



Cet article est publié sous la licence Creative Commons (CC BY 4.0). La citation comme l'utilisation de tout ou partie du contenu de cet article doit obligatoirement mentionner les auteurs, l'année de publication, le titre, le nom de la revue, le volume, le numéro de l'article et le DOI.

Échanges de points de vue

Les omics pour la gestion des milieux aquatiques : rencontre entre chercheurs, gestionnaires et analystes

Frédéric RIMET^{1,6}, Benjamin ALRIC^{1,6}, Valentin VASSELON², Olivier MONNIER³, Aurélie LACOEUILHE⁴, Benoît PAIX⁵, Nicolas POULET³

¹ Université Savoie Mont Blanc, INRAE, CARTEL, 75 bis avenue de Corzent, 74203 Thonon-les-Bains, France.

² SCIMABIO Interface, 5 Rue des Quatre Ventes, 74200 Thonon-les-Bains, France.

³ OFB, DRAS, Service EcoAqua, Aix-en-Provence, France.

⁴ PatriNat OFB/MNHN/CNRS/IRD, 36 rue Geoffroy de Saint Hilaire, 75005 Paris, France.

⁵ Aix Marseille Université, Université de Toulon, CNRS, IRD, MIO, Marseille, France.

⁶ Pôle R&D ECLA, France.

Correspondance : Frédéric RIMET, frederic.rimet@inrae.fr

Les omics* rassemblent les outils d'analyse des molécules constituant les organismes, acides nucléiques (métagénomique*, métabarcoding*, digital PCR*) et métabolites (métabolomique*). Leur utilisation pour gérer les milieux aquatiques et les lacs en particulier, permet d'obtenir des informations complémentaires à celles des outils classiquement utilisés. Lors de tables rondes, scientifiques, gestionnaires de milieux, professionnels de laboratoires d'analyse, ont discuté de la place de ces méthodes pour la gestion des milieux aquatiques, de l'évolution des métiers et formations, des développements méthodologiques.

Introduction

Les milieux aquatiques et les lacs en particulier jouent un rôle essentiel dans le maintien des équilibres écologiques, en soutenant une diversité de processus biogéochimiques et biologiques (Grizzetti *et al.*, 2019). Leur bon fonctionnement repose en grande partie sur la richesse et la diversité des espèces qui les composent (Oliver *et al.*, 2015). Toutefois, ces milieux subissent une érosion rapide de leur biodiversité (Reid *et al.*, 2019; Keck *et al.*, 2025), ce qui menace leur intégrité écologique et les nombreux services écosystémiques qu'ils fournissent aux populations humaines. Pour mieux comprendre et suivre ces dynamiques, des outils de surveillance performants sont indispensables, ce que permettent les approches omics*.

Les omics sont un ensemble d'outils d'analyse des différents types de molécules qui constituent les organismes. Ces molécules peuvent être des acides nucléiques comme de l'ADN environnemental – ADNe* – (métagénomique*), et de l'ARN – ARNe – (metatranscripto-

mique), ou des métabolites (méta-métabolomique). Différents outils sont utilisés comme les séquenceurs haut-débit et la PCR quantitative* pour les acides nucléiques, ou encore la chromatographie gazeuse couplée à la spectrométrie de masse pour les métabolites. Ces outils révolutionnent l'étude et la gestion des écosystèmes aquatiques, en termes de nature des données produites, de débit, d'identification taxonomique, de répliquabilité.

Il y a un intérêt évident à utiliser les omics pour la gestion des milieux aquatiques comme l'illustrent les travaux en cours visant à développer des méthodes opérationnelles utilisables dans le cadre de la mise en œuvre de politiques publiques environnementales (DCE¹, espèces protégées, stratégie nationale relative aux espèces exotiques envahissantes, règlement sur la restauration de la nature, énergies renouvelables). L'utilisation des approches omics est désormais à la disposition des porteurs d'enjeux. Cette évolution a mis en évidence, à plusieurs reprises, le besoin d'échanges entre les domaines

1. Directive cadre sur l'eau.

2. <https://aquaecomics.symposium.inrae.fr>

3. Office français de la biodiversité.

de la recherche, de la gestion et de l'analyse. Du 17 au 20 mars 2025 a eu lieu à Evian-les-Bains un congrès scientifique – AquaEcOmics² – qui a regroupé deux-cent-quatre-vingt chercheurs utilisant les omics pour l'étude des milieux aquatiques, et une synthèse des présentations a été publiée (Rimet *et al.*, 2025). À la suite de ce meeting, des tables rondes ont été proposées le 21 mars pour permettre des échanges en français entre chercheurs et porteurs d'enjeu (gestionnaires, analystes, experts), à propos de l'utilisation des omics pour la gestion des milieux aquatiques. Les objectifs étaient de permettre aux gestionnaires et porteurs d'enjeu d'exprimer leurs besoins et attentes, aux scientifiques de clarifier et présenter les limites et opportunités méthodologiques, et aux analystes de mieux appréhender et échanger sur les évolutions potentielles des métiers.

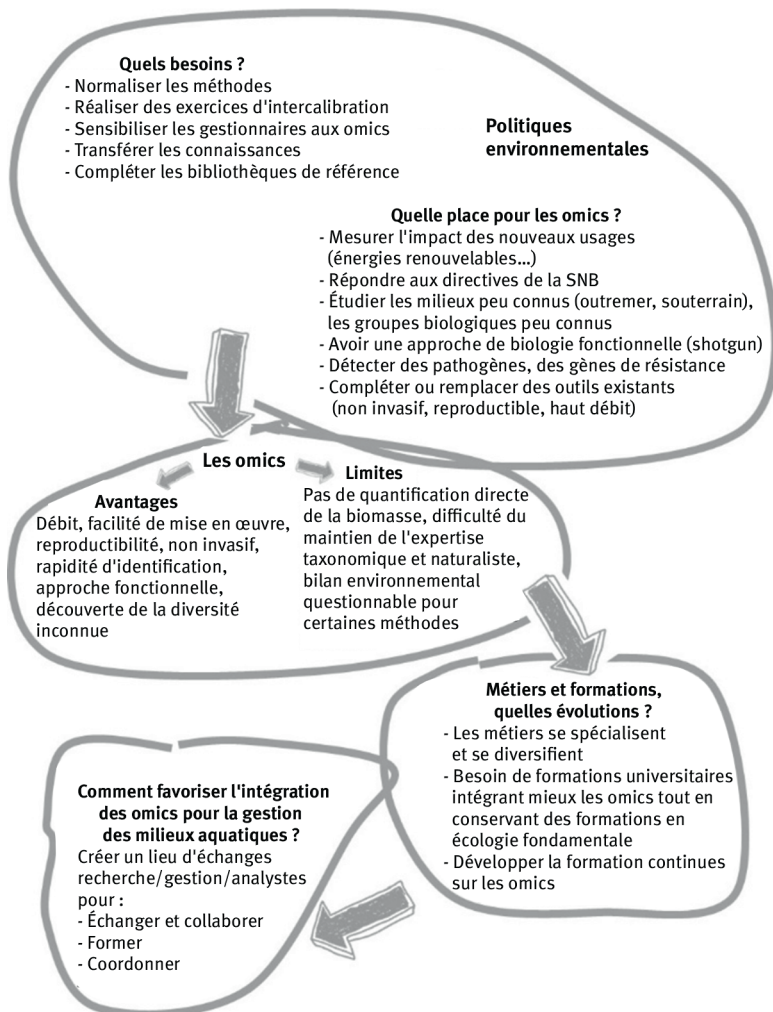
Un appel à participation a été lancé fin 2024 auprès des principaux établissements publics d'État en charge de l'environnement et des gestionnaires d'espaces naturels en France (agences de l'eau, OFB³, conservatoires d'espaces naturels, ministère), des analystes (laboratoires d'analyse publics et privés), et des scientifiques (univer-

sités, instituts de recherche). Au total, quarante-quatre personnes étaient présentes : vingt-huit du monde académique (CNRS, MNHN, INRAE, Ifremer, universités), treize de la sphère privée (ADNid, Aquascope, Aquabio, ADENEKO, CEBEDEAU, e-biom, ADF, Eurofins, Scimabio, VSA) et deux d'un établissement public d'état (OFB). Pour avoir un socle de connaissances communes, les participants ont d'abord assisté à la présentation d'une synthèse du meeting AquaEcOmics, d'un rappel des enjeux des politiques publiques, de présentations des principaux projets de recherche dans le domaine des omics et du référentiel national de séquences génétiques porté par l'OFB et le MNHN. Puis ils ont débattu en six groupes de sept à huit personnes autour de quatre enjeux :

- les besoins pour appliquer les politiques environnementales et la place des omics,
- l'évolutions des métiers et formations,
- les limites et avantages des omics,
- les stratégies pour favoriser l'intégration des omics pour la gestion des milieux aquatiques.

Nous résumons ci-après l'utilisation des omics pour l'étude et la gestion des milieux aquatiques et les enjeux des politiques publiques, les échanges des tables rondes (figure 1), puis concluons sur les perspectives qui permettraient de favoriser l'intégration des omics dans la gestion des milieux aquatiques.

Figure 1 – Les échanges entre scientifiques, gestionnaires et analystes, à propos de la place des omics dans la gestion des milieux aquatiques, ont abordé quatre thèmes donnés dans les bulles de cette figure. Dans chaque bulle les principales idées évoquées sont reprises.



Synthèse des derniers développements méthodologiques et des enjeux des politiques publiques

Une vue d'ensemble des cent-soixante-cinq présentations (orales et posters) données au meeting AquaEcOmics (AquaEcOmics meeting, 2025) montre que les omics sont appliquées aussi bien à l'étude des micro-organismes qu'aux macro-organismes. Cependant, on constate une nette distinction dans les champs d'application en fonction de l'organisme ciblé : les études concernant les macro-organismes (poissons, invertébrés, amphibiens) se concentraient principalement (85 %) sur l'évaluation de la biodiversité et la biosurveillance pour répondre aux besoins pratiques des parties prenantes (gestionnaires des milieux, ministère chargé de l'environnement), tandis qu'une majorité (58 %) des études concernant les micro-organismes (bactéries, microalgues, protistes) se concentraient sur des questions d'écologie fondamentale. Les connaissances fondamentales produites sont principalement dans les champs de l'écologie des communautés et utilisent le métabarcoding comme méthode de référence : tous types d'organismes et de milieux sont concernés. Des questions d'écologie fonctionnelle (ex. : cycle du carbone) ont été abordées en métagénomique (*shotgun**). La méta-métabolomique a été également utilisée dans de plus rares études (ex. : fonctionnement de l'holobionte de macrophytes marines, interactions entre des bivalves et leurs bactéries symbiotiques).

Les développements méthodologiques et la mise en œuvre des omics pour les porteurs d'enjeu ont concerné un grand nombre d'études concernant les macro-organismes, alors que c'était moins le cas pour les micro-organismes. Ceci s'explique d'une part par l'utilisation relativement récente des omics pour les macro-organismes.

nismes, donc la nécessité d'avoir des développements méthodologiques (Pawlowski *et al.*, 2020) et que ceux-ci concentrent les enjeux des politiques publiques (qui ne concernent quasiment pas les micro-organismes).

Dans le contexte des politiques publiques, les omics peuvent aider à répondre à un ensemble de directives (directive habitat, DCE, directive cadre stratégie pour le milieu marin), et en particulier à la Stratégie nationale Biodiversité 2030 où l'ADNe est indiquée comme outil d'évaluation. Cependant, l'arrivée de ces outils se passe dans un contexte budgétaire contraint, avec la nécessité d'une acculturation des gestionnaires et décideurs.

Synthèse des tables rondes

Politiques environnementales : quels besoins ? Quelle place pour les omics ?

Les participants ont été invités à donner leurs avis sur l'utilisation des omics dans un cadre de gestion des milieux, par exemple pour l'application de directives environnementales ou pour répondre à de nouveaux enjeux (restauration, éolienne en mer, photovoltaïque...). Les échanges ont montré qu'il existe avant tout un besoin de sensibilisation des décideurs (ministère, agences de l'eau) et de transfert de connaissances pour permettre leur application dans les politiques publiques. Une échelle de niveau de transférabilité par méthode, allant des approches utilisables principalement en recherche (métagénomique, métabolomique, ARNe) aux approches opérationnelles déployables à large échelle (métabarcoding, quantification directe qPCR/dPCR) serait appréciée comme cela a été réalisé par Laamanen *et al.* (2025).

Les nouveaux usages des milieux aquatiques dont les éoliennes off-shore et les panneaux photovoltaïques font partie, et la place des omics pour analyser leurs impacts ont été abordés. Les participants ont indiqué que l'utilisation de méthodes basées sur l'ADN environnemental pouvait être facilitée dans ces cas, car il n'y a ni d'historiques, ni de méthodes officielles reconnues pour le suivi spécifique de ces aménagements. Un retour d'expérience au niveau international serait important, puisque plusieurs présentations ont été données pendant le meeting AquaEcOmics sur ce sujet.

Le développement de nouveaux indicateurs basés sur l'ADNe et pour l'étude d'environnements peu explorés a été abordé. Un exemple spécifique a été donné sur l'utilisation des communautés microbiennes comme indicateur DCE dans les mangroves pour évaluer la qualité de ces masses d'eau et l'impact des micropolluants. Il a été souligné l'intérêt des omics pour l'étude des milieux peu accessibles (milieux souterrains) ou peu explorés (ex. : dans les Outre-mer). Des participants ont indiqué que la mise en œuvre des politiques dans les Outre-Mer, ou pour des compartiments biologiques pour lesquels il n'y a pas d'antériorité (ex. : procaryotes au regard de la DCE) et l'évolution de la réglementation européenne (ex. règlement sur la restauration de la nature) sont des contextes qui pourraient être favorables à l'utilisation des omics. Plusieurs autres exemples ont été cités, notamment avec le développement d'indicateurs basés sur les protistes, les champignons, les micro-eucaryotes, les bactéries.

Des participants, principalement des scientifiques, ont indiqué que le « *retrofitting* » (adaptation des indicateurs

existants avec des méthodes omics) n'est pas une solution idéale. En effet, il semble préférable de créer de nouveaux indicateurs profitant de toutes les propriétés et capacités des omics, complémentaire aux indicateurs existants. Mais d'autres participants, essentiellement des gestionnaires, ont répondu que la stratégie de « *retrofitting* » répond cependant à un besoin de certains acteurs (robustesse, débit, coût) pour certains indicateurs, afin de s'assurer d'avoir un référentiel d'évaluation stable sur le long terme et congruent avec les données historiques. L'utilisation d'indicateurs *taxonomy-free** (indicateurs sans assignation taxonomique des séquences) a été abordée. Les avis pour ce type d'indicateur étaient contradictoires. Certains participants y voient un intérêt pour les milieux dont les connaissances taxonomiques sont mal connues, ou pour des groupes d'organismes peu étudiés,

Encadré 1 – Glossaire

ADNe (ou ADN environnemental) : ADN échantillonné dans l'environnement à partir de différentes matrices (eau, biofilms, sédiment, graviers...), plutôt que directement échantillonné d'un seul organisme. La nature de cet ADN peut varier, il peut s'agir d'ADN intracellulaire (quand on échantillonne du phytoplancton, il est majoritairement intercellulaire), ou provenant de tissus (résidus de peau), de cellules mortes, de fèces, ou extracellulaire (ex. : il peut être adsorbé à des particules, ou à des argiles).

Afnor : Association française de normalisation.

Barcodes : courte séquence d'ADN, permettant l'identification d'un taxon. Un barcode doit être commun à tous les taxons du groupe taxonomique ciblé, suffisamment variable entre taxons pour permettre leur identification, facile à amplifier, et d'une longueur adaptée à la technologie de séquençage.

Bibliothèques de barcodes référence : base de données, donnant pour chaque taxon une ou plusieurs séquences (ou barcode). À ces séquences sont associées un ensemble de métadonnées (échantillon à l'origine de la séquence, lieu, date de prélèvement, auteur, méthode de séquençage...).

Bioinformatique : ensemble d'outils informatiques et d'algorithmes permettant d'analyser, stocker et interpréter des données biologiques, dans notre cas des données moléculaires.

CEN : Comité européen de normalisation

FAIR : ensemble de bonnes pratiques pour la gestion des données scientifiques. Les données doivent être faciles à trouver (F:Findable), Accessibles (A), Interopérables (I), Réutilisables (R).

Indicateurs *taxonomy-free* : indicateur biotique permettant d'évaluer l'état d'un milieu naturel, qui ne se base pas sur la composition en taxons (espèces, genres...). Les indicateurs *taxonomy-free* se basent habituellement sur la composition en séquences (non assignées taxonomiquement).

ISO : *International Standardisation Office*.

Métabarcoding : analyse d'une petite partie du génome (barcode) d'organismes vivant en communautés permettant de les identifier taxonomiquement.

Métabolomique : analyse de l'ensemble des métabolites d'un organisme. On parle de méta-métabolomique lors de l'analyse des métabolites d'un ensemble d'organismes vivant en communauté.

Métagénomique (ou métagénomique non ciblée) : analyse de l'ensemble des génomes d'organismes vivant en communautés (voir aussi *shotgun*).

Omics : les méthodes omics (ou omiques) regroupent les techniques qui visent à analyser de façon globale les molécules produites par les organismes vivants.

PCR : la PCR (*Polymerase Chain Reaction*) est une technique de biologie moléculaire qui permet d'amplifier un fragment spécifique d'ADN.

PCR quantitative : technique permettant de quantifier une cible d'ADN ou d'ARN au moyen de PCR (nombre de copies de la cible par unité de volume). Plusieurs techniques de PCR quantitative existent (qPCR, dPCR).

Shotgun (ou métagénomique non ciblée) : en métagénomique, le *shotgun* désigne une approche de séquençage qui consiste à fragmenter aléatoirement l'ensemble de l'ADN présent dans un échantillon environnemental, puis à séquencer tous ces fragments sans ciblage préalable. C'est une technique particulièrement puissante pour étudier en détail la composition et le fonctionnement des communautés microbiennes dans un milieu donné.

ou encore pour avoir une meilleure évaluation des pressions. D'autres y voient un effet « boîte noire », avec la perte de compréhension écologique, et la difficulté de communiquer ce type d'indicateur auprès du public. La notion d'espèce reste importante dans un cadre réglementaire (ex. : directive cadre stratégie pour le milieu marin) et à des fins de protection et de conservation (ex. : espèces patrimoniales).

Le sujet des bibliothèques de barcodes* de référence a largement été débattu. Les participants ont souligné la nécessité urgente d'harmonisation et d'interopérabilité entre les bibliothèques existantes (publiques et privées) même si des guidelines (Rimet *et al.*, 2021) et des projets européens existent sur le sujet⁴. Les participants ont insisté pour que les bibliothèques de référence soient ouvertes, standardisées et labellisées afin d'assurer un bon niveau de confiance. La constitution d'un référentiel national, regroupant les séquences vérifiées et fiables pour différents groupes biologiques est un élément capital⁵. Il a également été mentionné, que les bibliothèques doivent anticiper les évolutions technologiques (augmentation des longueurs de séquençage) en permettant d'intégrer les petits fragments (barcodes*) et les génomes (mitochondriaux, chloroplastiques). Dans le cas des micro-organismes (bactéries, micro-eucaryotes, champignons...), il a été souligné que la complétion serait, en l'état actuel des technologies, difficile à atteindre, faute de capacité à isoler correctement toutes les espèces et à pouvoir les identifier. Par ailleurs, la notion d'espèce pour ces groupes est versatile, et par conséquent une bibliothèque stable et pérenne peut-être difficile à obtenir. Il serait important que les bibliothèques intègrent les fonctions et traits écologiques en plus des informations taxonomiques, pour permettre d'aborder des questions d'écologie fonctionnelle.

Un point sur l'avancement des méthodes et leur transférabilité a été réalisé. Les protocoles d'extractions d'ADN, de PCR et d'analyses bio-informatiques pour le métabarcoding des diatomées sont prêts, en cours de transfert et de normalisation (ISO*, CEN*). Les protocoles macro-invertébrés sont également bien avancés avec des tests à l'échelle nationale réalisés dans plusieurs pays (Allemagne, Pologne, Autriche...) et des protocoles en cours de normalisation. L'importance de cibler des compartiments encore peu connus a été soulignée : virus, parasites, chironomes, compartiment microbien. Les suivis de pathogènes, de gènes de résistance sont des méthodes qui commencent à être bien abouties et dont les développements ont fait suite aux besoins de la pandémie covid. Les protocoles métabarcoding poissons font partie des méthodologies les plus avancées selon une étude bibliographique récente (Laamanen *et al.*, 2025) et sont l'objet d'une campagne nationale en 2025 en France (prélèvement ADNe poisson en lac).

La standardisation et l'intercalibration des protocoles ont été abordés par les participants qui indiquent que c'est un point essentiel à une application réglementaire des outils. Il a été admis que les normes doivent être pensées comme des « minimums requis » pour assurer une confiance dans les résultats et être suffisamment

flexibles pour anticiper des évolutions technologiques (ex. : évolution des séquenceurs). La normalisation doit être pensée de manière modulaire pour être applicables par le monde socio-économique existant : une norme pour l'échantillonnage, une norme pour l'extraction et PCR, une norme pour le séquençage est préférable à une seule norme intégrant toutes les étapes d'une approche omic, allant de l'échantillonnage jusqu'aux analyses bioinformatiques. La standardisation du format des données est un point décisif pour faciliter l'interopérabilité et la réutilisation des données, de même qu'il est souhaité que les données soient produites dans un cadre de science ouverte, en appliquant les principes FAIR*. Enfin, il a été souligné que l'intercalibration est nécessaire à l'échelle nationale et internationale à la fois pour permettre de valider une nouvelle approche, mais aussi pour permettre à la communauté des utilisateurs de rester à jour des évolutions technologiques. Cependant, les participants du monde académique ont indiqué que la standardisation est un processus chronophage et mal reconnu par leurs tutelles.

Enfin, il a été souligné le besoin d'avoir des projets collectifs au niveau européen facilitant les échanges pour la standardisation et les exercices d'intercalibration (ex. : projet Biodiversa+ DNAqualMG). Il est par exemple regrettable d'avoir des tests nationaux poissons ADNe/pêche électrique qui démarrent dans plusieurs pays (France, Allemagne, Pays-Bas, Suède) sans qu'ils soient pensés collectivement.

Métiers et formations, quelles évolutions ?

En utilisant davantage les omics dans l'étude et la gestion des milieux aquatiques, les métiers, les formations (universitaires, et permanentes), et les recrutements doivent évoluer. Les participants ont été appelés à faire part de leur expérience à ce propos.

L'expérience de jeunes participants (doctorants, post-doctorants) a été bénéfique pour répondre aux enjeux liés à la formation universitaire. Ils ont souligné qu'il existe peu de formations adaptées aux métiers rattachés aux approches omics pour l'étude et la gestion des milieux aquatiques. Les principaux défauts soulignés sont que les masters sont trop théoriques, avec peu de travaux pratiques en biologie moléculaire. La pratique en biologie moléculaire se fait en institut technique universitaire. Il semble y avoir une déconnexion entre ces deux niveaux de formation. Une difficulté liée à la formation aux métiers utilisant les omics pour la gestion des milieux aquatiques est due à la multiplicité des domaines à connaître : biologie moléculaire, bioinformatique*, écologie, gestion des milieux. Il semble donc indispensable d'avoir des formations spécialisées (masters dédiés), qui offrent un équilibre entre une formation en écologie classique et évitant la perte d'expertise taxonomique et écologique et une spécialisation sur les omics. La formation de master présentée par T. Lefébure à Lyon 1⁶ fait office d'exception et répond à ce manque puisque tous les aspects d'écologie et de biologie moléculaire sont abordés.

4. <https://ednaquaplan.com/>

5. <https://www.patrinat.fr/fr/actualites/vers-un-referentiel-national-des-sequences-genetiques-des-especes-des-territoires>

6. <https://master-bee.univ-lyon1.fr/>

Les participants ont souligné l'enjeu de la formation continue pour les professionnels (bureaux d'études, gestionnaires, porteurs d'enjeux...) afin de faciliter la compréhension des bases conceptuelles et techniques des omics. Il semble important qu'un maximum d'acteurs soient sensibilisés à ces techniques pour en avoir un regard critique. Il a été mentionné l'importance d'avoir un ouvrage de synthèse sur les approches omics et leur potentiel d'application pour la gestion des milieux aquatiques, même si certains documents (Ranjard *et al.*, 2017) et synthèses existent déjà (Pawlowski *et al.*, 2018; Hering *et al.*, 2018). Également, des guides de bonnes pratiques seraient important à produire en complément de ceux déjà existants (Lacoëuilhe *et al.*, 2024; Pawlowski *et al.*, 2020; Lefrançois *et al.*, 2018).

Quelles limites et avantages des omics ?

Les participants ont listé plusieurs avantages généraux bien connus. Le premier est le haut débit de production de données qui permet d'augmenter la résolution spatiale et temporelle. Ensuite, la facilité de mise en œuvre a été mentionnée : sur le terrain, le temps d'échantillonnage et les moyens humains sont réduits. Enfin, le biais opérateur est réduit et la reproductibilité améliorée. Des avantages plus spécifiques ont été mentionnés, par exemple pour la détection d'espèces cibles : les méthodes moléculaires permettent une détection précoce dans le milieu (espèces exotiques envahissantes), non destructrice (espèces patrimoniales) et robuste (précision taxonomique pour des complexes d'espèces). Les omics permettent aussi une approche intégrative *via* une analyse multi-marqueurs ciblant plusieurs groupes biologiques pour obtenir une vue holistique des écosystèmes. Les approches de métagénomique non ciblée permettent d'aborder des questions d'écologie fonctionnelle en assignant les fonctions aux gènes détectés. Enfin, des méthodes ont été développées pour certains milieux peu étudiés (saumâtre, souterrain), ou pour lesquels la connaissance avec les méthodes traditionnelles est insuffisante (ex. : diatomées en Guyane).

Parmi les limites, les participants indiquent l'incomplétude des bibliothèques de référence comme un écueil majeur. Une autre limite mentionnée peut-être le manque de lien avec la biomasse (ex. : phytoplancton, poisson), l'abondance des individus, l'évaluation du sex-ratio et d'autres traits physiologiques, même si certaines études établissent des passerelles (Guri *et al.*, 2024). Par ailleurs, les données omics peuvent ne pas être utilisables pour travailler sur la dynamique de populations (ex. : classes d'âge/cohortes pour les poissons).

L'impact environnemental de ces techniques a été discuté, le problème principal des omics étant lié à l'utilisation de consommables à usage unique (tubes, cônes, réactifs...), au manque de filières de recyclage et au stockage des données en ligne (consommation d'électricité). Cependant, un désaccord a été constaté entre participants quand une comparaison du bilan environnemental a été établi avec les techniques traditionnelles : certains ont mentionné, par exemple, qu'une campagne de chalutage en mer a une empreinte carbone beaucoup plus importante qu'un échantillonnage ADN, et d'autres *a contrario* ont fait valoir qu'il est important de comparer des choses similaires entre techniques tradi-

tionnelles et omics puisqu'elles ne donnent pas le même type d'information et peuvent être utilisées de manières complémentaires.

Le problème du maintien des expertises taxonomique et naturaliste a été souligné : il est indispensable de conserver ces expertises et que les analystes formés aux méthodes traditionnelles ne soient pas dépossédés de leurs métiers. Il est important de conserver des formations aux techniques traditionnelles d'étude des milieux aquatiques (pêche électrique, identification morphologique). Il a été indiqué que les omics rappellent que l'expertise taxonomique est centrale, par exemple lors de la découverte de diversités inconnues nécessitant la description de nouveaux taxons.

La question du modèle socio-économique pour appliquer les omics a été discutée. Il a été indiqué que si le tissu d'entreprises réalisant les analyses est peu développé, alors cela sera un frein au déploiement des omics. Ensuite, dans le cas des Outre-mer, où les marchés sont de petite taille, il y a un risque que les gros laboratoires appliquant les omics ne répondent pas par manque de rentabilité des marchés. Enfin, il a été indiqué que la transition de méthode classique vers ADN doit se faire en douceur car les investissements pour les laboratoires existants dans le domaine de l'hydrobiologie sont lourds (trois cent mille euros pour équiper un laboratoire d'un séquenceur, à ce coût se rajoutera le coût de l'accréditation). Cependant, des laboratoires proposant des analyses omics existent déjà dans le domaine médical, vétérinaire mais également environnemental et répondent déjà à des appels d'offre dans le domaine spécifique des milieux aquatiques.

Le coût des analyses a été discuté. Selon certains, les coûts sont importants et pas compétitifs par rapport aux techniques traditionnelles. Selon d'autre, les coûts sont moindres pour certaines analyses (diatomées, poissons). Il semble cependant manquer d'études économiques robustes pour conclure définitivement sur le sujet. Et enfin, il a été souligné que les techniques traditionnelles et omics fournissent des données de natures différentes qui permettent d'aborder des problématiques complémentaires, et par conséquent comparer leurs coûts n'est pas très pertinent.

Comment favoriser l'intégration des omics pour la gestion des milieux aquatiques ?

La création d'un lieu d'échanges rassemblant le monde de la recherche académique et les porteurs d'enjeu semble partagé par les participants. Il existe déjà des réseaux mais dédiés à la recherche académique (Green-Omics, ADN-O), qui ne répondent pas à ce besoin.

Les participants ont ensuite identifié les objectifs qui pourraient être poursuivis dans ce lieu d'échanges. Un premier objectif serait axé sur l'échange d'informations mutuelles et la collaboration entre acteurs de la recherche, de la gestion, de l'expertise et de l'analyse dans le but de faire émerger de nouvelles approches méthodologiques et de travailler à les rendre opérationnelles : les échanges seraient scientifiques et permettraient de mieux cibler l'orientation des recherches académiques. Un deuxième objectif serait lié à la formation des gestionnaires, des experts et analystes, en vue

d'une acculturation aux omics et d'une application des méthodes transférables. Ces formations pourraient être récurrentes, pérennes et coordonnées au niveau national. Enfin, un troisième objectif serait lié à une coordination nationale, qui pourrait orienter la recherche et développement, conseiller les décideurs dans le déploiement des méthodes, identifier les équipes référentes sur certaines méthodes, éviter que des projets redondants émergent sans concertations préalables. Un annuaire des experts et acteurs dans le domaine pourrait être créé.

Conclusions

L'utilisation des omics pour l'étude des milieux aquatiques évolue rapidement, aussi bien d'un point de vue méthodologique, que d'un point de vue des questions abordées. Ceci suscite un intérêt fort de l'ensemble des acteurs. Cependant, pour que les omics soient appliquées dans un cadre réglementaire et pour la surveillance des milieux, il est nécessaire que les acteurs de la recherche, de l'expertise, de la gestion des espaces naturels et de l'analyse, collaborent étroitement. Les participants ont convenu que des espaces d'échanges favoriseraient cette dynamique, et permettraient de promouvoir les omics comme outils pour améliorer la connaissance, la surveillance et la protection de notre environnement. Le Pôle R&D ECLA (Pôle Recherche & Développement Écosystèmes Lacustres)⁷ a une programmation scientifique qui intègre depuis plusieurs années les outils omics (encadré 2). Il fait office d'exemple à suivre car il offre

7. <https://poleecla.fr/>

une plateforme d'échange entre scientifiques et gestionnaires des lacs et facilite l'intégration de ces outils pour leur suivi écologique en routine. Le métabarcoding pour l'identification des communautés phytoplanctoniques, microbiennes et ichtyologiques, la digital PCR pour la détection et la quantification de certaines espèces invasives ou rares font partie de ces outils. Certains sont appliqués en test à l'échelle nationale et seront d'ici peu, prêts à être transférés aux laboratoires d'analyse et utilisables en routine. ■

Encadré 2 – Le pôle R&D ECLA, précurseur dans les omics, a identifié le besoin d'organiser des tables rondes rassemblant chercheurs, gestionnaires et analystes.

La biodiversité des lacs est étudiée depuis plus d'un siècle avec des méthodes d'identification morphologiques. L'avènement des méthodes omics transforme profondément la façon dont nous pouvons surveiller ces communautés biologiques. Plusieurs travaux du pôle R&D ECLA utilisent et développent des méthodes basées sur les omics et viennent bousculer les façons dont sont surveillés les lacs. C'est pour cette raison qu'une dizaine de professionnels de pôle R&D ECLA ont décidé d'organiser et d'animer ces tables rondes en mars 2025 pour répondre à des questions : avantages/limites des omics ? Quels besoins pour les politiques environnementales ? L'évolution des métiers?...

REMERCIEMENTS

Nous remercions l'Institut Carnot Eau&Environnement pour avoir soutenu l'organisation de ces tables rondes, ainsi que l'ensemble des participants (liste disponible : <https://doi.org/10.57745/VBSHUO>). Le Pôle R&D ECLA a été partenaire de l'événement.

RÉFÉRENCES

- AquaEcOmics meeting. (2025). AquaEcOmics meeting : Exploring aquatic ecology through omics. March 17-20, 2025. Program and abstracts booklet [Jeu de données]. Recherche Data Govv. <https://doi.org/10.57745/VBSHUO>
- Grizzetti, B., Liqueste, C., Pistocchi, A., Vigiak, O., Zulian, G., Bouraoui, F., De Roo, A., & Cardoso, A. C. (2019). Relationship between ecological condition and ecosystem services in European rivers, lakes and coastal waters. *Science of The Total Environment*, 671, 452-465. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.03.155>
- Guri, G., Shelton, A. O., Kelly, R. P., Yoccoz, N., Johansen, T., Præbel, K., Hanebrette, T., Ray, J. L., Fall, J., & Westgaard, J.-I. (2024). Predicting trawl catches using environmental DNA. *ICES Journal of Marine Science*, 81(8), 1536-1548. <https://doi.org/10.1093/icesjms/fsae097>
- Hering, D., Borja, A., Jones, J. I., Pont, D., Boets, P., Bouchez, A., Bruce, K., Drakare, S., Hänfling, B., Kahlert, M., Leese, F., Meissner, K., Mergen, P., Reyjol, Y., Segurado, P., Vogler, A., & Kelly, M. (2018). Implementation options for DNA-based identification into ecological status assessment under the European Water Framework Directive. *Water Research*, 138, 192-205. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2018.03.003>
- Keck, F., Peller, T., Alther, R., Barouillet, C., Blackman, R., Capo, E., Chonova, T., Couton, M., Fehlinger, L., Kirschner, D., Knüsel, M., Muneret, L., Oester, R., Tapolczai, K., Zhang, H., & Altermatt, F. (2025). The global human impact on biodiversity. *Nature*, 641(8062), 395-400. <https://doi.org/10.1038/s41586-025-08752-2>
- Laamanen, T., Norros, V., Vihervaara, P., Jerney, J., Kortelainen, P., Kujala, K., Lambert, S., Mäyrä, J., Nikula, L., Palmroos, I., Tolkkinen, M., Vuorio, K., & Meissner, K. (2025). Technology Readiness Level of biodiversity monitoring with molecular methods – where are we on the road to routine implementation? *Metabarcoding and Metagenomics*, 9, e130834. <https://doi.org/10.3897/mbmg.9.130834>
- Lacoeuilhe, A., Hérard, K., Poncet, L., & Touroult, J. (2024). *Intérêts et enjeux de l'utilisation de l'ADN environnemental pour l'inventaire, le suivi et la surveillance de la biodiversité des milieux dulcicoles, marins et terrestres*. PatriNat (OFB-MNHN-CNRS-IRD). <https://hal.science/hal-04561160>
- Lefrançois, E., Apothéloz-Perret-Gentil, L., Blancher, P., Botreau, S., Chardon, C., Crepin, L., Cordier, T., Cordonier, A., Domaizon, I., Ferrari, B. J. D., Guéguen, J., Hustache, J., Jacas, L., Jacquet, S., Lacroix, S., Mazonq, A., Pawlowska, A., Perney, P., Pawlowski, J., ... Bouchez, A. (2018). Development and implementation of eco-genomic tools for aquatic ecosystem biomonitoring : The SYNAQUA French-Swiss program. *Environmental Science And Pollution Research*, 25(34), 33858-33866. <https://doi.org/10.1007/s11356-018-2172-2>
- Oliver, T. H., Heard, M. S., Isaac, N. J. B., Roy, D. B., Procter, D., Eigenbrod, F., Freckleton, R., Hector, A., Orme, C. D. L., Petchey, O. L., Proença, V., Raffaelli, D., Suttle, K. B., Mace, G. M., Martín-López, B., Woodcock, B. A., & Bullock, J. M. (2015). Biodiversity and Resilience of Ecosystem Functions. *Trends in Ecology & Evolution*, 30(11), 673-684. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2015.08.009>
- Pawlowski, J., Apothéloz-Perret-Gentil, L., Mächler, E., & Altermatt, F. (2020). *Environmental DNA applications in biomonitoring and bioassessment of aquatic ecosystems—Guidelines*. Federal Office for the Environment FOE. <http://dx.doi.org/10.25607/OBP-1884>
- Pawlowski, J., Kelly-Quinn, M., Altermatt, F., Apothéloz-Perret-Gentil, L., Beja, P., Boggero, A., Borja, A., Bouchez, A., Cordier, T., Domaizon, I., Feio, M. J., Filipe, A. F., Fornaroli, R., Graf, W., Herder, J., van der Hoorn, B., Iwan Jones, J., Sagova-Mareckova, M., Moritz, C., ... Kahlert, M. (2018). The future of biotic indices in the ecogenomic era : Integrating (e)DNA metabarcoding in biological assessment of aquatic ecosystems. *Science of The Total Environment*, 637-638, 1295-1310. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.05.002>
- Ranjard, L., Maron, P. A., Cuny, P., & d'Oiron Veram, E. (2017). *La microbiologie moléculaire au service du diagnostic environnemental*. ADEME.
- Reid, A. J., Carlson, A. K., Creed, I. F., Eliason, E. J., Gell, P. A., Johnson, P. T. J., Kidd, K. A., MacCormack, T. J., Olden, J. D., Ormerod, S. J., Smol, J. P., Taylor, W. W., Tockner, K., Vermaire, J. C., Dudgeon, D., & Cooke, S. J. (2019). Emerging threats and persistent conservation challenges for freshwater biodiversity. *Biological Reviews*, 94(3), 849-873. <https://doi.org/10.1111/brv.12480>
- Rimet, F., Aylagas, E., Borja, A., Bouchez, A., Canino, A., Chauvin, C., Chonova, T., Jr, F. C., Costa, F. O., Ferrari, B. J. D., Gastineau, R., Goulon, C., Gugger, M., Holzmann, M., Jahn, R., Kahlert, M., Kusber, W. H., Laplace-Treytore, C., Leese, F., ... Ekrem, T. (2021). Metadata standards and practical guidelines for specimen and DNA curation when building barcode reference libraries for aquatic life. *Metabarcoding and Metagenomics*, 5, e58056. <https://doi.org/10.3897/mbmg.5.58056>
- Rimet, F., Lemonnier, C., Alric, B., Beja, P., Bittner, L., Bylemans, J., Leese, F., Logares, R., Meissner, K., Not, F., Orsini, L., Paix, B., Rodríguez-Ezpeleta, N., Siano, R., Thalinger, B., Tromas, N., Vasselon, V., & Domaizon, I. (2025). Omics to Study and Manage Aquatic Environments: A Snapshot From the AquaEcOmics Meeting (Evian-les-Bains, 2025). *Molecular Ecology*, 34(17), e70041. <https://doi.org/10.1111/mec.70041>