérer dans ces cas, en raison de sa non-toxicité, de son ininflammabilité et de ses faibles taux d'évaporation (Liu *et al.* 2020), mais on ne connait pas sa capacité à conserver l'ADNe libre et sa viscosité est un problème dans les étapes de filtration , où l'ADNe s'attache sur des membranes filtrantes par polarité. En fonction des conditions climatiques et du choix de l'agent de conservation, ces types de pièges peuvent quand même être exploités sur le terrain pendant plusieurs jours à quelques semaines, avant le prélèvement et le traitement des échantillons (Dopheide *et al.* 2019; Barsoum *et al.* 2019).

3. Traitement des échantillons en laboratoire

Une étude standard utilisant du matériel génétique comprend trois étapes au cours desquelles sont traités les mixtes ou d'ADNe: l'extraction d'ADN (i.e. isolation des molécules d'ADN des échantillons), l'amplification en chaîne par polymérase (i.e. PCR, où de nombreuses copies d'une région génomique cible sont créées suite à une série de réactions enzymatiques) et le séquençage à haut débit ou séquençage de nouvelle génération (i.e. HTS, 'High Throughput Sequencing', qui produit des millions de séquences). Il peut exister divers biais et risques de contaminations durant chaque étape. En plus des contrôles de terrain discutés précédemment, il est important d'avoir une procédure de laboratoire qui comprend des contrôles positifs, des contrôles négatifs et des réplicats à toutes les étapes (Deiner *et al.* 2017).

a. Extraction

En tout premier lieu, pour extraire l'ADN d'un échantillon, il faut passer par une étape de lyse du matériel échantillonné afin d'isoler l'ADN présent dans les cellules ou les organelles. La lyse peut s'effectuer soit à l'aide de composants chimiques (i.e. présents dans les tampons de lyse), soit par rupture mécanique des tissus (e.g. en ajoutant des billes à l'échantillon et en le secouant à l'aide d'un vortex ou d'un homogénéiseur à billes). Par la suite, il est nécessaire d'isoler l'ADN en retirant de l'échantillon tous les composants organiques et inorganiques autres que l'ADN. Parfois, cette étape implique l'élimination des inhibiteurs de PCR contenus dans certains échantillons environnementaux afin d'assurer une bonne amplification ultérieure. Ces étapes se font en isolant et purifiant l'ADN sur une membrane de silice, à l'aide de billes magnétiques ou par précipitation (Pawlowski *et al.* 2020). Comme l'utilisation de différentes méthodes d'extraction peut mener à des assemblages d'espèces différents, l'emploi d'un seul protocole est requis au cours d'un projet, afin de garantir la reproductibilité et la comparabilité des résultats (Pawlowski *et al.* 2020).

L'extraction d'ADN est souvent réalisée avec des kits d'extraction d'ADN commerciaux (voir Lear *et al*. 2018 pour plus de détails). Par exemple, l'utilisation de la filtration et du kit DNeasy Blood & Tissue (Qiagen, Hilden, Allemagne) est recommandée pour les échantillons d'eau dans les enquêtes sur la biodiversité des eucaryotes et ce kit Qiagen DNeasy Blood & Tissue est aussi largement utilisé pour les invertébrés terrestres composites (Liu *et al.* 2020). Le choix du kit dépend donc du type d'échantillons mais aussi du type d'organismes considéré (e.g. l'abondance des acides gras chez les insectes et annélides suscite le recours à des kits particuliers).

Exemples de kits commerciaux :

- Utilisés pour les échantillons mixtes : le kit Machery-Nagel NucleoSpin Tissue extraction (Macherey-Nagel GmbH & Co. KG, Düren, Germany), le DNeasy® Blood and Tissue Kit (QIAGEN GmbH, Hilden, Germany), le Bokun Insect DNA Extraction Magnetic Bead Kit (Changchun Bokun Biotech Co., Changchun, Jilin), le kit NucleoMag®.

- Pour les échantillons sol : NucleoSpin® Soil (Macherey-Nagel, Düren, Germany), Precellys® Soil DNA Kit (Bertin Technologies, Montigny-le-Bretonneux, France), PowerLyzer® Soil DNA Isolation Kit (MO BIO Laboratories, Carlsbad, CA, USA),

PowerSoil® Soil DNA Isolation Kit (MO BIO Laboratories, Carlsbad, CA, USA), PowerMax® Soil DNA Isolation Kit (MO BIO Laboratories, Carlsbad, CA, USA), E.Z.N.A. Mag-Bind® Soil (Omega bio-tek, Norcross, GA, USA), FastDNA™ SPIN Kit for Soil (MP Biomedicals, Solon, OH, USA).

- Pour les échantillons aériens l'ADN est extrait en utilisant généralement des kits comme le PowerSoil DNA isolation Kit (Qiagen, anciennement MoBio), ou le Machery-Nagel NucleoSpin Food Kit, il y a aussi le ZR Fungal/Bacterial DNA MicroPrep™ Kit (Zymo Research). Pour le pollen il existe le QIAamp DNA Mini Kit, le Qiagen DNeasy Plant Mini Kit

- Pour les échantillons d'eau : le kit VigiDNA RW, le DNeasy PowerWater Kit (Qiagen), les kit Blood and Tissue.

- Par ailleurs, il existe un kit d'extraction d'ADN universelle modulaire qui fournit une méthode d'extraction adaptable pour différents types d'échantillons (e.g. échantillons de tissus, de sol ou d'eau) et peu coûteuse (Sellers *et al.* 2018). Il est important de noter que le choix n'est pas dépendant uniquement du type d'échantillons mais aussi du type d'organismes (e.g. on aura beaucoup d'acide gras chez les insectes et annélides, ce qui nécessitent des kits particuliers).

Tsuji *et al*. (2019) ont fait une revue des méthodes courantes pour récolter et extraire de l'ADNe provenant de milieux aquatiques. Pour récupérer l'ADNe à partir d'échantillons d'eau, il faut généralement passer par une étape de filtration, précipitation à l'éthanol et centrifugation. L'utilisation de la précipitation à l'éthanol convient le plus souvent aux échantillons d'eau de petit volume et pour les zones où l'accès à un équipement de filtration est difficile. L'utilisation d'éthanol non dénaturé est préférable pour les précipitations mais peut être limitant d'un point de vue logistique ou financier (Liu *et al.* 2020).

b. Amplification par PCR

L'amplification en chaîne par polymérase (PCR) qui permet de générer de nombreuses copies du fragment d'ADN cible g repose sur l'utilisation de fragments courts appelés « amorces » qui sont capables de s'hybrider de façon spécifique, grâce à la complémentarité des bases sur l'un des brins d'ADN. Comme l'ADN cible est généralement en quantité faible ou dégradé dans les échantillons – particulièrement dans les échantillons d'ADNe – il faut amplifier la région cible grâce à une PCR pour générer suffisamment de matériel pour le séquençage. Grâce à la méthodologie PCR, le nombre de fragments d'ADN amplifiés (i.e. aussi appelés amplicons)

croît de manière exponentielle. La PCR est constituée de trois étapes principales (chacune durant en général de 30 à 60 secondes), qui seront répétées sur 15 à 40 cycles. L'ADN est d'abord dénaturé par séparation des deux brins de l'hélice d'ADN grâce à de hautes températures (95°C). Les amorces introduites vont ensuite être hybridées à la région cible de l'ADN à une température qui dépendra des amorces et du degré de spécificité requis (i.e. entre 45 et 60°C). A une température dépendante de l'enzyme utilisée, autour de 72°C une polymérase est enfin utilisée pour l'élongation de la région de code-barres (Pawlowski *et al.* 2020).

Il existe un compromis lié à la longueur du code-barres amplifié, entre des fragments d'ADN plus longs permettant une meilleure résolution taxonomique et des fragments plus courts augmentant la probabilité d'être séquencés (Liu *et al.* 2020). Par ailleurs, les fragments plus courts peuvent persister plus longtemps dans l'environnement et donc modifier l'échelle spatio-temporelle de l'inférence faite à partir d'un échantillon d'ADNe (Deiner *et al.* 2017). Il faut donc s'assurer que le code-barres ne soit pas trop court et présente assez de variations pour distinguer les espèces proches, mais pas trop long pour pouvoir répondre aux exigences techniques du séquençage (variable selon la technologie) (Pawlowski *et al.* 2020). Ceci est particulièrement important dans le cas de l'ADNe, où les amorces doivent être suffisamment courtes pour amplifier les échantillons dégradés, identiques au sein d'une espèce mais variables d'une espèce à l'autre, et flanquées de régions assez conservées pour amplifier plusieurs espèces sans perdre la spécificité du groupe cible (Ruppert *et al.* 2019).

La sélection des amorces est un élément essentiel pour le succès de la détection et l'identification des espèces ; ce choix aura notamment des conséquences sur la capacité à distinguer les taxa. Il existe deux types d'amorces PCR dites sens et anti-sens, qui sont des séquences d'ADN s'hybridant à la région du code-barres ADN comme points de départ de la synthèse des brins d'ADN complémentaires. Elles sont taxon-dépendantes et déterminent le fragment d'ADN à amplifier. Idéalement, les amorces sont assez génériques pour amplifier toutes les espèces appartenant au groupe cible, et assez spécifiques pour amplifier seulement celles-ci (Creer *et al.* 2016; Deiner *et al.* 2017; Ruppert *et al.* 2019). La région variable cible doit donc être choisie pour pouvoir discriminer les espèces attendues dans l'écosystème, et maximiser les chances d'assignation taxonomique au moment de l'analyse bio-informatique (Falentin *et al.* 2019). Dans le cas de la détection d'espèces cibles, les amorces doivent être bien spécifiques afin d'éviter les faux positifs lors de la détection. Bien que le choix de sites de liaison d'amorce conservés de manière évolutive augmente la couverture taxonomique du

marqueur ADN, des bases dégénérées peuvent être utilisées pour augmenter la couverture pour les taxa où les sites de liaison d'amorce ne sont pas conservés. Cela améliore généralement la récupération des taxa, mais augmente aussi les biais d'amplification entre les taxa car il y a compétition d'appariement pour tous les variants d'amorces générés.

La base de données des amorces du système de base de données Barcode of Life (BOLD), consultable sur http://boldsystems.org/index.php/Public_Primer_PrimerSearch, fournit une collection d'amorces publiées. Les chercheurs peuvent déterminer les amorces candidates en recherchant dans la base de données des taxa étudiés, mais les évaluations in silico et in vivo sont également encouragées pour la validation, en particulier pour les groupes taxonomiques moins étudiés.

Les opérateurs vont généralement utiliser un sous-échantillon de l'ADN total extrait pour chaque PCR, ce qui explique que certaines espèces puissent manquer dans une réaction PCR (i.e. faux négatif). Plusieurs répétitions de PCR (i.e. réplicats) sont généralement effectuées pour chaque échantillon d'ADN. En effet, plusieurs réplicats de PCR augmentent la probabilité de détection des espèces cibles, de récupérer des taxa rares et ainsi de réduire les détections de faux négatifs (Ficetola *et al.* 2014; Dopheide *et al.* 2019). Cependant, le nombre de répétitions utilisées diffère souvent d'une étude à l'autre et dépend de divers facteurs tels que les objectifs de recherche, le choix de l'amorce, les contraintes de coût, la profondeur de séquençage, ou la plateforme de séquençage (Ruppert *et al.* 2019). Il est considéré qu'un minimum de deux réplicats PCR pour les études de métabarcoding est nécessaire pour une meilleure estimation de la biodiversité (Pawlowski *et al.* 2020). Si l'objectif d'étude est de détecter une espèce spécifique, il convient d'augmenter le nombre de réplicats. On peut également envisager d'ajouter davantage d'ADN à chaque réaction et d'effectuer moins de réplicats (Pawlowski *et al.* 2020), tout en étant conscient qu'un excès d'ADN peut aussi inhiber une PCR.

L'amplification par PCR peut avoir de nombreuses sources de biais, tels que des substitutions et insertions introduites par l'enzyme polymérase, des substitutions causées par les changements de température durant les cycles de la PCR. Par conséquent, il est recommandé d'utiliser des ADN polymérases haute-fidélité pour réduire les taux d'erreur de PCR (Liu *et al.* 2020). On peut également observer des variations dans la capacité de liaison des amorces. En effet, l'hybridation des amorces peut être influencée par d'éventuels mésappariements avec la matrice ou la polymérase peut patiner davantage sur certaines régions du fait de la séquence ou de structures secondaires. Ainsi, certaines différences d'efficacité d'amplification sont difficiles

à prédire ou à corriger (Falentin *et al.* 2019). Le choix des amorces a également le potentiel de biaiser les résultats en amplifiant certaines séquences plus que d'autres, ce qui peut être résolu par l'utilisation de plusieurs ensembles d'amorces ayant pour cibles différentes régions variables dans la même réaction PCR, bien que cela puisse être plus couteux et plus long (Ruppert *et al.* 2019). Cependant, cette approche peut également diminuer l'efficacité de la réaction PCR en engendrant certains biais si elle n'est pas convenablement réalisée (Pawlowski *et al.* 2020). Il faut noter par exemple que les amorces ont des températures de fusion spécifiques et qu'une mauvaise température engendre soit une dégradation ou des appariements non spécifiques (il est rare d'avoir plusieurs couples ayant des températures optimales identiques).

De plus, l'utilisation de marqueurs multiples ou alternatifs n'améliore pas nécessairement la détection des espèces (Elbrecht *et al.* 2019). Il faut savoir que les amorces n'amplifient pas tout l'ADN de la même façon dans l'échantillon, conduisant à un biais dans la proportion d'abondance de l'ADN des différentes espèces (Elbrecht *et al.* 2017; Piñol *et al.* 2019). Lors de l'exécution d'une PCR avant HTS, les amorces peuvent être marquées avec de courtes séquences nucléotidiques (« tag ») pour identifier de manière unique leur source lors d'un processus appelé multiplexage, ce qui peut apporter une source de biais dans les résultats (Ruppert *et al.* 2019).

En outre, on peut observer la formation de séquences dites chimériques (i.e. assemblages artéfactuels de plusieurs séquences) au cours de la PCR. Lors de l'élongation d'une séquence, il est possible que celle-ci se détache de sa matrice puis qu'elle soit utilisée comme amorce et se ré-hybride avec un autre brin matrice dans les cycles suivant, engendrant ainsi une chimère. Cette chimère, constituée de la séquence de plusieurs brins matrices ne provenant d'aucun organisme de l'échantillon, est donc présente dans la librairie de séquençage (i.e. ensemble des fragments d'ADN que l'on veut séquencer) et sera séquencée. Bien que leur abondance reste plus faible que les séquences réelles, elles peuvent conduire à la création de MOTUs chimériques numériquement abondants (Falentin *et al.* 2019). Il y a maintenant des outils bio-informatiques performants qui excluent ces chimères, et le 'twin-tagging' est un multiplexage efficace pour les filtrer avant même les programmes spécifiques.

c. Séquençage

Avant le séquençage, les réplicats PCR vont être purifiés, quantifiés et regroupés pour préparer la librairie. Le multiplexage d'échantillons – ou séquençage multiplex - permet de regrouper et

séquencer un grand nombre d'échantillons (ou librairies) simultanément au cours d'une seule analyse, tout en créant des opportunités d'erreurs et de biais. Le multiplexage des échantillons est généralement réalisé grâce à l'incorporation d'indices nucléotidiques spécifiques à l'échantillon et d'adaptateurs de séquençage lors de l'amplification par PCR, ce qui permettra le démultiplexage (i.e. l'identification des échantillons) après le séquençage (Deiner *et al.* 2017; Pawlowski *et al.* 2020). Les séquences des fragments sont appelées des "reads"(ou lectures), et sont sauvegardées dans un fichier compressé (e.g. '.fasq.gz').

Depuis le début du séquençage à haut débit, l'utilisation du métabarcoding comme outil de détection de la biodiversité a suscité un immense intérêt. Les plates-formes de séquençage à haut débit permettent désormais le séquençage rapide de l'ADN à partir de divers types d'échantillons. Les HTS (i.e. High-Throughput Sequencing) permettent de séquencer plusieurs milliers de séquences différentes à la fois. Avec les progrès technologiques, les séquenceurs ont des capacités de séquençage, de nombre d'échantillons séquencés simultanément et de profondeur toujours plus élevées. Ces progrès créent de nouvelles opportunités pour les études de métabarcoding et la quantité de données a augmenté. Des erreurs telles que des substitutions, insertions ou délétions peuvent être introduites pendant le séquençage et conduisent à des erreurs de lecture. La technologie Illumina est connue pour introduire des séquences inattendues lors du séquençage d'échantillons témoins de composition connue qui ont été identifiées comme provenant d'autres librairies séquencées dans le même 'run' et seraient donc mal attribuées (Falentin *et al.* 2019).

Les plates-formes de séquençage à haute capacité permettent une évaluation rapide et complète sur le plan taxonomique de pratiquement tous les organismes d'un échantillon en utilisant une approche uniforme (Compson *et al.* 2020). Plusieurs plateformes sont disponibles pour cette étape de séquençage, comme le séquenceur ultra-portable MinION (Oxford nanopore technology). Cet outil a une petite taille, une alimentation via un ordinateur portable et ne nécessite qu'un faible investissement en équipement (une connexion internet et la capacité de faire l'extraction, la PCR, et les étapes de préparation de la librairie qui requièrent de la glace), ce qui permet le séquençage sur site (Runtuwene *et al.* 2019). Cependant, la plate-forme de séquençage haut débit Illumina MiSeq (San Diego, Californie) est actuellement la plus populaire pour les études de métabarcoding. Elle offre une profondeur de séquençage raisonnable et de faibles taux d'erreur à un coût abordable (Liu *et al.* 2020). En effet, cette technologie présente un taux d'erreur inférieur à 0.4%, (i.e. majoritairement dû à des substitutions), et les dernières améliorations ont permis d'obtenir des fragments de taille

relativement importante avec un coût beaucoup plus faible (Falentin *et al.* 2019). Le MiSeq est capable de produire jusqu'à 30M de lectures de 2x300 pb. Un des avantages de ce séquençage est que la bio-informatique MiSeq peut être sous-traitée à des sociétés commerciales ou à des laboratoires dédiés à un coût raisonnable, et l'output des fichiers peut être directement traité par un opérateur ordinaire. Actuellement, il n'y a pas de consensus sur la profondeur de séquençage nécessaire pour récupérer tous les taxa dans un échantillon donné. L'augmentation de la profondeur de séquençage peut augmenter dans une certaine mesure le taux de détection des taxa de faible abondance, mais elle est toujours soumise aux limites des instruments de séquençage et des coûts (Braukmann *et al.* 2019).

D'autres technologies de séquençage haut-débit existent avec différents niveaux de profondeurs de séquençage ou de débits comme le PGM Ion Torrent (séquences allant jusqu'à 400 pb), celle d'Oxford Nanopore ou de Pacific BioSciences (amplicons de plusieurs kb), mais avec un taux d'erreur encore relativement élevé (Creer *et al.* 2016; Falentin *et al.* 2019). Cependant, Braukmann et al. (2019) ont démontré des performances similaires pour trois plateformes (MiSeq, Ion Torrent PGM et Ion Torrent S5) dans la récupération d'espèces, bien que MiSeq soit généralement recommandé en raison de son taux d'erreur plus faible et de ses procédures bio-informatiques bien établies. Certaines technologies offrent le séquençage en paires (i.e 'paired-end'), telle que la technologie lllumina. Cela permet aux utilisateurs de pouvoir séquencer à partir des deux extrémités d'un fragment et de générer des données de séquence de meilleure qualité.

Par ailleurs, il est recommandé de soumettre les fichiers bruts des séquençages (i.e. fichiers FASTQ) avec des métadonnées standardisées au 'Sequence Read Archive' (SRA) du NCBI (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra), à l'European Nucleotide Archive (ENA, https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/home), ou à d'autres bases de données nationales publiques avant publication. En France par exemple, le PNDB (Pôle National de données de biodiversité) produit, gère et analyse des données de biodiversité. En particulier, il fournit un accès aux jeux de données et de métadonnées, et facilite le partage des pratiques, des données et leur réutilisation avec les autres communautés de recherche (https://www.pndb.fr/). Cette pratique d'archivage dans des bases de données accessibles au public est courante dans les études génomiques, car elle permet de réanalyser ultérieurement les données avec de nouveaux outils informatiques (Creer *et al.* 2016; Deiner *et al.* 2017).

4. Autres approches méthodologiques

a. Abondance et quantification : qPCR et ddPCR

Une critique contre l'utilisation des approches génomiques est que les abondances relatives de lecture d'ADN séquencé ne sont pas fortement corrélées avec l'abondance ou la biomasse des espèces dans l'échantillon initial (Voir aussi section I.2). Lorsque les études cherchent à quantifier la concentration initiale d'ADN dans un échantillon, elles peuvent avoir recours à la PCR quantitative en temps réel (qPCR) ou à la PCR digitale en micro-compartiments (ddPCR). Par exemple, la méta-analyse de Yates et al. (2019), basée sur des résultats de qPCR et ddPCR, a montré que malgré une corrélation généralement plus faible dans les environnements naturels comparés aux études de laboratoire contrôlées, la concentration d'ADNe expliquait souvent une variation substantielle de l'abondance.

La qPCR ressemble à la PCR puisqu'elle consiste en une amorce spécifique à une espèce, mais l'addition d'un marqueur fluorescent assure l'émission de lumière fluorescente lorsque les produits PCR s'accumulent. La qPCR nécessite une machine quantifiant la fluorescence du produit PCR. Pour réaliser une qPCR, on peut soit utiliser un marqueur fluorescent, soit utiliser une sonde marquée par fluorescence. Pour réaliser une quantification absolue de l'ADN, il faut effectuer une série de dilutions avec un échantillon à la concentration d'ADN cible connue, qui vont permettre de déterminer la limite de détection (LOD, i.e. quantité minimale de séquence d'ADN cible pouvant être détectée dans l'échantillon) ainsi que la limite de quantification (LOQ, i.e. concentration minimale fournissant des niveaux acceptables de précision et d'exactitude pour la quantification) (Pawlowski *et al.* 2020). La sonde nucléotidique marquée qui doit se lier à la séquence cible doit correspondre à la séquence spécifique à l'espèce. Comme la quantification implique de faire correspondre les trois éléments (la sonde ainsi que les amorces sens et antisens), le test est plus difficile mais présente une spécificité et une sensibilité accrues (Pawlowski *et al.* 2020). La qPCR semble ainsi avoir un seuil de détection plus bas que la PCR en raison de sa sensibilité généralement plus élevée (Thomsen et al. 2012). Les approches qPCR utilisant une sonde sont couramment utilisées pour la détection d'espèces cibles (Biggs *et al.* 2015; Mauvisseau *et al.* 2018). En effet, l'approche qPCR va cibler de petits ensembles d'espèces d'intérêt et ne repose pas sur le séquençage de l'ADN tandis que l'approche de métabarcoding tire parti d'instruments de séquençage d'ADN à haut débit pour identifier simultanément des organismes dans divers groupes taxonomiques (Compson *et al.* 2020). La qPCR présente des avantages par rapport aux méthodes de détection traditionnelles basées sur la PCR, tels qu'une sensibilité et une spécificité plus élevées, une

détection plus rapide, et la capacité de fournir des résultats quantitatifs (Yoo *et al.* 2017). La qPCR a par exemple été utilisée pour détecter une espèce de souris sauteuse (*Zapus hudsonius luteus* ; Miller, 1911) du Nouveau-Mexique sur du matériel végétal (Lyman *et al.* 2022). Cette étude a démontré que l'ADNe des mammifères peut persister sur la végétation des nids longtemps après la présence de l'animal, et pointe le potentiel de l'ADNe des plantes dans la détection d'espèces terrestres rares ou menacées. Keller *et al.* (2022) ont modélisé la détection par qPCR via l'ADNe et les données des pièges traditionnels pour estimer la densité du crabe vert européen (*Carcinus maenas* ; Linnaeus, 1758). Ils documentent ainsi l'ADNe du crabe vert au-delà du front d'invasion précédemment connu et démontre que l'ADNe réduit l'incertitude sur les sites pour lesquels les données sont limitées.

Comme pour la qPCR, la PCR digitale (i.e. aussi appelée PCR digitale en micro-compartiments, ddPCR ou dPCR) est basée sur l'utilisation de marqueurs ou de sondes fluorescentes, mais la méthode de quantification est fondée sur une technique différente. La ddPCR fractionne un échantillon individuel en milliers de partitions, où chaque compartiment contient - ou non - un brin d'ADN matrice et fonctionne comme un microréacteur PCR (Pawlowski *et al.* 2020). La PCR digitale permet d'amplifier chaque ADN cible, s'il est présent, dans un compartiment indépendant. Chaque subdivision produit ainsi, un signal positif ou négatif selon la présence de la molécule d'intérêt, et l'analyse de la fluorescence permet de détecter ceux qui contiennent un ADN cible. En réalisant l'amplification de molécules d'ADN dans des compartiments indépendants, la dPCR en systèmes microfluidiques permet de déterminer la proportion d'amplifications PCR positives avec de hauts niveaux de sensibilités et de spécificités (Pawlowski *et al.* 2020). Cette approche permet de quantifier l'ADN sans établir de courbe standard avec les échantillons et certaines études suggèrent que la qPCR serait moins précise et plus onéreuse que la ddPCR (Hunter *et al.* 2017; Mauvisseau *et al.* 2019; Pawlowski *et al.* 2020). Par exemple, une étude a constaté que les erreurs d'analyse étaient plus faibles avec la dPCR que la qPCR et qu'elle fournissait des résultats plus précis pour l'abondance et la biomasse de l'espèce cible (Doi *et al.* 2015).

b. Métagénomique

La métagénomique consiste à fragmenter tous les ADNs présents dans un échantillon mixte en courts fragments et à en séquencer la totalité grâce à un séquenceur haut débit (i.e. 'Shotgun sequencing'). Les nombreuses séquences obtenues seront ensuite ré-assemblées en génome mitochondrial complet ou partiel via des pipelines bio-informatiques afin de reconstruire les génomes d'origine. Cette approche présente ainsi une alternative pour la caractérisation de

communautés complexes telles que les échantillons mixtes (Crampton-Platt *et al.* 2016). Elle a notamment été utilisée pour produire des séquences génomiques mitochondriales (i.e. mitogénomique) d'assemblages de coléoptères, permettant l'analyse simultanée de la diversité des espèces, de la structure phylogénétique et des facteurs de diversification des communautés de coléoptères du sol (Andújar *et al.* 2015). De plus, Arribas *et al* (2016) ont utilisé une combinaison de pipelines de séquençage par PCR (métabarcoding) et de métagénomique pour caractériser la diversité des sols dans un contexte phylogénétique et écologique communautaire. (. Tang *et al.* (2015) ont montré que la métagénomique et le reséquençage des génomes mitochondriaux (i.e. mitogénomique) peuvent être appliqués avec succès à des échantillons en vrac d'abeilles sauvages. Les auteurs concluent que la mitogénomique permet d'automatiser l'identification taxonomique, même pour les espèces cryptiques, et de suivre les changements dans la richesse et de la répartition des espèces. Contrairement aux protocoles de métabarcoding, la métagénomique ne repose pas sur l'amplification de séquences génomiques spécifiques. Elle se fait sans PCR,) évitant ainsi les potentiels biais introduits par les procédures de la PCR (Creer *et al.* 2016). Le principal facteur limitant l'efficacité de la métagénomique est lié à la profondeur de lecture qui doit être adéquate pour obtenir des résultats précis (ce qui peut être difficile à obtenir à partir d'échantillons complexes comme le sol). L'augmentation de la puissance de séquençage nécessaire pour obtenir cette profondeur de lecture entraîne souvent des surcoûts importants qui peuvent-être prohibitifs (Francioli *et al.* 2021). L'analyse des ensembles de données métagénomiques conduit à des bases de données plus conséquentes que celles produites par les approches de métabarcoding, ce qui entraîne des analyses plus longues à réaliser, et requiert une plus grande puissance de calcul et d'expertise. La métagénomique peut également être utilisée pour séquencer tous les fragments d'ADNe présents dans un échantillon sans se concentrer sur un groupe taxonomique, un locus ou une longueur de fragment spécifique. Dans l'étude de Curto *et al.* (2022), cette méthode a permis de décrire les communautés de poissons d'eau douce en se basant sur des échantillons d'eau des rivières. La métagénomique de l'ADNe a fourni plus d'informations que le métabarcoding, avec une capacité de détection plus élevée pour les espèces de poissons représentées par un ADN peu abondant et fortement dégradé et une différenciation entre l'ADNe local et transporté.

III – Traitement des données de séquençage et identification des espèces

1. Analyse et outils bio-informatiques

Suite au séquençage, les lectures sont sauvegardées dans un fichier '.fastq' où elles sont associées avec leurs scores de qualité phred (qui évaluent la confiance du séquençage). Les données de séquence brutes devront être traitées en plusieurs étapes bio-informatiques. En premier lieu, une sélection des séquences selon leur qualité, incluant la soustraction des bruits et la suppression d'amplicons de faible qualité (e.g. contenant des bases ambiguës), a pour objectif de nettoyer les séquences afin d'enlever le bruit de fond apporté par de potentiels biais méthodologiques. Dans un second temps, les séquences sont regroupées en clusters en fonction de leur similarité et assemblées en unités taxonomiques opérationnelles (Deiner *et al.* 2017). Une classification des séquences à plusieurs niveaux taxonomiques hiérarchiques : royaume, phylum, classe, ordre, famille, genre, … sera effectuée grâce à la comparaison de ces OTUs à des séquences connues provenant de bases de données de référence. Les résultats vont ainsi consister en des listes de tous les taxa détectés dans un échantillon donné (Compson *et al.* 2020). Grâce à un séquençage ultra-profond et à de nouveaux outils bio-informatiques, le métabarcoding peut générer une liste taxonomique des espèces présentes dans un échantillon assez rapidement (Compson *et al.* 2020). Les analyses bio-informatiques des données de séquençage peuvent toutefois être assez complexes et décourageantes pour les utilisateurs.

Une des premières étapes de prétraitement des données de séquençage consiste au 'rognage' des séquences pour enlever divers éléments comme les adaptateurs de séquençages si on part des fichiers bruts, les tags ou encore les amorces. Par la suite, il y a un 'filtering' afin d'éliminer les lectures qui sont trop courtes (i.e. information insuffisante pour l'assignation taxonomique) ou trop longues (i.e. pouvant être des chimères), qui contiennent des bases inconnues, n'ont pas d'amorces ou avec des erreurs dans les amorces (Deiner *et al.* 2017). Lors de ce filtre, les séquences de mauvaise qualité (i.e. avec des scores Phred faibles) sont également supprimées. Les scores Phred calculés par les plateformes de séquençage peuvent également servir à déterminer les probabilités d'erreur maximales et être utilisés dans le filtrage de qualité. La sélection d'un niveau de filtrage d'erreur maximal de 1 ou 0,5 (plus l'erreur considérée est faible, plus la limite est stricte) est courante dans certaines études sur les macro-organismes (Deiner *et al.* 2017). Certaines technologies, comme l'Illumina, utilisent un séquençage en paires (i.e. 'paired-end') où le séquençage se fait dans les deux sens. Comme la comparaison des séquences permet d'aligner les parties qui se recouvrent partiellement ou chevauchantes, il est alors possible de relier les séquences qui se chevauchent en enchainements appelés contigs

et de les fusionner. De plus, plusieurs échantillons sont généralement regroupés au cours d'un séquençage et chaque échantillon est caractérisé par un court fragment d'ADN (i.e. avec un 'tag'). Le démultiplexage est une étape qui inclut l'identification des séquences (à l'aide de ces tags pour pouvoir associer les lectures à l'échantillon d'origine) et leur séparation en échantillons d'origine, et le trimming (i.e. rognage) de tous les tags et adaptateurs. La déréplication est le processus où les séquences filtrées par qualité sont regroupées en un ensemble de lectures uniques et va ainsi permettre de garder un seul exemplaire d'une séquence (Falentin *et al.* 2019). Le débruitage consiste à corriger les erreurs de séquençage à l'aide de modèles d'erreur (e.g. https://github.com/biocore/deblur).

Il existe deux principes de déchimérisation qui permettent d'éliminer les séquences dites chimériques (Falentin *et al.* 2019). Il est possible de détecter une chimère en alignant les lectures obtenues avec une base de données de référence et d'éliminer celles qui génèrent des alignements partiels sur 2 (ou plus) brins appartenant à des taxa différents (i.e. déchimérisation sur référence). L'inconvénient est qu'elle n'est pas très bien adaptée pour des espèces d'écosystèmes peu connus dont la plupart des séquences ne sont pas dans les bases de données. La deuxième possibilité est de détecter les chimères en alignant chaque lecture sur les autres lectures de l'échantillon, puis d'écarter celles qui génèrent des alignements partiels (i.e. sur une partie de la longueur) avec plusieurs autres lectures différentes (i.e. déchimérisation de novo qui suppose que les séquences 'parentales' de la chimère sont présentes dans l'échantillon mais en plus grande quantité que la chimère elle-même).

Les lectures sont alors regroupées en cluster avec un fort pourcentage d'identité et toutes les lectures du même cluster seront par la suite assignées taxonomiquement. Les séquences peuvent ainsi être comparées et leurs relations seront exprimées en pourcentage de similarité ou de divergence entre les bases nucléiques qui les composent. De ce fait, les séquences ayant un pourcentage de divergence inférieur - ou de similarité supérieur - à un seuil donné se verront regroupées au sein d'une même unité taxonomique opérationnelle. Par exemple, un critère de similitude de 97 % est communément utilisé pour différencier deux espèces (Falentin *et al.* 2019). Par ailleurs, les MOTUs peuvent être utilisées dans les suivis de biodiversité sans passer par l'étape d'assignation taxonomique. Suite à leur création, un filtre basé sur l'abondance des MOTUs est généralement appliqué afin d'éliminer celles qui ont une faible abondance ou qui n'apparaissent qu'une seule fois (i.e. singletons) dans les données, car ce sont potentiellement des taxa rares, des faux positifs, dus à une faible contamination ou des chimères non supprimées préalablement (Deiner *et al.* 2017). Par exemple, Bokulich *et al.*

(2013) conseillent de supprimer les OTUs dont l'abondance dans les données est inférieure à 0.005 %. Par ailleurs, il est possible d'appliquer un filtre de prévalence et de ne sélectionner que les OTUs présents dans X% des réplicats, pour ne conserver que ceux dont la présence est répétée. De façon similaire, si on dispose de réplicats techniques, il est possible de déterminer le seuil à partir duquel les MOTUs identifiées sont liées aux biais techniques, et retirer ceux dont l'abondance est inférieure à ce seuil dans tous les échantillons. Par conséquent, les filtres sont considérés comme une étape importante car ils réduisent le nombre de faux MOTUs, facilitent l'interprétation biologique des résultats et accélèrent les traitements ultérieurs (Falentin *et al.* 2019).

Les variants de séquences d'amplicon (ASV, Amplicon Sequence Variants) permettent d'éviter l'étape de clustering puisque le but est de corriger le bruit introduit dans les fragments séquencés plutôt que d'agglomérer les séquences proches. Étant donné que les lectures appartiennent initialement toutes au même groupe, si la diversité des lectures au sein de ce groupe est plus grande que la diversité attendue uniquement en présence d'erreurs de séquençage, ce groupe sera divisé en sous-groupes plus homogènes, et cela jusqu'à ce que chaque sous-groupe soit homogène (i.e. correspondant à une lecture dont les variations sont engendrées par les erreurs de séquençage). Ces approches permettent d'obtenir des MOTUs très fines, mais sont très sensibles à des biais systématiques lors du séquençage (Falentin *et al.* 2019).

Finalement, l'assignation taxonomique se fait en comparant la similarité des MOTUs ou directement avec les lectures restantes après filtrage de qualité à des bases de données de séquences de référence publiques ou personnelles. En effet, la base de données de référence peut être constituée de séquences accessibles au public ou de séquences de référence conçues par l'étude selon le taxon et le marqueur utilisé (Deiner *et al.* 2017). Ces méthodes d'assignation se font souvent grâce à l'alignement de séquences. Nous n'en discutons que brièvement ici, mais voir l'étude de Deiner *et al*. (2017) qui résume les diverses approches utilisées dans cet aspect important du pipeline bio-informatique et fournit diverses références. Habituellement, cela se fait via l'interface web BOLD, BLAST ou MIDORI. BLAST (i.e. Basic Local Alignment Search Tool) repose sur la base de données du NCBI et où le paramétrage concerne les seuils minimaux de pourcentage d'identité et de séquence couverte que l'on autorise pour l'assignation taxonomique (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi). Si la base de données de référence contient les séquences des espèces, alors les séquences provenant d'échantillons peuvent être identifiées au niveau de l'espèce. En raison du caractère incomplet des actuelles

bases de données de référence, l'identification ne peut être réalisée dans certains cas qu'à des niveaux taxonomiques supérieurs (e.g. l'attribution se fait au niveau de la famille ou de la classe), ou il est également possible pour la séquence d'être affectée à une OTU particulière.

Parmi les algorithmes disponibles pour analyser les données de métabarcoding, la plupart sont proposés avec une interface de ligne de commande, tandis que d'autres disposent d'une interface graphique plus conviviale. Cela implique d'avoir un minimum de connaissances en programmation de base telles que la capacité d'utiliser, manipuler ou écrire des programmes en langage Shell bash (GNU) ou Python pour analyser de gros volumes de données, et une certaine familiarité avec R (Creer *et al.* 2016). Il est recommandé aux débutants de consulter des experts en bio-informatique pour éviter les erreurs. Un pipeline bio-informatique générique pour les données de métabarcoding se compose de cinq étapes principales : démultiplexage des échantillons, fusion des lectures de paires, filtrage de la qualité, curation OTU et attribution taxonomique (Liu *et al.* 2020). Il est donc possible de devoir faire appels à plusieurs programmes bio-informatiques distincts pour analyser des données brutes provenant du séquençage. Il existe de nombreux exemples de programmes et ressources informatiques (Tableau 1) pouvant être utilisés dans les diverses tâches liées à l'identification des espèces (voir aussi Mathon *et al.* 2021).

L'équipement technique, l'expertise en laboratoire et informatique nécessaire à l'utilisation de ces types de méthodes en font des approches qui restent hors de portée pour de nombreux chercheurs sans partenariats avec des laboratoires. Cependant, avec le développement du nombre de laboratoires génomiques commerciaux, il est possible de sous-traiter différentes étapes telles que la partie bio-informatique (Compson *et al.* 2020; Liu *et al.* 2020).

2. Bases de données de référence

Une étape importante pour le succès des méthodes de métabarcoding dans les suivis de biodiversité est l'assignation taxonomique et donc l'existence de bases de données de référence qui associent des données génétiques à des spécimens identifiés. Ces bases de données vont permettre d'identifier les spécimens inconnus obtenus à partir du séquençage de marqueurs par comparaison de séquences. Un des obstacles majeurs à l'utilisation de la méthodologie du métabarcoding dans les études de suivis de biodiversité est l'incomplétude des bases de données de référence. La couverture des bases de données peut être à la fois incomplète et inégale, et présente des variations basées sur le groupe taxonomique, la région géographique, ou encore

sur la couverture génétique (e.g. COI, 16S, 18S) (Compson *et al.* 2020). Diverses initiatives nationales et internationales permettent de faire avancer la recherche sur les code-barres ADN à travers des projets tels que l'International Barcode of Life (iBOL, https://ibol.org/), ainsi que des versions régionales et nationales qui vont aider à la création de bases de données de codes-barres ADN. En effet, ce type de projet va générer de nombreuses séquences qui pourront être ensuite compilées sur une plateforme bio-informatique (i.e. Barcode of Life Data System). Ainsi, plusieurs bases de données internationales et nationales existent en ligne et continuent à croître régulièrement (Tableau 2). Il est important de faire attention à la qualité des séquences dans les bases de données, notamment pour celles qui ne sont pas nettoyées (e.g. Genbank et MIDORI).

3. Méthodes génétiques et programmes de sciences citoyennes

Le recours à des volontaires pour aider et participer aux suivis de la biodiversité est en augmentation dans le monde et peut apporter une contribution précieuse aux suivis à long terme. L'ADNe peut être considéré comme un outil écologique et de conservation très utile lorsqu'il est utilisé en combinaison avec d'autres sources de données provenant, par exemple, des sciences citoyennes. Cela permet d'échantillonner de vastes zones géographiques avec un minimum d'efforts tout en étant non invasif, ce qui est une caractéristique essentielle pour le suivi et la conservation des espèces (ou des écosystèmes) menacés (Pascher *et al.* 2022). Bien que les compétences requises pour réaliser les étapes de laboratoire et de bio-informatique du métabarcoding sont souvent trop complexes pour les scientifiques citoyens, ils deviendront certainement une grande composante de l'échantillonnage sur le terrain. En considérant que le métabarcoding de l'ADNe peut être effectué à l'aide d'échantillons ne nécessitant que peu de formation, et avec l'existence de procédures standardisées et de kits d'échantillonnage ; les citoyens pourraient devenir des acteurs clés de l'extension du métabarcoding dans la recherche (Compson *et al.* 2020). La science citoyenne peut être utilisée comme une source de collecte d'échantillons pour l'analyse de l'ADNe afin d'évaluer la diversité des espèces dans une zone particulière pour contribuer au suivi et à la conservation des espèces. (Lavin 2022) a montré que les contaminations des échantillons d'ADNe collectés le long de deux rivières par les citoyens était similaire à ceux collectés par des professionnels. Des projets nationaux - incluant des professionnels et des non-professionnels - sont notamment en train d'émerger dans divers pays, tels que les États-Unis (CaleDNA Initiative, https://ucedna.com/) et le Canada (Sequencing the Rivers for Environmental Assessment and Monitoring, STREAM, https://stream-dna.com/), pour collecter des échantillons de métabarcoding d'ADNe. Dans le

cadre de CaleDNA et grâce aux résultats provenant des divers échantillons (sol, sédiments et eau) partagés en ligne, il est possible de découvrir les patrons de biodiversité de la Californie qui ne recoupent que légèrement ceux des suivis plus traditionnels (Meyer *et al.* 2021). Bien que les résultats de l'ADNe ne soient pas toujours précis, les auteurs soulignent le fait que l'équipe du programme progresse pour les intégrer à la gestion de la biodiversité en Californie (e.g. pour surveiller le rétablissement des écosystèmes après un incendie de forêt). Srivathsan *et al* (2021) dévoilent quant à eux un flux de travail de barcoding à la fois simple et rentable, en utilisant le séquenceur portable MinION et un nouveau logiciel, ONTbarcoder (aide aux défis bio-informatiques posés par les lectures MinION). Cette méthodologie ne sollicite qu'un équipement de laboratoire minimal, et à l'avantage de présenter un apprentissage rapide (en quelques jours), une réduction des coûts de séquençage (< 10 cents par codes-barres), et d'obtenir rapidement la séquence. Ils décrivent notamment comment les amplicons marqués peuvent être obtenus et séquencés en temps réel sur le terrain, dans des laboratoires de biodiversité, dans le cadre de science citoyenne, ou encore dans des écoles. Les auteurs concluent que cette méthodologie favorisera probablement l'utilisation généralisée de cet outil pour les études de suivi de la biodiversité pour les agences gouvernementales, les universités, les musées et les écoles. L'intervention des sciences participatives peut être grandement bénéfique en impliquant les citoyens, en les éduquant sur ces sujets et en diffusant les connaissances scientifiques au grand public.

Les études basées sur les analyses moléculaires ouvrent de nouvelles opportunités très diverses pour des programmes de science citoyenne et permettent de faire intervenir des bénévoles au niveau de la récolte d'échantillons ou du processus d'identification. Par exemple, des échantillons de coléoptères aquatiques ont été collectés au Monténégro grâce à des scientifiques citoyens, des étudiants et des taxonomistes, qui ont été séquencés par la suite (Freitag *et al.* 2021). Un programme de science citoyenne (i.e. 'Conservation Scats') a notamment été créé pour collecter des échantillons d'excréments pour décrire les régimes alimentaires et l'utilisation de l'habitat de divers méso-carnivores avec une approche de métabarcoding ADN (Smith *et al.* 2018). Par ailleurs, des piquants perdus par une espèce de porc-épic ont été collectés par des observateurs citoyens comme sources d'ADN aisément disponibles pour contribuer à une mise à jour de la carte de répartition de ce rongeur (Mori *et al.* 2017). Un autre projet de science citoyenne (i.e. le 'Peninsular Malaysia Butterfly Count') a fait intervenir des participants pour participer au décompte d'espèces de papillons et échantillonner - de manière non létale - des pattes de spécimens afin d'identifier les espèces par

code-barres ADN et établir une base de référence pour de potentiels futurs suivis de changements de communautés (Wilson *et al.* 2015). Une approche de science citoyenne avec un protocole simple (i.e. photos, collecte de spécimens et données de végétation) a également permis d'évaluer l'abondance et l'occurrence de limaces invasives dans les jardins autrichiens et d'identifier les facteurs environnementaux sous-jacents à leur occurrence (Dörler *et al.* 2018). Les échantillons d'eau nécessaires à l'analyse d'ADNe ont l'avantage d'être relativement simples et rapides à collecter. L'étude de Biggs *et al.* (2015) a ainsi montré que des bénévoles ont pu collecter avec succès des échantillons d'ADNe aquatiques pour détecter la présence ou l'absence de tritons, après une formation limitée.

En plus des utilisations typiques de taxonomie et de suivis de biodiversité, les code-barres ADN peuvent être un outil important pour enseigner et apprendre aux étudiants la méthode et la recherche scientifique. Par exemple, des étudiants ont été impliqués dans l'évaluation de la biodiversité du parc marin de New York avec la méthode de codes-barres ADN (Marizzi *et al.* 2018). Ces scientifiques citoyens ont été rapidement formés pour identifier les espèces à l'aide de codes-barres ADN, et en effectuant des recherches NCBI GenBank BLAST, les étudiants ont identifié taxonomiquement de nombreux échantillons et ont publié de nouveaux codes-barres ADN sur GenBank. Dans une autre recherche récente, des étudiants ont contribué à une meilleure compréhension des impacts d'une espèce envahissante, à travers l'étude de leurs régimes alimentaires basée sur les code-barres ADN des proies (Eble & Pecore 2019). Par ailleurs, un projet de science citoyenne éducatif basé sur le code-barres ADN de spécimens de reptiles provenant de collections de tissus congelés de Musées a été mis en œuvre pour générer des données scientifiques solides (e.g. nouvelles séquences) qui pourraient être analysées en toute confiance (Chiovitti *et al.* 2019).

IV – Conclusion

Un des avantages majeurs d'une approche fondée sur l'ADN est de pouvoir identifier et surveiller un large éventail d'organismes, des microbes aux plantes et animaux. Ces nouvelles approches offrent notamment des perspectives de suivis pour des groupes jusqu'alors délaissés par les méthodes plus traditionnelles, qui sont souvent très diversifiés et posent des problèmes lors de l'identification morphologique. Par ailleurs, un avantage essentiel à toutes ces approches basées sur l'ADNe est le caractère non invasif et non destructif de l'échantillonnage pour de nombreux organismes. Cela s'avère particulièrement critique d'un point de vue éthique et pour

la conservation si l'on veut étudier des espèces rares. Il est très intéressant de pouvoir ré-analyser des échantillons ultérieurement pour des vérifications ou répondre à de nouvelles questions grâce aux progrès des techniques. Les chercheurs peuvent implémenter facilement diverses méthodologies complémentaires sur le terrain afin d'améliorer les suivis de la biodiversité terrestre. Récemment, des chercheurs ont proposé un réseau de stations majoritairement autonomes composées de plusieurs capteurs automatisés afin de faire un suivi de la biodiversité (i.e. 'AMMOD' ou Automated Multisensor stations for Monitoring of species Diversity ; Wägele *et al.* 2022). Ce réseau combine des technologies de pointe avec l'informatique de la biodiversité (i.e. reconnaissance des espèces à l'aide d'images, de l'acoustique et du métabarcoding) en utilisant des pièges à caméra pour les mammifères et les petits invertébrés, mais aussi des échantillonneurs autonomes pour les insectes, le pollen et les spores, des enregistreurs audio pour les animaux qui vocalisent, des capteurs pour les composés organiques volatils émis par les plantes. Par contre, un des problèmes de ces approches est le fait que les bases de données de références sont encore très incomplètes, notamment pour certains groupes taxonomiques hyperdiversifiés. Il est aussi important de noter la complexité des étapes bio-informatiques de ces approches et leur rapidité d'évolution. Comme pour la reconnaissance des espèces basée sur les images ou l'acoustique, nous assistons actuellement à un développement méthodologique avec un rythme de publication soutenu ; et il n'est pas facile de trouver des standards à suivre.

Pour beaucoup, les méthodologies de reconnaissance basées sur l'ADN – en particulier l'ADNe – via le métabarcoding sont en train de transformer et révolutionner les suivis de la biodiversité et offrent de nouvelles opportunités de recherches appliquées et de conservation. Avec le développement des technologies génétiques, les champ d'application des études sur l'ADNe ne fera qu'augmenter vers les questions de recherche et de gestion associées à la surveillance des espèces et des écosystèmes (Pawlowski *et al.* 2020; Keller *et al.* 2022; Pascher *et al.* 2022). Les coûts liés à la mise en place de ce type de méthodologie évoluent rapidement et sont de plus en plus abordables (voir les estimations faites dans le Tableau 3). Au cours des dernières années, de nombreuses études ont utilisé le métabarcoding de l'ADN ou de l'ADNe de divers substrats pour l'évaluation de la biodiversité terrestre dans des contextes variés (Tableau 4). On peut s'attendre à ce que la quantité et la richesse des informations fournies avec ces approches augmentent avec les améliorations des technologies de séquençage et d'échantillonnage et les évolutions des traitements bio-informatiques. Pour vraiment valoriser les informations obtenues avec ces approches, il est recommandé de rendre les données d'ADN

plus accessibles (i.e. plateformes ouvertes en accès libre qui facilite la réutilisation), de les conserver dans des formats cohérents (Berry *et al.* 2021) et les chercheurs travaillent sur leur harmonisation dès l'acquisition des données de métabarcoding (e.g. Arribas *et al.* 2022).

Par ailleurs, sans une compréhension approfondie des forces et des faiblesses des méthodologies de l'ADNe (e.g. comportement de l'ADNe), il reste difficile de faire des déductions correctes à partir des données générées (Van der Heyde *et al.* 2022). Malgré le potentiel largement reconnu de l'ADNe, les limitations techniques et des problèmes conceptuels font encore obstacle à sa large application dans les programmes de surveillance (Cordier *et al.* 2021). Les gestionnaires pourraient ainsi être hésitants à mettre en place un protocole ou à utiliser les données d'ADNe en raison de l'incertitude entourant l'interprétation des données. C'est pourquoi, l'utilisation de l'ADNe pour détecter divers taxa peut-être envisagée comme complément à des méthodes de suivis plus traditionnelles (e.g. capture de spécimens vivants, pose de pièges et piégeage par caméra). La possibilité de combiner la collecte d'ADNe avec des méthodes de surveillance traditionnelles permettrait ainsi de faire des déductions plus fiables sur les sites pour lesquels les données sont limitées (Keller *et al.* 2022).

Remerciements

Ce travail s'inscrit dans le cadre du projet Passifor2, financé par le ministère de l'Écologie. Les auteurs remercient chaleureusement Antoine Levêque pour son aide tout au long de la rédaction de ce document, Rodolphe Rougerie pour son aide dans l'estimation des coûts liés à l'identification des espèces à partir d'images, ainsi que Lucas Sire pour sa relecture attentive et ses commentaires très constructifs. Nous remercions également les rapporteurs pour leurs commentaires et leur révision attentive en vue d'améliorer notre manuscrit.

Références

ABRAMS J.F., HÖRIG L.A., BROZOVIC R., AXTNER J., CRAMPTON-PLATT A., MOHAMED A., WONG S.T., SOLLMANN R., YU D.W. & WILTING A. 2019. — Shifting up a gear with iDNA: From mammal detection events to standardised surveys. *Journal of Applied Ecology* 56 (7): 1637–1648. https://doi.org/10.1111/1365-2664.13411

ADAMS C.I.M., HOEKSTRA L.A., MUELL M.R. & JANZEN F.J. 2019. — A Brief Review of Non-Avian Reptile Environmental DNA (eDNA), with a Case Study of Painted Turtle (Chrysemys picta) eDNA Under Field Conditions. *Diversity* 11 (4): 50. https://doi.org/10.3390/d11040050

ANDERSEN K., BIRD K.L., RASMUSSEN M., HAILE J., BREUNING-MADSEN H., KJÆR K.H., ORLANDO L., GILBERT M.T.P. & WILLERSLEV E. 2012. — Meta-barcoding of 'dirt' DNA from soil reflects vertebrate biodiversity. *Molecular Ecology* 21 (8): 1966–1979. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05261.x

ANDÚJAR C., ARRIBAS P., RUZICKA F., CRAMPTON-PLATT A., TIMMERMANS M.J.T.N. & VOGLER A.P. 2015. — Phylogenetic community ecology of soil biodiversity using mitochondrial metagenomics. *Molecular Ecology* 24 (14): 3603–3617. https://doi.org/10.1111/mec.13195

ARRIBAS P., ANDÚJAR C., BOHMANN K., DEWAARD J.R., ECONOMO E.P., ELBRECHT V., GEISEN S., GOBERNA M., KREHENWINKEL H., NOVOTNY V., ZINGER L., CREEDY T.J., MERAMVELIOTAKIS E., NOGUERALES V., OVERCAST I., MORLON H., PAPADOPOULOU A., VOGLER A.P. & EMERSON B.C. 2022. — Toward global integration of biodiversity big data: a harmonized metabarcode data generation module for terrestrial arthropods. *GigaScience* 11: giac065. https://doi.org/10.1093/gigascience/giac065

ARRIBAS P., ANDÚJAR C., HOPKINS K., SHEPHERD M. & VOGLER A.P. 2016. — Metabarcoding and mitochondrial metagenomics of endogean arthropods to unveil the mesofauna of the soil. *Methods in Ecology and Evolution* 7 (9): 1071–1081. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12557

BANCHI E., AMETRANO C.G., STANKOVIĆ D., VERARDO P., MORETTI O., GABRIELLI F., LAZZARIN S., BORNEY M.F., TASSAN F., TRETIACH M., PALLAVICINI A. & MUGGIA L. 2018. —

DNA metabarcoding uncovers fungal diversity of mixed airborne samples in Italy. *PLOS ONE* 13 (3): e0194489. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0194489

BANCHI E., PALLAVICINI A. & MUGGIA L. 2020. — Relevance of plant and fungal DNA metabarcoding in aerobiology. *Aerobiologia* 36 (1): 9–23. https://doi.org/10.1007/s10453-019-09574-2

BANERJEE P., STEWART K.A., DEY G., ANTOGNAZZA C.M., SHARMA R.K., MAITY J.P., SAHA S., DOI H., DE VERE N., CHAN M.W.Y., LIN P.-Y., CHAO H.-C. & CHEN C.-Y. 2022. — Environmental DNA analysis as an emerging non-destructive method for plant biodiversity monitoring: a review. *AoB PLANTS*: plac031. https://doi.org/10.1093/aobpla/plac031

BARSOUM N., BRUCE C., FORSTER J., JI Y.-Q. & YU D.W. 2019. — The devil is in the detail: Metabarcoding of arthropods provides a sensitive measure of biodiversity response to forest stand composition compared with surrogate measures of biodiversity. *Ecological Indicators* 101: 313–323. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2019.01.023

BEENTJES K.K., SPEKSNIJDER A.G.C.L., SCHILTHUIZEN M., HOOGEVEEN M. & HOORN B.B. VAN DER 2019. — The effects of spatial and temporal replicate sampling on eDNA metabarcoding. *PeerJ* 7: e7335. https://doi.org/10.7717/peerj.7335

BERRY O., JARMAN S., BISSETT A., HOPE M., PAEPER C., BESSEY C., SCHWARTZ M.K., HALE J. & BUNCE M. 2021. — Making environmental DNA (eDNA) biodiversity records globally accessible. *Environmental DNA* 3 (4): 699–705. https://doi.org/10.1002/edn3.173

BIGGS J., EWALD N., VALENTINI A., GABORIAUD C., DEJEAN T., GRIFFITHS R.A., FOSTER J., WILKINSON J.W., ARNELL A., BROTHERTON P., WILLIAMS P. & DUNN F. 2015. — Using eDNA to develop a national citizen science-based monitoring programme for the great crested newt (Triturus cristatus), Special Issue: Environmental DNA: A powerful new tool for biological conservation. *Biological Conservation* 183: 19–28. https://doi.org/10.1016/j.biocon.2014.11.029

BOKULICH N.A., SUBRAMANIAN S., FAITH J.J., GEVERS D., GORDON J.I., KNIGHT R., MILLS D.A. & CAPORASO J.G. 2013. — Quality-filtering vastly improves diversity estimates from Illumina amplicon sequencing. *Nature Methods* 10 (1): 57–59. https://doi.org/10.1038/nmeth.2276

BRAUKMANN T.W.A., IVANOVA N.V., PROSSER S.W.J., ELBRECHT V., STEINKE D., RATNASINGHAM S., WAARD J.R. DE, SONES J.E., ZAKHAROV E.V. & HEBERT P.D.N. 2019. — Metabarcoding a diverse arthropod mock community. *Molecular Ecology Resources* 19 (3): 711–727. https://doi.org/10.1111/1755-0998.13008

BROADHURST H.A., GREGORY L.M., BLEAKLEY E.K., PERKINS J.C., LAVIN J.V., BOLTON P., BROWETT S.S., HOWE C.V., SINGLETON N., TANSLEY D., SALES N.G. & MCDEVITT A.D. 2021. — Mapping differences in mammalian distributions and diversity using environmental DNA from rivers. *Science of The Total Environment* 801: 149724. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.149724

BRUCE K., BLACKMAN R., BOURLAT S.J., HELLSTRÖM A.M., BAKKER J., BISTA I., BOHMANN K., BOUCHEZ A., BRYS R., CLARK K., ELBRECHT V., FAZI S., FONSECA V., HÄNFLING B., LEESE F., MÄCHLER E., MAHON A.R., MEISSNER K., PANKSEP K., PAWLOWSKI J., SCHMIDT YÁÑEZ P., SEYMOUR M., THALINGER B., VALENTINI A., WOODCOCK P., TRAUGOTT M., VASSELON V. & DEINER K. 2021. — *A practical guide to DNA-based methods for biodiversity assessment*.Pensoft Publishers. https://doi.org/10.3897/ab.e68634

CALVIGNAC-SPENCER S., MERKEL K., KUTZNER N., KÜHL H., BOESCH C., KAPPELER P.M., METZGER S., SCHUBERT G. & LEENDERTZ F.H. 2013. — Carrion fly-derived DNA as a tool for comprehensive and cost-effective assessment of mammalian biodiversity. *Molecular Ecology* 22 (4): 915–924. https://doi.org/10.1111/mec.12183

CHEN S., YAO H., HAN J., LIU C., SONG J., SHI L., ZHU Y., MA X., GAO T., PANG X., LUO K., LI Y., LI X., JIA X., LIN Y. & LEON C. 2010. — Validation of the ITS2 Region as a Novel DNA Barcode for Identifying Medicinal Plant Species. *PLOS ONE* 5 (1): e8613. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0008613

CHIOVITTI A., THORPE F., GORMAN C., CUXSON J.L., ROBEVSKA G., SZWED C., DUNCAN J.C., VANYAI H.K., CROSS J., SIEMERING K.R. & SUMNER J. 2019. — A citizen science model for implementing statewide educational DNA barcoding. *PLOS ONE* 14 (1): e0208604. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0208604

CLARE E.L. 2014. — Molecular detection of trophic interactions: emerging trends, distinct advantages, significant considerations and conservation applications. *Evolutionary Applications* 7 (9): 1144–1157. https://doi.org/10.1111/eva.12225

CLARE E.L., ECONOMOU C.K., BENNETT F.J., DYER C.E., ADAMS K., MCROBIE B., DRINKWATER R. & LITTLEFAIR J.E. 2022. — Measuring biodiversity from DNA in the air. *Current Biology* 32 (3): 693-700.e5. https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.11.064

COMPSON Z.G., MCCLENAGHAN B., SINGER G.A.C., FAHNER N.A. & HAJIBABAEI M. 2020. — Metabarcoding From Microbes to Mammals: Comprehensive Bioassessment on a Global Scale. *Frontiers in Ecology and Evolution* 8. https://doi.org/10.3389/fevo.2020.581835

CORDIER T., ALONSO-SÁEZ L., APOTHÉLOZ-PERRET-GENTIL L., AYLAGAS E., BOHAN D.A., BOUCHEZ A., CHARITON A., CREER S., FRÜHE L., KECK F., KEELEY N., LAROCHE O., LEESE F., POCHON X., STOECK T., PAWLOWSKI J. & LANZÉN A. 2021. — Ecosystems monitoring powered by environmental genomics: A review of current strategies with an implementation roadmap. *Molecular Ecology* 30 (13): 2937–2958. https://doi.org/10.1111/mec.15472

COUTON M., BAUD A., DAGUIN-THIÉBAUT C., CORRE E., COMTET T. & VIARD F. 2021. — High-throughput sequencing on preservative ethanol is effective at jointly examining infraspecific and taxonomic diversity, although bioinformatics pipelines do not perform equally. *Ecology and Evolution* n/a (n/a). https://doi.org/10.1002/ece3.7453

CRAMPTON-PLATT A., YU D.W., ZHOU X. & VOGLER A.P. 2016. — Mitochondrial metagenomics: letting the genes out of the bottle. *GigaScience* 5 (1): 15. https://doi.org/10.1186/s13742-016-0120-y

CREEDY T.J., NG W.S. & VOGLER A.P. 2019. — Toward accurate species-level metabarcoding of arthropod communities from the tropical forest canopy. *Ecology and Evolution* 9 (6): 3105–3116. https://doi.org/10.1002/ece3.4839

CREER S., DEINER K., FREY S., PORAZINSKA D., TABERLET P., THOMAS W.K., POTTER C. & BIK H.M. 2016. — The ecologist's field guide to sequence-based identification of biodiversity. *Methods in Ecology and Evolution* 7 (9): 1008–1018. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12574

CRISTESCU M.E. 2019. — Can Environmental RNA Revolutionize Biodiversity Science? *Trends in Ecology & Evolution* 34 (8): 694–697. https://doi.org/10.1016/j.tree.2019.05.003

CRISTESCU M.E. 2014. — From barcoding single individuals to metabarcoding biological communities: towards an integrative approach to the study of global biodiversity. *Trends in Ecology & Evolution* 29 (10): 566–571. https://doi.org/10.1016/j.tree.2014.08.001

CURTO M., VERÍSSIMO A., RIBEIRO F., SANTOS C.D., JENTOFT S., ALVES J. & GANTE H.F. 2022. — Application of eDNA Metagenomics to Describe Freshwater Fish Communities. *Biology and Life Sciences Forum* 13 (1): 27. https://doi.org/10.3390/blsf2022013027

CUTAJAR T.P. & ROWLEY J.J.L. 2020. — Surveying frogs from the bellies of their parasites: Invertebrate-derived DNA as a novel survey method for frogs. *Global Ecology and Conservation* 22: e00978. https://doi.org/10.1016/j.gecco.2020.e00978

DECAËNS T., JIMÉNEZ J.J., GIOIA C., MEASEY G.J. & LAVELLE P. 2006. — The values of soil animals for conservation biology, ICSZ. *European Journal of Soil Biology* 42: S23–S38. https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2006.07.001

DECAENS T., PORCO D., ROUGERIE R., BROWN G.G. & JAMES S.W. 2013. — Potential of DNA barcoding for earthworm research in taxonomy and ecology. *Applied Soil Ecology* 65: 35–42. https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2013.01.001

DEINER K., BIK H.M., MÄCHLER E., SEYMOUR M., LACOURSIÈRE-ROUSSEL A., ALTERMATT F., CREER S., BISTA I., LODGE D.M., VERE N. DE, PFRENDER M.E. & BERNATCHEZ L. 2017. — Environmental DNA metabarcoding: Transforming how we survey animal and plant communities. *Molecular Ecology* 26 (21): 5872–5895. https://doi.org/10.1111/mec.14350

DOI H., UCHII K., TAKAHARA T., MATSUHASHI S., YAMANAKA H. & MINAMOTO T. 2015. — Use of Droplet Digital PCR for Estimation of Fish Abundance and Biomass in Environmental DNA Surveys. *PLOS ONE* 10 (3): e0122763. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0122763

DOPHEIDE A., TOOMAN L.K., GROSSER S., AGABITI B., RHODE B., XIE D., STEVENS M.I., NELSON N., BUCKLEY T.R., DRUMMOND A.J. & NEWCOMB R.D. 2019. — Estimating the biodiversity of terrestrial invertebrates on a forested island using DNA barcodes and metabarcoding data. *Ecological Applications* 29 (4): e01877. https://doi.org/10.1002/eap.1877

DÖRLER D., KROPF M., LAAHA G. & ZALLER J.G. 2018. — Occurrence of the invasive Spanish slug in gardens: can a citizen science approach help deciphering underlying factors? *BMC Ecology* 18 (1): 23. https://doi.org/10.1186/s12898-018-0179-7

DRINKWATER R., JUCKER T., POTTER J.H.T., SWINFIELD T., COOMES D.A., SLADE E.M., GILBERT M.T.P., LEWIS O.T., BERNARD H., STRUEBIG M.J., CLARE E.L. & ROSSITER S.J. 2021. — Leech blood-meal invertebrate-derived DNA reveals differences in Bornean mammal diversity across habitats. *Molecular Ecology* 30 (13): 3299–3312. https://doi.org/10.1111/mec.15724

DRINKWATER R., SCHNELL I.B., BOHMANN K., BERNARD H., VERON G., CLARE E., GILBERT M.T.P. & ROSSITER S.J. 2019. — Using metabarcoding to compare the suitability of two blood-feeding leech species for sampling mammalian diversity in North Borneo. *Molecular Ecology Resources* 19 (1): 105–117. https://doi.org/10.1111/1755-0998.12943

DRUMMOND A.J., NEWCOMB R.D., BUCKLEY T.R., XIE D., DOPHEIDE A., POTTER B.C., HELED J., ROSS H.A., TOOMAN L., GROSSER S., PARK D., DEMETRAS N.J., STEVENS M.I., RUSSELL J.C., ANDERSON S.H., CARTER A. & NELSON N. 2015. — Evaluating a multigene environmental DNA approach for biodiversity assessment. *GigaScience* 4 (s13742-015-0086–1). https://doi.org/10.1186/s13742-015-0086-1

DRUMMOND J.A., LARSON E.R., LI Y., LODGE D.M., GANTZ C.A., PFRENDER M.E., RENSHAW M.A., CORREA A.M.S. & EGAN S.P. 2021. — Diversity Metrics Are Robust to Differences in Sampling Location and Depth for Environmental DNA of Plants in Small Temperate Lakes. *Frontiers in Environmental Science* 9: 88. https://doi.org/10.3389/fenvs.2021.617924

EBLE J. & PECORE J. 2019. — "Invasive Aliens": A Student Citizen-Science Activity Using DNA Barcoding to Investigate Concepts in Ecology & Molecular Biology. *The American Biology Teacher* 81 (3): 169–174. https://doi.org/10.1525/abt.2019.81.3.169

ELBRECHT V., BRAUKMANN T.W.A., IVANOVA N.V., PROSSER S.W.J., HAJIBABAEI M., WRIGHT M., ZAKHAROV E.V., HEBERT P.D.N. & STEINKE D. 2019. — Validation of COI metabarcoding primers for terrestrial arthropods. *PeerJ* 7: e7745. https://doi.org/10.7717/peerj.7745

ELBRECHT V., PEINERT B. & LEESE F. 2017. — Sorting things out: Assessing effects of unequal specimen biomass on DNA metabarcoding. *Ecology and Evolution* 7 (17): 6918–6926. https://doi.org/10.1002/ece3.3192

EMILSON C.E., THOMPSON D.G., VENIER L.A., PORTER T.M., SWYSTUN T., CHARTRAND D., CAPELL S. & HAJIBABAEI M. 2017. — DNA metabarcoding and morphological macroinvertebrate metrics reveal the same changes in boreal watersheds across an

environmental gradient. *Scientific Reports* 7 (1): 12777. https://doi.org/10.1038/s41598-017-13157-x

ERDOZAIN M., THOMPSON D.G., PORTER T.M., KIDD K.A., KREUTZWEISER D.P., SIBLEY P.K., SWYSTUN T., CHARTRAND D. & HAJIBABAEI M. 2019. — Metabarcoding of storage ethanol vs. conventional morphometric identification in relation to the use of stream macroinvertebrates as ecological indicators in forest management. *Ecological Indicators* 101: 173–184. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2019.01.014

FAHMY M., WILLIAMS K.M., TESSLER M., WEISKOPF S.R., HEKKALA E. & SIDDALL M.E. 2020. — Multilocus Metabarcoding of Terrestrial Leech Bloodmeal iDNA Increases Species Richness Uncovered in Surveys of Vertebrate Host Biodiversity. *Journal of Parasitology* 106 (6): 843–853. https://doi.org/10.1645/19-189

FALENTIN H., AUER L., MARIADASSOU M., PASCAL G., RUE O., DUGAT-BONY E., DELBES C., NICOLAS A., RIFA E., MONDY S., LE BOULCH M., CAUQUIL L., HERNANDEZ RAQUET G., TERRAT S. & ABRAHAM A.-L. 2019. — Guide pratique à destination des biologistes, bioinformaticiens et statisticiens qui souhaitent s'initier aux analyses métabarcoding. *Cahiers des Techniques de l'INRA* 2019 (97): 1–23

FERNANDES K., VAN DER HEYDE M., COGHLAN M., WARDELL-JOHNSON G., BUNCE M., HARRIS R. & NEVILL P. 2019. — Invertebrate DNA metabarcoding reveals changes in communities across mine site restoration chronosequences. *Restoration Ecology* 27 (5): 1177–1186. https://doi.org/10.1111/rec.12976

FICETOLA G.F., PANSU J., BONIN A., COISSAC E., GIGUET-COVEX C., BARBA M.D., GIELLY L., LOPES C.M., BOYER F., POMPANON F., RAYÉ G. & TABERLET P. 2014. — Replication levels, false presences and the estimation of the presence/absence from eDNA metabarcoding data. *Molecular Ecology Resources* 15 (3): 543–556. https://doi.org/10.1111/1755-0998.12338

FICETOLA G.F., MANENTI R. & TABERLET P. 2019. — Environmental DNA and metabarcoding for the study of amphibians and reptiles: species distribution, the microbiome, and much more. *Amphibia-Reptilia* 40 (2): 129–148. https://doi.org/10.1163/15685381-20191194

FRANCIOLI D., LENTENDU G., LEWIN S. & KOLB S. 2021. — DNA Metabarcoding for the Characterization of Terrestrial Microbiota—Pitfalls and Solutions. *Microorganisms* 9 (2): 361. https://doi.org/10.3390/microorganisms9020361

FREITAG H., DE VRIES R., PATERNO M., MAESTRI S., DELLEDONNE M., THOMPSON C.G., LAMED H., LAMBERT R., FOX M.F., GONZALEZ M.C., DELOCADO E.D., SABORDO M.R., PANGANTIHON C.V. & NJUNJIĆ I. 2021. — Hydraena (s.str.) dinarica, new species (Coleoptera: Hydraenidae) along with further records of Hydraena spp. from Durmitor National Park, Montenegro and comments on the DNA barcoding problem with the genus. *Biodiversity Data Journal* 9. https://doi.org/10.3897/BDJ.9.e59892

FURLAN E.M., DAVIS J. & DUNCAN R.P. 2020. — Identifying error and accurately interpreting environmental DNA metabarcoding results: A case study to detect vertebrates at arid zone waterholes. *Molecular Ecology Resources* 20 (5): 1259–1276. https://doi.org/10.1111/1755-0998.13170

GOLDBERG C.S., TURNER C.R., DEINER K., KLYMUS K.E., THOMSEN P.F., MURPHY M.A., SPEAR S.F., MCKEE A., OYLER-MCCANCE S.J., CORNMAN R.S., LARAMIE M.B., MAHON A.R., LANCE R.F., PILLIOD D.S., STRICKLER K.M., WAITS L.P., FREMIER A.K., TAKAHARA T., HERDER J.E. & TABERLET P. 2016. — Critical considerations for the application of environmental DNA methods to detect aquatic species. *Methods in Ecology and Evolution* 7 (11): 1299–1307. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12595

GREY E.K., BERNATCHEZ L., CASSEY P., DEINER K., DEVENEY M., HOWLAND K.L., LACOURSIÈRE-ROUSSEL A., LEONG S.C.Y., LI Y., OLDS B., PFRENDER M.E., PROWSE T.A.A., RENSHAW M.A. & LODGE D.M. 2018. — Effects of sampling effort on biodiversity patterns estimated from environmental DNA metabarcoding surveys. *Scientific Reports* 8 (1): 8843. https://doi.org/10.1038/s41598-018-27048-2

HARDULAK L.A., MORINIÈRE J., HAUSMANN A., HENDRICH L., SCHMIDT S., DOCZKAL D., MÜLLER J., HEBERT P.D.N. & HASZPRUNAR G. 2020. — DNA metabarcoding for biodiversity monitoring in a national park: Screening for invasive and pest species. *Molecular Ecology Resources* 20 (6): 1542–1557. https://doi.org/10.1111/1755-0998.13212

HEBERT P.D.N., STOECKLE M.Y., ZEMLAK T.S. & FRANCIS C.M. 2004. — Identification of Birds through DNA Barcodes. *PLOS Biology* 2 (10): e312. https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0020312

HEBERT P.D.N., RATNASINGHAM S. & DE WAARD J.R. 2003. — Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the*

Royal Society of London. Series B: Biological Sciences 270 (suppl_1): S96–S99. https://doi.org/10.1098/rsbl.2003.0025

HERMANS S.M., LEAR G., BUCKLEY T.R. & BUCKLEY H.L. 2022. — Environmental DNA sampling detects between-habitat variation in soil arthropod communities, but is a poor indicator of fine-scale spatial and seasonal variation. *Ecological Indicators* 140: 109040. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.109040

HOPKEN M.W., ORNING E.K., YOUNG J.K. & PIAGGIO A.J. 2016. — Molecular forensics in avian conservation: a DNA-based approach for identifying mammalian predators of ground-nesting birds and eggs. *BMC Research Notes* 9. https://doi.org/10.1186/s13104-015-1797-1

HUNTER M.E., DORAZIO R.M., BUTTERFIELD J.S.S., MEIGS-FRIEND G., NICO L.G. & FERRANTE J.A. 2017. — Detection limits of quantitative and digital PCR assays and their influence in presence–absence surveys of environmental DNA. *Molecular Ecology Resources* 17 (2): 221–229. https://doi.org/10.1111/1755-0998.12619

IBRAHIM A., HÖCKENDORFF S., SCHLEHECK D., EPP L., VAN KLEUNEN M. & MEYER A. 2022. — Vegetation changes over the last centuries in the Lower Lake Constance region reconstructed from sediment-core environmental DNA. *Environmental DNA* 4 (4): 830–845. https://doi.org/10.1002/edn3.292

JI F., YAN L., YAN S., QIN T., SHEN J. & ZHA J. 2021. — Estimating aquatic plant diversity and distribution in rivers from Jingjinji region, China, using environmental DNA metabarcoding and a traditional survey method. *Environmental Research* 199: 111348. https://doi.org/10.1016/j.envres.2021.111348

JOHNSON M.D., FOKAR M., COX R.D. & BARNES M.A. 2021. — Airborne environmental DNA metabarcoding detects more diversity, with less sampling effort, than a traditional plant community survey. *BMC Ecology and Evolution* 21 (1): 218. https://doi.org/10.1186/s12862-021-01947-x

KAČERGYTĖ I., PETERSSON E., ARLT D., HELLSTRÖM M., KNAPE J., SPENS J., ŻMIHORSKI M. & PÄRT T. 2021. — Environmental DNA metabarcoding elucidates patterns of fish colonisation and co-occurrences with amphibians in temperate wetlands created for biodiversity. *Freshwater Biology* 66 (10): 1915–1929. https://doi.org/10.1111/fwb.13800

KELLER A.G., GRASON E.W., MCDONALD P.S., RAMÓN-LACA A. & KELLY R.P. 2022. — Tracking an invasion front with environmental DNA. *Ecological Applications* 32 (4): e2561. https://doi.org/10.1002/eap.2561

KIRSE A., BOURLAT S.J., LANGEN K. & FONSECA V.G. 2021. — Metabarcoding Malaise traps and soil eDNA reveals seasonal and local arthropod diversity shifts. *Scientific Reports* 11 (1): 10498. https://doi.org/10.1038/s41598-021-89950-6

KIRSE A., BOURLAT S.J., LANGEN K. & FONSECA V.G. 2021. — Unearthing the Potential of Soil eDNA Metabarcoding—Towards Best Practice Advice for Invertebrate Biodiversity Assessment. *Frontiers in Ecology and Evolution* 9: 337. https://doi.org/10.3389/fevo.2021.630560

KRAAIJEVELD K., WEGER L.A. DE, GARCÍA M.V., BUERMANS H., FRANK J., HIEMSTRA P.S. & DUNNEN J.T. DEN 2015. — Efficient and sensitive identification and quantification of airborne pollen using next-generation DNA sequencing. *Molecular Ecology Resources* 15 (1): 8–16. https://doi.org/10.1111/1755-0998.12288

KREHENWINKEL H., WEBER S., KÜNZEL S. & KENNEDY S.R. 2022. — The bug in a teacup—monitoring arthropod–plant associations with environmental DNA from dried plant material. *Biology Letters* 18 (6): 20220091. https://doi.org/10.1098/rsbl.2022.0091

LAMB P.D., HUNTER E., PINNEGAR J.K., CREER S., DAVIES R.G. & TAYLOR M.I. 2019. — How quantitative is metabarcoding: A meta-analytical approach. *Molecular Ecology* 28 (2): 420–430. https://doi.org/10.1111/mec.14920

LANTMAN I.M. VAN S., VESTERINEN E.J., HERTZOG L.R., MARTEL A., VERHEYEN K., LENS L. & BONTE D. 2021. — Body size and tree species composition determine variation in prey consumption in a forest-inhabiting generalist predator. *Ecology and Evolution* n/a (n/a). https://doi.org/10.1002/ece3.7659

LAVIN J. 2022. — Environmental DNA metabarcoding and citizen science as a cost-effective and rapid tool for monitoring terrestrial mammalian species mscbr. *University of Salford*. 105 p.

LEAR G., DICKIE I., BANKS J., BOYER S., BUCKLEY H.L., BUCKLEY T.R., CRUICKSHANK R., DOPHEIDE A., HANDLEY K.M., HERMANS S., KAMKE J., LEE C.K., MACDIARMID R., MORALES

S.E., ORLOVICH D.A., SMISSEN R., WOOD J. & HOLDAWAY R. 2018. — Methods for the extraction, storage, amplification and sequencing of DNA from environmental samples. *New Zealand Journal of Ecology* 42 (1): 10-50A

LEE P.-S., GAN H.M., CLEMENTS G.R. & WILSON J.-J. 2016. — Field calibration of blowfly-derived DNA against traditional methods for assessing mammal diversity in tropical forests1. *Genome*. https://doi.org/10.1139/gen-2015-0193

LEESE F., ALTERMATT F., BOUCHEZ A., EKREM T., HERING D., MEISSNER K., MERGEN P., PAWLOWSKI J., PIGGOTT J., RIMET F., STEINKE D., TABERLET P., WEIGAND A., ABARENKOV K., BEJA P., BERVOETS L., BJÖRNSDÓTTIR S., BOETS P., BOGGERO A., BONES A., BORJA Á., BRUCE K., BURSIĆ V., CARLSSON J., ČIAMPOR F., ČIAMPOROVÁ-ZATOVIČOVÁ Z., COISSAC E., COSTA F., COSTACHE M., CREER S., CSABAI Z., DEINER K., DELVALLS Á., DRAKARE S., DUARTE S., ELERŠEK T., FAZI S., FIŠER C., FLOT J.-F., FONSECA V., FONTANETO D., GRABOWSKI M., GRAF W., GUÐBRANDSSON J., HELLSTRÖM M., HERSHKOVITZ Y., HOLLINGSWORTH P., JAPOSHVILI B., JONES J., KAHLERT M., STROIL B.K., KASAPIDIS P., KELLY M., KELLY-QUINN M., KESKIN E., KÕLJALG U., LJUBEŠIĆ Z., MAČEK I., MÄCHLER E., MAHON A., MAREČKOVÁ M., MEJDANDZIC M., MIRCHEVA G., MONTAGNA M., MORITZ C., MULK V., NAUMOSKI A., NAVODARU I., PADISÁK J., PÁLSSON S., PANKSEP K., PENEV L., PETRUSEK A., PFANNKUCHEN M., PRIMMER C., RINKEVICH B., ROTTER A., SCHMIDT-KLOIBER A., SEGURADO P., SPEKSNIJDER A., STOEV P., STRAND M., ŠULČIUS S., SUNDBERG P., TRAUGOTT M., TSIGENOPOULOS C., TURON X., VALENTINI A., HOORN B. VAN DER, VÁRBÍRÓ G., HADJILYRA M.V., VIGURI J., VITONYTĖ I., VOGLER A., VRÅLSTAD T., WÄGELE W., WENNE R., WINDING A., WOODWARD G., ZEGURA B. & ZIMMERMANN J. 2016. — DNAqua-Net: Developing new genetic tools for bioassessment and monitoring of aquatic ecosystems in Europe. *Research Ideas and Outcomes* 2: e11321. https://doi.org/10.3897/rio.2.e11321

LEONTIDOU K., VOKOU D., SANDIONIGI A., BRUNO A., LAZARINA M., DE GROEVE J., LI M., VAROTTO C., GIRARDI M., CASIRAGHI M. & CRISTOFORI A. 2021. — Plant biodiversity assessment through pollen DNA metabarcoding in Natura 2000 habitats (Italian Alps). *Scientific Reports* 11 (1): 18226. https://doi.org/10.1038/s41598-021-97619-3

LI W., SONG T., HOU X., QIN M., XU C. & LI Y. 2021. — Application of eDNA Metabarcoding for Detecting Anura on a Tropical Island. *Diversity* 13 (9): 440. https://doi.org/10.3390/d13090440

LIU M., CLARKE L.J., BAKER S.C., JORDAN G.J. & BURRIDGE C.P. 2020. — A practical guide to DNA metabarcoding for entomological ecologists. *Ecological Entomology* 45 (3): 373–385. https://doi.org/10.1111/een.12831

LOPES C.M., SASSO T., VALENTINI A., DEJEAN T., MARTINS M., ZAMUDIO K.R. & HADDAD C.F.B. 2017. — eDNA metabarcoding: a promising method for anuran surveys in highly diverse tropical forests. *Molecular Ecology Resources* 17 (5): 904–914. https://doi.org/10.1111/1755-0998.12643

LOPES C.M., BAÊTA D., VALENTINI A., LYRA M.L., SABBAG A.F., GASPARINI J.L., DEJEAN T., HADDAD C.F.B. & ZAMUDIO K.R. 2021. — Lost and found: Frogs in a biodiversity hotspot rediscovered with environmental DNA. *Molecular Ecology* 30 (13): 3289–3298. https://doi.org/10.1111/mec.15594

LYET A., PELLISSIER L., VALENTINI A., DEJEAN T., HEHMEYER A. & NAIDOO R. 2021. — eDNA sampled from stream networks correlates with camera trap detection rates of terrestrial mammals. *Scientific Reports* 11 (1): 11362. https://doi.org/10.1038/s41598-021-90598-5

LYMAN J.A., SANCHEZ D.E., HERSHAUER S.N., SOBEK C.J., CHAMBERS C.L., ZAHRATKA J. & WALKER F.M. 2022. — Mammalian eDNA on herbaceous vegetation? Validating a qPCR assay for detection of an endangered rodent. *Environmental DNA* n/a (n/a). https://doi.org/10.1002/edn3.331

LYNGGAARD C., BERTELSEN M.F., JENSEN C.V., JOHNSON M.S., FRØSLEV T.G., OLSEN M.T. & BOHMANN K. 2022. — Airborne environmental DNA for terrestrial vertebrate community monitoring. *Current Biology* 32 (3): 701-707.e5. https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.12.014

LYNGGAARD C., NIELSEN M., SANTOS-BAY L., GASTAUER M., OLIVEIRA G. & BOHMANN K. 2019. — Vertebrate diversity revealed by metabarcoding of bulk arthropod samples from tropical forests. *Environmental DNA* 1 (4): 329–341. https://doi.org/10.1002/edn3.34

MARIZZI C., FLORIO A., LEE M., KHALFAN M., GHIBAN C., NASH B., DOREY J., MCKENZIE S., MAZZA C., CELLINI F., BARIA C., BEPAT R., COSENTINO L., DVORAK A., GACEVIC A., GUZMAN-MOUMTZIS C., HELLER F., HOLT N.A., HORENSTEIN J., JORALEMON V., KAUR M., KAUR T., KHAN A., KUPPAN J., LAVERTY S., LOCK C., PENA M., PETRYCHYN I., PUTHENKALAM I., RAM D., RAMOS A., SCOCA N., SIN R., GONZALEZ I., THAKUR A., USMANOV H., HAN K., WU A., ZHU T. & MICKLOS D.A. 2018. — DNA barcoding Brooklyn (New York): A first assessment of

biodiversity in Marine Park by citizen scientists. *PLOS ONE* 13 (7): e0199015. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0199015

MARQUINA D., ESPARZA-SALAS R., ROSLIN T. & RONQUIST F. 2019. — Establishing arthropod community composition using metabarcoding: Surprising inconsistencies between soil samples and preservative ethanol and homogenate from Malaise trap catches. *Molecular Ecology Resources* 19 (6): 1516–1530. https://doi.org/10.1111/1755-0998.13071

MARQUINA D., ROSLIN T., ŁUKASIK P. & RONQUIST F. 2022. — Evaluation of non-destructive DNA extraction protocols for insect metabarcoding: gentler and shorter is better. *Metabarcoding and Metagenomics* 6: e78871. https://doi.org/10.3897/mbmg.6.78871

MARSHALL N.T., VANDERPLOEG H.A. & CHAGANTI S.R. 2021. — Environmental (e)RNA advances the reliability of eDNA by predicting its age. *Scientific Reports* 11 (1): 2769. https://doi.org/10.1038/s41598-021-82205-4

MARTINS F.M.S., GALHARDO M., FILIPE A.F., TEIXEIRA A., PINHEIRO P., PAUPÉRIO J., ALVES P.C. & BEJA P. 2019. — Have the cake and eat it: Optimizing nondestructive DNA metabarcoding of macroinvertebrate samples for freshwater biomonitoring. *Molecular Ecology Resources* 19 (4): 863–876. https://doi.org/10.1111/1755-0998.13012

MARTONI F., PIPER A.M., RODONI B.C. & BLACKET M.J. 2022. — Disentangling bias for non-destructive insect metabarcoding. *PeerJ* 10: e12981. https://doi.org/10.7717/peerj.12981

MATHON L., VALENTINI A., GUÉRIN P.-E., NORMANDEAU E., NOEL C., LIONNET C., BOULANGER E., THUILLER W., BERNATCHEZ L., MOUILLOT D., DEJEAN T. & MANEL S. 2021. — Benchmarking bioinformatic tools for fast and accurate eDNA metabarcoding species identification. *Molecular Ecology Resources* 21 (7): 2565–2579. https://doi.org/10.1111/1755-0998.13430

MAUVISSEAU Q., COIGNET A., DELAUNAY C., PINET F., BOUCHON D. & SOUTY-GROSSET C. 2018. — Environmental DNA as an efficient tool for detecting invasive crayfishes in freshwater ponds. *Hydrobiologia* 805 (1): 163–175. https://doi.org/10.1007/s10750-017-3288-y

MAUVISSEAU Q., DAVY-BOWKER J., BULLING M., BRYS R., NEYRINCK S., TROTH C. & SWEET M. 2019. — Combining ddPCR and environmental DNA to improve detection capabilities of a

critically endangered freshwater invertebrate. *Scientific Reports* 9 (1): 14064. https://doi.org/10.1038/s41598-019-50571-9

MENA J.L., YAGUI H., TEJEDA V., BONIFAZ E., BELLEMAIN E., VALENTINI A., TOBLER M.W., SÁNCHEZ-VENDIZÚ P. & LYET A. 2021. — Environmental DNA metabarcoding as a useful tool for evaluating terrestrial mammal diversity in tropical forests. *Ecological Applications* 31 (5): e02335. https://doi.org/10.1002/eap.2335

MEYER R., RAMOS M., LIN M., SCHWEIZER T., GOLD Z., RAMOS D., SHIRAZI S., KANDLIKAR G., KWAN W., CURD E., FREISE A., PARKER J., SEXTON J., WETZER R., PENTCHEFF N., WALL A., PIPES L., GARCIA-VEDRENNE A., MEJIA M., MOORE T., ORLAND C., BALLARE K., WORTH A., BERAUT E., ARONSON E., NIELSEN R., LEWIN H., BARBER P., WALL J., KRAFT N., SHAPIRO B. & WAYNE R. 2021. — The CALeDNA program: Citizen scientists and researchers inventory California's biodiversity. *California Agriculture* 75 (1): 20–32

MILIÁN-GARCÍA Y., YOUNG R., MADDEN M., BULLAS-APPLETON E. & HANNER R.H. 2021. — Optimization and validation of a cost-effective protocol for biosurveillance of invasive alien species. *Ecology and Evolution* 11 (5): 1999–2014. https://doi.org/10.1002/ece3.7139

MORI E., BAERI A., SFORZI A., VITALE A. & GALIMBERTI A. 2017. — From accidental citizen-science observations to genetic confirmation: how to spot new hidden invaders. *Hystrix, the Italian Journal of Mammalogy* 28 (2): 284–287. https://doi.org/10.4404/hystrix-28.2-12421

NEWTON J.P., BATEMAN P.W., HEYDENRYCH M.J., MOUSAVI-DERAZMAHALLEH M. & NEVILL P. 2022. — Home is where the hollow is: Revealing vertebrate tree hollow user biodiversity with eDNA metabarcoding. *Environmental DNA* n/a (n/a). https://doi.org/10.1002/edn3.313

NICHOLS R.V., KÖNIGSSON H., DANELL K. & SPONG G. 2012. — Browsed twig environmental DNA: diagnostic PCR to identify ungulate species. *Molecular Ecology Resources* 12 (6): 983–989. https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2012.03172.x

NORDSTROM B., MITCHELL N., BYRNE M. & JARMAN S. 2022. — A review of applications of environmental DNA for reptile conservation and management. *Ecology and Evolution* 12 (6): e8995. https://doi.org/10.1002/ece3.8995

OLIVERIO A.M., GAN H., WICKINGS K. & FIERER N. 2018. — A DNA metabarcoding approach to characterize soil arthropod communities. *Soil Biology and Biochemistry* 125: 37–43. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2018.06.026

ORLANDO L., ALLABY R., SKOGLUND P., DER SARKISSIAN C., STOCKHAMMER P.W., ÁVILA-ARCOS M.C., FU Q., KRAUSE J., WILLERSLEV E., STONE A.C. & WARINNER C. 2021. — Ancient DNA analysis. *Nature Reviews Methods Primers* 1 (1): 1–26. https://doi.org/10.1038/s43586-020-00011-0

PASCHER K., ŠVARA V. & JUNGMEIER M. 2022. — Environmental DNA-Based Methods in Biodiversity Monitoring of Protected Areas: Application Range, Limitations, and Needs. *Diversity* 14 (6): 463. https://doi.org/10.3390/d14060463

PAWLOWSKI J., BRUCE K., PANKSEP K., AGUIRRE F.I., AMALFITANO S., APOTHÉLOZ-PERRET-GENTIL L., BAUSSANT T., BOUCHEZ A., CARUGATI L., CERMAKOVA K., CORDIER T., CORINALDESI C., COSTA F.O., DANOVARO R., DELL'ANNO A., DUARTE S., EISENDLE U., FERRARI B.J.D., FRONTALINI F., FRÜHE L., HAEGERBAEUMER A., KISAND V., KROLICKA A., LANZÉN A., LEESE F., LEJZEROWICZ F., LYAUTEY E., MAČEK I., SAGOVA-MAREČKOVÁ M., PEARMAN J.K., POCHON X., STOECK T., VIVIEN R., WEIGAND A. & FAZI S. 2022. — Environmental DNA metabarcoding for benthic monitoring: A review of sediment sampling and DNA extraction methods. *Science of The Total Environment* 818: 151783. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.151783

PAWLOWSKI J., APOTHÉLOZ-PERRET-GENTIL L., MÄCHLER E. & ALTERMATT F. 2020. — Environmental DNA applications for biomonitoring and bioassessment in aquatic ecosystems. https://doi.org/10.5167/UZH-187800

PERSAUD S.F., COTTENIE K. & GLEASON J.E. 2021. — Ethanol eDNA Reveals Unique Community Composition of Aquatic Macroinvertebrates Compared to Bulk Tissue Metabarcoding in a Biomonitoring Sampling Scheme. *Diversity* 13 (1): 34. https://doi.org/10.3390/d13010034

PIÑOL J., SENAR M.A. & SYMONDSON W.O.C. 2019. — The choice of universal primers and the characteristics of the species mixture determine when DNA metabarcoding can be quantitative. *Molecular Ecology* 28 (2): 407–419. https://doi.org/10.1111/mec.14776

PORT J.A., O'DONNELL J.L., ROMERO-MARACCINI O.C., LEARY P.R., LITVIN S.Y., NICKOLS K.J., YAMAHARA K.M. & KELLY R.P. 2016. — Assessing vertebrate biodiversity in a kelp forest ecosystem using environmental DNA. *Molecular Ecology* 25 (2): 527–541. https://doi.org/10.1111/mec.13481

PUMKAEO P., TAKAHASHI J. & IWAHASHI H. 2021. — Detection and monitoring of insect traces in bioaerosols. *PeerJ* 9: e10862. https://doi.org/10.7717/peerj.10862

RAEMY M. & URSENBACHER S. 2018. — Detection of the European pond turtle (Emys orbicularis) by environmental DNA: is eDNA adequate for reptiles? *Amphibia-Reptilia* 39 (2): 135–143. https://doi.org/10.1163/15685381-17000025

RITTER C.D., HÄGGQVIST S., KARLSSON D., SÄÄKSJÄRVI I.E., MUASYA A.M., NILSSON R.H. & ANTONELLI A. 2019. — Biodiversity assessments in the 21st century: the potential of insect traps to complement environmental samples for estimating eukaryotic and prokaryotic diversity using high-throughput DNA metabarcoding1. *Genome*. https://doi.org/10.1139/gen-2018-0096

ROCHA R.G., JUSTINO J., LEITE Y.L.R. & COSTA L.P. 2015. — DNA from owl pellet bones uncovers hidden biodiversity. *Systematics and Biodiversity* 13 (4): 403–412. https://doi.org/10.1080/14772000.2015.1044048

RODGERS T.W. & JANEČKA J.E. 2013. — Applications and techniques for non-invasive faecal genetics research in felid conservation. *European Journal of Wildlife Research* 59 (1): 1–16. https://doi.org/10.1007/s10344-012-0675-6

RODGERS T.W., XU C.C.Y., GIACALONE J., KAPHEIM K.M., SALTONSTALL K., VARGAS M., YU D.W., SOMERVUO P., MCMILLAN W.O. & JANSEN P.A. 2017. — Carrion fly-derived DNA metabarcoding is an effective tool for mammal surveys: Evidence from a known tropical mammal community. *Molecular Ecology Resources* 17 (6): e133–e145. https://doi.org/10.1111/1755-0998.12701

ROGER F., GHANAVI H.R., DANIELSSON N., WAHLBERG N., LÖNDAHL J., PETTERSSON L.B., ANDERSSON G.K.S., BOKE OLÉN N. & CLOUGH Y. 2022. — Airborne environmental DNA metabarcoding for the monitoring of terrestrial insects—A proof of concept from the field. *Environmental DNA* 4 (4): 790–807. https://doi.org/10.1002/edn3.290

ROUGERIE R., DECAËNS T., DEHARVENG L., PORCO D., JAMES S.W., CHANG C.-H., RICHARD B., POTAPOV M., SUHARDJONO Y. & HEBERT P.D.N. 2009. — DNA barcodes for soil animal taxonomy. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 44 (8): 789–802. https://doi.org/10.1590/S0100-204X2009000800002

RUNTUWENE L.R., TUDA J.S.B., MONGAN A.E. & SUZUKI Y. 2019. — On-Site MinION Sequencing, *in* SUZUKI Y. (ed.), *Single Molecule and Single Cell Sequencing*. Singapore, Springer. p. 143–150. (Advances in Experimental Medicine and Biology). https://doi.org/10.1007/978-981-13-6037-4_10

RUPPERT K.M., KLINE R.J. & RAHMAN M.S. 2019. — Past, present, and future perspectives of environmental DNA (eDNA) metabarcoding: A systematic review in methods, monitoring, and applications of global eDNA. *Global Ecology and Conservation* 17: e00547. https://doi.org/10.1016/j.gecco.2019.e00547

SALES N.G., KAIZER M. DA C., COSCIA I., PERKINS J.C., HIGHLANDS A., BOUBLI J.P., MAGNUSSON W.E., DA SILVA M.N.F., BENVENUTO C. & MCDEVITT A.D. 2020. — Assessing the potential of environmental DNA metabarcoding for monitoring Neotropical mammals: a case study in the Amazon and Atlantic Forest, Brazil. *Mammal Review* 50 (3): 221–225. https://doi.org/10.1111/mam.12183

SASSO T., LOPES C.M., VALENTINI A., DEJEAN T., ZAMUDIO K.R., HADDAD C.F.B. & MARTINS M. 2017. — Environmental DNA characterization of amphibian communities in the Brazilian Atlantic forest: Potential application for conservation of a rich and threatened fauna. *Biological Conservation* 215: 225–232. https://doi.org/10.1016/j.biocon.2017.09.015

SCHNELL I.B., SOLLMANN R., CALVIGNAC-SPENCER S., SIDDALL M.E., YU D.W., WILTING A. & GILBERT M.THOMAS.P. 2015. — iDNA from terrestrial haematophagous leeches as a wildlife surveying and monitoring tool – prospects, pitfalls and avenues to be developed. *Frontiers in Zoology* 12 (1): 24. https://doi.org/10.1186/s12983-015-0115-z

SCHNELL I.B., THOMSEN P.F., WILKINSON N., RASMUSSEN M., JENSEN L.R.D., WILLERSLEV E., BERTELSEN M.F. & GILBERT M.T.P. 2012. — Screening mammal biodiversity using DNA from leeches. *Current Biology* 22 (8): R262–R263. https://doi.org/10.1016/j.cub.2012.02.058

SEEBER P.A. & EPP L.S. 2022. — Environmental DNA and metagenomics of terrestrial mammals as keystone taxa of recent and past ecosystems. *Mammal Review* n/a (n/a). https://doi.org/10.1111/mam.12302

SELLERS G.S., MURI C.D., GÓMEZ A. & HÄNFLING B. 2018. — Mu-DNA: a modular universal DNA extraction method adaptable for a wide range of sample types. *Metabarcoding and Metagenomics* 2: e24556. https://doi.org/10.3897/mbmg.2.24556

SMITH J.A., THOMAS A.C., LEVI T., WANG Y. & WILMERS C.C. 2018. — Human activity reduces niche partitioning among three widespread mesocarnivores. *Oikos* 127 (6): 890–901. https://doi.org/10.1111/oik.04592

SRIVATHSAN A., LEE L., KATOH K., HARTOP E., KUTTY S.N., WONG J., YEO D. & MEIER R. 2021. — ONTbarcoder and MinION barcodes aid biodiversity discovery and identification by everyone, for everyone. *BMC Biology* 19 (1): 217. https://doi.org/10.1186/s12915-021-01141-x

SUCHAN T., TALAVERA G., SÁEZ L., RONIKIER M. & VILA R. 2019. — Pollen metabarcoding as a tool for tracking long-distance insect migrations. *Molecular Ecology Resources* 19 (1): 149–162. https://doi.org/10.1111/1755-0998.12948

TABERLET P., COISSAC E., HAJIBABAEI M. & RIESEBERG L.H. 2012. — Environmental DNA. *Molecular Ecology* 21 (8): 1789–1793. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2012.05542.x

TABERLET P., PRUD'HOMME S.M., CAMPIONE E., ROY J., MIQUEL C., SHEHZAD W., GIELLY L., RIOUX D., CHOLER P., CLÉMENT J.-C., MELODELIMA C., POMPANON F. & COISSAC E. 2012. — Soil sampling and isolation of extracellular DNA from large amount of starting material suitable for metabarcoding studies. *Molecular Ecology* 21 (8): 1816–1820. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05317.x

TANG M., HARDMAN C.J., JI Y., MENG G., LIU S., TAN M., YANG S., MOSS E.D., WANG J., YANG C., BRUCE C., NEVARD T., POTTS S.G., ZHOU X. & YU D.W. 2015. — High-throughput monitoring of wild bee diversity and abundance via mitogenomics. *Methods in Ecology and Evolution* 6 (9): 1034–1043. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12416

THOMSEN P.F. & SIGSGAARD E.E. 2019. — Environmental DNA metabarcoding of wild flowers reveals diverse communities of terrestrial arthropods. *Ecology and Evolution* 9 (4): 1665–1679. https://doi.org/10.1002/ece3.4809

TINGLEY R., GREENLEES M., OERTEL S., VAN ROOYEN A.R. & WEEKS A.R. 2019. — Environmental DNA sampling as a surveillance tool for cane toad Rhinella marina introductions on offshore islands. *Biological Invasions* 21 (1): 1–6. https://doi.org/10.1007/s10530-018-1810-4

TORDONI E., AMETRANO C.G., BANCHI E., ONGARO S., PALLAVICINI A., BACARO G. & MUGGIA L. 2021. — Integrated eDNA metabarcoding and morphological analyses assess spatio-temporal patterns of airborne fungal spores. *Ecological Indicators* 121: 107032. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2020.107032

TSUJI S., TAKAHARA T., DOI H., SHIBATA N. & YAMANAKA H. 2019. — The detection of aquatic macroorganisms using environmental DNA analysis—A review of methods for collection, extraction, and detection. *Environmental DNA* 1 (2): 99–108. https://doi.org/10.1002/edn3.21

USHIO M., FUKUDA H., INOUE T., MAKOTO K., KISHIDA O., SATO K., MURATA K., NIKAIDO M., SADO T., SATO Y., TAKESHITA M., IWASAKI W., YAMANAKA H., KONDOH M. & MIYA M. 2017. — Environmental DNA enables detection of terrestrial mammals from forest pond water. *Molecular Ecology Resources* 17 (6): e63–e75. https://doi.org/10.1111/1755-0998.12690

VALENTINI A., TABERLET P., MIAUD C., CIVADE R., HERDER J., THOMSEN P.F., BELLEMAIN E., BESNARD A., COISSAC E., BOYER F., GABORIAUD C., JEAN P., POULET N., ROSET N., COPP G.H., GENIEZ P., PONT D., ARGILLIER C., BAUDOIN J.-M., PEROUX T., CRIVELLI A.J., OLIVIER A., ACQUEBERGE M., BRUN M.L., MØLLER P.R., WILLERSLEV E. & DEJEAN T. 2016. — Next-generation monitoring of aquatic biodiversity using environmental DNA metabarcoding. *Molecular Ecology* 25 (4): 929–942. https://doi.org/10.1111/mec.13428

VAN DER HEYDE M., BATEMAN P.W., BUNCE M., WARDELL-JOHNSON G., WHITE N.E. & NEVILL P. 2021. — Scat DNA provides important data for effective monitoring of mammal and bird biodiversity. *Biodiversity and Conservation* 30 (12): 3585–3602. https://doi.org/10.1007/s10531-021-02264-x

VAN DER HEYDE M., BUNCE M. & NEVILL P. 2022. — Key factors to consider in the use of environmental DNA metabarcoding to monitor terrestrial ecological restoration. *Science of The Total Environment* 848: 157617. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.157617

VAROTTO C., PINDO M., BERTONI E., CASAROTTO C., CAMIN F., GIRARDI M., MAGGI V. & CRISTOFORI A. 2021. — A pilot study of eDNA metabarcoding to estimate plant biodiversity by an alpine glacier core (Adamello glacier, North Italy). *Scientific Reports* 11 (1): 1208. https://doi.org/10.1038/s41598-020-79738-5

VIOTTI C., BACH C., MAILLARD F., ZIEGLER-DEVIN I., MIESZKIN S. & BUÉE M. 2021. — Sapwood and heartwood affect differentially bacterial and fungal community structure and successional dynamics during Quercus petraea decomposition. *Environmental Microbiology* n/a (n/a). https://doi.org/10.1111/1462-2920.15522

WÄGELE J.W., BODESHEIM P., BOURLAT S.J., DENZLER J., DIEPENBROEK M., FONSECA V., FROMMOLT K.-H., GEIGER M.F., GEMEINHOLZER B., GLÖCKNER F.O., HAUCKE T., KIRSE A., KÖLPIN A., KOSTADINOV I., KÜHL H.S., KURTH F., LASSECK M., LIEDKE S., LOSCH F., MÜLLER S., PETROVSKAYA N., PIOTROWSKI K., RADIG B., SCHERBER C., SCHOPPMANN L., SCHULZ J., STEINHAGE V., TSCHAN G.F., VAUTZ W., VELOTTO D., WEIGEND M. & WILDERMANN S. 2022. — Towards a multisensor station for automated biodiversity monitoring. *Basic and Applied Ecology* 59: 105–138. https://doi.org/10.1016/j.baae.2022.01.003

WATTS C., DOPHEIDE A., HOLDAWAY R., DAVIS C., WOOD J., THORNBURROW D. & DICKIE I.A. 2019. — DNA metabarcoding as a tool for invertebrate community monitoring: a case study comparison with conventional techniques. *Austral Entomology* 58 (3): 675–686. https://doi.org/10.1111/aen.12384

WILSON J.-J., JISMING-SEE S.-W., BRANDON-MONG G.-J., LIM A.-H., LIM V.-C., LEE P.-S. & SING K.-W. 2015. — Citizen Science: The First Peninsular Malaysia Butterfly Count. *Biodiversity Data Journal* (3). https://doi.org/10.3897/BDJ.3.e7159

XU J. 2016. — Fungal DNA barcoding1. *Genome*. https://doi.org/10.1139/gen-2016-0046

YATES M.C., DERRY A.M. & CRISTESCU M.E. 2021. — Environmental RNA: A Revolution in Ecological Resolution? *Trends in Ecology & Evolution* 36 (7): 601–609. https://doi.org/10.1016/j.tree.2021.03.001

YATES M.C., FRASER D.J. & DERRY A.M. 2019. — Meta-analysis supports further refinement of eDNA for monitoring aquatic species-specific abundance in nature. *Environmental DNA* 1 (1): 5–13. https://doi.org/10.1002/edn3.7

YOCCOZ N.G., BRÅTHEN K.A., GIELLY L., HAILE J., EDWARDS M.E., GOSLAR T., STEDINGK H.V., BRYSTING A.K., COISSAC E., POMPANON F., SØNSTEBØ J.H., MIQUEL C., VALENTINI A., BELLO F.D., CHAVE J., THUILLER W., WINCKER P., CRUAUD C., GAVORY F., RASMUSSEN M., GILBERT M.T.P., ORLANDO L., BROCHMANN C., WILLERSLEV E. & TABERLET P. 2012. — DNA from soil mirrors plant taxonomic and growth form diversity. *Molecular Ecology* 21 (15): 3647–3655. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2012.05545.x

YOO K., LEE T.K., CHOI E.J., YANG J., SHUKLA S.K., HWANG S. & PARK J. 2017. — Molecular approaches for the detection and monitoring of microbial communities in bioaerosols: A review. *Journal of Environmental Sciences* 51: 234–247. https://doi.org/10.1016/j.jes.2016.07.002

YOUNG R.G., MILIÁN-GARCÍA Y., YU J., BULLAS-APPLETON E. & HANNER R.H. 2021. — Biosurveillance for invasive insect pest species using an environmental DNA metabarcoding approach and a high salt trap collection fluid. *Ecology and Evolution* 11 (4): 1558–1569. https://doi.org/10.1002/ece3.7113

YU D.W., JI Y., EMERSON B.C., WANG X., YE C., YANG C. & DING Z. 2012. — Biodiversity soup: metabarcoding of arthropods for rapid biodiversity assessment and biomonitoring. *Methods in Ecology and Evolution* 3 (4): 613–623. https://doi.org/10.1111/j.2041-210X.2012.00198.x

ZENKER M.M., SPECHT A. & FONSECA V.G. 2020. — Assessing insect biodiversity with automatic light traps in Brazil: Pearls and pitfalls of metabarcoding samples in preservative ethanol. *Ecology and Evolution* 10 (5): 2352–2366. https://doi.org/10.1002/ece3.6042

ZIZKA V.M.A., LEESE F., PEINERT B. & GEIGER M.F. 2018. — DNA metabarcoding from sample fixative as a quick and voucher-preserving biodiversity assessment method1. *Genome*. https://doi.org/10.1139/gen-2018-0048

Figures & tableaux

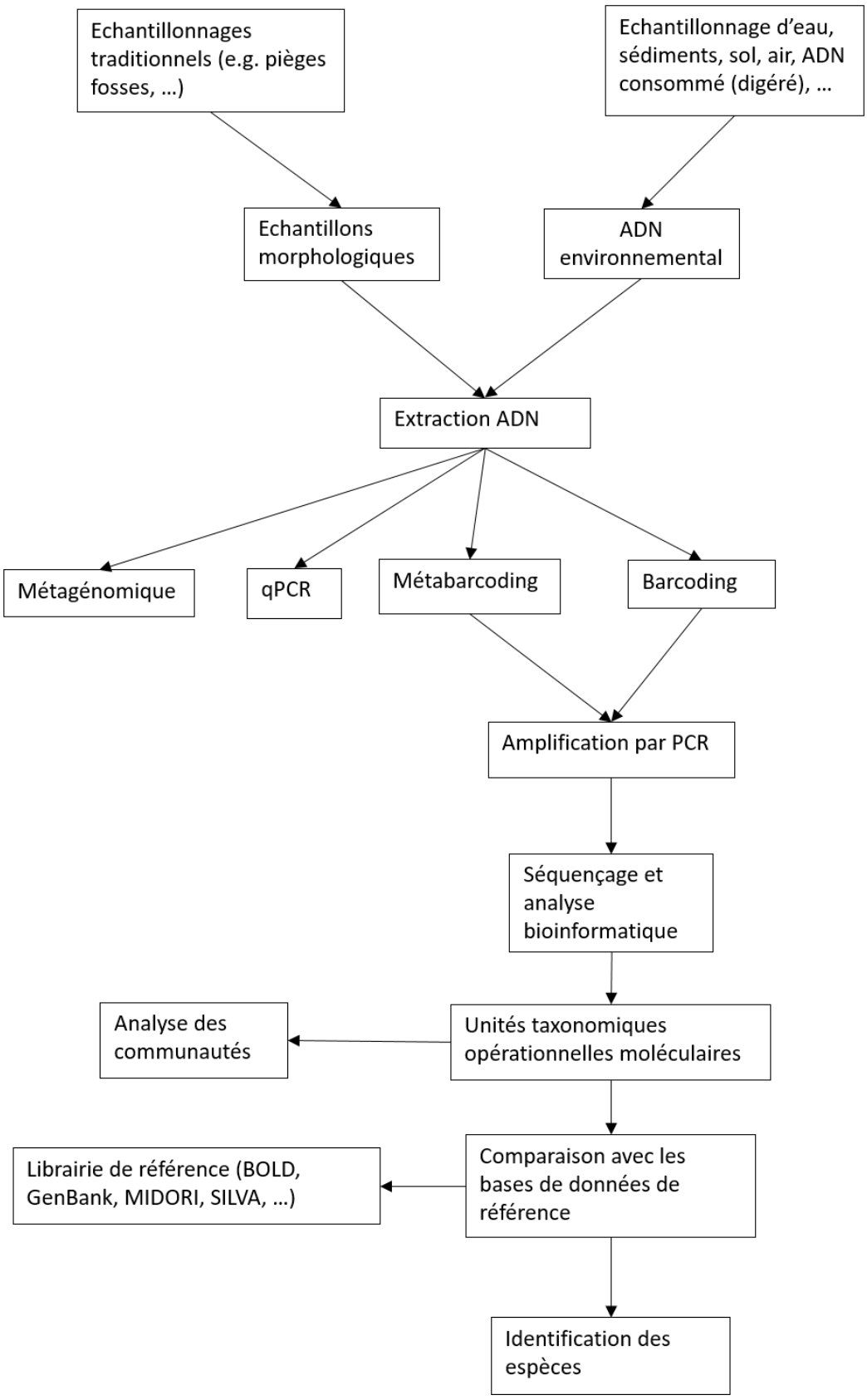


Figure 1. Schéma opérationnel sur l'identification des espèces à partir d'échantillons d'ADN, de l'acquisition de données en milieu terrestre (i.e. méthodologies) à la manière dont les données sont ensuite traitées pour la classification des espèces (i.e. gestion des données et analyses).

Glossaire (basé sur Creer *et al*. 2016; Deiner *et al*. 2017; Liu *et al*. 2019)

Barcoding ADN : Identification des espèces grâce à un marqueur ADN couramment utilisé (e.g. le gène mitochondrial du cytochrome c oxydase I (COI) est le code-barres ADN standard pour identifier les espèces animales).

Marqueur ADN : Tout gène ou fragment d'ADN ciblé dans le séquençage pour identifier une espèce, un individu ou un génotype.

ADN communautaire : L'ADN extrait d'un mélange d'organismes représentant plusieurs espèces de spécimens collectés ensemble (bulk sample ou échantillon mixte) et séparés de l'échantillon environnemental.

Echantillon mixte ou composite (i.e. 'bulk sample') : échantillons contenant plusieurs spécimens non triés

Métabarcoding ADN : Méthodes d'identification taxonomique de plusieurs espèces extraites à partir d'un échantillon d'ADN en vrac ou d'ADN environnemental qui ont été amplifiées par PCR et séquencées sur une plateforme à haut débit.

ADN environnemental (ADNe) : ADN extrait d'échantillons environnementaux, tels que le sol, l'eau ou l'air, sans isolement préalable des organismes cibles

Amplification par PCR : Utilisation de l'amplification en chaîne par polymérase ou PCR pour créer de nombreuses copies d'un fragment d'ADN cible avec une enzyme polymérase. Le fragment est ciblé à l'aide d'une paire d'amorces (avant et arrière) qui se lient au fragment flanquant d'ADN d'intérêt.

Séquençage d'amplicons : Séquençage ciblé de fragments (i.e. gène marqueur) d'ADN amplifiés.

Séquençage à haut débit ou séquençage de nouvelle génération : Technique de séquençage permettant l'analyse simultané de millions de fragments d'ADN.

Profondeur de séquençage : Le nombre de séquences d'ADN récupérées (généralement par échantillon) lors du séquençage à haut débit.

Unité taxonomique opérationnelle moléculaire (MOTU) : Les MOTUs sont souvent utilisées comme indicateur des espèces taxonomiques dans les études de métabarcoding lorsqu'il n'est

pas possible de déterminer avec précision les limites des espèces. Les groupes sont identifiés grâce à l'utilisation d'algorithmes de cluster et de la similitude des séquences ADN en pourcentage prédéfinie.

Chimères : Artefacts constitués de deux séquences (ou plus) combinées au cours de l'étape d'amplification PCR.

Analyse bioinformatique : Application d'approches informatiques pour le traitement de données biologiques complexes.

Nom du programme et ressource	Fonction et utilité
MBRAVE - Multiplex Barcode Research And Visualisation Environment http://mbrave.net/	Une plateforme prenant en charge le stockage, la validation, l'analyse et la publication de projets hautement multiplexés basés sur des instruments de séquençage haut débit.
DAMe https://github.com/MLZM-lab/DAMe	Boîte à outils (ensemble de scripts python) conçue pour effectuer les premières étapes de l'analyse d'ensembles de données très complexes générés par des méthodes de métabarcoding qui utilisent des amplicons à double marquage, des répliques PCR, le multiplexage, le regroupement d'échantillons et le séquençage avec des technologies HTS.
Galaxie https://galaxyproject.org/tutorials/g101/	Une plateforme Web open source pour la recherche biomédicale à forte intensité de données. L'interface contient des outils modulaires qui peuvent être facilement déployés dans un flux de travail individuel par des utilisateurs sans expérience en programmation.
Qiime2studio - q2studio https://docs.qiime2.org/2021.2/	Un package d'analyse permettant aux chercheurs de commencer une analyse avec des données brutes de séquence d'ADN et de terminer avec des chiffres et des résultats statistiques. La communauté d'utilisateurs de QIIME est active et de nombreux tutoriels existent (http://qiime.org/tutorials/index.html).
slim https://trtcrd.github.io/SLIM/	Une application Web dont l'objectif est de faciliter l'accès à des outils bioinfirmatiques de pointe aux non-spécialistes (i.e. passe des données brutes du métabarcoding à une matrice OTU annotée). Elle simplifie la création et le déploiement d'un pipeline de traitement et fournit une boîte à outils intégrative permettant le traitement des données étape par étape.
Frogs - Find Rapidly Otus with Galaxy Solution	Un pipeline convivial pris en charge par Galaxy qui analyse de grands ensembles de données de séquençage d'amplicons d'ADN. Il prend en charge la fusion, le nettoyage, la déplication de

http://frogs.toulouse.inra.fr/	séquences et la visualisation des résultats statistiques en aval. Il produit une table des OTUs avec leurs affiliations taxonomiques.
DADA2 https://benjjneb.github.io/dada2/	Le package dada2 est un pipeline open source qui fournit un ensemble complet d'outils permettant de prendre des données brutes de séquençage d'amplicon jusqu'à une table de caractéristiques représentant la composition de l'échantillon, et a l'avantage de proposer des ASV. Dada2 est un package R qui est utilisable depuis qiime2 ou directement sous R. https://benjjneb.github.io/dada2/tutorial.html
CutAdapt https://cutadapt.readthedocs.io/en/stable/index.html	Il permet le nettoyage des données en trouvant et supprimant divers types de séquences indésirables des lectures de séquençage à haut débit.
Mothur https://mothur.org/	Un logiciel open source développé pour répondre aux besoins bio-informatiques de la communauté et analyser les données moléculaires utilisées par les écologistes microbiens. Mothur offre la possibilité de passer des séquences brutes à la génération d'outils de visualisation pour décrire la diversité α et β.
USEARCH	Un outil d'analyse de séquence et propose de nombreux algorithmes de recherche et de clustering qui sont souvent plus rapides que BLAST et gratuit pour la plupart des utilisateurs (i.e. les licences d'utilisation de USEARCH 32 bits sont offertes à tous). https://www.drive5.com/usearch/ UPARSE (Edgar 2013) est une méthode pour générer des clusters (OTUs) à partir de lectures de séquençage de nouvelle génération de gènes marqueurs grâce à l'algorithme UPARSE-OTU, qui est implémenté en tant que commande cluster_otus dans USEARCH (https://drive5.com/uparse/)
MG-RAST - Metagenomic Rapid Annotations using Subsystems Technology	Un serveur web open-source qui propose une analyse phylogénétique et fonctionnelle des données métagénomiques.

https://www.mg-rast.org/	
DNA Subway https://cyverse-dnasubway-guide.readthedocs-hosted.com/en/latest/, https://dnasubway.cyverse.org/#	Une plateforme de bio-informatique éducative développée par CyVerse. Il regroupe des outils bio-informatiques de recherche, permet d'annoter des séquences d'ADN, d'effectuer des analyses phylogénétiques et d'analyser les données de séquençage et avec une interface facile à utiliser.
Obitools https://git.metabarcoding.org/obitools/obitools/wikis/home	Un package avec un ensemble de programmes spécialement conçus pour analyser les données NGS dans un contexte de métabarcoding d'ADN, capable de filtrer et éditer des séquences tout en tenant compte des annotations taxonomiques (Boyer *et al.* 2016). Il est distribué sous forme de logiciel open source.
JAMP (Just Another Metabarcoding Pipeline) https://github.com/VascoElbrecht/JAMP	Un pipeline de métabarcoding modulaire, intégrant différentes fonctions de USEARCH, VSEARCH, CUTADAPT et d'autres programmes. Le pipeline est exécuté en tant que package R et génère automatiquement les dossiers nécessaires et les statistiques récapitulatives.
Barque https://github.com/enormandeau/barque	Un pipeline d'analyse de métabarcoding d'ADNe qui annote les lectures, au lieu d'unité taxonomique opérationnelle (OTU), en utilisant des bases de données de codes à barres de haute qualité. Barque peut également produire des OTUs, qui sont ensuite annotées à l'aide d'une base de données.
Phyloseq https://github.com/joey711/phyloseq	Un package qui permet d'importer, stocker, analyser et afficher graphiquement des données de séquençage phylogénétique complexes qui ont déjà été regroupées en OTUs.
Swarm https://github.com/torognes/swarm	Une méthode de clustering robuste et rapide pour les études basées sur les amplicons. Il fournit un algorithme de clustering qui gère des ensembles massifs d'amplicons.

PEMA https://github.com/hariszaf/pema	Un ensemble d'outils d'analyse de métabarcoding qui nécessitent peu d'efforts lors de la configuration, de l'exécution et de la personnalisation en fonction des besoins des chercheurs. Basé sur des outils tiers, il effectue un prétraitement des lectures, un regroupement des MOTUs, une inférence des variants de séquence d'amplicon (i.e. ASV) et une attribution de taxonomie pour l'ARN ribosomal 16S et 18S, ainsi que des données de gènes marqueurs ITS et COI (Zafeiropoulos *et al.* 2020). Enfin, PEMA prend en charge l'analyse écologique en aval des profils récupérés, facilitée par le package phyloseq R.
ONTrack https://github.com/MaestSi/ONTrack	Un pipeline de barcoding rapide et précis basé sur les lectures de séquences provenant du séquenceur MinION. Ce pipeline est capable de fournir des séquences consensus précises en ~ 15 minutes par échantillon sur un ordinateur portable standard (Maestri *et al.* 2019). De plus, un pipeline de prétraitement est fourni pour que toute l'analyse bio-informatique soit simple et directe.
ASHURE https://github.com/BBaloglu/ASHURE	Un pipeline Python conçu pour le traitement des données, la construction de consensus, le regroupement et l'affectation taxinomique des lectures provenant de dispositifs de séquençage à nanopores comme le séquenceur MinION (Baloğlu *et al.* 2021)

Tableau 1. Exemples de programmes et ressources informatiques pouvant être utilisés dans les diverses étapes liées à l'identification des espèces basée sur le métabarcoding.

Nom de la base de données	Ressource
GenBank	Un référentiel général de données de séquence (Sayers et al. 2019). www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/
Barcode of Life Data Systems - BOLD	Un référentiel de données de séquences orienté sur les groupes taxonomiques (Ratnasingham & Hebert 2007). http://www.barcodinglife.org/
MIDORI	Une base de données de référence de séquences d'ADN, qui peut être utilisée pour les attributions taxonomiques de toutes les séquences d'ADN mitochondrial eucaryote. reference-midori.info/server.php
SILVA	Une des banques de référence d'ARNr 16S et 18S les plus riches. La base de données LTP (All-Species Living Tree Project) est une sous-partie 'nettoyée' de Silva. Les séquences répertoriées correspondent uniquement à des souches types d'espèces bien classifiées d'Archées et de Bactéries. https://www.arb-silva.de/
RDP - Ribosomal Database Project	C'est à la fois une banque de données et un ensemble d'outils. Cette banque est pour l'instant non nettoyée et regroupe plus de trois millions de séquences, la rendant lourde à manipuler.
Greengenes	Une base réputée pour sa 'propreté', avec des séquences vérifiées manuellement et ne contient aucune chimère, sa représentativité pour tous les phyla est très bonne.
EZBioCloud	Une base de données regroupant des séquences 16S curées ou extraites de génomes complets provenant du NCBI et du JGI (Yoon et al. 2017). Les fichiers de séquence et de taxonomie sont disponibles sur demande après enregistrement et gratuits pour les académiques. https://www.ezbiocloud.net/?bannerId=6
UNITE	Une base de référence, assez complète et diversifiée pour les champignons qui contient un peu plus de 800 000 séquences d'ITS. Les fichiers préformatés pour Qiime, Mothur et Usearch sont mis à disposition sur le site web. https://unite.ut.ee/index.php

Diat.barcode	Une bibliothèque de codes-barres pour diatomées et autres algues et est principalement pour le marqueur rbcL des diatomées. https://www6.inrae.fr/carrtel-collection/Barcoding-database/Description, https://github.com/fkeck/diatbarcode

Tableau 2. Bases de données de référence existante et pouvant être utilisées dans l'identification des espèces basée sur le métabarcoding.

	Invertébrés (matériel frais)					Tous groupes	Invertébrés (matériel ADN dégradé / collections)			Invertébrés (insectes piège Malaise)
	Barcoding (COI)					Barcoding (Tous marqueurs)	Barcoding (COI)			Métabarcoding (COI)
	Coût si interne (MNHN)		Coût par échantillon si sous-traitance (GUELPH)			Coût si interne (MNHN)	Coût si interne (MNHN)	Coût par échantillon si sous-traitance (GUELPH)		Coût si interne (MNHN)
Action	Par éch. Individuel (SANGER)	Par lots de 95 éch. (SANGER)	Construction de librairies (SANGER)	Construction de librairies (NGS - Sequel, par lots de 4560 éch. / 9120 éch.)		Par éch. Individuel (NGS - Illumina, par lots de 4560 éch. ou plus)	Par éch. Individuel (SANGER)	Construction de librairies (SANGER)		Par éch. Individuel (NGS-Illumina, pour lot de 32 éch.) Profondeur de séquençage forte dans le cas d'un lot de 32 pièges Malaise ; grouper davantage d'échantillons (64) semble encore raisonnable pour ce type d'échantillon, ce qui diminue par 2 le coût du séquençage.
Extraction ADN (kits, produits, ...)	4 €	2,5 €	8,95 €	2.55€ / 2.04€		2,50 €	5,70 €	12,54 €		12 € (3 réplicats)
PCR (et matériel associé)	0,50 €	0,50 €				0,50 €	0,50 €			6 € (banque NGS, 3 réplicats PCR) - Double indexage
Séquençage (et matériel associé)	4,50 €	4,50 €				0,40 €	4,50 €			57 €
Données de référence (création)	5min. / éch.	5min. / éch.	5min. / éch.	5min. / éch.		5min. / éch.	5min. / éch.	5min. / éch.		5min. / éch.
Coût de l'étape bio-informatique	2min. / éch.	2min. / éch.				2min. / éch.	2min. / éch.			15 min. / éch. (Estimé à 1j pour le démultiplexage d'un run de séquençage)
Archivage final des échantillons (ADN, voucher)	0.5 € (stockage ADN, hors coût congélation)	0.5 € (stockage ADN, hors coût congélation)				0.5 € (stockage ADN, hors coût congélation)	0.5 € (stockage ADN, hors coût congélation)			0.5 € (stockage ADN, hors coût congélation)
Divers coûts liés à l'acquisition ou à la gestion des données	Expériments en laboratoire	Expérimentations en laboratoire	-	-		Expérimentations en laboratoire	Expérimentations en laboratoire	-		Expérimentations en laboratoire
Divers coûts liés à l'acquisition ou à la gestion des données	Contrôle et validation des résultats	Contrôle et validation des résultats	Contrôle et validation des résultats	Contrôle et validation des résultats		Contrôle et validation des résultats	Contrôle et validation des résultats	Contrôle et validation des résultats		Contrôle et validation des résultats

Tableau 3: Estimation des coûts liés à l'identification des espèces à partir d'e l'ADN (les chiffres fournis ici sont présentés comme des ordres de grandeur).

Groupe taxonomique	Exemple de cas d'étude
Vertébrés	(Port *et al.* 2016; Rodgers *et al.* 2017; Ushio *et al.* 2017; Abrams *et al.* 2019; Drinkwater *et al.* 2019; Fahmy *et al.* 2020; Furlan *et al.* 2020; Lyet *et al.* 2021; Mena *et al.* 2021; Sales *et al.* 2020; Broadhurst *et al.* 2021; Drinkwater *et al.* 2021; Van der Heyde *et al.* 2021; Lynggaard *et al.* 2022; Seeber & Epp 2022; Newton *et al.* 2022)
Amphibiens & reptiles	(Lopes *et al.* 2017, 2021; Sasso *et al.* 2017; Raemy & Ursenbacher 2018; Ficetola *et al.* 2019; Tingley *et al.* 2019; Adams *et al.* 2019; Kačergytė *et al.* 2021; Li *et al.* 2021; Nordstrom *et al.* 2022)
Arthropodes	(Oliverio *et al.* 2018; Creedy *et al.* 2019; Fernandes *et al.* 2019; Thomsen & Sigsgaard 2019; Barsoum *et al.* 2019; Hardulak *et al.* 2020; Kirse *et al.* 2021; Lantman *et al.* 2021; Keller *et al.* 2022; Krehenwinkel *et al.* 2022; Roger *et al.* 2022; Hermans *et al.* 2022)
Plantes	(Dopheide *et al.* 2019; Suchan *et al.* 2019; Drummond *et al.* 2021; Varotto *et al.* 2021; Ji *et al.* 2021; Leontidou *et al.* 2021; Johnson *et al.* 2021; Ibrahim *et al.* 2022; Banerjee *et al.* 2022)

Tableau 4. Exemples d'études sur l'identification d'espèces à partir de l'ADN.

II-R

PASSIFOR-2 : Notice Explicative – Fiches « Pratiques de Gestion »

Un objectif de PASSIFOR est d'évaluer le lien entre la biodiversité et certaines pratiques de gestion forestière, notamment celles impactées par les politiques publiques. Une analyse des documents spécifiant l'orientation des politiques publiques a permis d'identifier une liste des pratiques sylvicoles les plus souvent préconisées ou impactées. Cette liste a ensuite été complétée à dire d'experts, pour un résultat de 13 pratiques à suivre retenues. Un suivi de ces pratiques est proposé, conçu pour acquérir des données à mettre en lien avec les relevés de biodiversité. La caractérisation de ces pratiques se fait par l'intermédiaire de deux catégories de variables :

- Des **variables de gestion** (VG), qui permettent de qualifier la pratique en tant que telle, de mesurer sa mise en œuvre ou non, ses modalités, son intensité.
- Des **variables dendrométriques et écologiques** (VDE), qui permettent de caractériser l'effet direct d'une pratique sur les composantes de l'écosystème sur lesquelles elle s'applique.

Chaque pratique fait l'objet d'une fiche visant à la décrire et à détailler les VG et VDE proposées. Mesurer régulièrement ces variables, dans le cadre d'un plan d'échantillonnage permettant d'être représentatif de la forêt française métropolitaine, permettrait d'assurer un suivi temporel de la pratique. Il est proposé pour cela de s'appuyer, si possible, sur des dispositifs déjà existants. Afin de détecter ce à quoi répondent ou non les dispositifs pour ce volet de PASSIFOR, l'adéquation entre leurs mesures et les données attendues est évaluée. Des développements sont proposés si l'existant ne permet pas de mesurer les variables de la manière recherchée.

Définitions

Certains termes utilisés régulièrement dans les fiches sont définis ici.

Peuplement : ensemble d'arbres homogène en matière de structure (caractérisée par un régime, futaie ou taillis ; et un traitement, régulier ou irrégulier) et de composition, avec une surface minimale de 0,5 ha (0,5 ha est la limite de taille de trouée qui fait la différence entre une futaie régulière par bouquets et une futaie irrégulière par parquets).

Paysage : aire géographique au sein de laquelle un ensemble hétérogène d'écosystèmes interagissent entre eux. L'échelle spatiale du paysage retenue ici sera de l'ordre de quelques kilomètres carrés.

Représentativité du plan d'échantillonnage à une échelle donnée : l'échantillonnage est une réduction de la population étudiée (au sens statistique, en l'occurrence une population à une échelle spatiale donnée : population d'arbres à l'échelle du peuplement ; populations d'arbres, de peuplements ou d'écosystèmes à l'échelle d'un paysage ou à l'échelle d'une région) et sera représentatif s'il offre une image conforme à celle de la population observée à cette échelle.

Structure d'une fiche

Description de la pratique et de ses déclinaisons

Définition de la pratique de gestion et de ce qu'elle englobe, détail de ses modalités.

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Les raisons de la sélection de la pratique sont détaillées, notamment au regard de son lien avec les politiques publiques et de sa relation, connue ou à étudier, avec la biodiversité.

Description succincte des dispositifs étudiés

Un tableau résume les caractéristiques des dispositifs retenus sur lesquels s'appuyer pour un suivi des pratiques de gestion. Quatre dispositifs sont évalués : l'Inventaire forestier de l'IGN (IFN), le Protocole de suivi dendrométrique des réserves forestières (PSDRF), RENECOFOR, et le réseau de parcelles de référence de l'Association futaie irrégulière (AFI). L'IFN et le PSDRF sont considérés comme à prendre en compte en priorité pour leur capacité à assurer, en complémentarité l'un de l'autre, une bonne représentativité des forêts françaises de métropole. RENECOFOR et l'AFI ne permettent pas à eux seuls un suivi statistiquement représentatif des forêts françaises, mais peuvent être considérés comme dispositifs complémentaires ou pertinents pour les éclairages méthodologiques et scientifiques qu'ils peuvent apporter. De la même façon, les variables mesurées par le Réseau systématique de suivi des dommages forestiers (RSSDF) sont indiquées ponctuellement, quand elles sont appropriées.

Synthèse des variables sélectionnées

Un tableau résume les VG et VDE sélectionnées. Le choix des variables a été fait à dire d'experts. Une priorisation des variables à suivre est proposée. Les variables de gestion ont été priorisées en premier lieu selon leur importance dans la caractérisation de la pratique, puis selon leur lien potentiel avec la biodiversité. Les variables dendrométriques et écologiques ont été priorisées selon leur lien potentiel avec la biodiversité, notamment avec les taxons retenus pour PASSIFOR, ou avec plusieurs groupes taxonomiques, ou encore des variables préconisées dans ce cadre par Oettel et Lapin (2021)[1].

Variables de gestion caractérisant la pratique

Détail des variables de gestion retenues, analyse de l'existant sur les dispositifs ciblés et, si besoin, perspectives pour assurer leur mesure.

Intitulé de la variable

- **Attendu**
  Sous forme de tableau, définition de la variable et de ce qui est attendu pour obtenir une mesure représentative à l'échelle choisie.

[1] Oettel, J.; Lapin, K. (2021) Linking forest management and biodiversity indicators to strengthen sustainable forest management in Europe. In: Ecological indicators, vol. 122. DOI: 10.1016/j.ecolind.2020.107275.

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Description de la variable, son type (qualitative ou quantitative), les modalités possibles, son unité.	Echelle d'acquisition des données nécessaire pour avoir une bonne représentativité de la variable. Plusieurs niveaux possibles : **peuplement**, **paysage**, **régional** (sylvoécorégions (SER), grandes régions écologiques (GRECO), régions administratives).	Méthode d'acquisition de la donnée attendue (placettes temporaires, permanentes ou semi-permanentes, enquête, cartographie, moyenne de plusieurs relevés…).	Echelle de temps sur laquelle est mesurée une potentielle évolution de la variable.	Nombre d'années séparant deux mesures.

Pour une variable mesurée sur le terrain, une placette positionnée de manière aléatoire peut se trouver en milieu hétérogène (à cheval sur deux types de peuplement, ou deux parcelles, ou en lisière de forêt). Dans ce cas de relevé hétérogène, deux cas de figure :

- Soit la variable est mesurable sur le terrain (e.g. quantité de souches) : elle sera mesurée sur l'ensemble de la surface en forêt de la placette ;
- Soit la variable est une note attribuable « en bloc » à la pratique, non mesurable (e.g. type de débardage) : elle sera indiquée pour la pratique appliquée sur la partie majoritaire du relevé ;

Dans tous les cas, on renseignera l'information sur l'hétérogénéité avec un code indiquant à quel pourcentage de la surface la variable renseignée correspond.

- **Existant**
  Analyse, pour la variable concernée, de ce qui est mesuré par les dispositifs retenus. La concordance avec l'attendu est notée selon trois niveaux :

  Conforme, **Partiellement conforme**, **Non conforme.** Un dispositif peut ne pas être à lui seul représentatif de l'ensemble des forêts françaises mais être considéré comme conforme, par son protocole, à ce qui est attendu.

- **Compléments envisageables**
  Propositions d'amélioration de l'existant ou, si absence de données, proposition d'implémentation de la mesure. Cela concerne principalement l'IFN et le PSDRF, considérés comme les dispositifs principaux sur lesquels s'adosser pour un suivi à l'échelle de la France métropolitaine.

Variables dendrométriques et écologiques

Détail des VDE retenues, sur le même modèle que les VG.

- Intitulé de la variable
    - Attendu
    - Existant
    - Compléments envisageables

Synthèse

Un tableau synthétise par des graphiques la proportion de variables suivies de manière conforme, partiellement conforme ou non conforme par les dispositifs évalués.

Un texte résume l'adéquation des dispositifs aux objectifs, leur rôle envisagé, les obstacles actuels et les développements nécessaires, le rôle éventuel d'autres acteurs et les perspectives sur la structure que pourrait prendre un suivi de la pratique.

II-S

Fiches de suivi des pratiques de gestion – Rubriques 1, 2, 4

Tâche D du projet PASSIFOR-2

Renseignements des rubriques 1, 2, 4 pour les pratiques retenues (cf. Tableau 1**) :**

1. Description de la pratique et de ses déclinaisons
2. Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)
3. Description succincte des dispositifs étudiés
4. Synthèse des variables sélectionnées

Tableau 1: Pratiques de gestion à suivre retenues dans le cadre de PASSIFOR-2

Pratiques de gestion	Source de l'intégration au projet	Méta-analyses (MA) ou revues bibliographiques récentes sur le lien avec la biodiversité
Pratiques non cartographiables (objectif 3)		
Coupes	Tous les PRFB	Coupes de régénération : 7 MA, 10 revues Eclaircies : 10 MA, 4 revues
Mélange d'essences	Tous les PRFB	4 MA, 3 revues (mais faible gamme de taxons, pas de synthèse concernant l'effet de la richesse locale en essences, ou d'autres niveaux de mélanges que 2 essences à parts égales)
Changement d'essences	Tous les PRFB	
Mode de régénération	Tous les PRFB	Régénération naturelle : 1 MA, 2 revues Plantation vs forêt naturelle : 7 MA
Maintien de souches	9 PRFB sur 12	
Maintien d'arbres-habitats, de vieux arbres et de gros bois morts	9 PRFB sur 12	
Maintien de rémanents	9 PRFB sur 12	
Remise en gestion	9 PRFB sur 12	
Gestion différenciée des zones humides	9 PRFB sur 12	
Mode de traitement sylvicole	Intérêt à dire d'expert	
Pratiques cartographiables (objectif 2)		
Réseau national de réserves intégrales	PNFB	
Îlots de sénescence	Atelier 1er février	
Ancienneté des forêts	Atelier 1er février	

Coupes

Description de la pratique et de ses déclinaisons

Opérations sylvicoles consistant à abattre des arbres commercialisables (les coupes se distinguent des travaux par le fait qu'elles génèrent habituellement des recettes). La récolte des arbres est réalisée dans le cadre d'objectifs sylvicoles de renouvellement, d'amélioration, ou sanitaires. En fonction des objectifs sylvicoles poursuivis et des traitements, elles se déclinent en différentes modalités, dont voici les principales :

En traitement régulier :

- Les coupes d'éclaircies (synonyme : coupe d'amélioration, qualifiables par leur taille et par le régime d'éclaircies : fréquence et intensité des éclaircies, ainsi que par le type d'éclaircie (par le haut ou par le bas)) : en réduisant le nombre de tiges sur pied, elles visent à améliorer la qualité, la viabilité et la stabilité du peuplement forestier.

- Les coupes de rajeunissement (cas des coupes de taillis)

- Les coupes de régénération ou renouvellement, qui ont pour objectif de récolter le peuplement mûr et de le renouveler par voie naturelle ou artificielle. Elles sont qualifiables par leur taille et leur type :

    - Coupe rase : coupe de régénération qui enlève en une seule intervention tous les arbres matures du peuplement, afin de permettre l'installation de la régénération après la coupe, par voie naturelle ou artificielle

    - Coupes progressives de régénération : série de coupes de régénération, étalées sur une période limitée de temps (généralement une demi-révolution en Europe), destinées à régénérer un peuplement en permettant aux semis préexistants de se développer et à de nouveaux semis de s'établir sous le couvert de semenciers (et non dans des trouées à côté). Les semenciers sont maintenus en forte densité (> 30 semenciers par hectare) et progressivement récoltés au fur et à mesure de l'acquisition de la régénération. Les coupes progressives comprennent successivement : une coupe d'ensemencement qui permet l'installation de la régénération naturelle en mettant en lumière le houppier des semenciers et en éclairant le sol par prélèvement des petits bois du sous-étage ; une ou plusieurs coupes secondaires qui favorisent le développement des semis, en réduisant la densité de couvert arboré et en augmentant l'arrivée de lumière au sol ; une coupe définitive qui se fait sur semis acquis, semis qu'elle met en pleine lumière en récoltant les derniers arbres semenciers du peuplement.

- Les coupes de conversion : « coupes de régénération appliquées aux peuplements forestiers issus de taillis ou de taillis-sous-futaie ayant été préalablement préparés [par vieillissement et balivage (= coupe de taillis ne laissant qu'une à deux tiges par cépée)] à la conversion » (Bastien et Gauberville 2011). La coupe intervient sur des taillis volontairement vieillis et ne laisse qu'une seule tige par cépée.

- ***En traitement irrégulier :***

- Coupe de jardinage : coupe qui combine les objectifs d'amélioration, de récolte et de régénération, en recherchant un état d'équilibre des classes d'âge défini à l'échelle de la parcelle (Bastien et Gauberville 2011). Il s'agit d'une exploitation pied par pied (trouées inférieures à 0,05 ha) ou par groupes d'arbres (trouées entre 0,05 ha et 0,2 ha) qui assure simultanément : la récolte des bois mûrs, la sélection des arbres de valeur, la conservation de la structure étagée du peuplement sur de petites surfaces, et la régénération (Pelletier 2018; Schütz 1997) .

- Coupe jardinatoire : coupe qui combine les objectifs d'amélioration, de récolte et de régénération pour faire évoluer le peuplement vers une structure inéquienne, sans recherche d'équilibre des classes d'âge à l'échelle de la parcelle (Schütz 1997; Bastien et Gauberville 2011). On distingue deux principales variantes : la coupe jardinatoire par trouées, qui enlève des groupes d'arbres (sur des surfaces de 0,1 à 0,5 ha) pour faire évoluer le peuplement vers une structure inéquienne à plusieurs classes d'âges ; la coupe jardinatoire pied à pied qui, en récoltant des arbres individuels, dispersés, d'âges différents, produit de petites trouées (<0,1 ha) favorables à la régénération d'essences tolérantes à l'ombre

- ***Tous traitements :***

- Les coupes sanitaires, qui prélèvent les arbres dépérissants ou morts (soit en plein, soit pour quelques arbres isolés ou par bouquets)

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Tous les PRFB font des préconisations sur les coupes (amélioration et régénération, y compris pour des raisons sanitaires), en particulier pour 4 objectifs : dynamisation de la sylviculture, atténuation du changement climatique, renouvellement des peuplements et atténuation des risques sanitaires.

En outre, les coupes sont des facteurs connus pour influencer fortement la biodiversité en forêt (cf. Gosselin et Gosselin, 2023a à paraître), de même que certaines variables associées aux coupes (durée depuis la dernière coupe, réalisation de coupes sanitaires (Cours et al. 2022), de coupes de régénération).

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

Variables de gestion
Présence ou absence de traces de coupes
Présence de souches de moins de 10 ans
Intensité des coupes de moins de 10 ans
Durée depuis la dernière coupe
Nature de la dernière coupe
Taille de la dernière coupe au point de relevé
Pourcentage de territoire passé en coupe dans une fenêtre paysagère autour du point de relevé
Taille moyenne des coupes dans la région
Type de débardage de la dernière coupe
Maintien ou exploitation des rémanents de la dernière coupe
Maintien ou exploitation des souches
Pratique de cloisonnements d'exploitation

Variables dendrométriques et écologiques
Densité de tiges
Densité de tiges par classe de diamètre
Surface terrière
Surface terrière par classe de diamètre
Densité de souches
[Volume sur pied]
[Production biologique par catégorie de diamètre]
[Prélèvement annuel de bois]

Mélange d'essences

Description de la pratique et de ses déclinaisons

Le mélange d'essences consiste à conduire les peuplements en faveur de plusieurs essences principales objectifs, ces essences principales étant à parts égales en abondance, ou représentant au moins 25% de l'abondance totale (en surface terrière).

En accord avec les définitions de l'inventaire forestier national (Inventaire Forestier National, 2005), un peuplement est considéré comme pur lorsque l'essence principale représente plus de 75% de la surface terrière. Il est considéré comme mélangé dès lors qu'il y a deux essences principales (abondances réparties de façon égale : 50-50, ou inégale, jusqu'à 70% d'une essence et 30% de l'autre) ou plus de deux essences principales (d'abondances équiréparties).

Le mélange est réalisé soit au moment d'une plantation, soit obtenu progressivement au cours des travaux et éclaircies.

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Tous les PRFB préconisent le changement d'essences comme pratique répondant aux objectifs d'adaptation au changement climatique, de dynamisation de la sylviculture, de protection de la biodiversité et de renouvellement des peuplements.

Il n'est pas certain que la richesse en essences ait une effet positif systématique sur la diversité, ni que la pureté des peuplements ait toujours un effet négatif (Barbier et al., 2008b). La méta-analyse récente de Le Borgne et al. (2023, à paraître) montre que la biodiversité est un peu plus importante en forêt mélangée qu'en forêt pure (+5%) avec une dispersion de réponse entre taxons, plus forte pour les plantes vasculaires et les arthropodes (environ +10%) mais neutre pour les vertébrés, les champignons et les microbes. Au niveau du règne, les plantes et les animaux sont plus nombreux ou divers en forêts mélangées (environ +10%) mais pas les microbes. L'effet positif du mélange est significatif pour les organismes aériens mais neutre pour les organismes souterrains. La corrélation entre la biodiversité des organismes et la richesse spécifique des arbres est toujours positive, et plus importante en forêt en évolution naturelle qu'en forêt gérée.

On sait par ailleurs (cf. Gosselin et Gosselin, 2023b à paraître et Le Borgne et al. 2023, à paraître) que le mélange d'essences permet d'atténuer les effets négatifs des plantations sur la biodiversité (Castaño-Villa et al., 2019; Liu et al., 2018; Wang et al., 2022) – cette tendance n'est pas toujours significative, e.g. dans Albert et al. (2021), qui notent une tendance, mais non significative, à des communautés de coléoptères plus pauvres en plantations monospécifiques qu'en plantations mélangées. Pour les oiseaux, la synthèse de Castaño-Villa et al. (2019) montre que les effets négatifs des plantations sur la biodiversité sont atténués en cas de plantations mélangées.

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

Variables de gestion	Variables dendrométriques et écologiques
Si plantation **: nombre d'essences plantées simultanément**	**Nombre total et nature des essences dans le peuplement**

Nombre d'essences principales et type de composition (variable quantitative complétée par le type de composition) :
• **Si une seule essence principale**
  ○ Pur feuillu
  ○ Pur résineux
• **Si deux essences principales ou plus**
  ○ Mélange feuillus et résineux
  ○ Mélange feuillus
  ○ Mélange résineux
	Nombre d'essences principales et type de composition (variable quantitative complétée par le type de composition) :
	• **Si une seule essence principale**
	  ○ Pur feuillu
	  ○ Pur résineux
	• **Si deux essences principales ou plus**
	  ○ Mélange feuillus et résineux
	  ○ Mélange feuillus
	  ○ Mélange résineux

Nombre et nature d'essences principales en mélange, par strate : • Dans la strate dominante (essences principales) • Dans les strates inférieures • Toutes strates confondues	**Nombre et nature d'essences principales en mélange, par strate :** • Dans la strate dominante (essences principales) • Dans les strates inférieures • Toutes strates confondues
Travail au profit d'essences secondaires (Oui/Non)	**Nombre total et nature des essences dans la strate dominante du peuplement** (ayant accès à la lumière : en lien avec le taux de couvert libre relatif de l'IGN)
	Surface terrière par essence
	Part, en surface terrière, de l'essence principale
	[Production biologique par essence]

Changement d'essences

Description de la pratique et de ses déclinaisons

Le changement d'essences désigne le fait de travailler au profit d'une (ou plusieurs) essence(s) principale(s) objectif différentes de celle(s) qui étai(en)t la (ou les) essence(s) principale(s) objectif lors de l'aménagement ou la rotation précédente. Le changement d'essence principale est réalisé soit par plantation, soit par travail au profit de nouvelle essence objectif au fil des travaux et éclaircies.

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Tous les PRFB mentionnent le changement d'essences comme pratique d'adaptation au changement climatique. Cette pratique est aussi largement préconisée dans les PRFB pour les objectifs de dynamisation de la sylviculture et de renouvellement des peuplements.

Il y a un lien avéré et fort entre l'essence principale d'un peuplement et la biodiversité (Barbier et al., 2008a; Castaño-Villa et al., 2019; Kawamura et al., 2021). En revanche, l'effet du changement d'essence (en tenant compte de l'identité des essences principales, précédente et nouvelle) est peu étudié et mal connu à moyen et long terme. Des suivis diachroniques à long terme permettraient d'en savoir plus.

Le changement d'essence principale est le plus souvent réalisé par plantation et on sait dans ce cas que, par rapport à un antécédent forestier subnaturel, les plantations hébergent *en moyenne* des communautés **plus pauvres** (Albert et al., 2021; Bremer and Farley, 2010; Castaño-Villa et al., 2019; Nájera and Simonetti, 2010; Ramírez and Simonetti, 2011; Wang et al., 2022) **et moins abondantes** (Castaño-Villa et al., 2019; Ramírez and Simonetti, 2011; Wang et al., 2021).

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

Variables de gestion	Variables dendrométriques et écologiques

Plantation avec changement d'essence principale (variables qualitatives) :
• Type de changement (le statut d'indigénat est idéalement considéré à l'échelle régionale)
• *Feuillu vers feuillu ou feuillu vers résineux*
• *Résineux vers résineux ou résineux vers feuillu*
• *Autochtone vers autochtone ou autochtone vers exotique*
• *Exotique vers exotique ou exotique vers autochtone*
• Variété forestière améliorée
  ○ **Oui/non**
• Migration assistée
  ○ **Oui/non**
	Essences principales du peuplement (variable qualitative par classes renseignant le taux de couvert des essences principales)
	Surface terrière par essence (m^2/ha)

Travail au profit d'une essence principale objectif différente de l'essence principale passée (variable qualitative) : • Feuillu vers feuillu ou feuillu vers résineux • Résineux vers résineux ou résineux vers feuillu • Autochtone vers autochtone ou autochtone vers exotique • Exotique vers exotique ou exotique vers autochtone	

Mode de régénération

La régénération désigne l'ensemble des interventions sylvicoles destinées à assurer le renouvellement d'un peuplement forestier par voie sexuée (Bastien and Gauberville, 2011).

NB. Pour le taillis, renouvelé par recépage donc par voie végétative, on parle de rajeunissement.

On distingue comme modes de régénération :

- La régénération naturelle, qui renouvelle le peuplement par l'obtention de semis issus des arbres sur pied
- La régénération artificielle, par plantation ou par semis de graines
- La régénération naturelle assistée, c'est-à-dire faisant l'objet d'un travail du sol pour faciliter l'installation des semis et complétée par des regarnis (plantation ou semis), si nécessaire.

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Tous les PRFB insistent sur l'objectif de renouvellement des peuplements, convergent avec les objectifs de dynamisation de la sylviculture et d'adaptation au changement climatique. Pour renouveler les peuplements, ils envisagent aussi bien la régénération naturelle que la plantation.

Une récente synthèse bibliographique (Gosselin et osselin, 2023a, à paraître) réalisée dans le cadre de l'expertise collective « Coupes Rases et Renouvellement des peuplements forestiers en contacte de changements climatiques », montre que le mode de régénération joue un rôle sur la biodiversité des peuplements. A court terme, les coupes rases suivies de plantation forestière ont des effets négatifs plus forts (perte de 40% en richesse spécifique locale par rapport au témoin non coupé) que les coupes rases suivies de régénération naturelle (perte de 22% seulement) (Chaudhary et al., 2016). La magnitude de l'impact diffère en fonction de la nature du peuplement avant coupe (forêt primaire ou secondaire) et en fonction de la nature des essences plantées (changement d'essence ou pas par rapport au peuplement antécédent, et en cas de changement d'essence, essence native ou exotique). On manque clairement d'études comparant plantation et régénération naturelle toutes choses égales par ailleurs, et à long terme, d'où l'intérêt d'intégrer ces questions dans un monitoring à long terme.

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

Variables de gestion	Variables dendrométriques et écologiques
Origine des arbres de l'étage dominant (variable qualitative) • Semis naturel • Plantation • Les deux : semis naturel + regarnis • Recépage	Densité de tiges des jeunes arbres (diamètre < 7.5 cm)
Organisation spatio-temporelle de la régénération • Coupe rase • Coupes progressives • Coupe de taillis • Coupes de jardinage et assimilées (coupe jardinatoire, coupe par trouées)	Rapport entre densité de cépées et la densité de tiges de franc-pied
Si peuplement régulier : durée de la phase de régénération	[Taille de patchs d'âge homogène]
Engrillagement ou protection individuelle des plants (oui/non)	
Travail du sol (oui/non)	
Méthode de lutte contre la végétation concurrente (oui/non) • Si oui : chimique ou mécanique	
Amendement (oui/non)	
Fertilisation (oui/non)	

Maintien de souches

Description de la pratique et de ses déclinaisons

Cette pratique consiste à ne pas dessoucher après les coupes d'exploitation forestière. Elle peut concerner la totalité des souches (comme c'est le cas dans les exploitations traditionnelles sans dessouchage), ou une partie seulement : de fait, lorsque le dessouchage est pratiqué, pour la production de plaquettes forestières ou pour faciliter la plantation après coupe rase, il est recommandé de laisser au moins 10% des souches en place, en tant qu'habitats d'espèces saproxyliques (Departe, 2020).

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Les souches font partie de l'habitat des espèces saproxyliques, qui représentent 25% des espèces forestières (Bouget et al., 2019; Stokland et al., 2012). Les souches hébergent des assemblages d'espèces différents et plus riches que ceux des petits bois morts au sol, en particulier chez les conifères (voir par exemple l'étude de Brin et al. (2013) dans les Landes). Elles se décomposent lentement et constituent, dans un contexte forestier parfois pauvre en gros bois mort, un habitat de substitution pour des organismes saproxyliques (Bouget et al., 2012a). Dans les jeunes peuplements, elles constituent l'essentiel des grosses pièces de bois mort, assurant la continuité d'habitat dans l'espace et dans le temps au moment de la régénération.

En France, avec les politiques en faveur du bois énergie, les pratiques de récoltes de souches et de rémanents se développent, même si les PRFB les préconisent rarement explicitement (les PRFB préconisent plutôt le maintien de souches et de rémanents, dans l'objectif de protection de la biodiversité). Une récente synthèse bibliographique (Gosselin 2023, à paraître) conclut que le dessouchage a des effets plus forts que la récolte de menus bois sur les habitats d'organismes saproxyliques dans la double mesure où, après coupe rase, les souches représentent jusqu'à 40 % du volume de bois mort post-coupe, les menus bois parfois seulement 10 % et un plus grand nombre d'espèces colonise les souches que les rémanents (Ranius et al., 2018). En outre, les souches se décomposent moins vite, elles constituent un habitat plus durable que les menus bois.

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

Variables de gestion	Variables dendrométriques et écologiques
Devenir des souches (variable qualitative) : • Maintien total • Maintien partiel • Dessouchage	**Maintien de souches d'exploitation lors de la dernière coupe** (oui/non) en cas de dessouchage, un éventuel maintien partiel de souches ne sera repérable qu'à l'échelle de la parcelle entière
Si maintien partiel, % de souches maintenues	**Densité de souches d'exploitation issues de la dernière coupe**
Si maintien partiel ou total, type de souches maintenues : • Souches hautes • Souches basses • Les deux	

Maintien d'arbres-habitats, de vieux arbres et de gros bois morts

Description de la pratique et de ses déclinaisons

Cette pratique consiste à préserver de toute exploitation, dans la gestion courante des peuplements et hors îlots de sénescence, des arbres porteurs de micro-habitats, des arbres vieux (i.e. au-delà de l'âge d'exploitabilité de l'essence) et/ou gros (> 47,5 cm de diamètre à 1,30 m), ainsi que des pièces de bois mort (arbres morts sur pied ou au sol, tronçons de bois mort au sol) de gros diamètre (> 20 cm).

Les principaux micro-habitats ciblés sont les cavités (loges de pics, cavités à terreur, orifices et galeries d'insectes, concavités), les blessures et bois apparents (soulèvement d'écorce, plages d'aubier apparent, bois de cœur apparent, fentes), le bois mort dans le houppier, les excroissances (balais de sorcières, gourmands, loupes, chancres), les sporophores de champignons et myxomycètes, les recouvrements d'épiphytes ou de parasites (lichens, bryophytes, lierre, lianes, fougères, gui), les nids, et les exsudats (coulées de sève ou résine) : cf. la typologie de Larrieu et al. (2018) pour standardiser les inventaires.

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Il s'agit de la pratique la plus citée au regard de l'objectif de préservation de la biodiversité dans les PRFB, même si elle n'est pas mentionnée par tous les PRFB (9 sur 12).

Les arbres porteurs de micro-habitats (dont les vieux arbres) sont connus pour être des habitats importants pour une partie de la biodiversité forestière (Bouget et al., 2014; Bouget et al., 2021; Cateau et al., 2015; Larrieu et al., 2014; Larrieu et al., 2019; Paillet et al., 2018). Le volume et la diversité des types de bois mort ont un effet positif avéré sur la biodiversité des organismes saproxyliques (Bouget, 2007; Bouget et al., 2009; Bouget et al., 2012b; Bouget and Gosselin; Bouget and Gosselin, 2005; Brin et al., 2011; Landmann and Nivet, 2014; Lassauce et al., 2011; Lassauce et al., 2013), mais aussi sur d'autres groupes (e.g. Bryophytes forestières : Gosselin et al. (2017)).

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

Variables de gestion

Rétention d'arbres habitats vivants (incluant les vieux arbres) (oui/non)

- **Si oui** :
  - **Rétention systématique** (oui/non)
- **Si non systématique : objectif, en nombre de tiges/ha**

Rétention (variable qualitative) :

- Isolée
- Au sein de bouquets d'arbres sains
- Par bouquets d'arbres habitats

Rétention de bois mort (sur pied et/ou au sol) (oui/non)

- **Si rétention :**
  - Sur pied (oui/non)
  - Au sol (oui/non)
  - Tout bois mort conservé ou au-dessus d'un certain seuil de diamètre (mentionner le seuil)
  - Rétention systématique (oui/non)
- **Si non : volume total objectif et/ou nombre de pièces**

Variables dendrométriques et écologiques

Densité d'arbres porteurs de micro-habitats (nombre de tiges/ha)

Densité de micro-habitats par ha et par catégorie

- Cavités
- Blessures et bois apparent
- Bois mort dans le houppier
- Excroissances
- Sporophores de champignons et Myxomycètes
- Structures épiphytiques, épixyliques ou parasites
- Exsudats

Densité d'arbres de très gros diamètre (>67,5 cm de diamètre)

Diamètre moyen des arbres dominants

Volume de bois mort sur pied

Volume de bois mort au sol

Volume de bois mort par essence

Volume de bois mort par classe de décomposition

Volume de bois mort par classe de diamètre

Indice de diversité en types de bois mort (types combinant l'essence, la position, le diamètre, la décomposition)

[Paramètre d'agrégation spatiale du bois mort]

[Age moyen des arbres dominants]

[Présence d'arbres très âgés dans l'étage dominant]

Maintien de rémanents

Description de la pratique et de ses déclinaisons

Les rémanents sont les résidus de coupe, traditionnellement maintenus (d'où le terme de rémanents = ce qui reste) sur le parterre de coupe, une fois enlevés les compartiments d'intérêt (grumes, surbilles de tiges). Ils regroupent les branches de diamètre inférieur à 7 cm (menus bois) et, par extension, les chutes de découpe, le feuillage et les souches. Ils comprennent également certaines tiges et branches de diamètre supérieur à 7 cm non valorisés.

Maintenir des rémanents consiste à les laisser sur le parterre de coupe (donc à ne pas les exporter hors de la parcelle pour valorisation sous forme de bois énergie). Plusieurs modalités sont possibles : laisser la totalité des rémanents au sol, ou une partie seulement ; les éparpiller ou les regrouper en andains.

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Avec le développement du bois énergie, les rémanents sont désormais susceptibles d'être exploités pour la production de plaquettes forestières. Leur exploitation présente des avantages (substitution aux énergies fossiles pour atténuer le changement climatique) et des inconvénients (risques de perte de fertilité par export accru d'éléments minéraux, perte d'habitats pour les organismes saproxyliques). C'est pourquoi il est recommandé de maintenir tout ou partie des rémanents (plutôt qu'une exploitation totale) en fonction de la sensibilité du sol aux pertes minérales et des enjeux locaux de biodiversité : cf. Departe (2020).

Le lien avec la biodiversité est direct, mais les effets de l'export (versus maintien) des rémanents sont moins forts que ceux du dessouchage sur les habitats d'organismes saproxyliques dans la double mesure où (i) après coupe rase, les souches représentent jusqu'à 40 % du volume de bois mort post-coupe, les menus bois parfois seulement 10 % (Ranius et al., 2018), et (ii) un plus grand nombre d'espèces colonise les souches que les rémanents (Ranius *et al.*, 2018). En outre, les menus bois se décomposent plus vite, ils constituent un habitat peu durable et plus rapidement renouvelable que les souches.

Actuellement, on manque en France de recul sur les pratiques de récolte de rémanents pour détecter des effets qui vont se produire dans les prochaines décennies. Il importe, par précaution, de raisonner la récolte de ces compartiments (Departe, 2020) et d'en suivre les effets sur la biodiversité. Mais c'est moins prioritaire que pour les pratiques de dessouchage, dont l'effet sur la biodiversité est plus fort (Ranius et al, 2018, Gosselin, 2023 à paraître)

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

Variables de gestion	Variables dendrométriques et écologiques
Maintien ou exploitation des rémanents • **Si maintien :** • Gestion des rémanents	**Volume de menu-bois au sol de moins de 7 cm de diamètre**
	Volume de bois mort au sol par catégorie de diamètre
	[Type d'humus]
	[Propriétés chimiques du sol]
	[Abroutissement des semis]
	[Recouvrement moyen de la strate herbacée (jusqu'à 1 m)]

Remise en gestion

Description de la pratique et de ses déclinaisons

Une partie non négligeable de la surface forestière française est constituée de forêts peu ou pas gérées, en raison de leur difficulté d'accès, du morcellement de la propriété forestière et de la petite taille de nombreuses parcelles. Avec les politiques en faveur de la dynamisation de la sylviculture et de l'exploitation du bois comme ressource renouvelable, les propriétaires sont incités à se regrouper pour exploiter plusieurs petites parcelles contiguës, et les possibilités de valorisation sous forme de plaquettes forestières peuvent rendre rentables l'exploitation de peuplements de faible valeur.

Dans ce contexte particulier, la remise en gestion consiste à réaliser des exploitations forestières (éclaircies, ou coupes de régénération) dans ces peuplements jusqu'alors laissés en évolution naturelle.

NB. En règle générale, un peuplement géré ne fait pas forcément l'objet d'exploitations forestières (par exemple, la mise en réserve est un choix de gestion, par la non-exploitation). Mais nous nous situons ici dans le contexte particulier du PNFB 2016-2026 qui vise à récolter plus.

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Tous les PRFB encouragent la remise en gestion de peuplements peu ou pas gérés jusqu'alors, pour répondre aux objectifs de dynamisation de la sylviculture et de renouvellement des peuplements.

On n'a quasiment pas de connaissances quant à l'effet de la remise en gestion sur la biodiversité (les connaissances scientifiques concernent plus l'effet de la pratique inverse d'arrêt d'exploitation forestière, cf. les méta-analyses de Paillet et al. (2010) et Langridge et al. (in prep)). Même si gestion ne signifie pas forcément exploitation, la remise en gestion commence souvent par une exploitation et on peut faire l'hypothèse que la remise en exploitation de peuplements qui étaient, de fait, en évolution naturelle, pourrait avoir des effets sur la biodiversité opposée à ceux, à tendance positive, de la mise en réserve. Dans un contexte de manque de connaissances, et d'incertitude sur la part de surface forestière concernée, l'intégration de cette pratique dans le suivi à long terme de la biodiversité semble tout à fait indiquée.

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

Variables de gestion	Variables dendrométriques et écologiques
Remise en gestion après plus de 20 ans de non-gestion (oui/non) • **Si oui :** - Date de remise en gestion après plus de 20 ans de non-gestion - Durée de non-gestion avant la remise en gestion	Aucune à notre connaissance (on pourrait envisager de détecter, sur placettes permanentes, la réalisation de coupes ou travaux après plus de 20 ans de non intervention, mais la seule observation de terrain ne permet pas de savoir si la non-intervention était un choix de gestion ou non)

Gestion différenciée des zones humides

Description de la pratique et de ses déclinaisons

Les zones humides en forêt couvrent une grande variété d'habitats caractérisés par la présence plus ou moins constante d'eau. Elles regroupent les zones humides intraforestières (mares, étangs, tourbières, forêts alluviales, ripisylves) et les cours d'eau. La gestion différenciée des zones humides regroupe toutes les adaptations de gestion dans et aux abords des zones humides (fiche 16 dans Gosselin and Paillet (2017)):

- Précautions de circulation des engins : soit absence de circulation, soit itinéraires de desserte adaptés, en limitant les zones de franchissement des cours d'eau et en installant des dispositifs de franchissement adaptés (pérennes ou temporaires), débardage par temps sec ou de gel, ou utilisation de modes de débardage alternatifs (câble, traction animale, petite mécanisation type cheval d'acier) ;
- Précautions vis-à-vis des espèces envahissantes : éviter l'introduction d'espèces à caractère envahissant dans ou abords des zones humides
- Précautions vis-à-vis du fonctionnement hydrique : ne pas drainer
- Maintien de zones tampon sur 30 à 50 mètres en bordure de cours d'eau ou autour des mares et tourbières, sans exploitation forestière (au moins sans coupe rase) ni utilisation de produits phytosanitaires, avec adaptation du traitement (irrégulier ou régulier par bouquets) et du choix des essences, maintien en place de rémanents, absence de dessouchage, maintien de gros bois mort.

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

La gestion des milieux humides est encadrée par la loi (par exemple Loi Labbé n° 2014-110 du 06 février 2014) et une majorité des PRFB préconisent la gestion différenciée à proximité des zones humides au regard des objectifs de préservation de la qualité de l'eau et des sols, d'une part, et de la biodiversité d'autre part.

On sait que les zones alluviales sont riches en éléments nutritifs (apport de sédiments par les crues) et en microhabitats qui favorisent une grande diversité d'espèces (amphibiens, oiseaux, invertébrés aquatiques). En raison des variations saisonnières des niveaux d'eau, les espèces des zones humides sont très spécialisées et originales par rapport aux autres milieux forestiers (Gosselin and Paillet, 2017). Il est intéressant de suivre l'efficacité de cette pratique, destinée à préserver la biodiversité.

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

Variables de gestion	Variables dendrométriques et écologiques
Gestion différenciée des zones humides et de leurs abords, sur la parcelle du relevé (oui/non, et si oui type de pratique)	Aucune à notre connaissance : comme cette pratique est multiforme, et suppose une gestion différente selon qu'on est à proximité d'une zone humide ou plus loin, il sera difficile de la détecter par des observations de terrain sur une seule placette. Il faudrait dans l'idéal une placette proche et une placette plus éloignée de la zone humide, dans la même parcelle, pour vérifier que la gestion est différente en fonction de la distance à la zone humide, et il faudrait noter tous les aspects possibles (débardage, traitement, essence, gestion des rémanents, etc.)

Mode de traitement sylvicole

Description de la pratique et de ses déclinaisons

Le traitement sylvicole désigne « l'ensemble des interventions (coupes et travaux sylvicoles) appliquées à un peuplement en vue de le maintenir ou de le faire évoluer vers *une structure déterminée* » (Bastien and Gauberville, 2011). Les deux principaux types de traitement sont le traitement régulier et le traitement irrégulier. Ils sont étroitement associés à la manière de renouveler les peuplements : en traitement de futaie irrégulière, le renouvellement des arbres se fait pied à pied ou par trouées de petites surfaces, si bien que des arbres d'âges et de tailles différents se trouvent côte à côte sur une même parcelle ; à l'inverse, en traitement de futaie régulière, le renouvellement se fait par parcelle entière (les semis ou plants couvrent la totalité de la parcelle), si bien que les arbres objectifs d'une parcelle ont tous le même âge et à peu près la même taille.

La combinaison entre régime (futaie versus taillis) et traitement sylvicole (régulier versus irrégulier) conduit à distinguer les principales modalités suivantes :

- Futaie régulière
- Futaie irrégulière
- Taillis simple
- Taillis sous futaie

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Les PRFB ne font pas de préconisations particulières quant au choix du mode de traitement, mais le groupe projet de PASSIFOR-2 a souhaité ajouter cette pratique en raison de ses liens avec la biodiversité (Gosselin and Gosselin, 2023a, à paraître, Savilaakso et al. 2021). Le traitement façonne des habitats potentiellement très différents pour les espèces qui vivent en forêt, car il détermine la manière dont l'écosystème se déploie dans les trois dimensions spatiales (répartition horizontale du couvert arboré et stratification verticale de la végétation), ainsi que dans la dimension temporelle, avec la succession végétale au fur et à mesure de la croissance des arbres. Plus indirectement, il influence aussi la composition du peuplement en essences. Une récente synthèse des connaissances relatives à l'effet du mode de traitement des forêts sur la biodiversité ((Gosselin and Gosselin, 2021; Gosselin and Gosselin, 2023a, à paraître) montre que les futaies régulières (qu'elles soient issues de coupes rases ou de coupes progressives) sont, à moyen et long terme, plus pauvres en espèces (tous taxons confondus et sans distinction de groupes écologiques d'espèces) que les témoins non coupés ou non gérés[1], alors que les peuplements irréguliers ne diffèrent pas statistiquement des témoins (malgré une tendance à 13 % d'espèces en plus en moyenne, tous taxons confondus). A court terme, les jeunes peuplements réguliers (<10 ans) sont aussi riches en espèces que les témoins. Les résultats sont différents à l'échelle du paysage : des futaies régulières issues de coupe rase avec rétention ont une diversité locale équivalente à celle de futaies irrégulières, mais se révèlent plus favorable que la futaie irrégulière quand on passe à l'échelle du paysage (Gosselin and Gosselin, 2021).

[1] Cf. expertise collective CRREF, thème 5, question 2 : en moyenne 38 [12 ; 56] % d'espèces en moins dans les stades matures en études observationnelles, 15 [2 ; 27] % d'espèces en moins dans les stades de milieu de succession.

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

Variables de gestion	Variables dendrométriques et écologiques

Type de traitement à l'échelle de l'unité de gestion :
• Non géré ou évolution naturelle
• Traitement régulier
  ○ Taillis simple
  ○ Futaie régulière et ses variantes
• Traitement irrégulier
  ○ Futaie irrégulière par trouée
  ○ Futaie irrégulière pied à pied dont futaie jardinée
• Traitement mixte
  ○ Taillis-sous-futaie
	Densité de tiges de franc-pied vs cépée dans l'étage dominant

Ancienneté du type de traitement de l'unité de gestion	Indice d'équitabilité de la répartition des tiges par catégorie de diamètre

Réseau national de réserves intégrales

Description de la pratique et de ses déclinaisons

Cette pratique désigne la mise en protection forte de peuplements, par l'arrêt volontaire d'exploitation sur le long terme, via un statut de protection avec arrêté ministériel : il s'agit des **Réserves Biologiques Intégrales** dans les forêts publiques gérées par l'ONF, relevant du Code Forestier, et des **Réserves Intégrales** de parcs Nationaux, relevant du code de l'Environnement. Les peuplements classés en RBI et RI évoluent ensuite naturellement, sans exploitation forestière.

NB. Les îlots de sénescence et arbres-habitats maintenus volontairement dans les peuplements exploités procèdent du même principe (maintien à long terme d'éléments supports de biodiversité), et contribuent à compléter la trame de tels éléments au sein de peuplements soumis à exploitation, mais diffèrent en ceci qu'ils ne bénéficient d'aucun statut garantissant leur évolution naturelle à long terme. Ils ne sont pas considérés comme relevant du réseau de réserves intégrales.

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Le PNFB recommande un suivi attentif des espaces forestiers en libre évolution (aires protégées et îlots de sénescence notamment) afin d'évaluer les potentialités des Ressources Génétiques Forestières indigènes. Il recommande d'intensifier le suivi de l'évolution de la biodiversité forestière au sein du réseau des aires forestières protégées. Les réserves intégrales (RBI et RI) correspondent au niveau de protection le plus fort dans ce réseau dédié à la protection de la biodiversité, et il convient d'en suivre l'efficacité.

La méta-analyse de Paillet et al. (2010) a montré à l'échelle européenne une tendance à des effets positifs de la mise en réserve intégrale sur plusieurs taxons, flore exceptée, avec des résultats variables entre taxons, quatre groupes seulement affichant une réponse significative forte (champignons, lichens, bryophytes et oiseaux). Le projet Gestion, Naturalités, Biodiversité mené sur une partie du réseau de réserves de France métropolitaine a confirmé ces résultats pour les champignons et les bryophytes forestières (Gosselin et al., 2017). Une récente actualisation de la méta-analyse, à l'échelle mondiale, ne trouve pas d'effet global significatif de la mise en réserve (tous taxons confondus), mais souligne un effet de l'ancienneté de la mise en réserve (Langridge et al., in prep) : les effets de la mise en réserve s'accentuent et se précisent avec le temps, d'où l'intérêt d'inclure la pratique dans un réseau de suivi à long terme.

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

La liste de variables dendrométriques et écologiques, volontairement restreinte à quelques variables principales, s'inspire des résultats de Pernot et al. (2013) et Paillet et al. (2015) concernant les effets de la mise en réserve sur la structure dendrométrique des peuplements en France métropolitaine.

Variables de gestion
Date de mise en réserve
Surface de la réserve dans laquelle se trouve le point de relevé
Distance à la plus proche réserve (si relevé hors réserve) ou distance à la lisière (si relevé en réserve)

Variables dendrométriques et écologiques
Densité en nombre de tiges par ha
Volume de bois mort, et ventilation par type (au sol ou debout), classe de diamètre et décomposition
Surface terrière de très gros arbres (arbres de diamètre > 67,5 cm à 1,30)
Diamètre quadratique moyen
Diversité de types de bois mort (par croisement entre les facteurs de position (debout ou au sol), essence, classe de diamètre, classe de décomposition)
Nombre de dendromicrohabitats par ha (éventuellement ventilé par type de microhabitat, et par support : arbre vivant ou arbre mort)

Îlots de sénescence

Description de la pratique et de ses déclinaisons

Les îlots de sénescence sont de petits peuplements laissés en libre évolution, sans exploitation et pour une durée illimitée. Ces îlots sont surtout mis en place dans les forêts relevant du régime forestier, où ils complètent le réseau de réserves biologiques intégrales (Office National des Forêts, 2009a; Office National des Forêts, 2009b). La note de service ONF de 2009 sur les îlots de vieux bois définit l'îlot de sénescence comme un petit peuplement (entre 0,5 et 5 ha) « laissé en évolution libre sans intervention culturale et conservé jusqu'à son terme physique, c'est-à-dire jusqu'à l'effondrement des arbres. Les îlots de sénescence sont composés d'arbres de faible valeur économique et qui présentent une valeur biologique particulière (gros bois à cavité, vieux bois sénescents…). ».
L'instruction de 2009 sur la prise en compte de la biodiversité dans la gestion courante de l'ONF donne l'objectif de classer progressivement en îlots de sénescence 1% de la surface forestière boisée à l'échelle de chaque Direction Territoriale, d'ici 2030.

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Si les PRFB préconisent en général le maintien de vieux arbres, arbres-habitats et bois mort, ils ne mentionnent pas – ou rarement – spécifiquement les îlots de sénescence. Les participants à l'atelier PASSIFOR-2 du 1er février 2022 ont souhaité ajouter cette pratique à la liste des pratiques d'intérêt dans la mesure où il s'agit :

- D'une pratique délibérée en faveur de la biodiversité : en diversifiant l'offre d'habitats disponibles de façon durable dans l'espace et dans le temps, les îlots de sénescence participent à la diversité des espèces
- D'une pratique cartographiable pérenne: en forêt publique l'ONF peut fournir la cartographie des zones en libre évolution "choisie" dans les aménagements forestiers (e.g. îlots de sénescence, zones hors sylviculture, etc.), moyennant l'accord des communes forestières. Ces zones représentent environ 1,5 % de la surface forestière publique. En forêt privée, le CNPF n'a pas d'information cartographiée mais peut donner à dire d'expert le pourcentage des surfaces en évolution naturelle "de fait".

On ne connaît pas l'effet et l'efficacité du réseau d'îlots de sénescence sur la biodiversité, par comparaison à celui des réserves intégrales, d'où l'intérêt d'ajouter ces pratiques dans le cadre d'un monitoring de la biodiversité en forêt.

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

Variables de gestion
Taille de l'îlot
Date de création
Densité d'îlots en surface sur un rayon défini autour du point

Variables dendrométriques et écologiques
Nombre de tiges par classe d'âge élevée (100-150 ans, 150-200 ans, 200-250 ans, 250 et plus)
Age des arbres dominants
Hauteur des arbres dominants
Densité d'arbres porteurs de microhabitats
Densité d'arbres de très gros diamètre (>67,5 cm de diamètre)
Diamètre moyen des arbres dominants
Volume de bois mort sur pied
Volume de bois mort au sol
Volume de bois mort par essence
Volume de bois mort par classe de décomposition
Volume de bois mort par classe de diamètre
Indice de diversité en types de bois mort (types combinant l'essence, la position, le diamètre, la décomposition)
Point dans un îlot : distance à la lisière de l'îlot
Point hors îlot : distance à la lisière de l'îlot le plus proche

Ancienneté des forêts

Description de la pratique et de ses déclinaisons

L'ancienneté d'une forêt n'est pas à proprement parler une pratique, mais un état, résultat de l'historique de gestion avec maintien de l'usage forestier. L'ancienneté désigne la continuité temporelle du couvert forestier, c'est-à-dire la durée ininterrompue de l'état boisé. En France, une forêt est dite ancienne si elle n'a jamais connu d'autre usage du sol que l'usage forestier depuis 1850 (date qui correspond au « minimum forestier » en surfaces de forêts métropolitaines) (Cateau et al., 2015).

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Les participants au séminaire PASSIFOR-2 du 1er février 2022 ont ajouté cette pratique à la liste des pratiques d'intérêt, en raison de ses liens avec la biodiversité (Cateau et al. 2015) : certaines espèces nécessitent la continuité de l'état boisé pour subsister, notamment des espèces forestières à faibles capacités de dispersion : bryophytes, lichens, insectes saproxyliques, ou certaines espèces de plantes vasculaires (Hermy and Verheyen, 2007; Verheyen and Hermy, 2004) par exemple. Pour les espèces plus mobiles, ancienneté et maturité peuvent interagir (Janssen et al., 2017)

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

Variables de gestion

Passage par un antécédent autre que forestier depuis 1850 (oui/non)
• Si oui :
  ○ Type d'usage du sol préalable
  ○ Depuis quand usage du sol forestier
  ○ Taille du massif de forêt ancienne

Proportion de surfaces de forêts anciennes sur un rayon défini autour du point
Proportion de surfaces de forêts récentes sur un rayon défini autour du point

Variables dendrométriques et écologiques
Type d'humus
Composition en essences
Densité de microhabitats à l'hectare (influencée par les arbres corniers)

References

- Albert, G., Gallegos, S.C., Greig, K.A., Hanisch, M., La Fuente, D.L. de, Föst, S. et al, 2021. The conservation value of forests and tree plantations for beetle (Coleoptera) communities: A global meta-analysis. For. Ecol. Manage. 491. https://doi.org/10.1016/j.foreco.2021.119201.
- Barbier, S., Gosselin, F., Balandier, P., 2008a. Influence of tree species on understory vegetation diversity and mechanisms involved - a critical review for temperate and boreal forests. For. Ecol. Manage. 254, 1–15.
- Barbier, S., Gosselin, F., Balandier, P., 2008b. Le mélange d'essences est-il favorable à la diversité végétale en forêt ? Revue Forestière Française 60, 159–167.
- Bastien, Y., Gauberville, C. (Eds.), 2011. Vocabulaire forestier. Ecologie, gestion et conservation des espaces boisés. Institut pour le Développement Forestier, Paris.
- Bouget, C., 2007. Enjeux du bois mort pour la conservation de la biodiversité et la gestion des forêts. Rendez-vous techniques 16, 55–59.
- Bouget, C., Brin, A., Moreau, P.A., 2009. Bois mort et biodiversité saproxylique à différentes échelles spatiales. Rendez-vous techniques, 26–33.
- Bouget, C., Brustel, H., Zagatti, P., Noblecourt, T., 2019. Catalogue commenté et illustré des coléoptères saproxyliques de France. Mnhn, Paris (France).
- Bouget, C., Gosselin, F. Le volume de bois mort, indicateur indirect de biodiversité : une approche critique. Revue Forestière Française.
- Bouget, C., Gosselin, F., 2005. Distribution spatiale du bois mort : enjeux pour la conservation des espèces cavicoles et saproxyliques, in: Vallauri, D., André, J., Dodelin, B., Eynard-Machet, R., Rambaud, D. (Eds.), Bois mort et à cavités : une clé pour la biodiversité des forêts. Lavoisier Tec et Doc, Paris, pp. 107–113.
- Bouget, C., Janssen, P., Larrieu, L., 2021. Très gros arbres, bois morts et arbres-habitats: des attributs de maturité déterminants pour la biodiversité et le fonctionnement des forêts. La revue annuelle d'Humanité et Biodiversité 6, 142–155.
- Bouget, C., Larrieu, L., Brin, A., 2014. Key features for saproxylic beetle diversity derived from rapid habitat assessment in temperate forests. Ecol. Indic. 36, 656–664.
- Bouget, C., Lassauce, A., Jonsell, M., 2012a. Effects of fuelwood harvesting on biodiversity – a review focused on the situation in Europe. Can. J. For. Res. 42, 1421–1432. https://doi.org/10.1139/x2012-078.
- Bouget, C., Nusillard, B., Pineau, X., Ricou, C.C., 2012b. Effect of deadwood position on saproxylic beetles in temperate forests and conservation interest of oak snags. Insect Conserv. Divers. 5, 264–278.
- Bremer, L.L., Farley, K.A., 2010. Does plantation forestry restore biodiversity or create green deserts? A synthesis of the effects of land-use transitions on plant

species richness. Biodivers. Conserv. 19, 3893–3915. https://doi.org/10.1007/s10531-010-9936-4.

- Brin, A., Bouget, C., Brustel, H., Jactel, H., 2011. Diameter of downed woody debris does matter for saproxylic beetle assemblages in temperate oak and pine forests. J. Insect Conserv. In Press, 653–669.
- Brin, A., Bouget, C., Valladares, L., Brustel, H., 2013. Are stumps important for the conservation of saproxylic beetles in managed forests? Insights from a comparison of assemblages on logs and stumps in oak-dominated forests and pine plantations. Insect Conserv. Divers. 6, 255–264.
- Castaño-Villa, G.J., Estevez, J.V., Guevara, G., Bohada-Murillo, M., Fontúrbel, F.E., 2019. Differential effects of forestry plantations on bird diversity: A global assessment. For. Ecol. Manage. 440, 202–207. https://doi.org/10.1016/j.foreco.2019.03.025.
- Cateau, E., Larrieu, L., Vallauri, D., Savoie, J.M., Touroult, J., Brustel, H., 2015. Ancienneté et maturité : deux qualités complémentaires d'un écosystème forestier. C. R. Biol. 338, 58–73.
- Cours, J., Larrieu, L., Sallé, A., Bouget, C., 2022. Conséquences des coupes sanitaires sur la résilience des écosystèmes forestiers perturbés – une revue de la littérature. In Cours, J. 2022, Consequences of dieback in temperate forests on habitat structure and biodiversity, Thèse de doctorat soutenue le 15 décembre 2022, Université d'Orléans, ÉCOLE DOCTORALE Santé, Sciences Biologiques et Chimie du Vivant (SSBCV), UNITÉ de RECHERCHE INRAE Ecosystèmes Forestiers UR1455 EFNO, pp. 105-123.
- Chaudhary, A., Burivalova, Z., Koh, L.P., Hellweg, S., 2016. Impact of Forest Management on Species Richness: Global Meta-Analysis and Economic Trade-Offs. Sci. Rep. 6, 23954.
- Departe, A. (Ed.), 2020. Récolte durable de bois pour la production de plaquettes forestières, 1st ed. ADEME, Angers. Clés pour agir.
- Gosselin, F., Gosselin, M., 2021. Mode de traitement des forêts, coupes de régénération et biodiversité : pas si intuitif qu'il n'y paraît ! La revue annuelle d'Humanité et Biodiversité 6, 84–91.
- Gosselin M., 2023. Quel est l'impact local d'une coupe rase sur la biodiversité en fonction des conditions d'exploitation : maintien ou export des rémanents, dessouchage et andainage ? In Landmann, G. et Delay, M. (Eds). Expertise collective CRREF « Coupes Rases et Renouvellement des peuplements Forestiers en contexte de changement climatique », Volet 1 : Thème 5 | Effets des coupes rases-renouvellement sur la biodiversité | II – Modulation des impacts par les pratiques d'exploitation et les pratiques de rétention de biomasse, Question 5.6a., Paris : GIP Ecofor, RMT Aforce (à paraître)
- Gosselin M. et Gosselin, F. 2023a. Quels sont les impacts des différentes catégories de coupes de régénération forestière sur la biodiversité (échelle peuplement) ? In Landmann, G. et Delay, M. (Eds). Expertise collective CRREF « Coupes Rases et

Renouvellement des peuplements Forestiers en contexte de changement climatique », Volet 1 : Thème 5 | Effets des coupes rases-renouvellement sur la biodiversité | I – Evaluation des impacts des coupes rases, Question 5.2., Paris : GIP Ecofor, RMT Aforce (à paraître)

- Gosselin M. et Gosselin, F. 2023b. Quelle est l'incidence d'une plantation sur la biodiversité, comparativement à la régénération naturelle d'une même essence ? In Landmann, G. et Delay, M. (Eds). Expertise collective CRREF « Coupes Rases et Renouvellement des peuplements Forestiers en contexte de changement climatique », Volet 1 : Thème 5 | Effets des coupes rases-renouvellement sur la biodiversité | III – Biodiversité des peuplements en fonction des itinéraires post coupe rase, Question 5.9., Paris : GIP Ecofor, RMT Aforce (à paraître)
- Gosselin, M., Bouget, C., Archaux, F., Paillet, Y., Boulanger, V., Debaive, N. et al, 2017. Projet GNB : synthèse des relations entre naturalité anthropique, naturalité biologique et biodiversité. Rendez Vous Techniques (ONF) 56, 56–64.
- Gosselin, M., Paillet, Y., 2017. Mieux intégrer la biodiversité dans la gestion forestière, 2nd ed. Quae, Versailles. Guides pratiques.
- Hermy, M., Verheyen, K., 2007. Legacies of the past in the present-day forest biodiversity: a review of past land-use effects on forest plant species composition and diversity. Ecol. Res. 22, 361–371.
- Inventaire Forestier National, 2005. IMOT - Instructions pour les mesures et observations de terrain. 184 p., IFN, Nogent-sur-Vernisson
- Janssen, P., Fuhr, M., Cateau, E., Nusillard, B., Bouget, C., 2017. Forest continuity acts congruently with stand maturity in structuring the functional composition of saproxylic beetles. Biol. Conserv. 205, 1–10.
- Kawamura, K., Yamaura, Y., Soga, M., Spake, R., Nakamura, F., 2021. Effects of planted tree species on biodiversity of conifer plantations in Japan: a systematic review and meta-analysis. J. For. Res. 26, 237–246. https://doi.org/10.1080/13416979.2021.1891625.
- Landmann, G., Nivet, C. (Eds.), 2014. Projet Resobio. Gestion des rémanents forestiers : préservation des sols et de la biodiversité. ADEME, Ministère de l'agriculture, de l'agroalimentaire et de la forêt - GIP Ecofor, Angers, Paris.
- Langridge, J., Paillet, Y., Delabye, S., Gilg, O., Reyjol, Y., Sordello, R. et al, in prep. Nature strikes back: biodiversity recovery after forest management abandonment in the world's boreal, temperate, and Mediterranean forests. An evidence-based approach.
- Larrieu, L., Cabanettes, A., Brin, A., Bouget, C., Deconchat, M., 2014. Tree microhabitats at the stand scale in montane beech-fir forests: practical information for taxa conservation in forestry. Eur. J. For. Res. 133, 355–367.
- Larrieu, L., Gosselin, F., Archaux, F., Chevalier, R., Corriol, G., Dauffy-Richard, E. et al, 2019. Assessing the potential of routine stand variables from multi-taxon data as habitat surrogates in European temperate forests. Ecol. Indic. 104, 116–126.

- Larrieu, L., Paillet, Y., Winter, S., Bütler, R., Kraus, D., Krumm, F. et al, 2018. Tree related microhabitats in temperate and Mediterranean European forests: A hierarchical typology for inventory standardization. Ecol. Indic. 84, 194–207. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2017.08.051.
- Lassauce, A., Larrieu, L., Paillet, Y., Lieutier, F., Bouget, C., 2013. The effects of forest age on saproxylic beetle biodiversity: implications of shortened and extended rotation lengths in a French oak high forest. Insect Conserv. Divers. 6 10.1111/j.1752-4, 396–410.
- Lassauce, A., Paillet, Y., Jactel, H., Bouget, C., 2011. Deadwood as a surrogate for forest biodiversity: Meta-analysis of correlations between deadwood volume and species richness of saproxylic organisms. Ecol. Indic. 11, 1027–1039.
- Le Borgne, H., Castagneyrol, B., Gosselin, M., Gosselin, F., Jactel H., 2023. Quelle est l'incidence d'une plantation mélangée sur la biodiversité, comparativement à une plantation pure ? In Landmann, G. et Delay, M. (Eds). Expertise collective CRREF « Coupes Rases et Renouvellement des peuplements Forestiers en contexte de changement climatique », Volet 1 : Thème 5 | Effets des coupes rases-renouvellement sur la biodiversité | III – Biodiversité des peuplements en fonction des itinéraires post coupe rase, Question 5.10., Paris : GIP Ecofor, RMT Aforce (à paraître)
- Liu, C., Kuchma, O., Krutovsky, K.V., 2018. Mixed-species versus monocultures in plantation forestry: Development, benefits, ecosystem services and perspectives for the future. Glob. Ecol. Conserv. 15. https://doi.org/10.1016/j.gecco.2018.e00419.
- Nájera, A., Simonetti, J.A., 2010. Enhancing avifauna in commercial plantations: Research note. Conserv. Biol. 24, 319–324. https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2009.01350.x.
- Office National des, F., 2009a. Instruction 09-T-71 sur la conservation de la biodiversité dans la gestion courante des forêts publiques, Paris.
- Office National des, F., 2009b. Note de service 09-T-310 sur les îlots de vieux bois, Paris.
- Paillet, Y., Archaux, F., Du Puy, S., Bouget, C., Boulanger, V., Debaive, N. et al, 2018. The indicator side of tree microhabitats: A multi-taxon approach based on bats, birds and saproxylic beetles. J. Appl. Ecol. 55, 2147–2159. https://doi.org/10.1111/1365-2664.13181.
- Paillet, Y., Bergès, L., Hjältén, J., Ódor, P., Avon, C., Bernhardt-Römermann, B. et al, 2010. Biodiversity differences between managed and unmanaged forests: meta-analysis of species richness in Europe. Conserv. Biol. 24, 101–112.
- Paillet, Y., Pernot, C., Boulanger, V., Debaive, N., Fuhr, M., Gilg, O. et al, 2015. Quantifying the recovery of old-growth attributes in forest reserves: A first reference for France. For. Ecol. Manage. 346, 51–64. https://doi.org/10.1016/j.foreco.2015.02.037.
- Pelletier, L., 2018. Manuel de détermination des possibilités forestières 2018-2023.

- Pernot, C., Paillet, Y., Boulanger, V., Debaive, N., Fuhr, M., Gilg, O. et al, 2013. Impact de l'arrêt d'exploitation forestière sur la structure dendrométrique des hêtraies mélangées en France. Revue Forestière Française 65, 445–461.
- Ramírez, P.A., Simonetti, J.A., 2011. Conservation opportunities in commercial plantations: The case of mammals. J. Nat. Conserv. 19, 351–355. https://doi.org/10.1016/j.jnc.2011.06.003.
- Ranius, T., Hämäläinen, A., Egnell, G., Olsson, B., Eklöf, K., Stendhal, J. et al, 2018. The effects of logging residue extraction for energy on ecosystem services and biodiversity: A synthesis. J. Environ. Manage. 209, 409–425.
- Savilaakso, S., Johansson, A., Häkkilä, M., Uusitalo, A., Sandgren, T., Mönkkönen, M., Puttonen, P., 2021. What are the effects of even-aged and uneven-aged forest management on boreal forest biodiversity in Fennoscandia and European Russia? A systematic review. Environmental Evidence 10.
- Schütz, J.P., 1997. Sylviculture 2 : La gestion des forêts irrégulières et mélangées. Presses Polytechniques et Universitaires Romandes, Lausanne, CHE. Coll. Gérer l'environnement, n° 13.
- Stokland, J.N., Siitonen, J., Jonsson, B.G., 2012. Biodiversity in deadwood. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- Verheyen, K., Hermy, M., 2004. Recruitment and growth of herb-layer species with different colonizing capacities in ancient and recent forests. J. Veg. Sci. 15, 125–134.
- Wang, C., Zhang, W., Li, X., Wu, J., 2022. A global meta-analysis of the impacts of tree plantations on biodiversity. Global Ecol. Biogeogr. 31, 576–587. https://doi.org/10.1111/geb.13440.
- Wang, Y., Chen, L., Xiang, W., Ouyang, S., Zhang, T., Zhang, X. et al, 2021. Forest conversion to plantations: A meta-analysis of consequences for soil and microbial properties and functions. Glob. Chang. Biol. 27, 5643–5656. https://doi.org/10.1111/gcb.15835.

II-S

Fiches de suivi des pratiques de gestion – Application aux coupes

Tâche D du projet PASSIFOR-2

Description de la pratique et de ses déclinaisons

Opérations sylvicoles consistant à abattre des arbres commercialisables (les coupes se distinguent des travaux par le fait qu'elles génèrent habituellement des recettes). La récolte des arbres est réalisée dans le cadre d'objectifs sylvicoles de renouvellement, d'amélioration, ou sanitaires. En fonction des objectifs sylvicoles poursuivis et des traitements, elles se déclinent en différentes modalités, dont voici les principales :

- ***En traitement régulier :***

  - Les coupes d'éclaircies (synonyme : coupe d'amélioration, qualifiables par leur taille et par le régime d'éclaircies : fréquence et intensité des éclaircies, ainsi que par le type d'éclaircie (par le haut ou par le bas)) : en réduisant le nombre de tiges sur pied, elles visent à améliorer la qualité, la viabilité et la stabilité du peuplement forestier.

  - Les coupes de rajeunissement (cas des coupes de taillis)

  - Les coupes de régénération ou renouvellement, qui ont pour objectif de récolter le peuplement mûr et de le renouveler par voie naturelle ou artificielle. Elles sont qualifiables par leur taille et leur type :

    - Coupe rase : coupe de régénération qui enlève en une seule intervention tous les arbres matures du peuplement, afin de permettre l'installation de la régénération après la coupe, par voie naturelle ou artificielle

    - Coupes progressives de régénération : série de coupes de régénération, étalées sur une période limitée de temps (généralement une demi-révolution en Europe), destinées à régénérer un peuplement en permettant aux semis préexistants de se développer et à de nouveaux semis de s'établir sous le couvert de semenciers (et non dans des trouées à côté). Les semenciers sont maintenus en forte densité (> 30 semenciers par hectare) et progressivement récoltés au fur et à mesure de l'acquisition de la régénération. Les coupes progressives comprennent successivement : une coupe d'ensemencement qui permet l'installation de la régénération naturelle en mettant en lumière le houppier des semenciers et en éclairant le sol par prélèvement des petits bois du sous-étage ; une ou plusieurs coupes secondaires qui favorisent le développement des semis, en réduisant la densité de couvert arboré et en augmentant l'arrivée de lumière au sol ; une coupe définitive qui se fait sur semis acquis, semis qu'elle met en pleine lumière en récoltant les derniers arbres semenciers du peuplement

- Les coupes de conversion : « coupes de régénération appliquées aux peuplements forestiers issus de taillis ou de taillis-sous-futaie ayant été préalablement préparés [par vieillissement et balivage (= coupe de taillis ne laissant qu'une à deux tiges par cépée)] à la conversion » (Bastien et Gauberville 2011). La coupe intervient sur des taillis volontairement vieillis et ne laisse qu'une seule tige par cépée.

- ***En traitement irrégulier :***

  - Coupe de jardinage : coupe qui combine les objectifs d'amélioration, de récolte et de régénération, en recherchant un état d'équilibre des classes d'âge défini à l'échelle de la parcelle (Bastien et Gauberville 2011). Il s'agit d'une exploitation pied par pied (trouées inférieures à 0,05 ha) ou par groupes d'arbres (trouées entre 0,05 ha et 0,2 ha) qui assure simultanément : la récolte des bois mûrs, la sélection des arbres de valeur, la conservation de la structure étagée du peuplement sur de petites surfaces, et la régénération (Pelletier 2018; Schütz 1997) .
  - Coupe jardinatoire : coupe qui combine les objectifs d'amélioration, de récolte et de régénération pour faire évoluer le peuplement vers une structure inéquienne, sans recherche d'équilibre des classes d'âge à l'échelle de la parcelle (Schütz 1997; Bastien et Gauberville 2011). On distingue deux principales variantes : la coupe jardinatoire par trouées, qui enlève des groupes d'arbres (sur des surfaces de 0,1 à 0,5 ha) pour faire évoluer le peuplement vers une structure inéquienne à plusieurs classes d'âges ; la coupe jardinatoire pied à pied qui, en récoltant des arbres individuels, dispersés, d'âges différents, produit de petites trouées (<0,1 ha) favorables à la régénération d'essences tolérantes à l'ombre

- ***Tous traitements :***

  - Les coupes sanitaires, qui prélèvent les arbres dépérissant ou morts (soit en plein, soit pour quelques arbres isolés ou par bouquets)

Motivations pour le suivi de cette pratique (dont lien avec la biodiversité)

Tous les PRFB font des préconisations sur les coupes (amélioration et régénération, y compris pour des raisons sanitaires), en particulier pour 4 objectifs : dynamisation de la sylviculture, atténuation du changement climatique, renouvellement des peuplements et atténuation des risques sanitaires.

En outre, les coupes sont des facteurs connus pour influencer fortement la biodiversité en forêt (cf. Gosselin et Gosselin, 2023, à paraître), de même que certaines variables associées aux coupes (durée depuis la dernière coupe, réalisation de coupes sanitaires (Cours et al. 2022), de coupes de régénération).

Description succincte des dispositifs étudiés

Réseaux retenus sur lesquels un suivi des pratiques de gestion pourrait s'appuyer.

	Inventaire forestier de l'IGN	PSDRF	RENECOFOR	AFI
Objet du dispositif	Inventaire représentatif des forêts de production en France métropolitaine	Protocole concernant les réserves naturelles ou biologiques	Suivi du changement de fonctionnement des écosystèmes forestiers	Réseau de suivi de parcelles en traitement irrégulier
Répartition des placettes	Placettes semi-permanentes tirées aléatoirement sur tout le territoire métropolitain.	Pour chaque réserve volontaire, placettes permanentes à répartition systématique, densité variable selon les réserves. Stratification possible selon le besoin d'informations ou l'homogénéité environnementale.	102 placettes permanentes réparties en France métropolitaine, dont l'emplacement a été choisi pour être représentatif des principales essences de production en forêt publique.	Parcelle choisie puis suivie via environ 10 placettes permanentes à répartition systématique. La taille de la maille peut varier selon la taille de la parcelle.
Fréquence de passage	Deux passages à 5 ans d'intervalle par placette. En second passage, essentiellement des mesures dendrométriques pour calcul de flux (habitat remesuré mais inventaire floristique seulement en premier passage).	Recommandation de passer tous les 10 ans pour chaque site et pour toutes les variables.	Tous les 5 ans pour les relevés dendrométriques, ainsi qu'avant et après chaque coupe.	Tous les 5 ans pour chaque site et pour toutes les variables.
Eléments de protocole	Les variables décrivant le peuplement sont prises dans un rayon de 25 m. Les relevés dendrométriques sont réalisés sur des placettes circulaires de différentes tailles (15, 9, 6 m de rayon) pour les arbres de plus de 7,5 cm de diamètre à 1,30 m de hauteur. Le bois mort au sol est mesuré sur un transect de 12 m.	Mesures sur une placette de 10 m de rayon pour les arbres vivants de 7,5 à 30 cm de diamètre, puis à angle fixe de 3% pour les diamètres supérieurs. Bois mort sur pied (dont souches) et gros bois mort au sol : placette de 20 m de rayon ; petit bois mort au sol : trois transects de 20 m.	Inventaire en plein sur une placette centrale de 0,5 ha pour les arbres de plus de 15 cm de circonférence à 1,30 m de hauteur, complété par certaines mesures prises sur 2 ha.	Arbres de plus de 17,5 cm de diamètre échantillonnés à angle fixe (coefficient entre 2% et 4%). Mesures sur perches et brins de taillis (diamètre entre 7,5 et 17,5 cm) dans un rayon de 10 m. Régénération (< 7,5 cm de diamètre) étudiée sur trois sous-placettes. Bois mort sur pied et gros bois mort au sol : placette de 20 m de rayon ; petit bois mort au sol : trois transects de 20 m.
Echelle spatiale à laquelle le protocole est représentatif	Le protocole est conçu pour être représentatif au niveau régional et national et non pour interpréter des données à un niveau local (peuplement ou parcelle).	Le protocole est conçu pour exploiter les données à l'échelle de l'ensemble de la réserve, voire par strate (définie selon l'homogénéité des milieux ou les besoins d'information de la réserve) ou habitat.	Données notamment analysées à l'échelle du réseau et au niveau européen, mais la taille de la placette permet d'être localement représentatif du peuplement.	Le protocole est conçu pour exploiter des résultats a minima au niveau parcelle.

Les variables mesurées par le Réseau systématique de suivi des dommages forestiers (RSSDF) sont indiquées ponctuellement, quand elles sont pertinentes.

Note : La conformité d'un dispositif par rapport à l'attendu est évaluée d'après les mesures qu'il réalise et leur cohérence avec l'échelle spatio-temporelle de mesure souhaitée. Un dispositif peut ne pas être à lui seul représentatif de l'ensemble des forêts françaises mais être conforme, dans son protocole et pour son objet d'étude, à ce qui est attendu.

Résumé des variables sélectionnées

Les variables considérées comme étant à suivre en priorité sont indiquées en gras. Les variables dont le lien avec la pratique ou la biodiversité est considéré comme plus indirect sont entre crochets.

Variables de gestion
Présence ou absence de traces de coupes
Présence de souches de moins de 10 ans
Intensité des coupes de moins de 10 ans
Durée depuis la dernière coupe
Nature de la dernière coupe
Taille de la dernière coupe au point de relevé
Pourcentage de territoire passé en coupe dans une fenêtre paysagère autour du point de relevé
Taille moyenne des coupes dans la région
Type de débardage de la dernière coupe
Maintien ou exploitation des rémanents de la dernière coupe
Maintien ou exploitation des souches
Pratique de cloisonnements d'exploitation

Variables dendrométriques et écologiques
Densité de tiges
Densité de tiges par classe de diamètre
Surface terrière
Surface terrière par classe de diamètre
Densité de souches
[Volume sur pied]
[Production biologique par catégorie de diamètre]
[Prélèvement annuel de bois]

Variables de gestion caractérisant la pratique

Dans l'optique de suivre non seulement la gestion effective mais aussi l'intentionnalité de gestion, c'est-à-dire ce qui a été prévu en amont de la mise en œuvre, il est proposé que cette intentionnalité soit suivie en parallèle pour chaque variable, par enquête ou par étude des documents de gestion.

- **Présence ou absence de traces de coupes**

- *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable qualitative, réponse binaire, présence ou absence de traces de coupes par le passé.	Peuplement	Placette temporaire ou (semi-permanente) de rayon ≥ 25 m	Instantanée	Non requis

- *Existant*

  - IGN : Partiellement conforme. Variable qualitative, présence, par classes d'intensité, de traces de coupes de moins de 5 ans. Mesurée sur la placette de 25 m de rayon, considérée comme représentative du peuplement. Variable mesurée aux deux passages. Elle permet de détecter des coupes sur une période de 10 ans, mais sur au mieux 5 ans avant le relevé de biodiversité[2] (qui a lieu au premier passage).

  - PSDRF : Partiellement conforme. Relevé des souches et précision si leur origine est due à la gestion forestière. Mesure prise dans un rayon de 20 m, surface trop petite pour être représentative du peuplement.

  - RENECOFOR : Conforme. Des inventaires sont réalisés sur toute la placette avant et après coupes. Un sous-ensemble (choisi) d'arbres de la placette est suivi et leur coupe est renseignée individuellement. Mesure à l'échelle placette, tous les 5 ans pour le sous-ensemble d'arbres et lors de chaque coupe.

  - AFI : Partiellement conforme. Seules les souches de hauteur supérieure à 40 cm sont prises en compte, mesure sur un rayon de 20 m maximum.

  - *RSSDF* : Partiellement conforme. Donnée sur l'exploitation pour raison sylvicole, phytosanitaire ou pour raison inconnue des arbres inclus dans le suivi et coupés. Seuls les arbres dominants ou co-dominants sont suivis.

[2] Ce suivi des pratiques de gestion s'inscrit dans une mise en relation avec un suivi de la biodiversité. Quand un dispositif réalise des suivis sur ces deux plans, les VG et VDE sont examinées en fonction de l'information qu'il est possible de rattacher au suivi de biodiversité du dispositif. Le relevé de biodiversité considéré ici pour l'Inventaire forestier de l'IGN correspond au relevé floristique.

- *Compléments envisageables*

    - IGN : Réaliser le relevé de biodiversité au second passage ou passer à des placettes permanentes pour caractériser des coupes de plus de 5 ans, ou noter la présence de traces de coupes plus anciennes.

    - PSDRF : Renseigner la présence de coupes sur une placette plus grande (≥ 25 m de rayon).

- **Présence de souches de moins de 10 ans**

- *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable qualitative binaire, présence ou absence de souches nouvelles apparues entre deux suivis ou présence ou absence de souches datant de moins de 10 ans	Peuplement	Placette (semi-permanente) de rayon ≥ 25 m	10 ans	10 ans

- *Existant*

  - IGN : Partiellement conforme. Traces de coupes de moins de 5 ans relevées sur la placette de 25 m de rayon, aux deux passages : permet de couvrir une période de 10 ans (5 ans avant le relevé de biodiversité et 5 ans après). Les données de coupe couvrent donc au mieux une période de 5 ans avant la date du relevé de biodiversité (qui a lieu au premier passage).

  - PSDRF : Partiellement conforme. Emplacement de chaque souche (azimut et distance au centre) noté à chaque passage, pourrait être exploité pour renseigner les nouvelles souches. Mesure prise dans un rayon de 20 m, surface trop petite pour être représentative du peuplement.

  - RENECOFOR : Conforme. Chaque coupe est renseignée, permettant un suivi direct des coupes de moins de 10 ans. Un sous-ensemble (choisi) d'arbres de la placette est suivi et leur coupe est renseignée individuellement. Mesure au niveau placette, tous les 5 ans et lors de chaque coupe.

  - AFI : Partiellement conforme. Seules les souches de hauteur supérieure à 40 cm sont prises en compte, mesure sur un rayon de 20 m maximum.

- *Compléments envisageables*

  - IGN : Réaliser le relevé de biodiversité au second passage ou passer à des placettes permanentes pour caractériser des coupes de plus de 5 ans.

  - PSDRF : Renseigner la présence de coupes sur une placette plus grande (≥ 25 m de rayon).

- **Intensité des coupes de moins de 10 ans**

- *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable quantitative, taux de prélèvement de la surface terrière (m^2/ha) ou du volume (m^3/ha) ou variable qualitative (par classes, proportion du couvert vivant recensable libre enlevé)	Peuplement	Placette (semi-) permanente de rayon ≥ 25 m	10 ans	10 ans

NB : si l'objectif est de moyenner cette variable sur des pas de temps supérieurs à 10 ans, alors il faut des placettes permanentes qui permettent de cumuler les données. Dans ce cas, l'amplitude temporelle de qualification de la variable devient infinie.

- *Existant*

  - IGN : Partiellement conforme. Intensité, par classes de proportion du couvert vivant recensable libre enlevé, de la coupe survenue il y a moins de 5 ans dans un rayon de 25 m, représentatif du peuplement. Mesure en premier et second passage, les données de coupe couvrent donc au mieux une période de 5 ans avant le relevé de biodiversité (qui a lieu au premier passage). Le volume et la surface terrière prélevés entre deux passages sont également mesurés sur un rayon de 15 m, mais la surface est alors trop petite pour être représentative de peuplement et les données obtenues sont postérieures au relevé de biodiversité.

  - PSDRF : Partiellement conforme. Date de la dernière coupe indiquée, arbres identifiés individuellement et surface terrière mesurée à chaque passage, permet d'obtenir un taux de prélèvement, mais variable prise sur un cercle de 10 m de rayon puis à angle fixe de 3%, considéré comme insuffisant pour être représentatif du peuplement (surtout si la densité du peuplement est faible).
  - RENECOFOR : Conforme. Mesure de la surface terrière à l'échelle de la placette avant et après coupe. Mesure à l'échelle placette, tous les 5 ans et lors de chaque coupe.

  - AFI : Conforme. Le prélèvement, en volume ou en surface terrière, est quantifiable entre deux passages, représentatif si mesuré sur une placette à angle fixe de 2% (permet d'être représentatif de peuplements clairs ou denses).

- *Compléments envisageables*

    - IGN : Réaliser le relevé de biodiversité au second passage ou passer à des placettes permanentes pour caractériser des coupes de plus de 5 ans. Pour obtenir des données plus précises, en volume ou surface terrière, prendre des mesures dendrométriques sur une placette de plus grande taille (≥ 25 m).

    - PSDRF : Facteur relascopique plus faible pour être représentatif du peuplement.

- **Durée depuis la dernière coupe**

  - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable quantitative, en nombre d'années ou par pas de temps, la durée depuis la dernière coupe	Peuplement	Enquête ou placette permanente de rayon ≥ 25 m et détection des nouvelles souches	Infini	10 ans

- *Existant*
  - IGN : Non conforme. Informe au mieux sur l'existence d'une coupe dans les 10 dernières années au moment du dernier passage. La taille de la placette est néanmoins suffisante pour être représentative du peuplement.
  - PSDRF : Conforme. Date de la dernière exploitation relevée par enquête.
  - RENECOFOR : Conforme. Mesure au niveau placette, tous les 5 ans pour les traces de coupes et registre tenu des évènements de gestion impliquant une coupe.
  - AFI : Conforme. Pour chaque coupe, la date d'année d'exploitation est indiquée par le gestionnaire (pour les parcelles qui font l'objet d'un suivi économique).
  - *RSSDF* : Partiellement conforme. Passage annuel sur placettes permanentes et arbres coupés renseignés. Seuls les arbres dominants ou codominants sont suivis.

- *Compléments envisageables*
  - IGN : Placettes permanentes pour détecter des coupes sur plus de 10 ans.

- **Nature de la dernière coupe**

  - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable dynamique, qualitative, trois grandes catégories de coupes :	Peuplement	Enquête ou jugé sur le terrain par l'observateur (si coupe récente)	Sans objet	Sans objet
*Si **éclaircie**, type : par le haut ou par le bas*	Peuplement	Enquête ou placettes (semi-)permanentes de rayon ≥ 25 m	Sans objet	Sans objet
*Si **coupe de régénération**, type : Coupe rase ou coupe progressive (ensemencement, secondaire, finale)*				
*Si **coupe en système irrégulier** : pied à pied ou par trouée*				

NB : compte tenu de la difficulté de distinguer une coupe sanitaire d'une éclaircie ou d'une coupe totale sur le terrain, il n'est pas prévu de catégorie pour ce type de coupe.

- *Existant*

  - IGN : Partiellement conforme. Estimation de l'intensité et, en fonction de cela, de la nature, pour une coupe de moins de 5 ans. Mesure en premier et second passage, les données de coupe couvrent donc au mieux une période de 5 ans avant le relevé de biodiversité (qui a lieu au premier passage). Ne permet pas de séparer la coupe de futaie irrégulière et les éclaircies.

  - PSDRF : Partiellement conforme. La nature de la dernière coupe est enquêtée en question ouverte, elle n'est pas systématiquement indiquée.

  - RENECOFOR : Conforme. Nature de la dernière coupe (différencie au moins entre : coupe d'éclaircie, coupe sanitaire, coupe progressive, coupe finale), intensité. Mesure par enquête, à chaque coupe.

  - AFI : Partiellement conforme. Nature de la dernière coupe non explicitement renseignée, mais dispositif focalisé sur les systèmes irréguliers ou en transition vers ce système, donc si présence de coupes, essentiellement en système irrégulier.

- *Compléments envisageables*

    - IGN : Caractérisation plus fine de la nature de la coupe, réaliser le relevé de biodiversité au second passage ou passer à des placettes permanentes pour caractériser des coupes sur plus de 5 ans.

    - PSDRF : Juger sur le terrain de la nature de la dernière coupe ou adapter l'enquête pour que cette information soit relevée de manière plus systématique.

- **Taille de la dernière coupe au point de relevé**

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable quantitative ou qualitative : taille de la dernière coupe réalisée à l'endroit du relevé, en ha ou en classes	Peuplement	Télédétection, enquête ou jugé approximativement en classe par observateur (si coupe récente)	Sans objet	Peut nécessiter l'exploitation de séries temporelles de données de télédétection

- *Existant*
    - IGN : Non conforme. Travail en cours pour obtenir la donnée au niveau local par photo-interprétation pour les coupes de moins de 5 ans.
    - PSDRF : Non conforme.
    - RENECOFOR : Non conforme.
    - AFI : Non conforme.
- *Compléments envisageables*
    - IGN et PSDRF : Télédétection, enquête auprès des gestionnaires, estimation sur le terrain à l'échelle du peuplement.

- **Pourcentage de territoire passé en coupe dans une fenêtre paysagère autour du point de relevé**

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable quantitative : surface totale passée en coupe au cours des 10 ans divisée par surface totale paysagère	Paysage	Cartographie, télédétection	5 ans, mais il pourrait être intéressant de remonter plus loin dans le temps	5 ans, peut nécessiter l'exploitation de séries temporelles de données de télédétection

NB : la taille de la fenêtre paysagère est à préciser en fonction des taxons considérés. De l'ordre de quelques km², cf. Okland et al. (1996).

- *Existant*
    - IGN : Non conforme.
    - PSDRF : Non conforme.
    - RENECOFOR : Non conforme.
    - AFI : Non conforme.

- *Compléments envisageables*
    - IGN et PSDRF : Calcul à partir de données issues de télédétection ou de cartographie sur des fenêtres paysagères centrées sur les points de relevés de biodiversité.

- **Taille moyenne des coupes dans la région**

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable quantitative : moyenne des tailles de coupe à large échelle (sylvoécorégion, GRECO, région administrative)	Région	Moyenne calculée à partir de l'ensemble des relevés de la région considérée, cartographie, télédétection ou enquête.	10 ans, mais il pourrait être intéressant de remonter plus loin dans le temps	Peut nécessiter l'exploitation de séries temporelles de données de télédétection

- *Existant*
    - IGN : Non conforme.
    - PSDRF : Non conforme.
    - RENECOFOR : Non conforme.
    - AFI : Non conforme.

- *Compléments envisageables*
    - IGN et PSDRF : Calcul à partir de données issues d'enquête ou télédétection au niveau des relevés, ou calcul à partir de cartographie à un niveau plus large.

- **Type de débardage de la dernière coupe**

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable qualitative : mécanisation lourde, petite mécanisation (type cheval de fer), par câble, par traction animale	Peuplement	Enquête	Sans objet	Sans objet

- *Existant*
    - IGN : Non conforme.
    - PSDRF : Non conforme.
    - RENECOFOR : Conforme. Mesure par enquête, à chaque coupe et travaux concernant la placette.
    - AFI : Non conforme.
- *Compléments envisageables*
    - IGN et PSDRF : Enquête auprès des gestionnaires.

- **Maintien ou exploitation des rémanents de la dernière coupe**

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable qualitative : pas de maintien, maintien total, maintien partiel	Peuplement	Enquête ou placette (semi-)permanente de rayon ≥ 25 m	Sans objet	Sans objet
Si pas de maintien, préciser si coupe par arbre entier ou récolte de rémanents post-coupe.	Peuplement	Enquête		

- *Existant*
    - IGN : Non conforme.
    - PSDRF : Non conforme.
    - RENECOFOR : Conforme. La méthode de gestion des rémanents est renseignée lors d'un évènement de gestion.
    - AFI : Non conforme.

- *Compléments envisageables*
    - IGN et PSDRF : sur placette (semi-)permanente, si constatation d'une coupe, mesure de la présence simultanée d'une forte quantité de menu bois (en faisant l'hypothèse qu'il n'y a pas de récolte différée de rémanents ni de récolte totale des houppiers après coupe finale); enquête.

- **Maintien ou exploitation des souches**

  - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable qualitative : oui (modulable en fonction du taux de rétention), non	Peuplement	Enquête ou placette temporaire ou (semi-)permanente de rayon ≥ 25 m	10 ans	5 ans

- *Existant*

  - IGN : Non conforme.

  - PSDRF : Partiellement conforme. Souches d'origine anthropiques inventoriées tous les 10 ans et date de la dernière coupe renseignée, possibilité de détecter le maintien ou non des souches. Mesure prise dans un rayon de 20 m, trop petit pour être exploitable à l'échelle du peuplement.

  - RENECOFOR : Conforme. Extraction de souches renseignée le cas échéant lors d'évènements de gestion concernant la placette.

  - AFI : Partiellement conforme. Seules les souches de hauteur supérieure à 40 cm sont prises en compte, mesure sur un rayon de 20 m maximum.

- *Compléments envisageables*

  - IGN : Sur placettes temporaires, noter explicitement la présence/absence de souches d'exploitation ; sur placette (semi-)permanente, noter simultanément la présence de traces de coupe et d'absence de dessouchage, ou enquête.

  - PSDRF : Etendre la mesure à un rayon ≥ 25 m ou enquête.

- **Pratique de cloisonnements d'exploitation**

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable qualitative binaire, oui/non	Peuplement	Enquête ou placette temporaire ou (semi-)permanente de rayon ≥ 25 m	Sans objet	Sans objet

- *Existant*
    - IGN : Non conforme.
    - PSDRF : Non conforme.
    - RENECOFOR : Conforme. Pratique de cloisonnements renseignée lors d'évènements de gestion concernant la placette.
    - AFI : Non conforme.

- *Compléments envisageables*
    - IGN et PSDRF : noter sur le terrain l'existence de cloisonnements d'exploitation, ou enquête.

Variables dendrométriques et écologiques

- **Densité de tiges**

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable quantitative, nombre de tiges à l'hectare	Peuplement	Placette temporaire ou (semi-)permanente de rayon ≥ 25 m	Instantanée	Non requis

- *Existant*
    - IGN : Partiellement conforme. Variable mesurée sur 15 m de rayon maximum, la placette est trop petite pour être représentative du peuplement.
    - PSDRF : Partiellement conforme. Variable mesurée sur un cercle de 10 m de rayon puis à angle fixe de 3%, considéré comme insuffisant pour être représentatif du peuplement (surtout si la densité du peuplement est faible).
    - RENECOFOR : Conforme. Mesure au niveau placette tous les 5 ans et lors de chaque coupe.
    - AFI : Conforme. Variable mesurée sur un cercle de 10 m de rayon (perches brins de taillis) et à angle fixe, considéré comme représentatif si l'angle choisi est de 2% (permet d'être représentatif de peuplements clairs ou denses).
- *Compléments envisageables*
    - IGN : Placette de plus grande taille pour être représentatif du peuplement.
    - PSRDF : Facteur relascopique plus faible pour être représentatif du peuplement.

- **Densité de tiges par classe de diamètre**

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable quantitative, nombre de tiges à l'hectare par classe de diamètre.	Peuplement	Placette temporaire ou (semi-)permanente de rayon ≥ 25 m	Instantanée	Non requis

- *Existant*
    - IGN : Partiellement conforme. Variable mesurée sur 15 m de rayon maximum, la placette est trop petite pour être représentative du peuplement.
    - PSDRF : Partiellement conforme. Variable mesurée sur un cercle de 10 m de rayon puis à angle fixe de 3%, considéré comme insuffisant pour être représentatif du peuplement (surtout si la densité du peuplement est faible).
    - RENECOFOR : Conforme. Mesure au niveau placette tous les 5 ans et lors de chaque coupe.
    - AFI : Conforme. Variable mesurée sur un cercle de 10 m de rayon (perches brins de taillis) et à angle fixe, considéré comme représentatif si l'angle choisi est de 2% (permet d'être représentatif de peuplements clairs ou denses).
- *Compléments envisageables*
    - IGN : Placette de plus grande taille pour être représentatif du peuplement.
    - PSRDF : Facteur relascopique plus faible pour être représentatif du peuplement.

- **Surface terrière**

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable quantitative, surface terrière en m²/ha.	Peuplement	Placette temporaire ou (semi-)permanente de rayon ≥ 25 m	Instantanée	Non requis

- *Existant*
    - IGN : Partiellement conforme. Variable mesurée sur 15 m de rayon maximum, la placette est trop petite pour être représentative du peuplement.
    - PSDRF : Partiellement conforme. Variable mesurée sur un cercle de 10 m de rayon puis à angle fixe de 3%, considéré comme insuffisant pour être représentatif du peuplement (surtout si la densité du peuplement est faible).
    - RENECOFOR : Conforme. Mesure au niveau placette tous les 5 ans et lors de chaque coupe.
    - AFI : Conforme. Variable mesurée sur un cercle de 10 m de rayon (perches brins de taillis) et à angle fixe, considéré comme représentatif si l'angle choisi est de 2% (permet d'être représentatif de peuplements clairs ou denses).
- *Compléments envisageables*
    - IGN : Placette de plus grande taille pour être représentatif du peuplement.
    - PSRDF : Facteur relascopique plus faible pour être représentatif du peuplement.

- **Surface terrière par classe de diamètre**

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable quantitative, surface terrière par classe de diamètre en m²/ha.	Peuplement	Placette temporaire ou (semi-)permanente de rayon ≥ 25 m	Instantanée	Non requis

    - *Existant*

        - IGN : Partiellement conforme. Variable mesurée sur 15 m de rayon maximum, la placette est trop petite pour être représentative du peuplement.

        - PSDRF : Partiellement conforme. Variable mesurée sur un cercle de 10 m de rayon puis à angle fixe de 3%, considéré comme insuffisant pour être représentatif du peuplement (surtout si la densité du peuplement est faible).

        - RENECOFOR : Conforme. Mesure au niveau placette tous les 5 ans et lors de chaque coupe.

        - AFI : Conforme. Variable mesurée sur un cercle de 10 m de rayon (perches brins de taillis) et à angle fixe, considéré comme représentatif si l'angle choisi est de 2% (permet d'être représentatif de peuplements clairs ou denses).

- *Compléments envisageables*

        - IGN : Placette de plus grande taille pour être représentatif du peuplement.

        - PSRDF : Facteur relascopique plus faible pour être représentatif du peuplement.

- **Densité de souches**

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable quantitative, nombre de souches d'exploitation à l'hectare, de 34 cm de circonférence minimale à 10 cm de hauteur[3], quelle que soit l'ancienneté de la coupe.	Peuplement	Placette temporaire ou (semi-)permanente de rayon ≥ 25 m	Instantanée	Non requis

- *Existant*
    - IGN : Partiellement conforme. En second passage, mesure de l'état de végétation de tous les arbres inventoriés en premier passage. La coupe d'un arbre, que sa souche soit déracinée ou non, est notée. Variable mesurée sur 15 m de rayon maximum, la placette est trop petite pour être représentative du peuplement.

    - PSDRF : Partiellement conforme. Mesure prise dans un rayon de 20 m, trop petit pour être représentatif à l'échelle du peuplement.

    - RENECOFOR : Partiellement conforme. Notation explicite des souches pour un sous-ensemble d'arbres choisis. Mesure au niveau placette, tous les 5 ans et lors de chaque coupe.

    - AFI : Partiellement conforme. Seules les souches de hauteur supérieure à 40 cm sont prises en compte, mesure sur un rayon de 20 m maximum.

- *Compléments envisageables*

    - IGN : Mesure du nombre de souches d'exploitation de tous âges sur la placette de 25 m de rayon.

    - PSDRF : Placette de plus grande taille pour être représentatif du peuplement.

[3] Une souche de 34 cm de circonférence à 10 cm de hauteur correspond environ à un arbre de 23,5 cm de circonférence (7,5 cm de diamètre) à 1,30 m de hauteur (cf. document IMOT de l'IGN).

- **[Volume sur pied]**

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable quantitative, volume sur pied en m^3/ha.	Peuplement	Placette temporaire ou (semi-)permanente de rayon ≥ 25 m	Instantanée	Non requis

- *Existant*

    - IGN : Partiellement conforme. Variable mesurée sur 15 m de rayon maximum, la placette est trop petite pour être représentative du peuplement.

    - PSDRF : Partiellement conforme. Variable mesurée sur un cercle de 10 m de rayon puis à angle fixe de 3%, considéré comme insuffisant pour être représentatif du peuplement (surtout si la densité du peuplement est faible). Pas de mesures directes de hauteur (utilisation de tables).

    - RENECOFOR : Conforme. Mesure du couple diamètre et hauteur tous les 10 ans pour un échantillon d'arbres.

    - AFI : Conforme. Mesures (diamètre et hauteur) prises sur un cercle de 10 m de rayon (perches brins de taillis) et à angle fixe, considéré comme représentatif si l'angle choisi est de 2% (permet d'être représentatif de peuplements clairs ou denses).

- *Compléments envisageables*

    - IGN : Placette de plus grande taille pour être représentatif du peuplement.

    - PSDRF : Facteur relascopique plus faible pour être représentatif du peuplement. Mesures de hauteur pour estimation plus précise du volume.

- [**Production biologique par catégorie de diamètre** ; lien avec la biodiversité peu étudiée]

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable quantitative, production biologique par catégorie de diamètre en m^3/ha/an.	Peuplement	Placette (semi-)permanente de rayon ≥ 25 m	5 ans	5 ans

- *Existant*
    - IGN : Partiellement conforme. Volume et accroissement sont mesurés sur un sous-échantillon d'arbres (un arbre par essence et classe de dimension), dans un rayon de 15 m. Ne permet pas d'être représentatif du peuplement.

    - PSDRF : Partiellement conforme. Variable mesurée sur un cercle de 10 m de rayon puis à angle fixe de 3%, considéré comme insuffisant pour être représentatif du peuplement (surtout si la densité du peuplement est faible). Variable mesurée sur un intervalle trop long (10 ans), pas de mesures directes de hauteur (utilisation de tables).

    - RENECOFOR : Partiellement conforme. Mesure du couple diamètre et hauteur tous les 10 ans sur un échantillon d'arbres, intervalle de repasse plus long qu'attendu.

    - AFI : Conforme. Volume par catégorie de diamètre mesuré tous les 5 ans, considéré comme représentatif si l'angle fixe choisi pour les mesures dendrométriques est de 2% (permet d'être représentatif de peuplements clairs ou denses).

- *Compléments envisageables*

    - IGN : Prendre des mesures sur un plus grand nombre d'arbres et dans un rayon plus grand.

    - PSDRF : Facteur relascopique plus faible pour être représentatif du peuplement. Mesures de hauteur pour estimation plus précise du volume, repasse plus fréquente.

- **[Prélèvement annuel de bois]**

    - *Attendu*

Description	Echelle spatiale de mesure	Mode d'obtention	Amplitude temporelle de qualification	Intervalle de repasse
Variable quantitative, en volume ou surface terrière, par catégorie de diamètre, prélèvement de bois en $m^3/ha/an$ ou $m^2/ha/an$.	Peuplement	Placette (semi-)permanente de rayon ≥ 25 m	10 ans	10 ans

- *Existant*
    - IGN : Partiellement conforme. Le protocole permet une mesure plus précise en surface terrière qu'en volume à l'échelle d'une placette, mais cela reste restreint à 15 m de rayon, insuffisant pour être représentatif du peuplement.

    - PSDRF : Partiellement conforme. Le protocole permet un suivi individualisé des arbres et une estimation de la surface terrière prélevée sur 10 ans. Variable mesurée sur un cercle de 10 m de rayon puis à angle fixe de 3%, considéré comme insuffisant pour être représentatif du peuplement (surtout si la densité du peuplement est faible). Le volume prélevé par période de 10 ans peut être mesuré, mais les volumes sont calculés à partir de tables, sans données de hauteur.

    - RENECOFOR : Conforme. Mesure tous les 5 ans, ou lors de coupes, de l'état (coupé ou non) des arbres dont le volume peut être connu (un sous-échantillon pour lequel la hauteur est mesurée).

    - AFI : Conforme. Prélèvement calculable par pas de temps de 5 ans, déclinable par catégorie de diamètre et annualisable, considéré comme représentatif si l'angle fixe choisi pour les mesures dendrométriques est de 2% (permet d'être représentatif de peuplements clairs ou denses).

- *Compléments envisageables*

    - IGN : Placette de plus grande taille pour être représentatif du peuplement, mesures de hauteur et d'accroissement sur un plus grand nombre d'arbres si une mesure en volume est recherchée.

- PSDRF : Facteur relascopique plus faible pour être représentatif du peuplement. Effectuer des mesures de hauteur pour une meilleure estimation des volumes.

Synthèse

Critère	IGN	PSDRF	RENECOFOR	AFI
Variables de gestion				
Variables dendrométriques et écologiques				
Total				

Figure 1- Proportion, pour chaque dispositif étudié, des variables suivies de manière conforme (vert), partiellement conforme (jaune) et non conforme (rouge) pour la pratique "Coupes". Il est à noter que la représentativité de la forêt française métropolitaine par les dispositifs n'est pas évaluée ici.

Pour la pratique « Coupes d'exploitation forestière », quatre dispositifs sont évalués : l'Inventaire forestier de l'IGN, le Protocole de suivi dendrométrique des réserves forestières (PSDRF), le réseau RENECOFOR et le réseau de parcelles de référence de l'Association futaie irrégulière (AFI). L'IGN et le PSDRF sont considérés comme à prendre en compte en priorité pour leur capacité à assurer, en complémentarité l'un de l'autre, une bonne représentativité des forêts françaises de métropole. RENECOFOR et l'AFI ne permettent pas à eux seuls un suivi statistiquement représentatif des forêts métropolitaines, mais peuvent être considérés comme des dispositifs complémentaires ou pertinents pour des éclairages méthodologiques et scientifiques. De la même façon, les variables mesurées par le Réseau systématique de suivi des dommages forestiers (RSSDF) sont indiquées ponctuellement, quand elles sont appropriées.

Le suivi fin des pratiques de coupes nécessite d'acquérir un panel varié de données (cf. **Erreur ! Source du renvoi introuvable.**), à différentes échelles spatiales et temporelles. De manière générale, les dispositifs actuels ne permettent pas de concilier à la fois un échantillonnage représentatif de la forêt française métropolitaine et la mesure de ces variables aux échelles retenues (en particulier l'échelle du peuplement, fréquente dans les attendus).

D'un côté, l'IGN et le PSDRF, qui permettent conjointement une bonne couverture du territoire et des modalités de gestion forestière, ne sont pas dans l'ensemble optimisés pour être analysés au niveau du peuplement. Ils forment néanmoins un socle important et permettraient le suivi de nombreuses variables d'intérêt, moyennant (i) amélioration, par exemple par des relevés sur des placettes plus larges voire, pour l'IGN, sur des placettes permanentes, et (ii) réflexion sur la représentativité de l'échantillonnage sur la base de ces deux dispositifs.

De l'autre côté, la stratégie d'échantillonnage de RENECOFOR et de l'AFI ne permet pas de mobiliser ces dispositifs pour accéder à une représentativité globale de la forêt métropolitaine. Par leur construction au niveau placette, ils permettent en revanche de mesurer plus souvent des variables à

l’échelle du peuplement. Etant donné la proximité de leurs protocoles, il pourrait être intéressant pour le PSDRF d'étudier les apports de relevés plus proches de ceux de l'AFI (jauge d'angle plus faible, mesures de hauteur). RENECOFOR apporte une expérience importante : ce dispositif réalise depuis plusieurs années un suivi sur des placettes de grande taille, il a mis en place un relevé standardisé des informations de gestion dans le cadre d’un réseau européen (Ferretti et al. 2020) et son rôle dans l'étude du fonctionnement des écosystèmes forestiers peut permettre d'explorer l'influence d'autres variables que celles envisagées pour ce suivi des coupes. Ces réseaux peuvent ainsi servir de modèles méthodologiques aux dispositifs dont l'échantillonnage est représentatif de la forêt métropolitaine, apporter des hypothèses de recherche et du recul sur les tendances observées.

L’influence de la structure forestière à des échelles plus larges que le peuplement peut aider à expliquer la biodiversité locale (Bouvier et al. 2017) : mesurer des variables à larges échelles permettrait d’explorer les relations entre biodiversité et contexte paysager ou régional des pratiques de coupes. Cela peut demander d’utiliser des techniques de télédétection, éventuellement à développer par l’intermédiaire d’autres acteurs plus spécialisés que les dispositifs discutés ici (Belouard 2023, à paraître). D’autres variables sont difficilement accessibles autrement que par enquête auprès des gestionnaires, tout comme la mesure des intentionnalités de gestion. Il serait nécessaire d’intégrer au suivi un volet intégrant cette approche, ce qui n’existe actuellement pas pour l’IGN et n’est que peu développé pour le PSDRF. Réaliser des enquêtes et des mesures répétées peut amener un gestionnaire concerné à modifier ses pratiques, il serait alors important d’évaluer et minimiser cet effet.

Le suivi des pratiques de gestion se fait dans une optique de mise en relation avec la biodiversité. Il est proposé de développer l’acquisition des données de gestion nécessaires sur des points d’inventaire de biodiversité seulement, avec un plan d’échantillonnage à définir pour cet objectif 3. En conclusion, il paraît envisageable d’organiser un suivi des pratiques de coupes pour évaluer leur impact sur la biodiversité en s’appuyant sur des dispositifs existants, mais cela demanderait des développements méthodologiques pour modifier des mesures de terrain et en intégrer de nouvelles, changer dans certains cas la stratégie d’échantillonnage pour inclure des placettes permanentes, et développer l’acquisition de nouveaux types de données, issues d’enquêtes et de télédétection.

Bibliographie

- Bastien, Y. et Gauberville, C., éds. (2011) Vocabulaire forestier. Ecologie, gestion et conservation des espaces boisés. Paris : Institut pour le Développement Forestier.
- Belouard, T. 2023. Quels pourraient être l'objectif et les composantes d'un système opérationnel de suivi régulier des coupes rases et fortes en France métropolitaine ? In Landmann, G. et Delay, M. (Eds). Expertise collective CRREF « Coupes Rases et Renouvellement des peuplements Forestiers en contexte de changement climatique », Volet 1 : Thème II | Connaissance et suivi des coupes rases Question 2.3., Paris : GIP Ecofor, RMT Aforce (à paraître)
- Bouvier, M.; Durrieu, S.; Gosselin, F.; Herpigny, B. (2017) Use of Airborne Lidar Data to Improve Plant Species Richness and Diversity Monitoring in Lowland and Mountain Forests. In : PloS one, vol. 12, n° 9, e0184524. DOI: 10.1371/journal.pone.0184524.
- Cours, J., Larrieu, L., Sallé, A., Bouget, C., 2022. Conséquences des coupes sanitaires sur la résilience des écosystèmes forestiers perturbés – une revue de la littérature. In Cours, J. 2022, Consequences of dieback in temperate forests on habitat structure and biodiversity, Thèse de doctorat soutenue le 15 décembre 2022, Université d'Orléans, ÉCOLE DOCTORALE Santé, Sciences Biologiques et Chimie du Vivant (SSBCV), UNITÉ de RECHERCHE INRAE Ecosystèmes Forestiers UR1455 EFNO, pp. 105-123.
- Ferretti, Marco; Fischer, Richard; Mues, Volker; Granke, Oliver; Lorenz, Martin; Seidling, Walter; Nicolas, Manuel (2020) Part II: Basic design principles for the ICP Forests Monitoring Networks. Version 2020-2. In : UNECE ICP Forests Programme Co-ordinating Centre, coord.: Manual on methods and criteria for harmonized sampling, assessment, monitoring and analysis of the effects of air pollution on forests. Eberswalde, Germany. En ligne: http://icp-forests.net/page/icp-forests-manual.
- Gosselin M. et Gosselin, F. 2023. Quels sont les impacts des différentes catégories de coupes de régénération forestière sur la biodiversité (échelle peuplement) ? In Landmann, G. et Delay, M. (Eds). Expertise collective CRREF « Coupes Rases et Renouvellement des peuplements Forestiers en contexte de changement climatique », Volet 1 : Thème 5 | Effets des coupes rases-renouvellement sur la biodiversité | I – Evaluation des impacts des coupes rases, Question 5.2., Paris : GIP Ecofor, RMT Aforce (à paraître)
- Okland, B.; Bakke, A.; Hagvar, S.; Kvamme, T. (1996) What factors influence the diversity of saproxylic beetles? A multiscaled study from a spruce forest in southern Norway. In : Biodiversity and conservation, vol. 5, n° 1, p. 75–100. En ligne : http://www.springerlink.com/content/h278242265852q56/fulltext.pdf.
- Pelletier, L. (2018) Manuel de détermination des possibilités forestières 2018-2023. Bureau du forestier en chef, gouvernement du Québec. En ligne : https://forestierenchef.gouv.qc.ca/documents/calcul-des-possibilites-forestieres/periode-2018-2023/manuel-de-determination-des-possibilites-forestieres-2018-2023/.

- Schütz, J. P. (1997) Sylviculture 2 : La gestion des forêts irrégulières et mélangées. Lausanne, CHE : Presses Polytechniques et Universitaires Romandes (Coll. Gérer l'environnement, n° 13).

II-T

Méta-analyse de l'effet de la diversité des essences forestières sur la biodiversité

Hélène Le Borgne, Bastien Castagneyrol, Marion Gosselin, Frédéric Gosselin, Hervé Jactel

Résumé

- L'augmentation de la diversité des essences forestières est avec la complexification de la structure des peuplements et la conservation du bois mort et des arbres habitats l'une des options proposées pour accroitre localement la biodiversité en forêt. La réponse des différents groupes taxinomiques à cette diversification semble cependant variable.

- Pour quantifier la réponse de différents taxons à l'augmentation de la diversité des arbres, nous avons réalisé une méta-analyse pour comparer la biodiversité dans des forêts pures ou mélangées (1149 cas d'études) et une méta-régression entre la diversité des organismes et la richesse spécifique des arbres (257 corrélations)

- La biodiversité est un peu plus importante en forêt mélangée qu'en forêt pure (+5%) avec une disparition de réponse entre taxons, plus forte pour les plantes vasculaires et les arthropodes (environ +10%) mais neutre pour les vertébrés, les champignons et les microbes. Au niveau du règne, les plantes et les animaux sont plus nombreux ou divers en forêts mélangées (environ +10%) mais pas les microbes. L'effet positif du mélange est significatif pour les organismes aériens mais neutre pour les organismes souterrains.

- La corrélation entre la biodiversité des organismes et la richesse spécifique des arbres est toujours positive, de faible magnitude (r=0,3) et plus importante en forêt naturelle qu'en forêt gérée.

- La faible magnitude de l'effet de la diversité des arbres sur la biodiversité des taxons en forêt et la forte variabilité observée entre études suggère que la richesse spécifique en arbre peut être utilisée comme indicateur indirect d'état de la biodiversité mais en seulement en complément d'autres indicateurs.

- La constance de corrélation positive entre diversité des arbres et diversité des autres taxons suggère en revanche que l'augmentation de la diversité des essences forestières serait un bon indicateur indirect de réponse de la biodiversité aux changements de mode de gestion des forêts.

Introduction

Il est couramment admis que des mesures de gestion peuvent être appliquée à l'échelle du peuplement forestier pour préserver, voire augmenter la diversité des espèces, via une augmentation de la diversité des ressources (alimentaires ou de reproduction) et de l'hétérogénéité des habitats ou microhabitats. Pour cela trois options non exclusives sont souvent proposées : (1) augmenter la diversité spécifique ou fonctionnelle des espèces structurantes que sont les arbres et arbustes ; (2) complexifier la structure horizontale (ex. avec des trouées ou une variété de diamètres d'arbre) et verticale (ex. avec une stratification de la végétation ou la cohabitation de différentes classes d'arbres) et (3) accroitre la quantité et la diversité du bois mort et des « arbres habitats » (Muys et al., 2022). L'efficacité relative de ces trois options reste cependant peu étudiée.

Des travaux récents suggèrent que la relation entre diversité des arbres et diversité des autres espèces vivant dans les forêts est généralement positive (par exemple, Barbaro et al. 2019 ; Ampoorter et al. 2020). Elle semble malgré tout dépendante des groupes taxinomiques étudiés. Ainsi dans Ampoorter et al. (2020) l'effet de la richesse spécifique des essences dominantes sur la diversité spécifique des autres organismes est positive pour les champignons (pathogènes) et les arthropodes mais neutre pour les vers de terres et microorganismes du sol et négative pour plantes, les oiseaux et les chauve-souris. Ces effets négatifs peuvent s'expliquer par exemple par une fermeture du couvert plus complète dans les forêts plus diversifiées (« canopy packing ») laissant passer moins de lumière et donc défavorisant les plantes du sous-bois et les espèces associées. L'augmentation de la richesse spécifique des arbres peut également s'accompagner d'un changement de composition en essences qui dans certains cas se révèle défavorable à certaines espèces, comme dans le cas de l'inclusion d'espèces de conifères qui réduit la diversité des oiseaux et des chauve-souris (Charbonnier et al. 2016).

Dans une méta-analyse de la littérature englobant différents types d'écosystèmes, Castagneyrol et Jactel (2012) ont montré un effet positif de la diversité alpha des plantes sur celle des arthropodes mais non significative pour les oiseaux. En ce qui concerne les arthropodes la magnitude de l'effet de la diversité des plantes diminuait avec la position dans le réseau trophique, étant maximale pour les consommateurs primaires et minimale pour les prédateurs et détritivores. A l'époque les données n'étaient pas suffisantes pour analyser la réponse des autres taxons et la spécificité des forêts n'était pas prise en compte. Nous avons donc entrepris de réaliser une nouvelle méta-analyse en 2021 avec deux objectifs : (i) comparer la diversité spécifique de différents groupes taxinomique dans des forêts pure vs mélangées et (ii) quantifier la réponse de la biodiversité à une augmentation de la richesse en essences forestières.

Matériel & Méthodes

2.1. Collecte des données

Nous avons utilisé la base de données Web of Science sur laquelle nous avons utilisé la combinaison de mots-clés suivante pour nos recherches d'articles primaires jusqu'en juillet 2021 : forest$ OR woodland OR plant* forest AND (tree NEAR/2 (diversity OR gradients OR richness OR composition OR mix*)) OR ((monoculture* OR ((monospecific OR pure) NEAR/2 (stand* OR forest* OR tree OR plant*))) AND (polyculture* OR (mix* NEAR/2 (stand* OR forest* OR tree OR plant*)))) AND (diversity OR richness OR abundance) NEAR/2 (bird* OR avian OR bat$ OR chirop* OR spider* OR ant$ OR carab* OR beetle* OR coleopter* OR spider OR collembol* OR *arthropod* OR insect* OR *invertebrate* OR bryophyte* OR lichen* OR fung* OR plant* OR hymeno* OR dipter* OR orthopter* OR odonat* OR amphib* OR reptil* OR mammal* OR vertebrate* OR lepidopter* OR herbivor* OR predator* OR parasit* OR carnivor* OR *fauna OR "forest-associated taxa" OR cryptogam* OR microb* OR mycot*).

En utilisant la combinaison mentionnée ci-dessus, la recherche a donné 2408 articles.

Un premier tri a été effectué sur cette liste afin d'éliminer les articles ne traitant pas directement d'une comparaison de l'abondance ou diversité spécifique d'un taxon entre un peuplement mélangé et un témoin correspondant à un peuplement pur d'une des essences présentes dans le peuplement mélangé, ou ayant recensé la diversité d'un taxon sur des forêts le long d'un gradient de diversité spécifique avec au moins 3 niveaux de richesse spécifique croissante. Après ce tri effectué, il est resté 453 articles théoriquement exploitables pour différents taxons.

Un deuxième tri a ensuite été réalisé en appliquant des critères d'exclusion sur la base des textes lus en intégralité. Nous avons notamment exclu les études sans répétition du traitement (forêt mélangée) et du témoin (forêt pure), ne portant que sur l'abondance d'une seule espèce, celles où la maturité et la localisation géographique étaient trop différentes entre forêts mélangées et pures. En termes de données statistiques, nous avons également exclu les publications où manquaient les informations sur la taille des échantillons (nombre de répétitions pour calculer la moyenne) et sur la variance de la mesure de biodiversité.

Cette sélection a permis la constitution d'une base de 82 articles parus entre 1997 et 2021 avec un total de 1149 études de cas pour la comparaison entre forêt pure et forêt mélangée.

Pour la corrélation entre diversité taxinomique et richesse spécifique en essences forestière, la base de données a rassemblé 257 études de cas issues de 46 articles parus entre 2001 et 2021.

2.2. Covariables (modérateurs)

Nous avons en outre renseigné des covariables (modérateurs) afin d'en tester l'influence sur la réponse de la biodiversité au mélange d'essences. Nous avons utilisé les informations contenues dans les articles retenus pour la méta-analyse pour caractériser :

- Le biome (boréal, tempéré, tropical)
- L'âge de la forêt (jeune ou mature)
- Le type de gestion (forêt naturelle, forêt gérée)
- Le groupe taxonomique (au rang de la classe et du règne)
- La métrique de biodiversité (abondance, richesse spécifique, diversité spécifique)

Outre les modérateurs, chaque cas d'étude s'est vu attribuer un identifiant unique (Cas ID) et a été assigné à un article original (Article ID). Au sein de chaque article ID, nous avons considéré comme un Cas ID chaque comparaison entre la diversité spécifique d'une classe d'organismes entre une situation de mélange d'essences et une situation de monoculture (par exemple, dans un article donné, des forêts mélangées pouvaient avoir été comparées avec des forêts pures de deux essences différentes, générant deux Cas ID ; ou bien réciproquement une forêt pure était comparée à des forêts mélangées avec deux compositions différentes, générant deux Cas ID).

2.3. Effets standardisés (« effect sizes »)

Afin de mieux évaluer la magnitude de l'effet des coupes rases sur la biodiversité nous avons utilisé le log ratio (Eq1) comme métrique d'effet standardisé (Hedges et al. 1999).

$$LR = \ln(R) = \ln(Mm/Mp) \quad \text{Eq(1)}$$

Avec Mm la moyenne de la richesse spécifique (ou de la diversité spécifique) du taxon dans la modalité "mélange" et Mp la moyenne de la richesse spécifique du taxon dans la modalité "pur".

Comme variable de réponse pour calculer le log ratio nous avons utilisé les mesures d'abondance, de richesse spécifique ou les indices de diversité spécifique (ex. indice de Shannon).

Les résultats de moyennes d'effet standardisé ont été recalculé par transformation réciproque du log ratio afin de les exprimer plus simplement en pourcentage d'effet (Eq2)

$$\% \text{ effet} = (\exp \ln(R) - 1) * 100 \quad \text{Eq(2)}$$

Un effet positif indique donc une plus grande richesse ou diversité spécifique dans les coupes rases que dans les situations d'absence de coupe.

La variance du log ratio a été utilisée comme indice de qualité des articles pour pondérer la contribution de chaque comparaison coupe rase vs absence de coupe dans le calcul de la moyenne pondérée des effets standardisés, en prenant comme poids l'inverse de cette variance (Eq3):

$$W = 1/V \text{ avec } V = (ETcc)^2/(Ncc * Mcc^2) + (ETnc)^2/(Nnc * Mnc^2) \quad \text{Eq(3)}$$

Avec W =poids, V = variance, ET = écart-type, N = taille de l'échantillon et M = moyenne

Pour la méta-analyse des corrélations (méta-régression) entre richesse spécifique des arbres et diversité des organismes, l'effet standardisé retenu est le coefficient de corrélation de Pearson (r) après transformation $Z = ½ \ln((1+r)/(1-r))$, avec la variance $v(Z) = 1/(n-3)$ avec n la taille de l'échantillon.

2.4. Analyses statistiques

Nous avons d'abord estimé la moyenne globale de l'effet standardisé (« grand mean effect size ») du mélange d'essences sur la biodiversité en utilisant l'ensemble des données, soit 1149 comparaisons avec le témoin « forêt pure ». La moyenne de l'effet standardisé est considérée comme significative si son intervalle de confiance (IC) ne contient pas la valeur zéro.

Pour éviter les facteurs de confusion, les modérateurs (covariables) ont ensuite été testés en utilisant une approche hiérarchique (Castagneyrol et Jactel 2012). Chaque modérateur a été ajouté au modèle uniquement dans le sous-ensemble de données où il était équitablement distribué en termes de nombre de cas parmi les différentes modalités.

La plupart des études primaires ont fourni plus d'un seul cas d'étude. Les résultats multiples d'une même étude sont souvent corrélés, ce qui est susceptible d'augmenter la variance des estimations des paramètres du modèle (Koricheva et al. 2013). Nous avons tenu compte de cette non-indépendance entre les valeurs d'effet standardisés en ajoutant aux modèles un effet aléatoire sur l'ID du cas emboîté dans l'ID de l'étude. En outre, l'utilisation de comparaisons multiples au même témoin a été prise en compte en utilisant une matrice de variance-covariance entre les tailles d'effet.

Enfin, nous avons utilisé plusieurs approches complémentaires (graphique en entonnoir, méta-analyse "leave-one out", seuil de sécurité de Rosenberg et méta-analyse cumulative) pour évaluer la robustesse et la sensibilité de nos résultats à plusieurs sources de biais (voir annexe). Ces méthodes nous ont permis de vérifier l'absence de données aberrantes (« outliers ») et l'absence de biais de publication manifeste dans nos jeux de données. Ainsi le Nombre de Rosenberg (nombre de comparaisons avec un effet standardisé de valeur zéro et de variance égale à la moyenne des variances de l'échantillon pour rendre non significativement différente de zéro la moyenne générale des effets) était de 67 570 soit beaucoup plus que le seuil de 5n+10 = 1115

Toutes les analyses statistiques pour les méta-analyses ont été réalisées avec le package "metafor", en utilisant la version 3.6.1 de R (R Core Team, 2016 ; Viechtbauer, 2010).

3. Résultats

3.1. Méta-analyse combinant toutes les métriques de biodiversité pour la comparaison forêt pure vs forêt mélangée

La moyenne générale calculée sur 1105 comparaisons (après suppression des cas à moyenne de diversité nulle) était positive (plus de diversité en forêts mélangées) mais faible avec +4,4% et marginalement significative (intervalle de confiance -0,3% ; +9,4%).

Le test de l'hétérogénéité était significatif (p<0,0001) suggérant une forte variabilité des magnitudes d'effet due à l'influence de covariables (modérateurs).

Les tests portant sur l'effet des covariables « métrique de biodiversité », « biome » et « type de forêt » se sont révélés non significatifs (P = 0,09 ; P = 0,69 ; P = 0,17). Nous avons donc combiné les données des différentes catégories de ces trois covariables pour nous focaliser sur le test de l'effet des groupes taxinomiques.

L'effet de la classe d'organisme n'était pas significatif (P=0,20) mais certaines magnitudes moyennes d'effets de la diversité des forêts se sont révélées significatives (fig.1). Ainsi la réponse au mélange d'essences de la biodiversité des arthropodes était significativement positive (+8,3%), marginalement significative pour les plantes (+11,5%), neutre pour les microbes ? les champignons et les vertébrés.

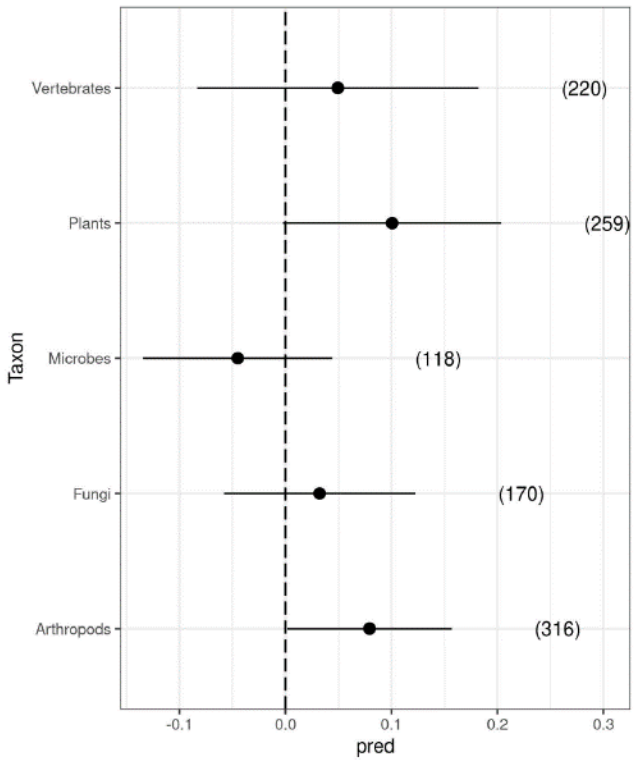


Figure 1. Moyenne et intervalle de confiance de la magnitude moyenne de l'effet de la diversité des arbres (comparaison forêt pure vs forêt mélangée) sur la biodiversité en fonction du groupe taxinomique.

Nous avons ensuite regroupé les taxons en trois catégories correspondant au règne animal (vertébrés + arthropodes + vers de terre), végétal (plantes et lichens) et microbien (champignons + microbes). Nous avons observé un effet significatif de cette covariable (p=0,04). La réponse au mélange d'essences de la biodiversité des plantes était significativement positive (+11,5%), significativement positive pour les animaux (+7,5%) et neutre pour les microbes (Fig.2).

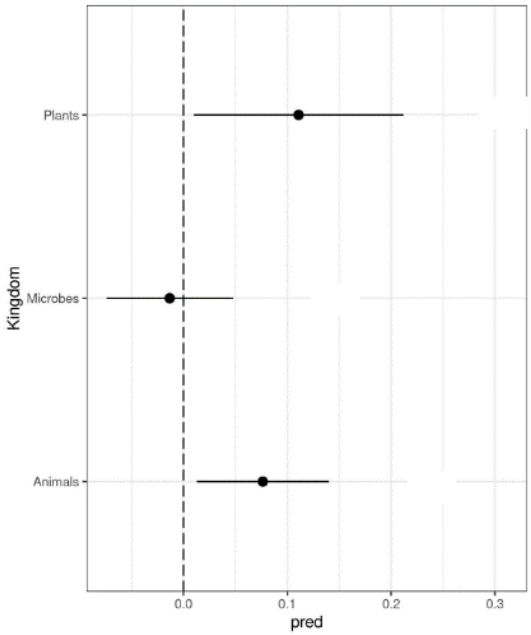


Figure 2. Moyenne et intervalle de confiance de la magnitude moyenne de l'effet de la diversité des arbres (comparaison forêt pure vs forêt mélangée) en fonction du règne biologique.

Nous avons enfin regroupé les taxons selon qu'ils comprenaient des organismes aériens (plantes vasculaires, lichens, vertébrés, arthropodes) ou souterrains (champignons du sol, microbes du sol, vers de terre). La méta-analyse a montré un effet très significatif (P = 0,001) du compartiment, avec une réponse significative et positive des taxons aériens (+12%) et neutre des taxons souterrains (Fig.3).

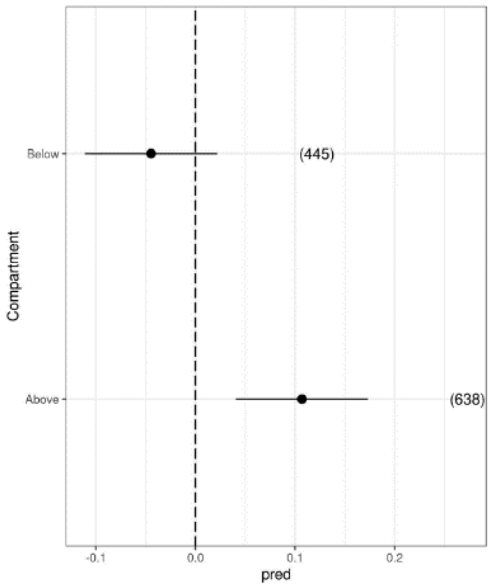


Figure 3. Moyenne et intervalle de confiance de la magnitude moyenne de l'effet de la diversité des arbres (comparaison forêt pure vs forêt mélangée) en fonction du compartiment écologique.

3.2. Méta-analyse des corrélations entre richesse spécifique des essences forestières et abondance ou diversité des espèces recensées dans ces forêts

La moyenne générale des effets standardisés (sur les 257 cas d'étude) était significativement positive, indiquant une corrélation de r = + 0,29 (intervalle de confiance + 0,18 ; +0,40).

Les données étant insuffisantes pour tester les corrélations entre diversités à l'échelle des taxons, nous avons restreint notre analyse à l'effet du type de forêt (naturelle vs gérée) et des règnes (animaux, plantes, microbes) sur la richesse spécifique. L'interaction n'était pas significative (p=0,25) ni l'effet du type de forêt (p=0,69) ou du règne (p=0,15). Il apparait cependant que les corrélations entre richesse spécifique des arbres et celles des organismes étaient toujours positives et significatives pour les trois règnes en forêts naturelles alors qu'elles étaient positives mais non significativement pour les forêts gérées (fig.4).

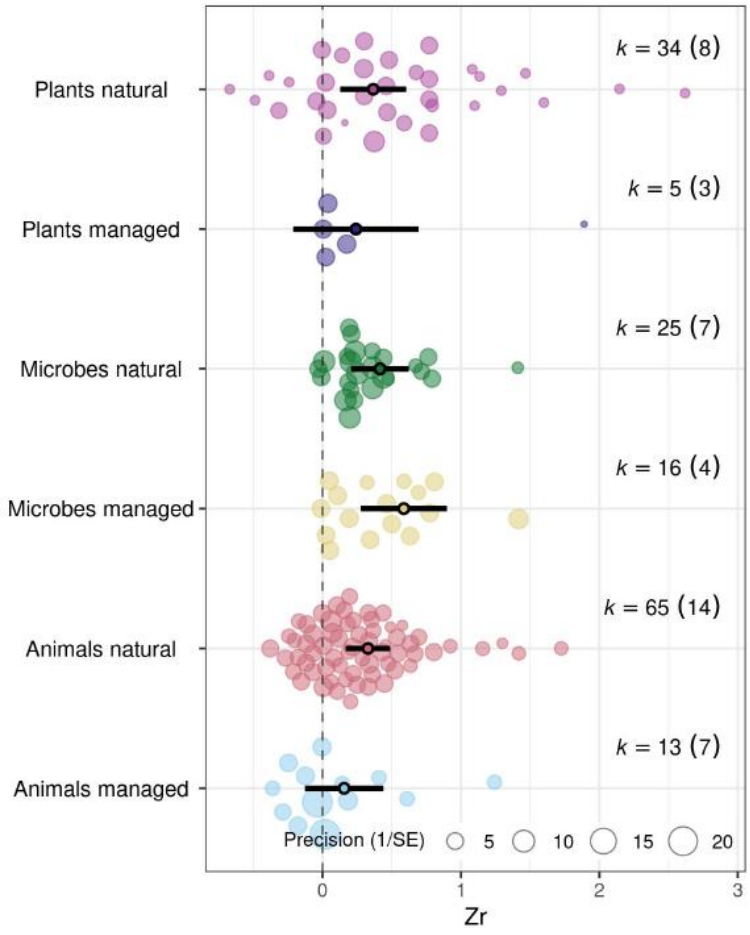


Figure 4. Moyenne et intervalle de confiance de la magnitude moyenne des corrélations (Zr) entre richesse spécifique des arbres et richesse spécifique des plantes, microbes et animaux. K représente le nombre de cas d'étude et le nombre entre parenthèse indique le nombre d'articles correspondant.

4. Discussion

Les deux méta-analyses, fondées soit sur la comparaison entre forêt pure et mélangée, soit sur les corrélations entre diversité des arbres et abondance ou diversité des organismes, confirme un effet le plus souvent positif de la diversité des essences forestières sur la biodiversité mais avec une magnitude faible, représentée par un gain de l'ordre de 5% à 10%, et une grande variabilité entre études et entre groupes taxinomiques. Ces résultats confirment les résultats des rares études multi taxinomiques réalisées dans des forêts pures et mélangées (e.g. Ampoorter et al. 2020).

De façon générale, les forêts mélangées abritent une plus grande diversité ou abondance de plantes et d'animaux que les forêts pures, mais ces différences s'estompent pour les micro-organismes. De même les taxons du compartiment aérien répondent de façon positive au mélange d'espèces d'arbres mais pas les taxons souterrains (qui étaient essentiellement des micro-organismes dans cette étude). Ce résultat pourrait s'expliquer par le moindre effet de la diversité des arbres sur la diversité des ressources ou des microhabitats dans le sol où la stratification verticale, l'hétérogénéité horizontale et la diversité de la nécromasse sont moins marquées que dans la partie aérienne des peuplements forestiers. Il convient cependant de rester prudent dans cette interprétation car (i) les études sur la biodiversité du compartiment souterrain sont plus rares et récentes que dans le compartiment aérien et (ii) les méthodes d'estimation de la biodiversité sont différentes, surtout fondées sur l'analyse d'ADN pour la microfaune et microflore du sol.

Les résultats des corrélations entre richesse spécifique des arbres et richesse spécifique des autres taxons montrent un effet positif supérieur en forêt naturelle qu'en forêt gérée (ou de plantation). Cette différence pourrait s'expliquer par un plus fort régime de perturbations et une plus faible ancienneté des forêts gérées rendant plus difficile l'établissement ou la persistance des populations.

Une des limites majeures de cette revue quantitative de la littérature scientifique tient à la nature des données utilisées. En effet l'approche méta-analytique oblige à l'utilisation de données scalables, pouvant être moyennées, ce qui restreint la mesure de la biodiversité aux métriques d'abondance, richesse ou diversité spécifique et ne permet pas la prise en compte de la composition des communautés. L'information sur les exigences d'habitats (e.g. espèces forestières vs de milieu ouvert) ou le degré de spécialisation sur les ressources (e.g. espèces d'ombre ou de lumière, espèces spécialistes ou généralistes etc.) ne peut donc être prise en compte. Une façon de pallier cet inconvénient serait d'utiliser des valeurs d'abondance ou de diversité par groupe fonctionnel d'espèces mais cette information est trop peu souvent disponible dans les publications.

Si l'on prend en compte (1) la faible magnitude de l'effet moyen du mélange d'essences forestières sur la biodiversité des autres taxons, (3) le faible pouvoir explicatif de la richesse spécifique des arbres pour la richesse spécifique des autres taxons (r^2=0,08 soit moins de 10% de la variance expliquée) (2) la grande variabilité des effets individuels et entre taxons ou règnes, (3) l'absence d'information sur la nature forestière des espèces répondant à l'accroissement de la biodiversité, il apparaît que la richesse spécifique en arbres est un indicateur indirect de biodiversité de faible capacité de prédiction. Il ne suffit donc pas à lui seul et devrait être combiné à d'autres indicateurs.

En revanche si l'on retient la corrélation fréquente et positive entre richesse spécifique des arbres et richesse spécifique des autres taxons, pour différents règnes et dans différents types de forêts (même s'il est de plus grande magnitude en forêt naturelle), il apparaît que la richesse spécifique des arbres pourrait être considéré comme un bon indicateur de réponse indirecte de la biodiversité aux changements de gestion des forêts.