

Assignation taxonomique

ADN ?

De qui ?

Bases de connaissances (de données)
Mondiale

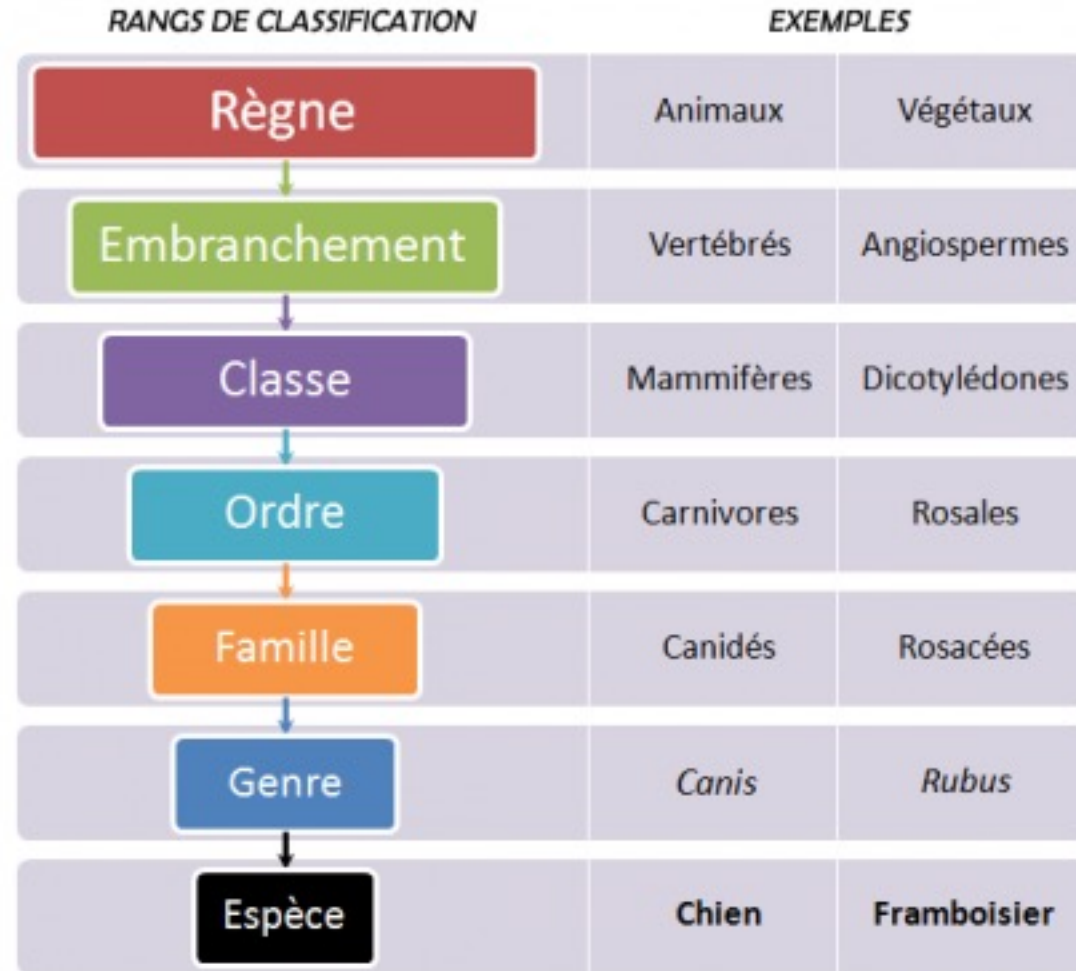
Biais (plus cultivée/moins écologique)

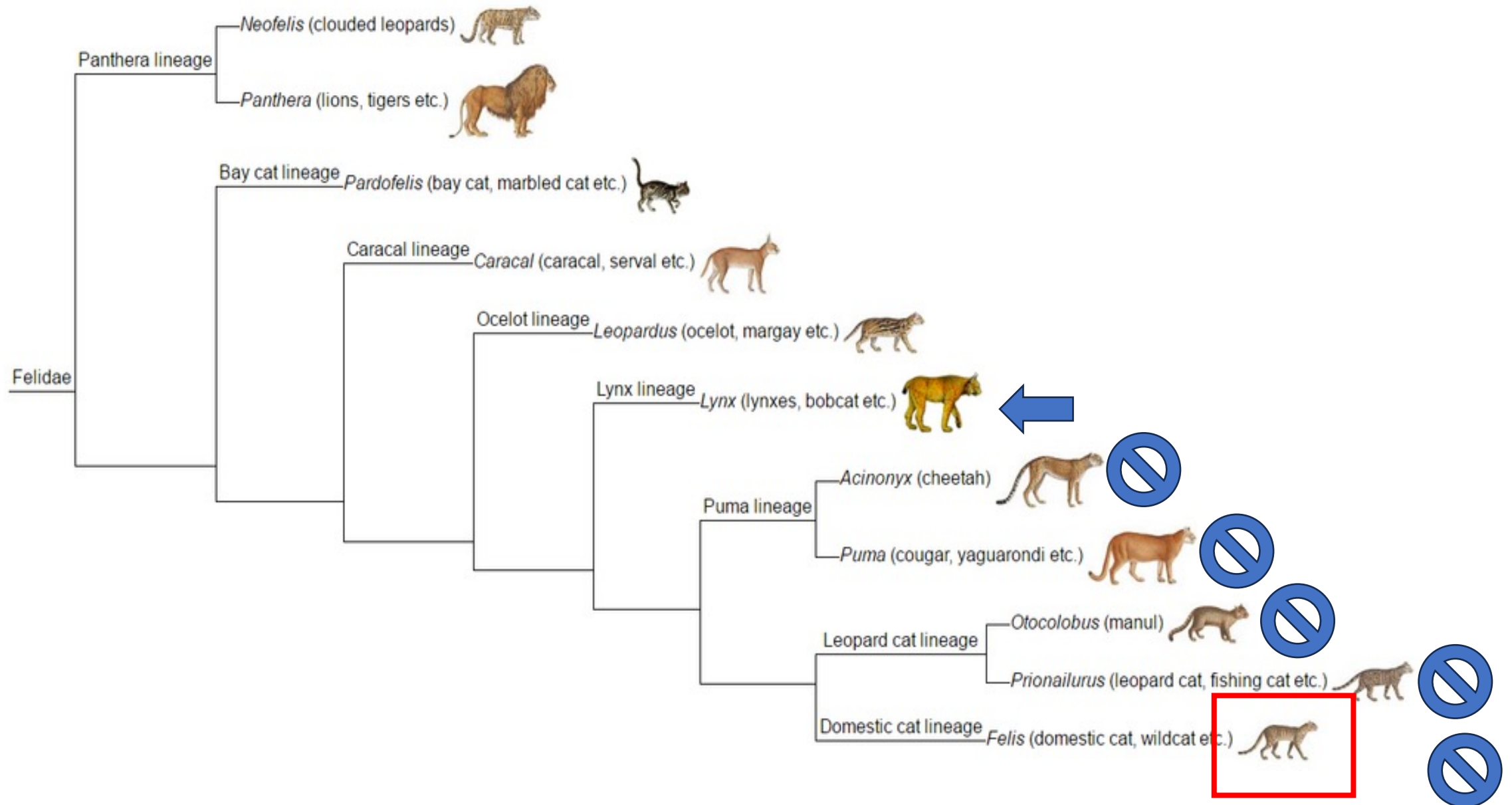
Incomplete (espèces rares, taxons « exotiques »)

Assignation taxonomique

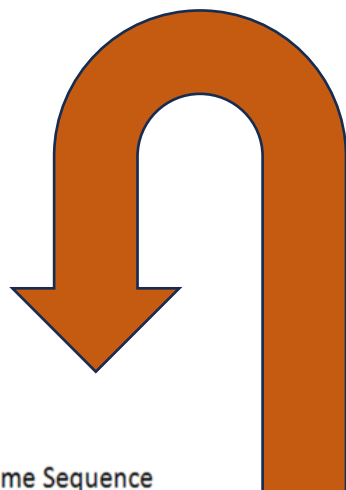
Qualitative

Granulométrie
(taxonomie)

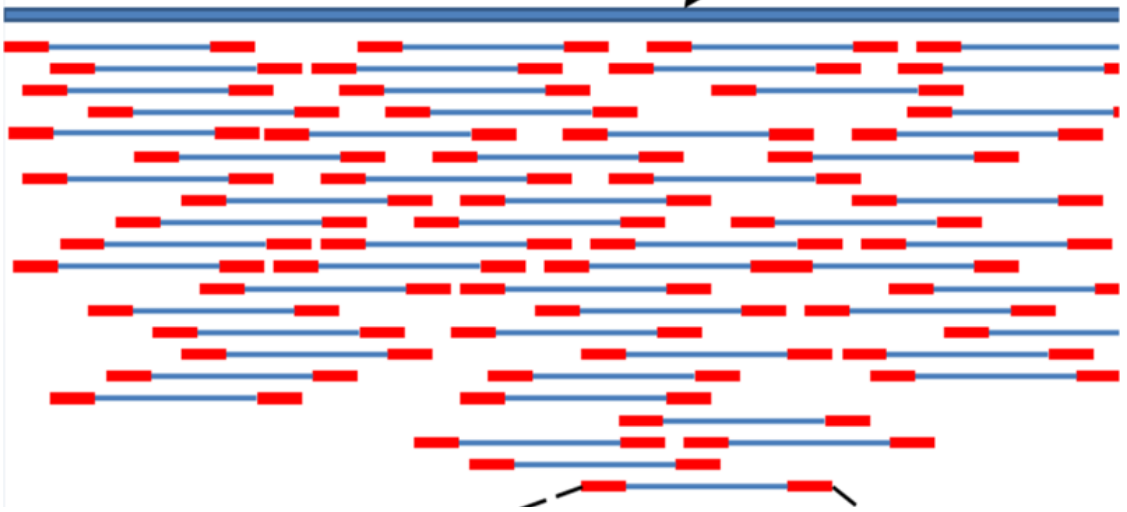




Chat attendu mais assignation Lynx (si incohérent // proxys -> Felidae)



Reference Genome Sequence



Assignment quantitative
ADN ?

Combien -> quantité / présence organisme

Comptage du nombre de séquences sur « étiquette » / taxon

Génome de référence
(complet ou partielle)

Milliards de bp

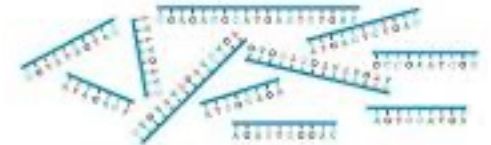


Milliers de bp

Organelles



Centaines à dizaines bp



Biais : taille des références

Contexte de recherche

La paléogénomique: un outil pour accéder aux données génomiques anciennes



Attribution taxonomique

Origine et diffusion des espèces

Flux entre populations

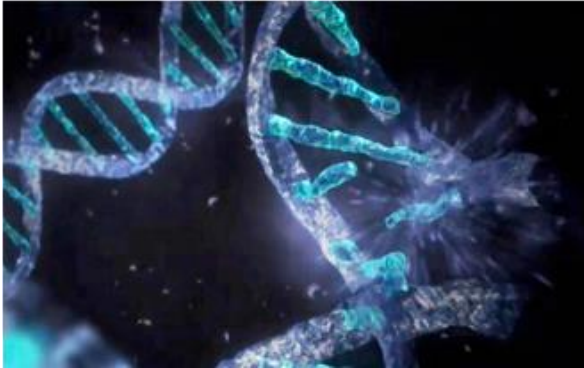
(Re)composition des communautés

Sélection

Adaptation

Contexte de recherche

La paléogénomique: un outil pour accéder directement aux génomes des organismes anciens



Faible quantité

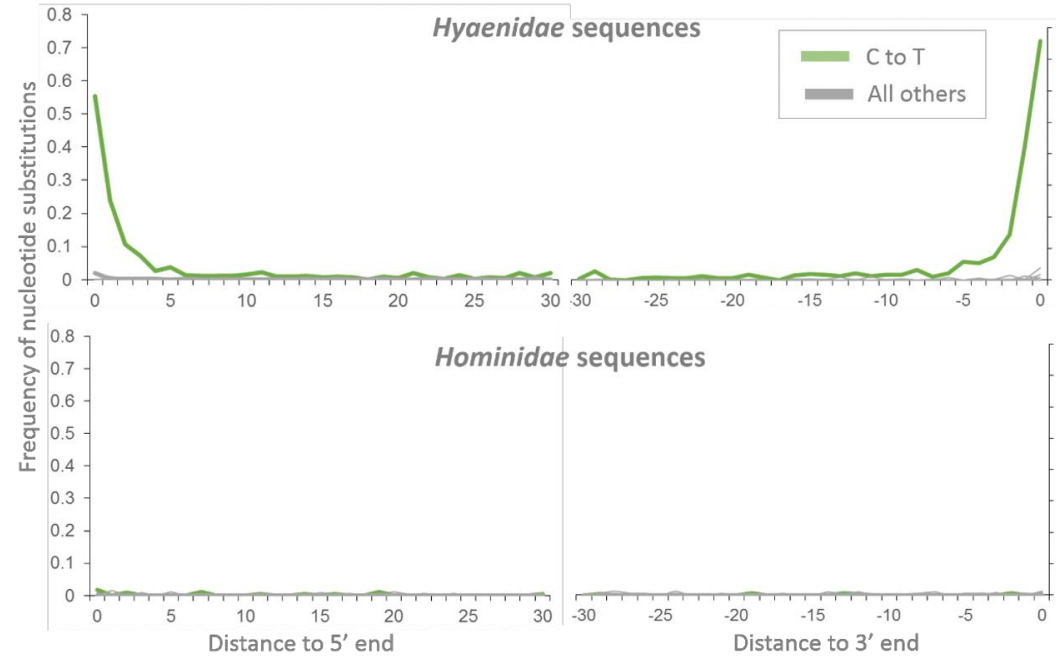
Fragmenté

Chimiquement
modifié

Infrastructures dédiées

Protocoles et méthodologies adaptées: du prélèvement à l'analyse de données

Plateforme P2GM - MNHN Paris



Approches paléogénomiques

ADN végétal et microbien des sites étudiés :

Analyses en cours et perspectives

ETUDES

4 sites :

Beniguet (Sealex)

Beg-Er-Vil

Port Neuf

Dune du Pilat

ETUDES

4 sites :

Beniguet (Sealex)

Beg-Er-Vil

Port Neuf

Dune du Pilat

Etude de 4 compartiments :

Mollusques

Algues

Plantes

Microbiome

ETUDES

4 sites :

Beniguet (Sealex)

Beg-Er-Vil

Port Neuf

Dune du Pilat

Etude de 4 compartiments :

Mollusques

Algues

Plantes

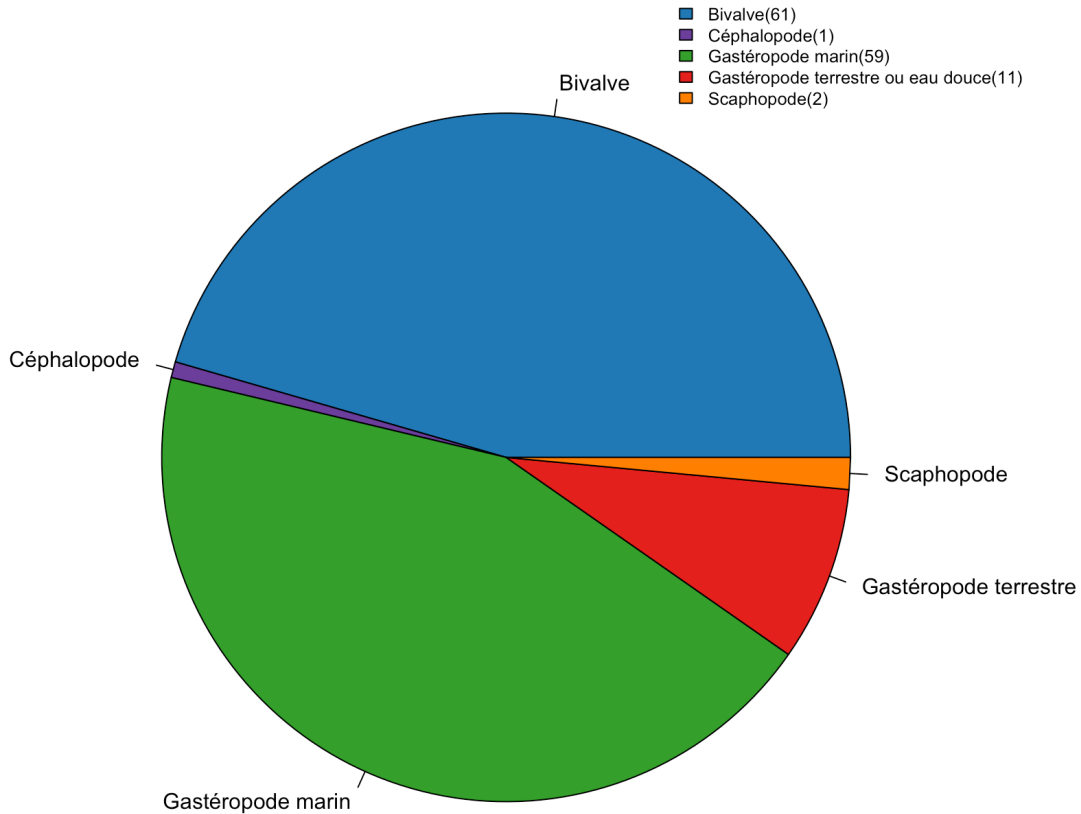
Microbiome

CREATION BASE DE DONNEES MOLLUSQUES



Anass Butsch
 Doctorant avec Catherine sur projet ARCHE

217 taxons d'intérêt représentant 135 genres de Mollusques



- | | | | | |
|----------------------|----------------------|---------------------|------------------------|---------------------|
| <i>Abra</i> | <i>Magallana</i> | <i>Zirfaea</i> | <i>Murex</i> | <i>Zonaria</i> |
| <i>Acanthocardia</i> | <i>Mimachlamys</i> | <i>Sepia</i> | <i>Muricidae</i> | <i>Bithinia</i> |
| <i>Aequipecten</i> | <i>Modiolus</i> | <i>Aporrhais</i> | <i>Nassarius</i> | <i>Cepaea</i> |
| <i>Anomia</i> | <i>Mya</i> | <i>Astralium</i> | <i>Naticarius</i> | <i>Ellobiidae</i> |
| <i>Arctica</i> | <i>Mytilaster</i> | <i>Bittium</i> | <i>Naticidae</i> | <i>Helix</i> |
| <i>Astarte</i> | <i>Mytilus</i> | <i>Bolinus</i> | <i>Neptunea</i> | <i>Hydrobia</i> |
| <i>Barnea</i> | <i>Nucula</i> | <i>Bolma</i> | <i>Nucella</i> | <i>Otala</i> |
| <i>Bornia</i> | <i>Ostrea</i> | <i>Boreotrophon</i> | <i>Ocenebra</i> | <i>Peringia</i> |
| <i>Callista</i> | <i>Panopea</i> | <i>Buccinum</i> | <i>Ocinebrina</i> | <i>Pseudotachea</i> |
| <i>Cardiidae</i> | <i>Parvicardium</i> | <i>Calliostoma</i> | <i>Odostomia</i> | <i>Rumina</i> |
| <i>Cerastoderma</i> | <i>Pecten</i> | <i>Calyptreaea</i> | <i>Omalogyra</i> | <i>Theba</i> |
| <i>Chamelea</i> | <i>Petricola</i> | <i>Cantharus</i> | <i>Onoba</i> | <i>Theodoxus</i> |
| <i>Chlamys</i> | <i>Pholas</i> | <i>Cerithium</i> | <i>Oricum</i> | <i>Antalis</i> |
| <i>Clausinella</i> | <i>Pododesmus</i> | <i>Charonia</i> | <i>Patella</i> | <i>Dentalium</i> |
| <i>Crassostrea</i> | <i>Polititapes</i> | <i>Columbela</i> | <i>Phorcus</i> | |
| <i>Donax</i> | <i>Potomida</i> | <i>Columbella</i> | <i>Pusillina</i> | |
| <i>Dosinia</i> | <i>Pseudopythina</i> | <i>Colus</i> | <i>Rissoa</i> | |
| <i>Ensis</i> | <i>Ruditapes</i> | <i>Cylichna</i> | <i>Semicassis</i> | |
| <i>Gari</i> | <i>Scrobicularia</i> | <i>Cymbium</i> | <i>Siphonaria</i> | |
| <i>Gastrana</i> | <i>Solen</i> | <i>Diodora</i> | <i>Steromphala</i> | |
| <i>Glycymeris</i> | <i>Spisula</i> | <i>Epitonium</i> | <i>Stramonita</i> | |
| <i>Hiatella</i> | <i>Striarca</i> | <i>Euspira</i> | <i>Tectura</i> | |
| <i>Irus</i> | <i>Tetrarca</i> | <i>Gibbula</i> | <i>Thais</i> | |
| <i>Laevicardium</i> | <i>Thracia</i> | <i>Haliotis</i> | <i>Tricolia</i> | |
| <i>Lasaea</i> | <i>Timoclea</i> | <i>Hexaplex</i> | <i>Tritia</i> | |
| <i>Lutraria</i> | <i>Unio</i> | <i>Lacuna</i> | <i>Trivia</i> | |
| <i>Macoma</i> | <i>Varicorbula</i> | <i>Littorina</i> | <i>Tuberculata</i> | |
| <i>Macomangulus</i> | <i>Veneridae</i> | <i>Marshallora</i> | <i>Turritella</i> | |
| <i>Mactra</i> | <i>Venerupis</i> | <i>Melarhaphe</i> | <i>Turritellinella</i> | |
| <i>Mactridae</i> | <i>Venus</i> | <i>Monodonta</i> | <i>Urosalpinx</i> | |

CREATION BASE DE DONNEES MOLLUSQUES

135 genres mais uniquement 85 avec informations génomiques

-> Ajout de 8 autres genres disponibles dans les bases de données et présents en Atlantique

Acanthochitona

Argopecten, remplace *Aequipecten*

Bithynia, anciennement *Bithinia*

Crassadoma

Ellobium, anciennement *Ellobiidae*

Hiatula, proche de *Hiatella*

Octopus, pieuvre

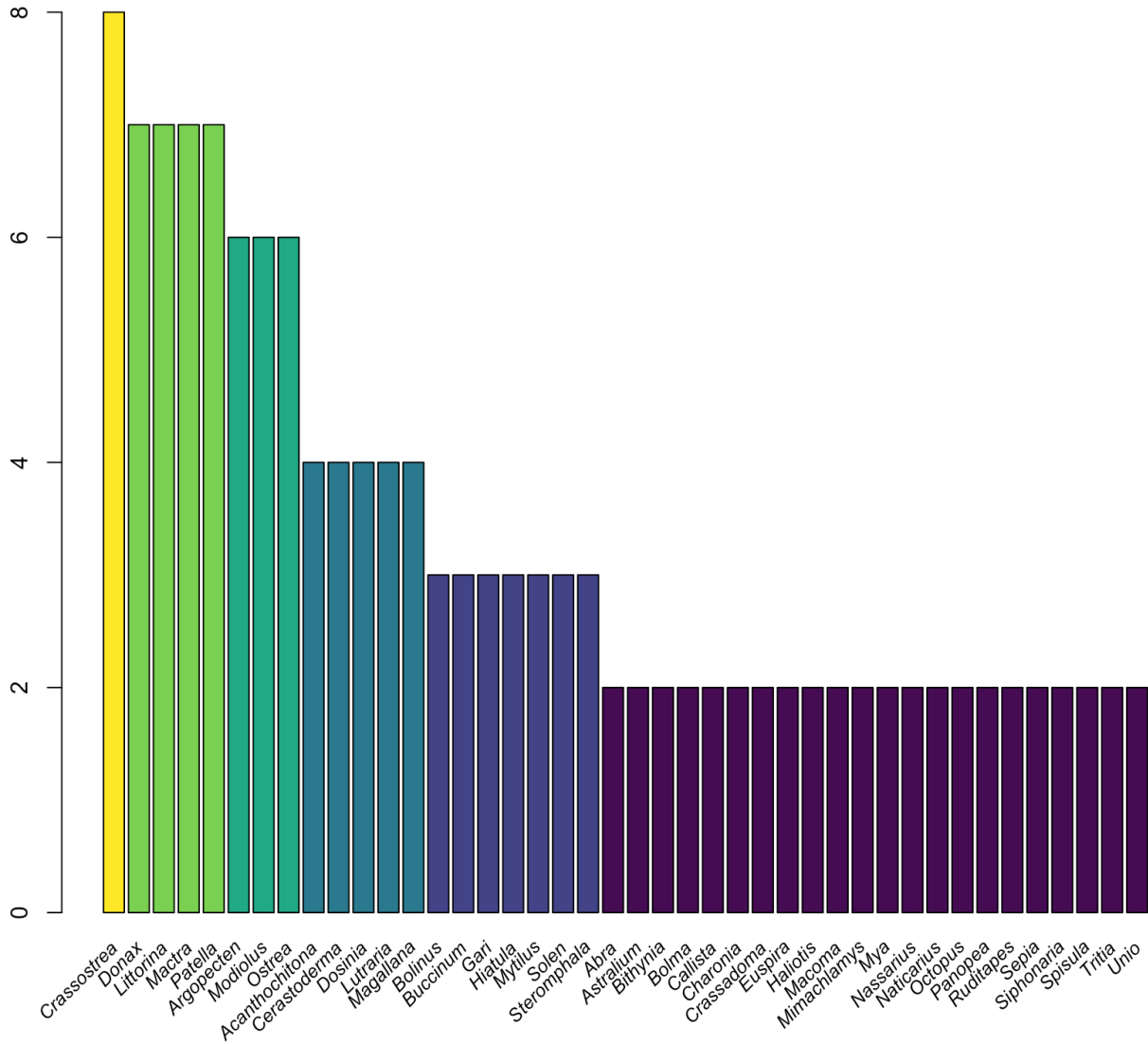
Tricula, gastéropode d'eau douce

Base de données de 182 Génomes, représentant 83 genres

-> 50 genres manquants, sous-représentation par rapport aux observations malacologiques

CREATION BASE DE DONNEES MOLLUSQUES

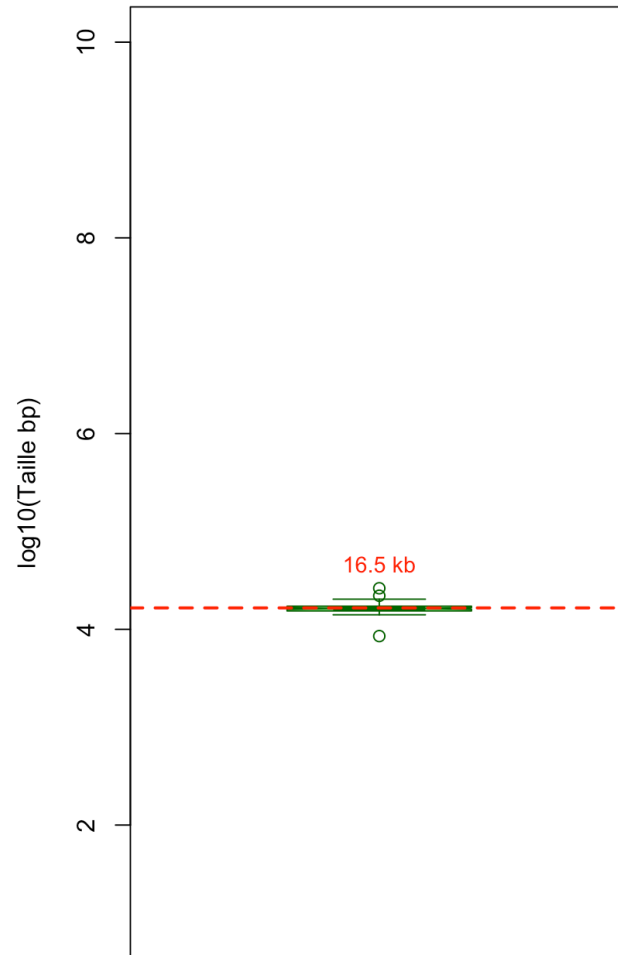
Genre avec plusieurs espèces : sur-représentation quantitative possible



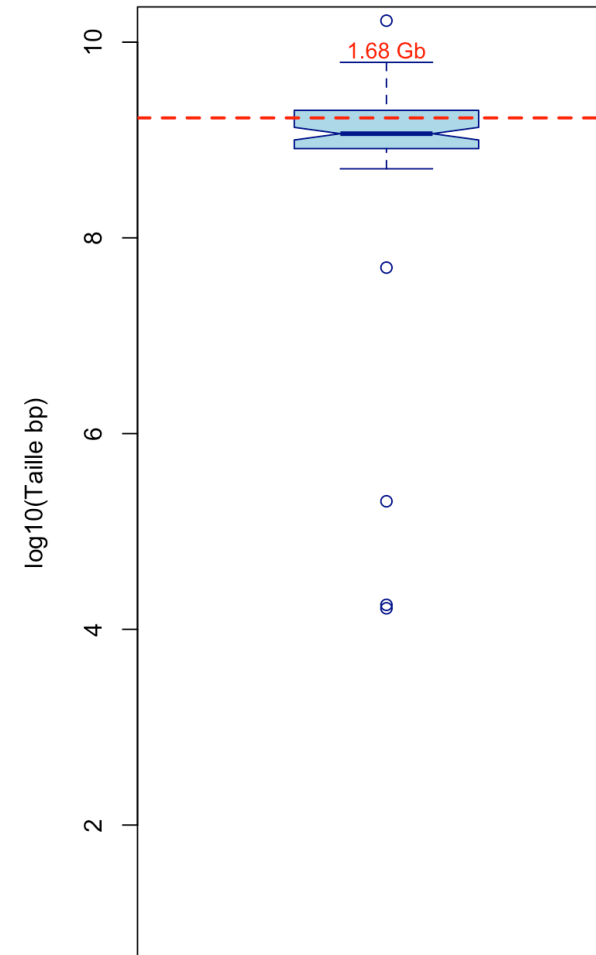
CREATION BASE DE DONNEES MOLLUSQUES

Les génomes complets
sont
1 million de fois
plus grands que les
mitochondries.

86 mitochondries



96 Genomes complets



Base de données très biaisées - Prudence absolue avec la quantification

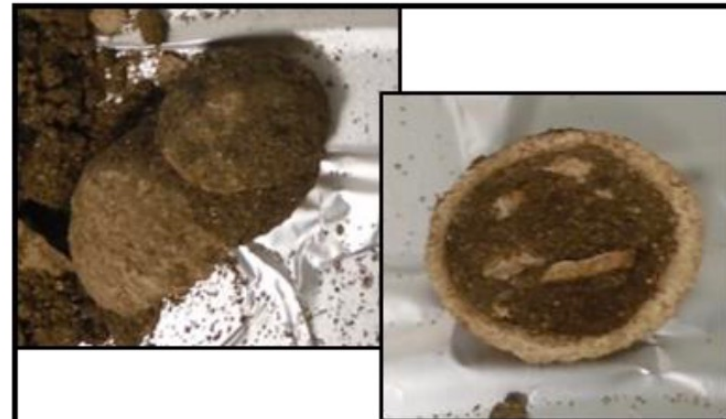
Beniguet (SEALEX) :



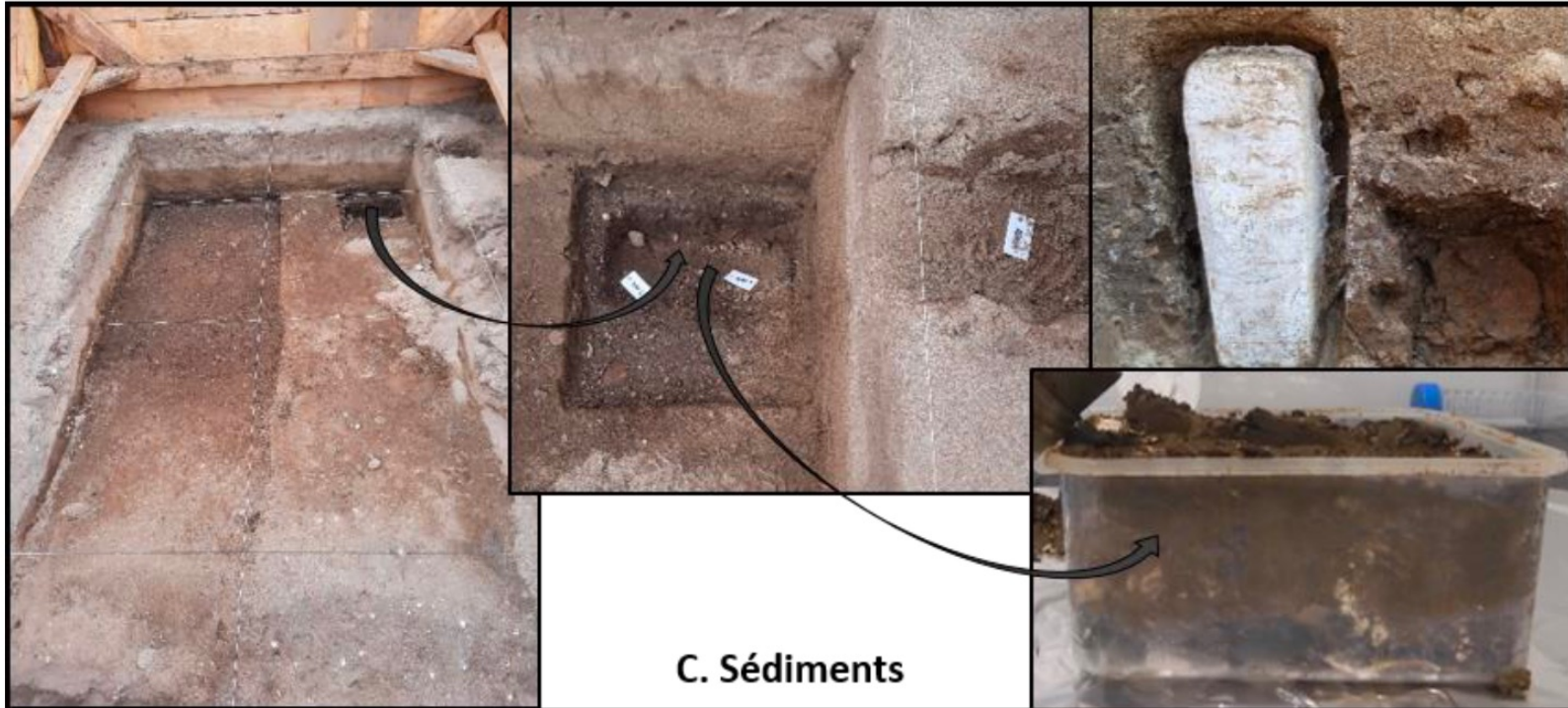
Cynthia OLIVEIRA



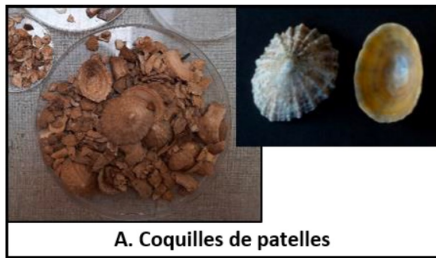
A. Coquilles de patelles



B. Sédiments piégés dans les patelles



C. Sédiments



ADN DANS COQUILLES DE PATELLES

Résultats attendus :

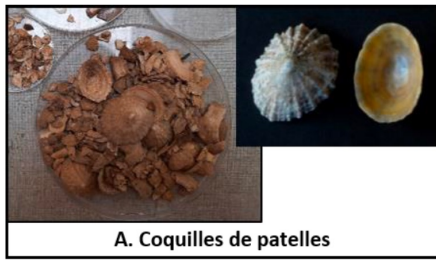
Les coquilles (CaCO_3) sont des **pièges** (substrat dur), à l'interface **eau-sédiment**, potentiellement **colonisées après la mort** de l'organisme.

- **ADN propre de l'animal d'origine de la coquille (majoritaire)**

Elles peuvent aussi contenir de l'**ADN « trace »** provenant de multiples sources, **anciennes** ou **modernes** :

- **ADN d'autres animaux** (ayant été en contact avec la coquille vivante)
- **ADN végétal** (microalgues, pollen, particules végétales du sédiment environnant).
- **ADN microbien** (biofilms marins ou d'eau douce)

- **ADN exogène ancien** du sédiment ou de l'eau environnante pouvant inclure des restes d'animaux marins, débris végétaux, ADN humain (manipulation ou fouilles)



ADN DANS SEDIMENTS DANS COQUILLES DE PATELLES

Résultats attendus :

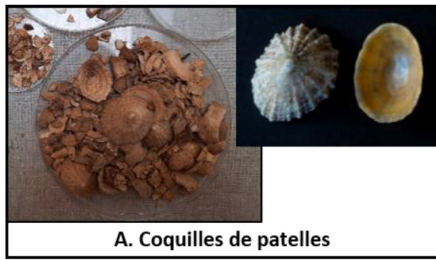
Même zone d'échantillonnage que les coquilles mais micro-environnement protégé (**capsule taphonomique**)

- pH plus basique (CaCO_3)
- Protection contre UV
- Protection contre lessivage
- Protection contre bioturbation

C'est le plus riche écologiquement en :

- ADN marin (eau, algues, biofilms)
- ADN terrestre (sol, plantes, champignons)
- ADN animal (mollusques, poissons, oiseaux, mammifères)
- ADN microbien

- *ADN humain (manipulation, rejets, occupation)*



ADN DANS LES SEDIMENTS EN BLOCS

Résultats attendus :

ADN non protégé / pas de lien entre profondeur et protection de l'ADN :

Sédiment traversé par l'eau, bioturbé, chimiquement actif, exposé possiblement à l'oxygène

- **Même ADNs que dans sédiments dans coquilles ?
plus dilués, plus mélangé, plus renouvelé que dans les coquilles ?**

Il faudra faire attention à :

- ADN sédimentaire diffus (background environnemental)
- ADN recyclé (transport vertical/horizontal)
- ADN microbien actif (biofilms du sédiment)
- ADN post-dépositionnel (infiltrations récentes)

ETUDES

4 sites :

Beniguet (Sealex)

Beg-Er-Vil

Port Neuf

Dune du Pilat

Etude de 4 compartiments :

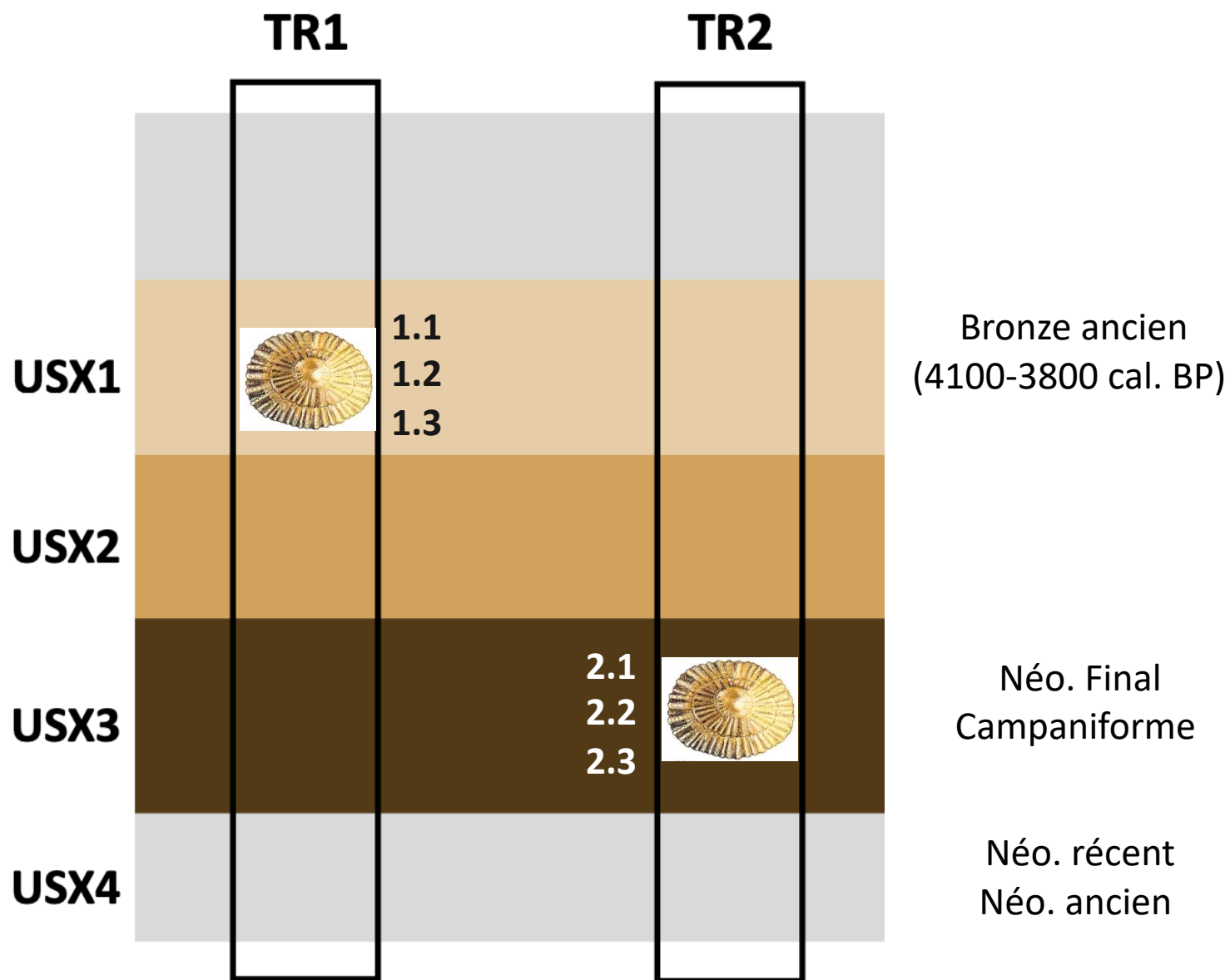
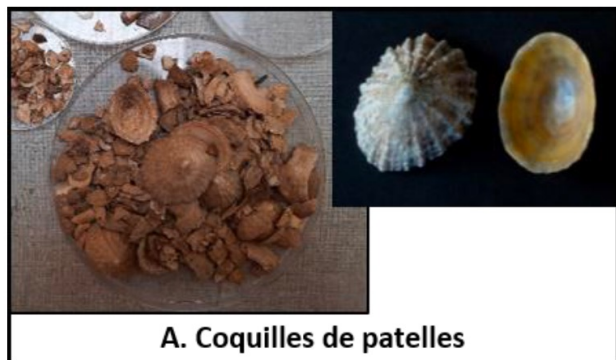
Mollusques

Algues

Plantes

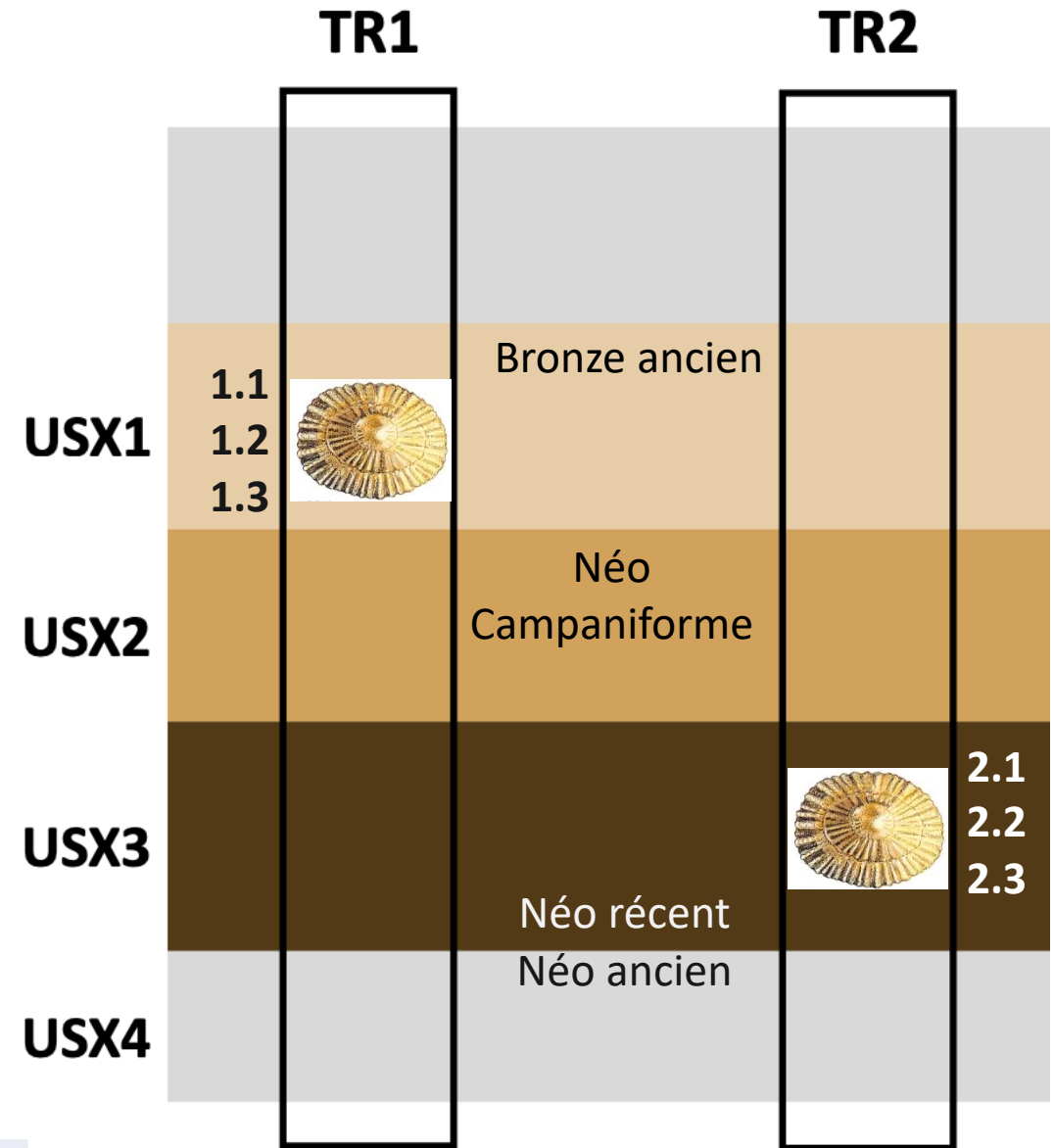
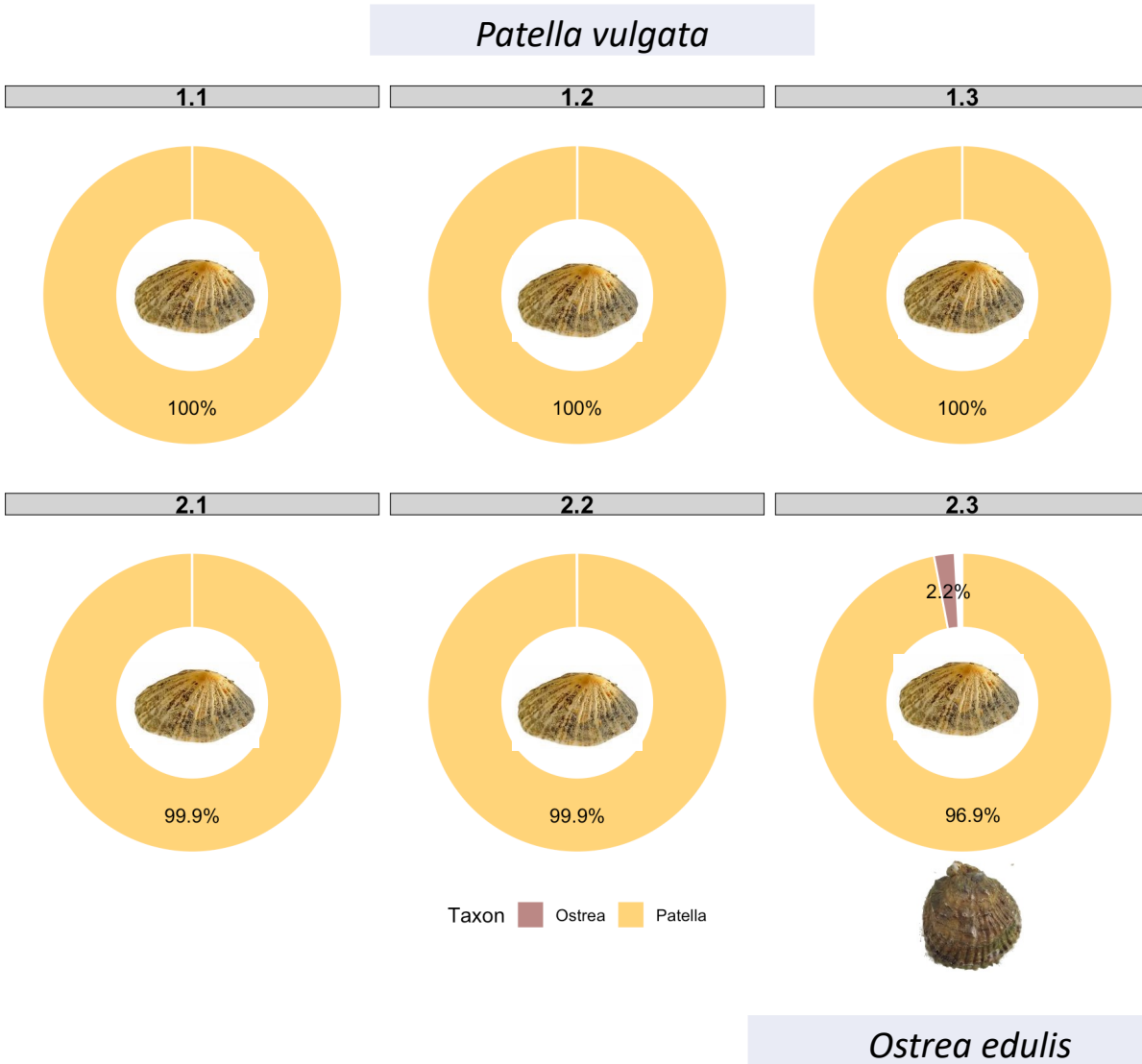
Microbiome

1. ADN DE MOLLUSQUES DANS COQUILLES DE PATELLES





ADN DE MOLLUSQUES DANS LES COQUILLES DE PATELLES

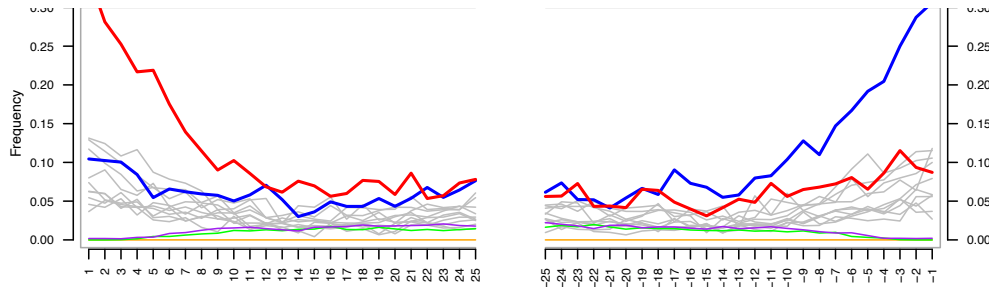
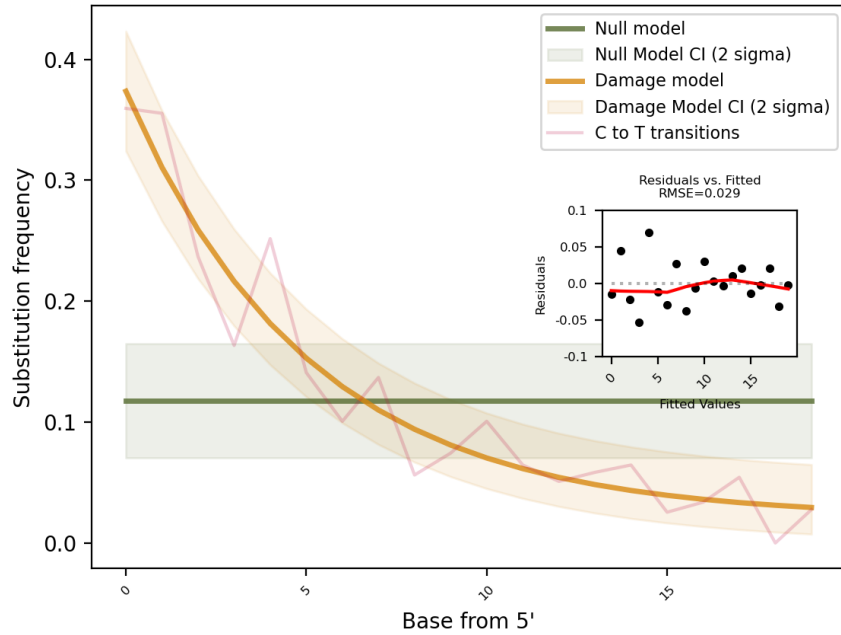




ESTIMATION PMD (post mortem damage) des patelles

1-1

coverage: 0.0 - pvalue<0.001



TR1

TR2

USX1

1.1
1.2
1.3



Bronze ancien

USX2

Néo
Campaniforme

USX3

Néo récent

Néo ancien

USX4

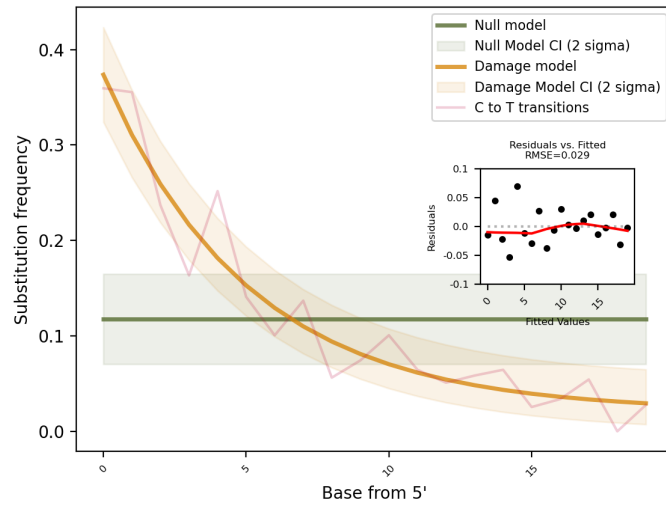


2.1
2.2
2.3

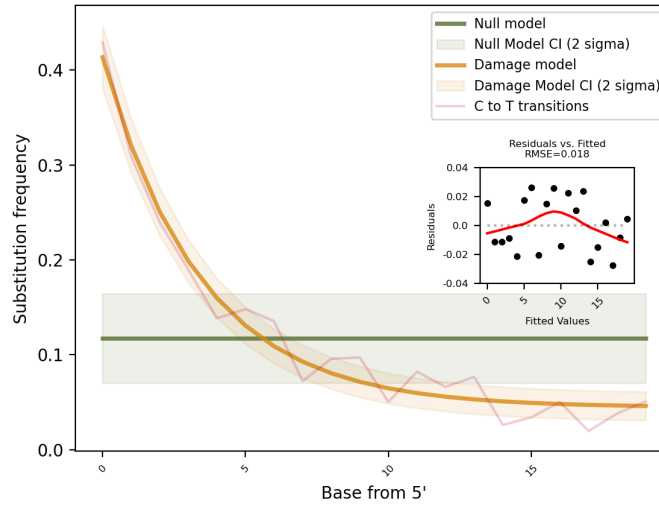


3. ESTIMATION PMD (post mortem damage) WITH PATELLA READS

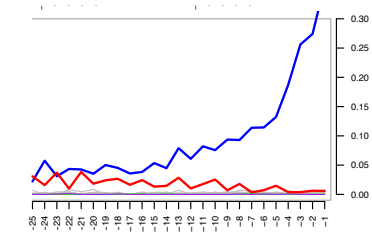
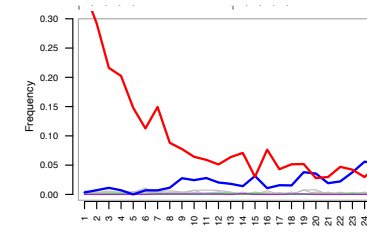
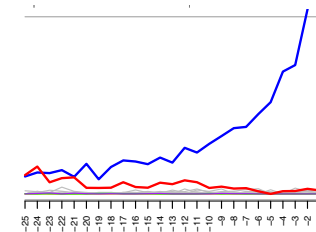
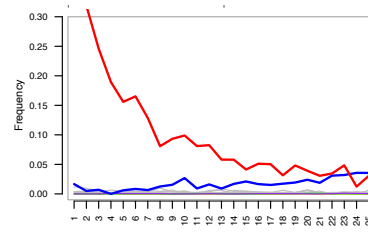
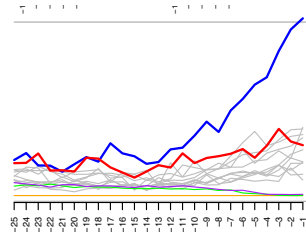
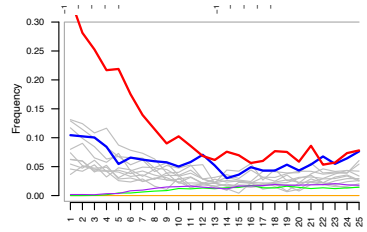
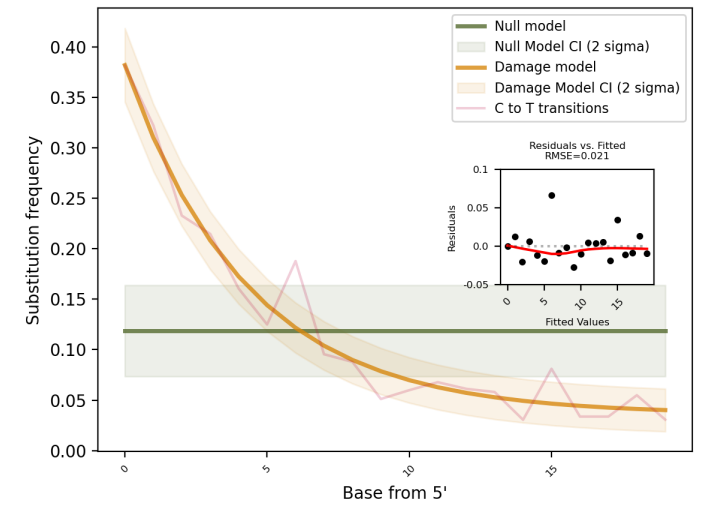
1-1
n=477679



1-2
n=878374



1-3
n=613093



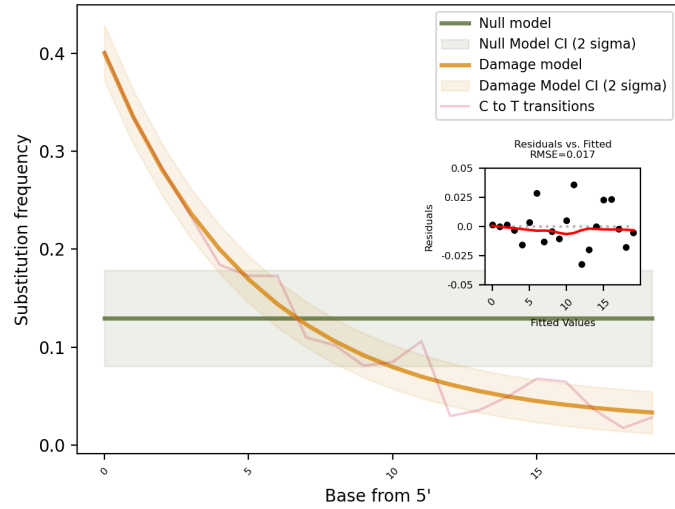
Ancient mais contamination possible moderne



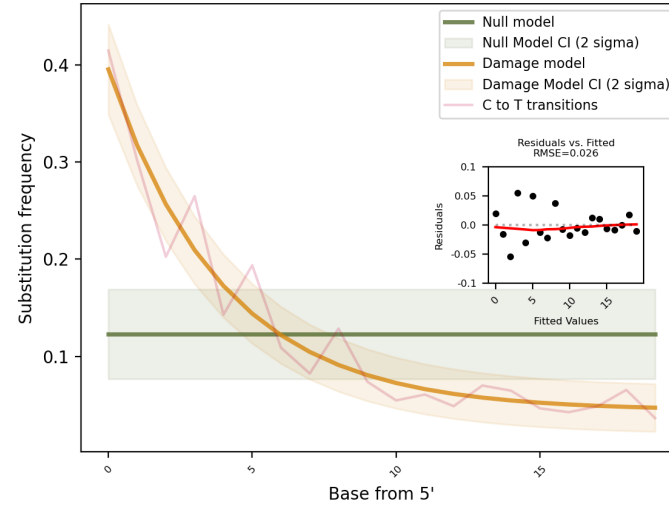


3. ESTIMATION PMD (post mortem damage) WITH PATELLA READS

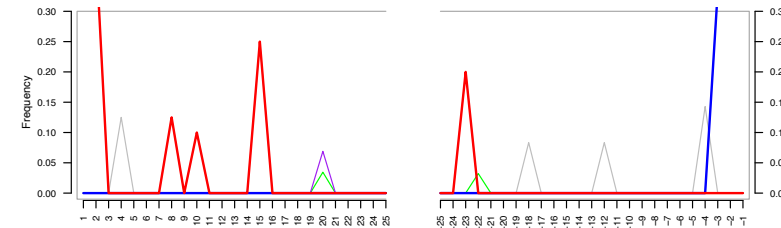
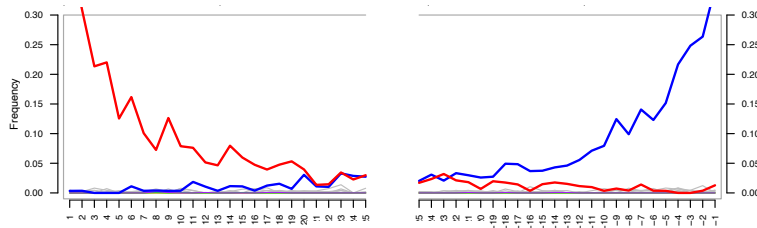
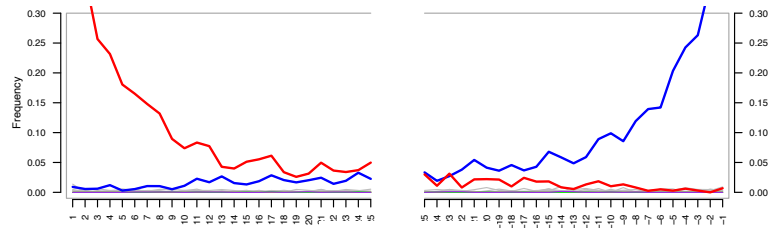
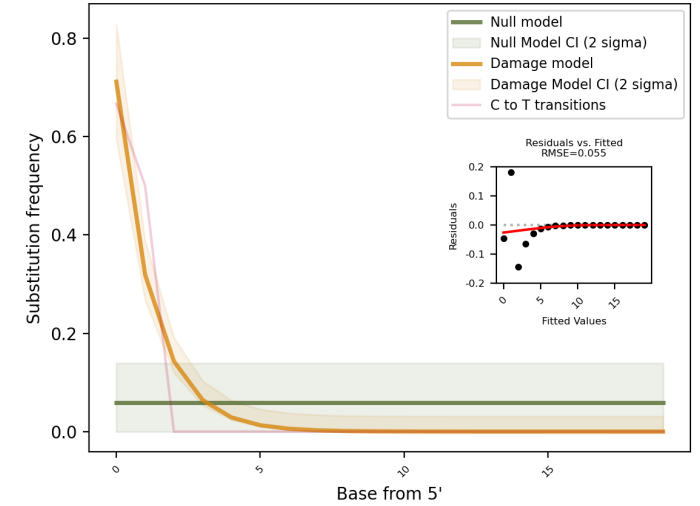
2-1
n=535991



2-2
n=502886



2-3
n=5383

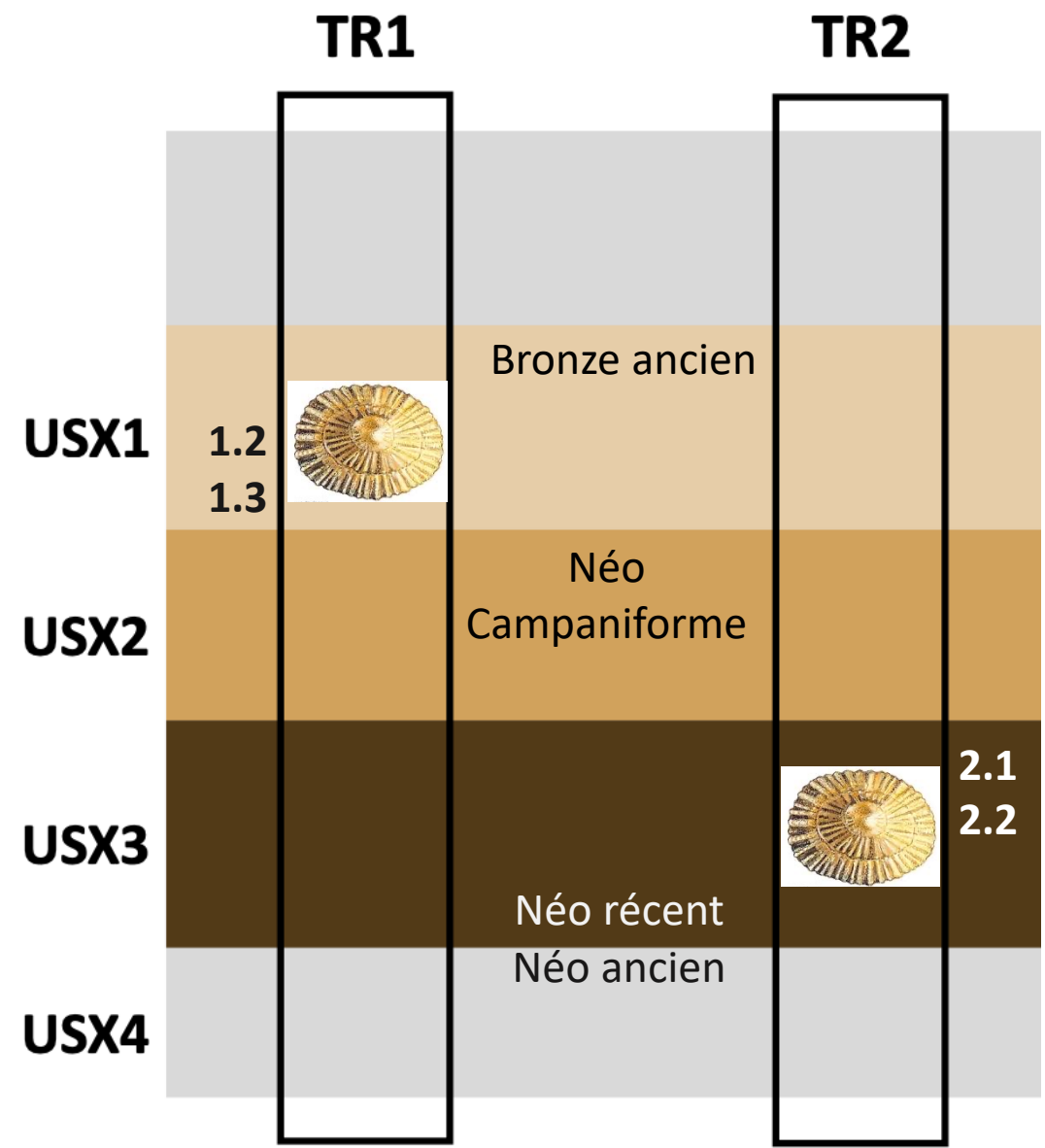
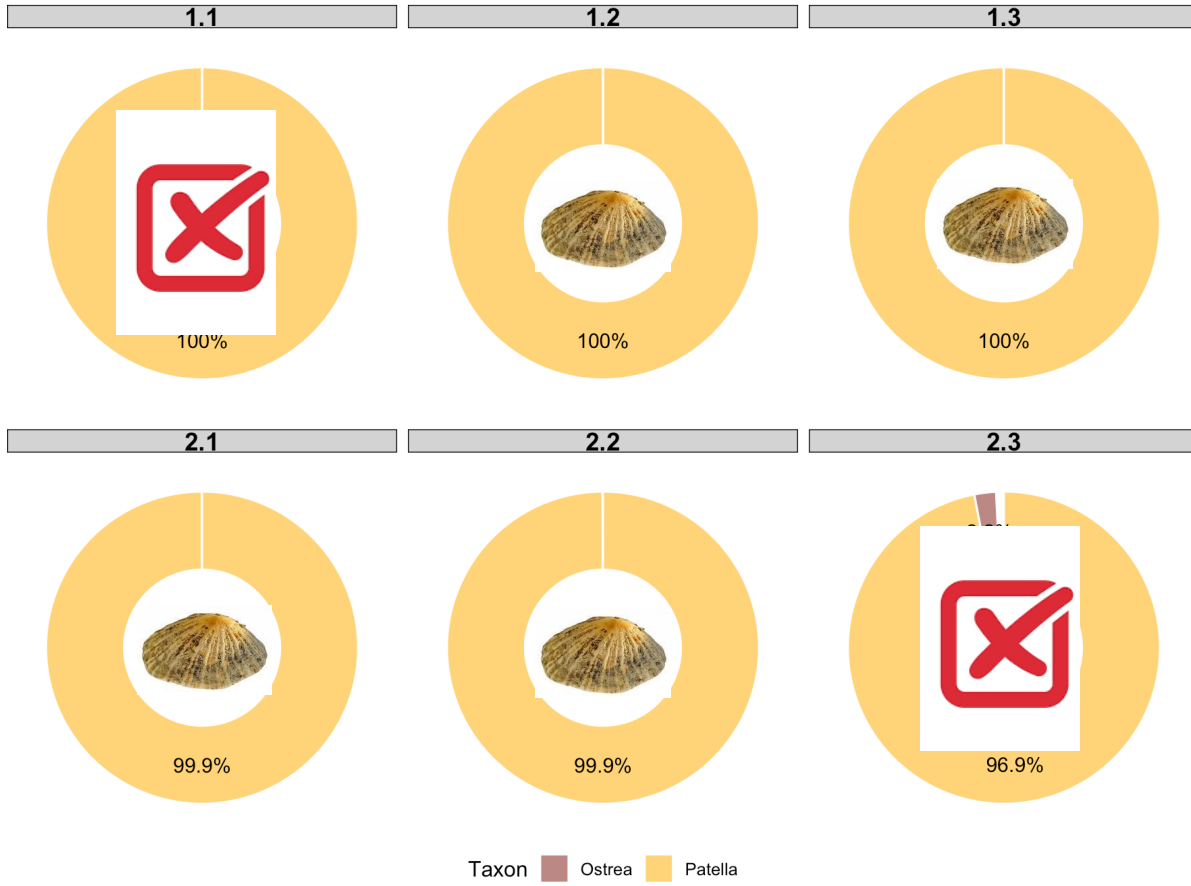


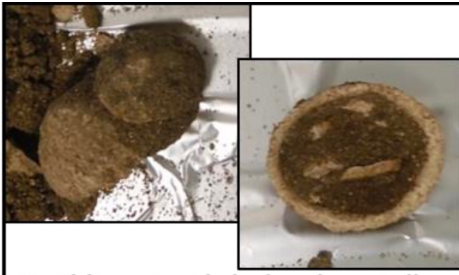
Pas assez de reads





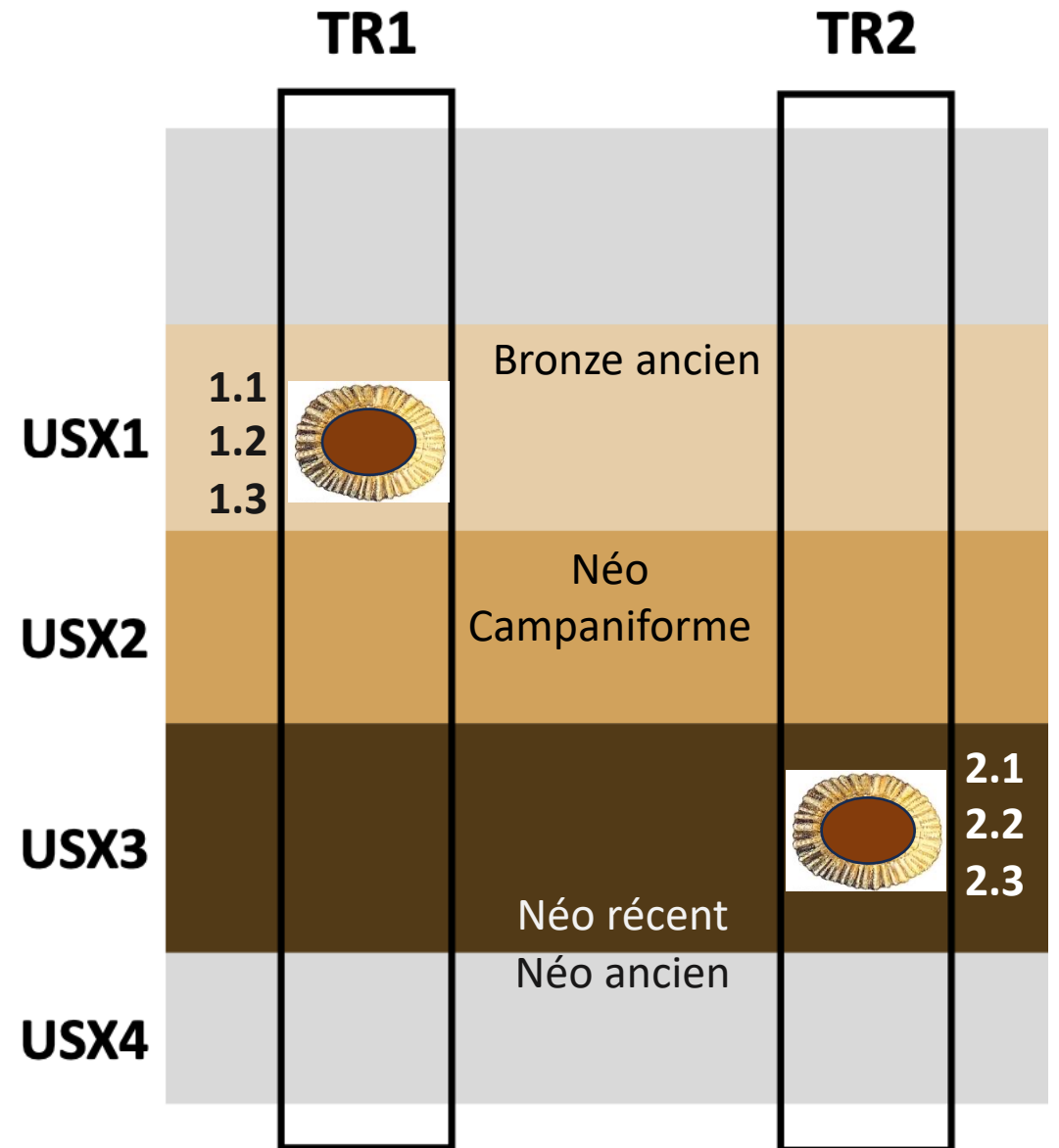
ADN DE MOLLUSQUES DANS LES COQUILLES DE PATELLES

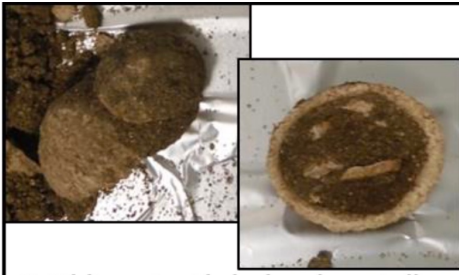




B. Sédiments piégés dans les patelles

2. ADN DE MOLLUSQUES DANS SEDIMENTS DANS PATELLA



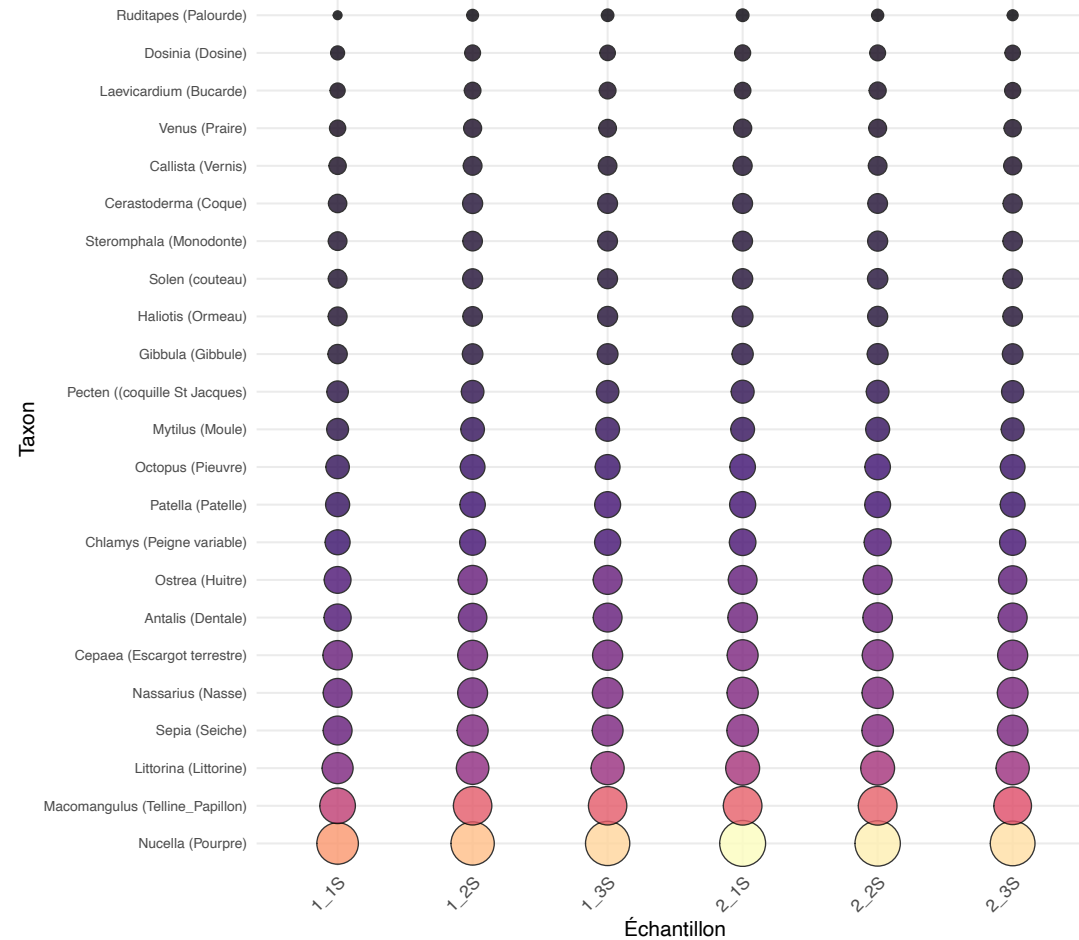


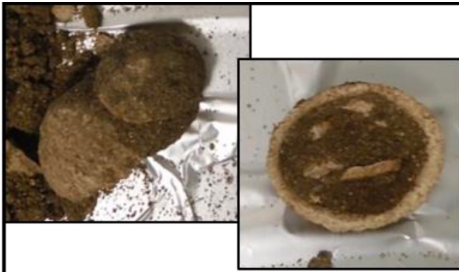
B. Sédiments piégés dans les patelles

ADN de mollusques dans les sédiments dans les patelles

Même profil pour tous les sédiments :
Pas de différence entre néo et bronze

- **Stabilité des ressources littorales ?**
- **Collecte saisonnière répétée**
- **Tradition culturelle conservée ?**
- *Mélange des couches ? Peu probable*
- *Biais taphonomique ?*





B. Sédiments piégés dans les patelles

ADN de mollusques dans les sédiments dans les patelles

Abondance
22000-5000

20400



Nucella lapillus
(Pourpre)

14000



Macomangulus
(Telline_Papillon)

10000



Littorina littorea
(Bigorneau)

8000



Nassarius reticulatus
(Nasse réticulée)

8000



Antalis vulgaris
(Dentale commun)

7000



Ostrea edulis
(Huitre plate)

Abondance
4000-2500

5500



Chlamys varia
(Pétoncle)

5000



Patella

4000



Mytilus edulis
(Moule)

4000



Pecten
(St Jacques)

2500



Haliotis
(Ormeau)

2500



Solen
(Couteau)

Abondance
2500-1000



Steromphala
Phorcus
(Monodonte)



Cerastoderma
(coque)



Callista
(verniss)



Venus
(Paire)



Gibbula
(Gibbule)



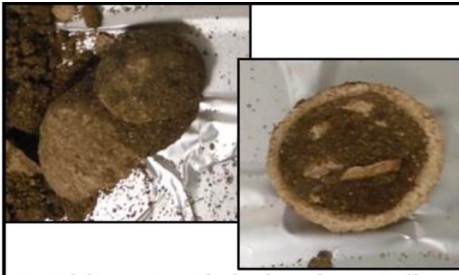
Laevicardium
(Bucarde)



Dosinia
(Dosine)



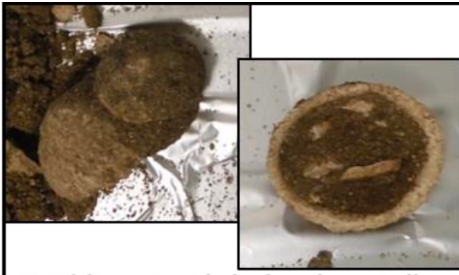
Ruditapes
(Palourde)



B. Sédiments piégés dans les patelles

ADN de mollusques dans les sédiments dans les patelles

Taxon majoritaire avec Littorine = Acanthochitona



B. Sédiments piégés dans les patelles

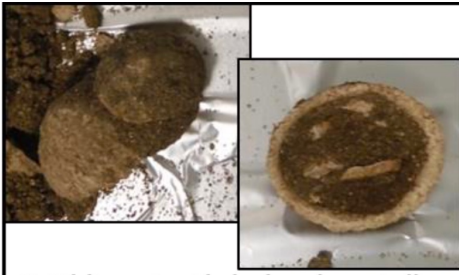
ADN de mollusques dans les sédiments dans les patelles

Taxon majoritaire avec Littorine = Acanthochitona (chitons) ?



Les chitons ont des plaques articulées plutôt que des coquilles solides comme les bivalves/gastropodes

Ces plaques peuvent être moins bien préservées dans les sédiments archéologiques, ce qui réduit leur visibilité dans les assemblages fouillés.



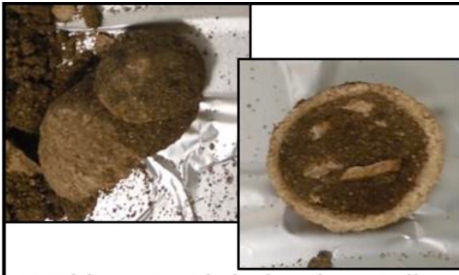
B. Sédiments piégés dans les patelles

ADN de mollusques dans les sédiments dans les patelles

Taxon majoritaire avec Littorine = Acanthochitona (chitons) ?

ADN de seiches (8500, rang 5) et de pieuvres (4800, rang 12) ?





B. Sédiments piégés dans les patelles

ADN de mollusques dans les sédiments dans les patelles

Taxon majoritaire avec Littorine = Acanthochitona (chitons) ?

ADN de seiches (8500, rang 5) et de pieuvres (4800, rang 12) ?

ADN d'escargots terrestres : Cepaea (Escargot terrestre, 8000, rang 4) ?



Lubell, 2004 et Taylor et al 2017 : Fréquents en méditerranée (couches à Helix)

Accumulation détritique ou consommation possible (Joël André)

Apport volontaire ? En Irlande et Angleterre des colliers de cette espèce ont été retrouvés (Currey et Cain 1967)

Remarque sur les régimes alimentaires des mollusques dans les sédiments de coquille

Prédateurs



Nucella lapillus
(Pourpre)



Nassarius reticulatus
(Nasse réticulée)

Herbivores



Patella



Littorina littorea
(Bigorneau)



Haliotis
(Ormeau)



Steromphala
Phorcus
(Monodonte)



Gibbula
(Gibbule)

Détritivores - Filtreurs



Laevicardium
(Bucarde)



Dosinia
(Dosine)



Macomangulus
(Telline_Papillon)



Cerastoderma
(coque)



Antalis vulgaris
(Dentale commun)



Ruditapes
(Palourde)



Ostrea edulis
(Huitre plate)



Chlamys varia
(Pétoncle)



Mytilus edulis
(Moule)



Pecten
(St Jacques)



Solen
(Couteau)

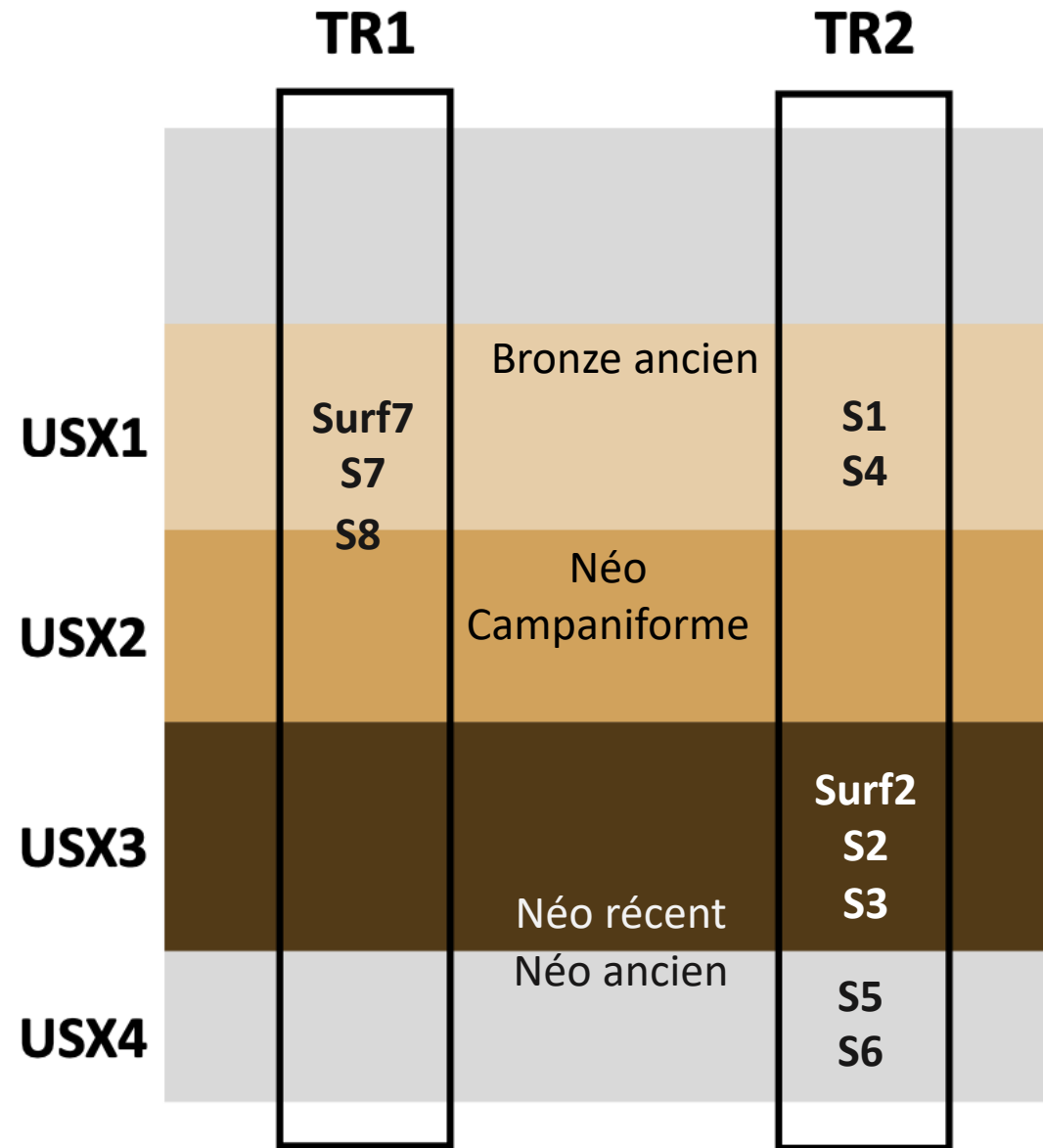


Callista
(vernis)



Venus
(Praire)

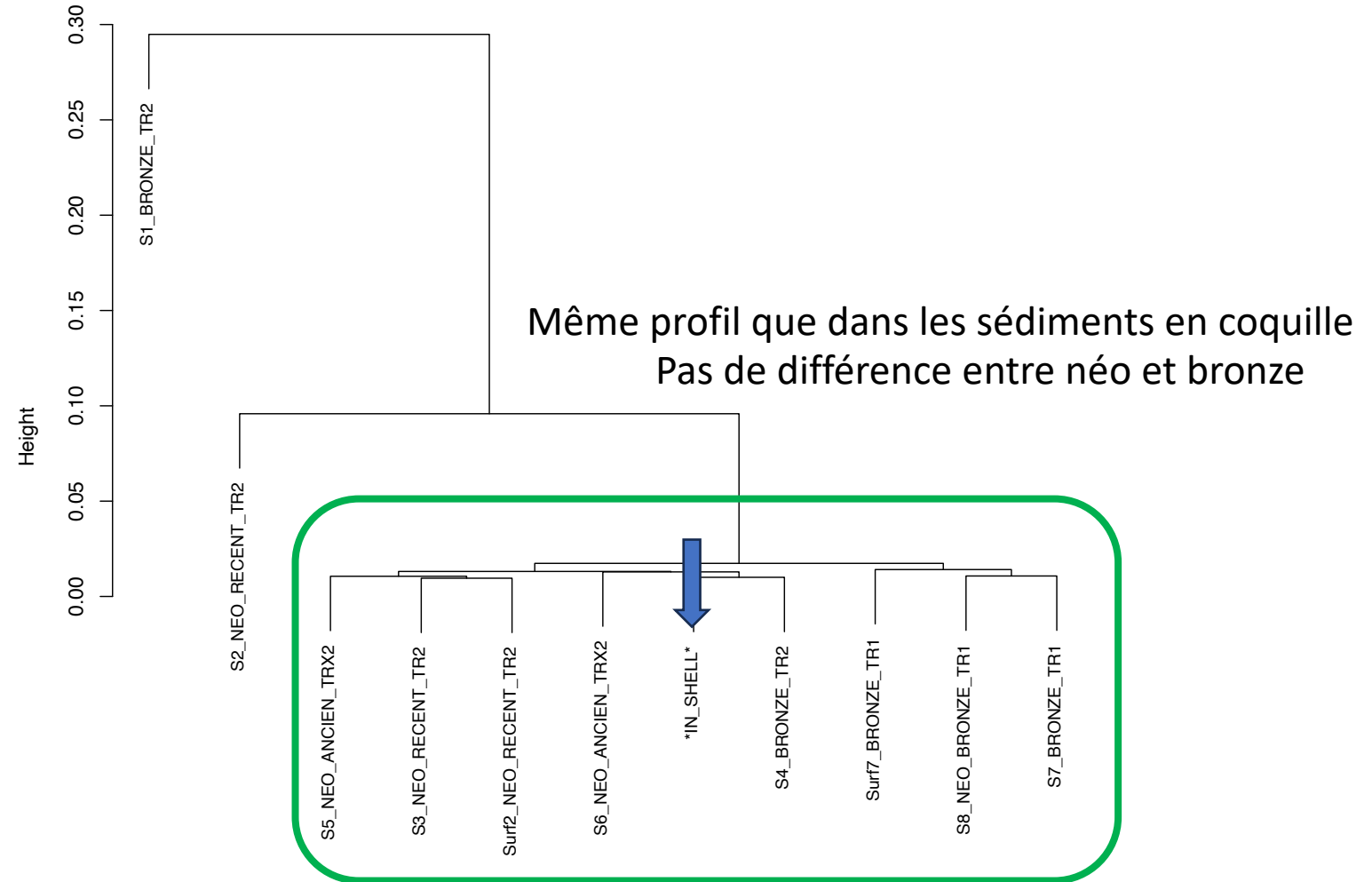
3. ADN DE MOLLUSQUES DANS SEDIMENTS EN BLOC





3. ADN DE MOLLUSQUES DANS SEDIMENTS EN BLOC

Clustering des échantillons (Bray-Curtis)



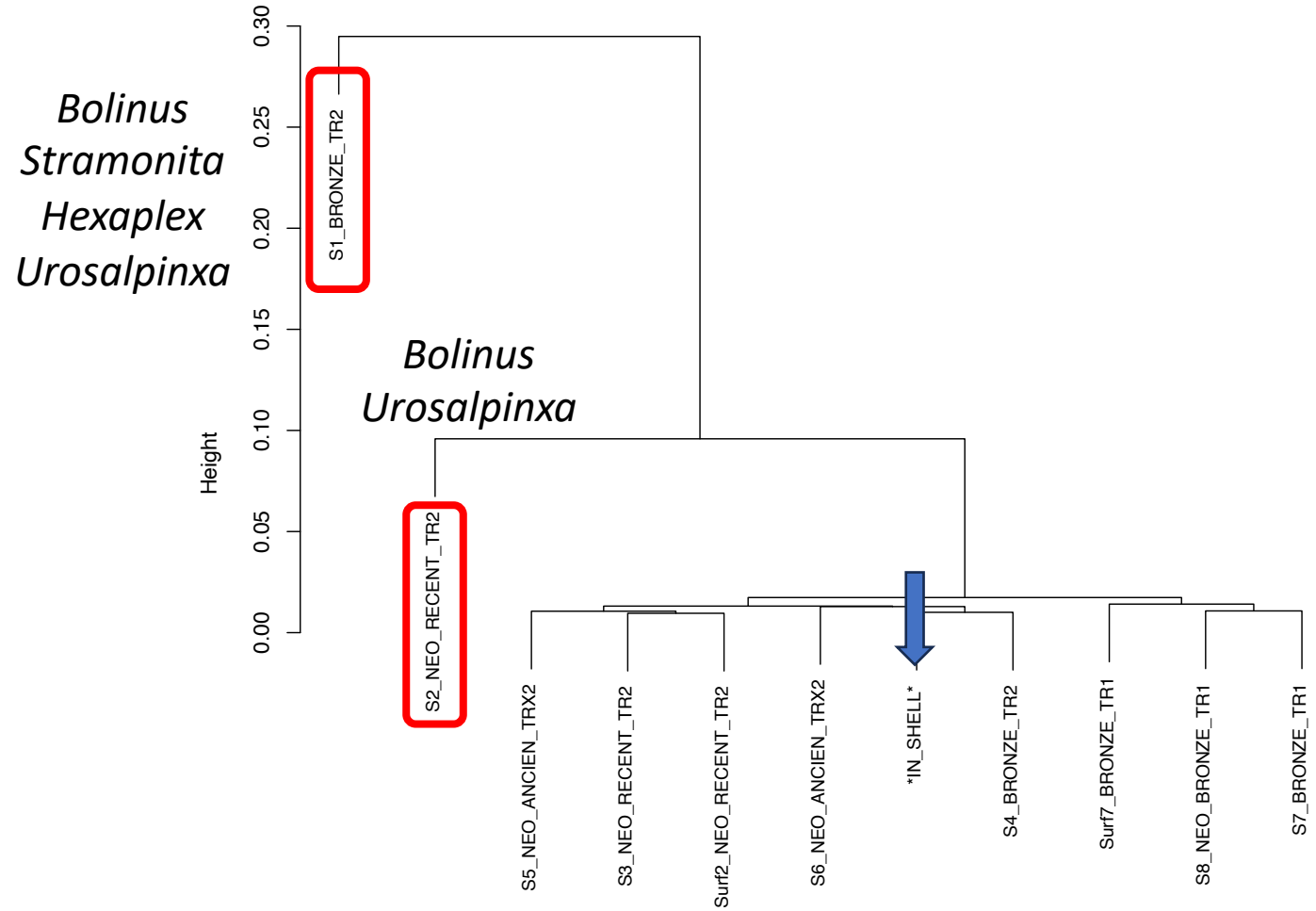


3. ADN DE MOLLUSQUES DANS SEDIMENTS EN BLOC



Prédateurs

Clustering des échantillons (Bray-Curtis)



ETUDES

4 sites :

Beniguet (Sealex)

Beg-Er-Vil

Port Neuf

Dune du Pilat

Etude de 4 compartiments :

Mollusques

Algues

Plantes

Microbiome

Beg-Er-Vil

Beg-er-vil est un amas coquiller mésolithique

Une seule date avec occupation très courte autour de 8200 cal BP.

C'est un amas dit « domestique » (restes de repas, traces de foyer,...).

Prélèvements faits sur le terrain il y a plus de 10 ans, conservés au CReAAH (bureau et caves).

Port Neuf

Port-Neuf (Hoedic) est également un amas coquiller mésolithique associé à une nécropole.

Date – 7000 ?

Ce site a été fouillé initialement par le couple Péquart dans les années 1930.

Grégor Marchand a refait des sondages aux abords du même site en 2021 sur l'habitat et le cimetière (d'où viennent les 5 échantillons).

Beg-Er-Vil (10 taxons majoritaires, coquillages, marin)



Nassarius reticulatus
(Nasse réticulée)



Antalis vulgaris
(Dentale commun)



Littorina littorea
(Bigorneau)



Patella



Ostrea edulis
(Huitre plate)



Stramonita

Moins de diversité pour les espèces majoritaires / Beniguet

Beg-Er-Vil (10 taxons majoritaires, coquillages, marin)



Nassarius reticulatus
(Nasse réticulée)



Antalis vulgaris
(Dentale commun)



Littorina littorea
(Bigorneau)



Patella



Ostrea edulis
(Huitre plate)



Stramonita

En plus :



Donax

Plage **ouverte**
Forte houle/ déferlement
Sable mobile



Natica

Sable mobile
Prédateur de **Donax**

Beg-Er-Vil (10 taxons majoritaires, coquillages, marin)



Nassarius reticulatus
(Nasse réticulée)



Antalis vulgaris
(Dentale commun)



Littorina littorea
(Bigorneau)



Patella



Ostrea edulis
(Huitre plate)



Stramonita

En plus :



Donax

Plage **ouverte**
Forte houle/ déferlement
Sable mobile



Natica

Sable mobile
Prédateur de **Donax**



Theodoxus

Eaux saumâtres
Estuaire
(**signal anthropique**) ?



Epitonium

Prédateur des anémones

?

Port Neuf (10 taxons majoritaires, coquillages, marin)

Moins de diversité pour les espèces majoritaires / Beniguet

Un peu plus de diversité / Beg Er Vil



Nassarius reticulatus
(Nasse réticulée)



Antalis vulgaris
(Dentale commun)



Littorina littorea
(Bigorneau)



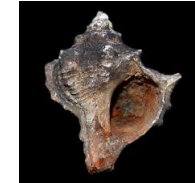
Patella



Ostrea edulis
(Huitre plate)



Stramonita



Bolinus



Hexaplex



Macomangulus
(Telline_Papillon)



Theodoxus



Donax

Plage **ouverte**
Forte houle/ déferlement
Sable mobile



Natica

Sable mobile
Prédateur de **Donax**



Gari fervensis



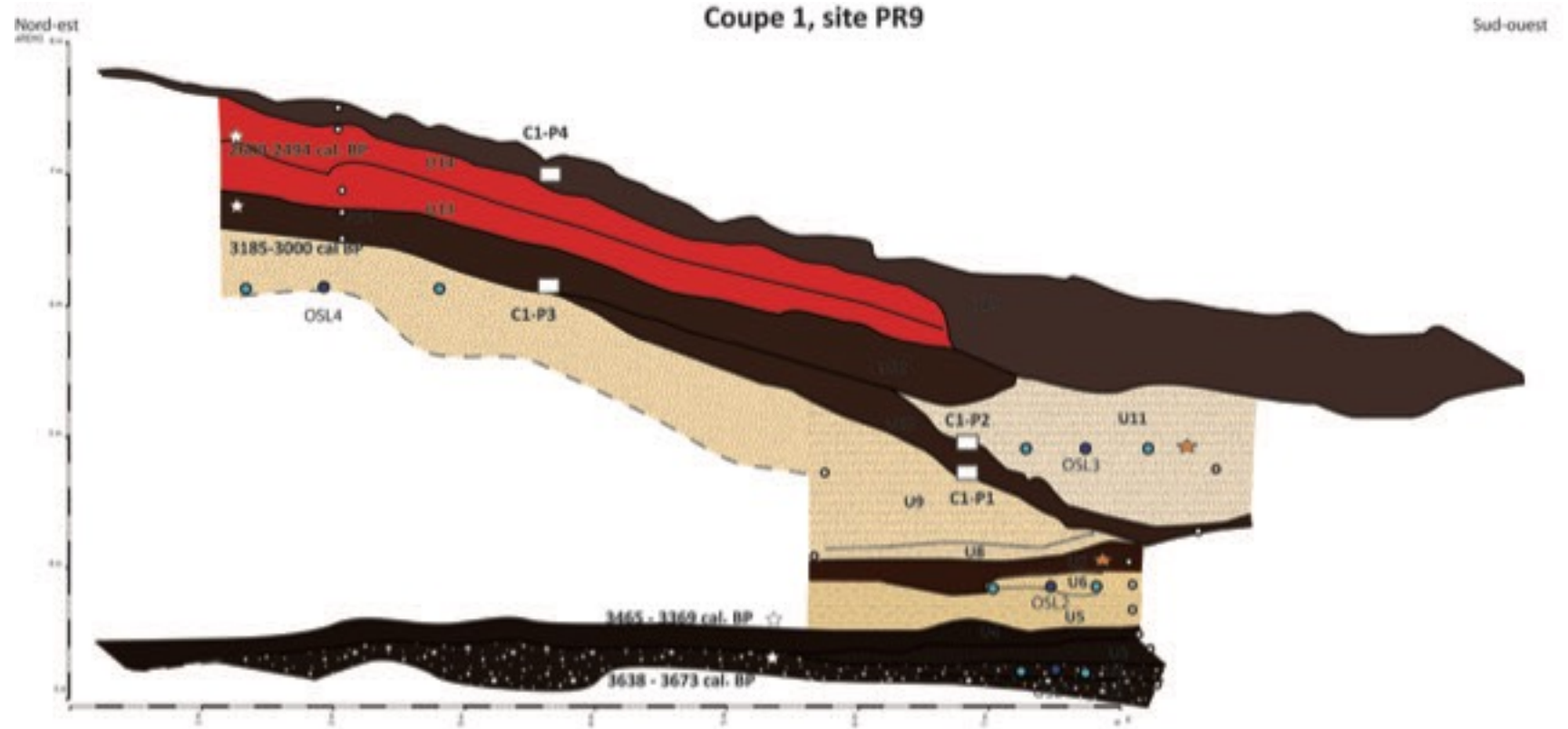
Unio (sp, crassus)
EAU DOUCE
EAU SAUMATRE



Modiolus
(**moule bleue**)

Dune du Pilat

4 échantillons Néolithique



Légende:

U1 - Sable moyen brun légèrement induré et cimenté, taches organiques, graviers rares ; U2 - Sable moyen brun plus foncé, taches organiques, oxydes ferreux, rares graviers ; U3 - Sable moyen organique noir légèrement oxydé, charbons ; U4 - Sable tourbeux lité compact et noir, végétaux compactés ; U5 - Sable fin gleyfié et lité bleu-gris, horizon supérieur avec un front d'oxydation, MO racinaire ; U6 - Sable fin beige oxydé, mo racinaire ; U7 - Tourbe sableuse compacte noire, bois et végétaux, en pente vers l'intérieure des terres et centre cuvette ; U8 - Sable fin gris bleu gleyfié avec horizon d'oxydation, MO racinaire ; U9 - Sable fin beige, avec horizon oxydé horizontal et litages obliques humifères, en pente vers centre dépression, plus organiques au sud -est et moins lité au nord ; U10 - Alternance de lamines tourbeuses compactes noires très dures et de sable laminé fin beige à noir-gris marqué par l'oxydation, en pente vers le centre de la cuvette et intérieure des terres ; U11 - Sable fin beige lité (de niveaux organiques intermédiaires, mo racinaire ; U12 - Sable organique compact très dur, plus de végétaux au sud, lité au nord peu au sud, surface oxydée ; U13 - Sable noir foncé, charbons, briquetage, tessons, taches gris souris, mo racinaire ; U14 - Sable noir plus clair charbons, briquetage, taches gris souris, mo racinaire ; U15 - Tourbe formée de végétaux compacts liées.

Datations radiocarbones effectuées ☆ en attente ★

Prélèvements sédimentaires ○

Prélèvement ADNe □

Prélèvement OSL ●

Dune du Pilat

Important effectif avec plus de 50 taxons passant le seuil de 1000 reads

Site	Richesse_specifique	Shannon	Simpson	Pielou_evenness	Total_effectifs
PILA	55	3.84	0.97	0.96	194408
BEN_IN_SHELL	55	3.80	0.97	0.94	92761
PN	55	3.78	0.97	0.94	44273
BEV	55	3.78	0.97	0.94	35703

Les indices de diversité **montrent** :

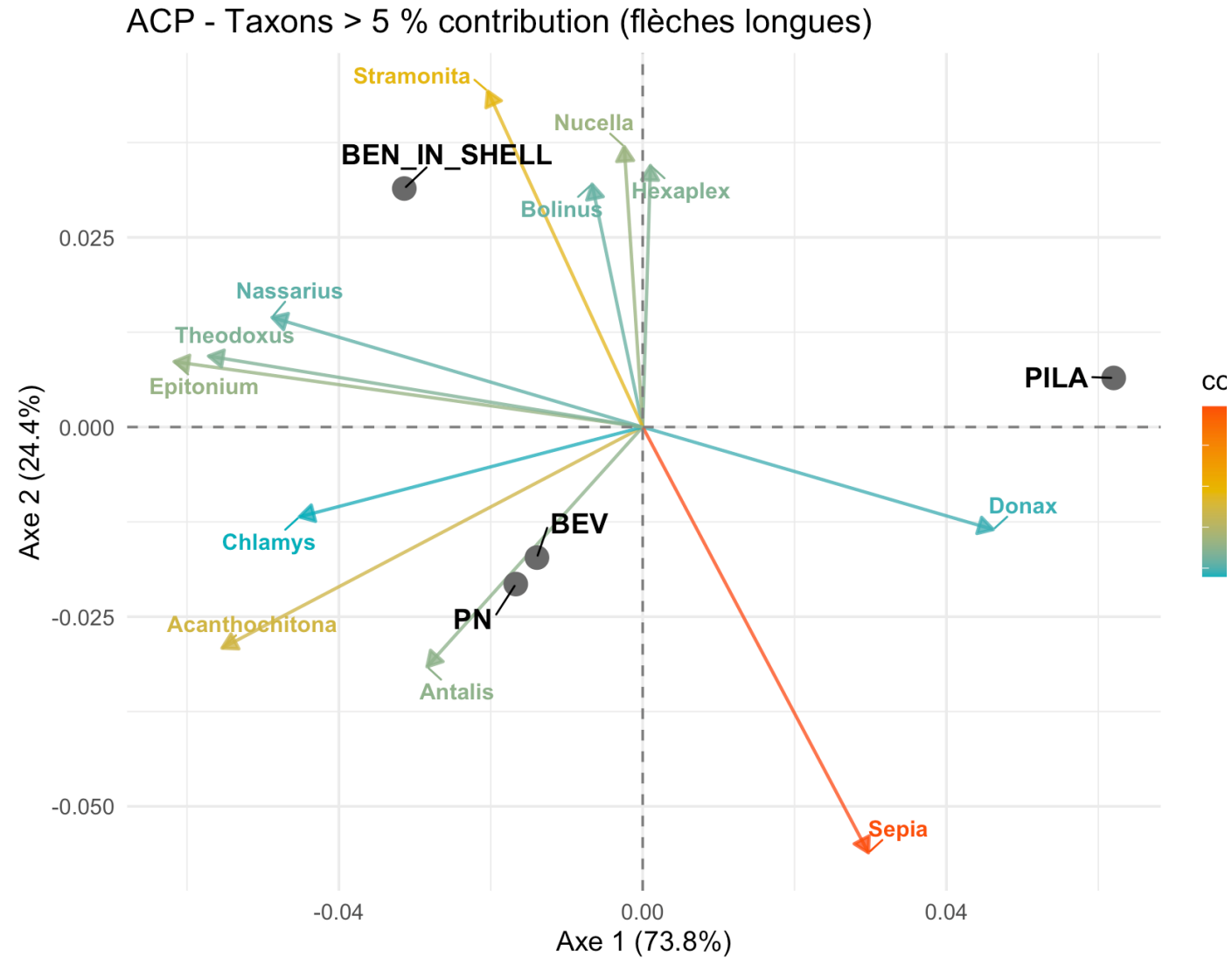
1- Les quatre sites ont une structure d'assemblage assez équilibrée, avec des diversités globales comparables en mollusques

2- La distribution des abondances est très équilibrée (pas de dominance)

3- Grande différence **d'abondance**

Comparaison des 4 sites

Après normalisation de Hellinger, qui permet de comparer des assemblages écologiques avec des abondances très inégales



A confirmer, à affiner selon l'interêt ...

ETUDES

4 sites :

Beniguet (Sealex)

Beg-Er-Vil

Port Neuf

Dune du Pilat

Etude de 4 compartiments :

Mollusques

Algues

Plantes

Microbiome

CREATION BASE DE DONNEES ALGUES

1059 séquences (629 chloroplastes et 427 mitochondries)

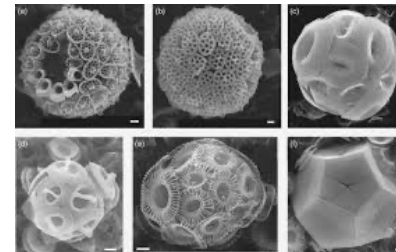
*Que des organelles pour éviter le problème lié à la taille des séquences !
Récupération de « moins de séquences »*

401 *Rhodophyta* (« algues rouges »)

318 *Chlorophyta* (« algues vertes »)

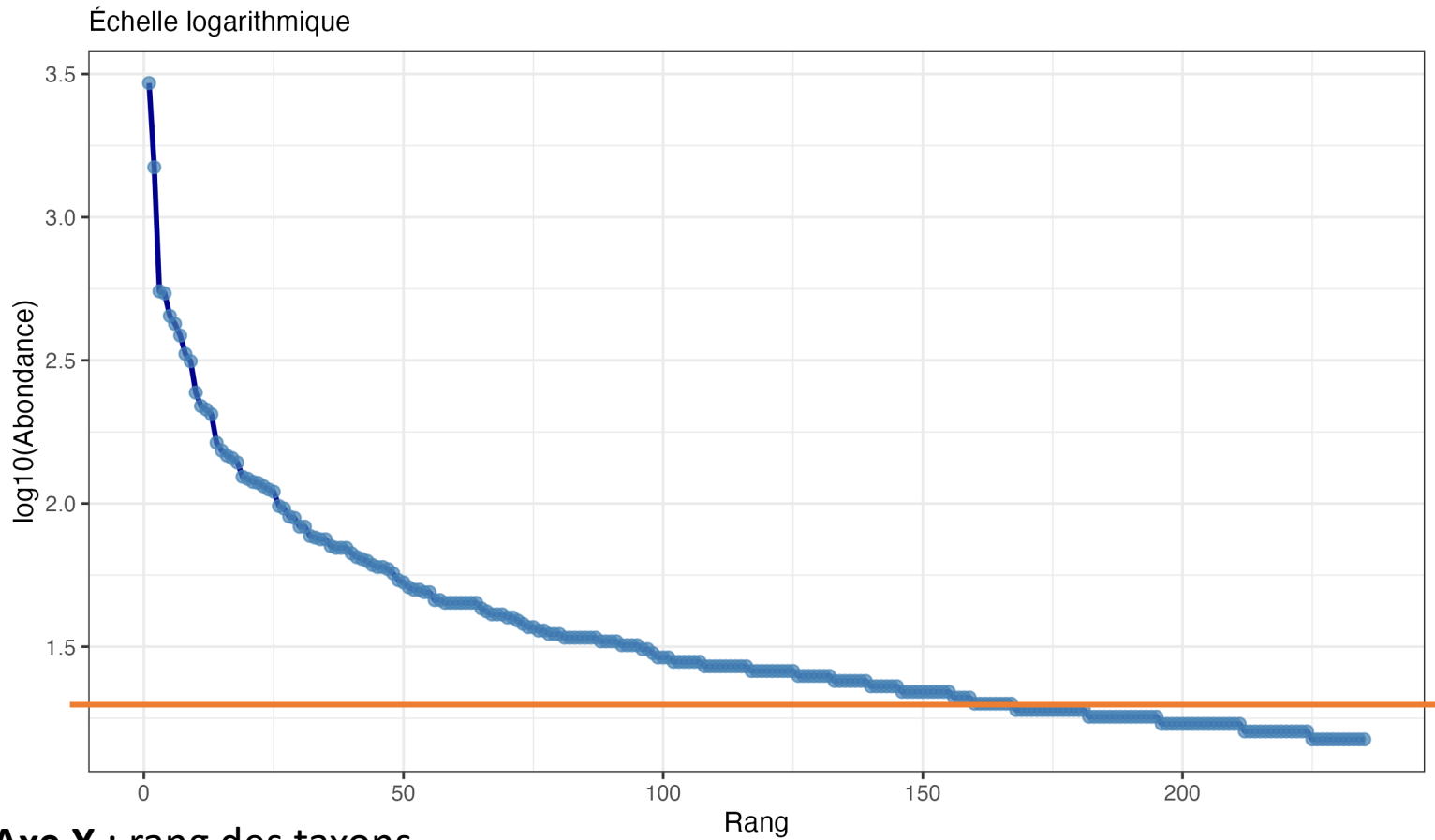
314 *Ochrophyta* (ou *Heterokontophyta*, « algues brunes »)

21 *Haptophyta* (algues unicellulaires).



ALGUES (Béniguet) – Coquilles »Bronze «

1_2 C Courbe rang–abondance (ou *rank–abundance curve*, courbe de Whittaker)



Axe X : rang des taxons
(\approx 130–140 taxons)

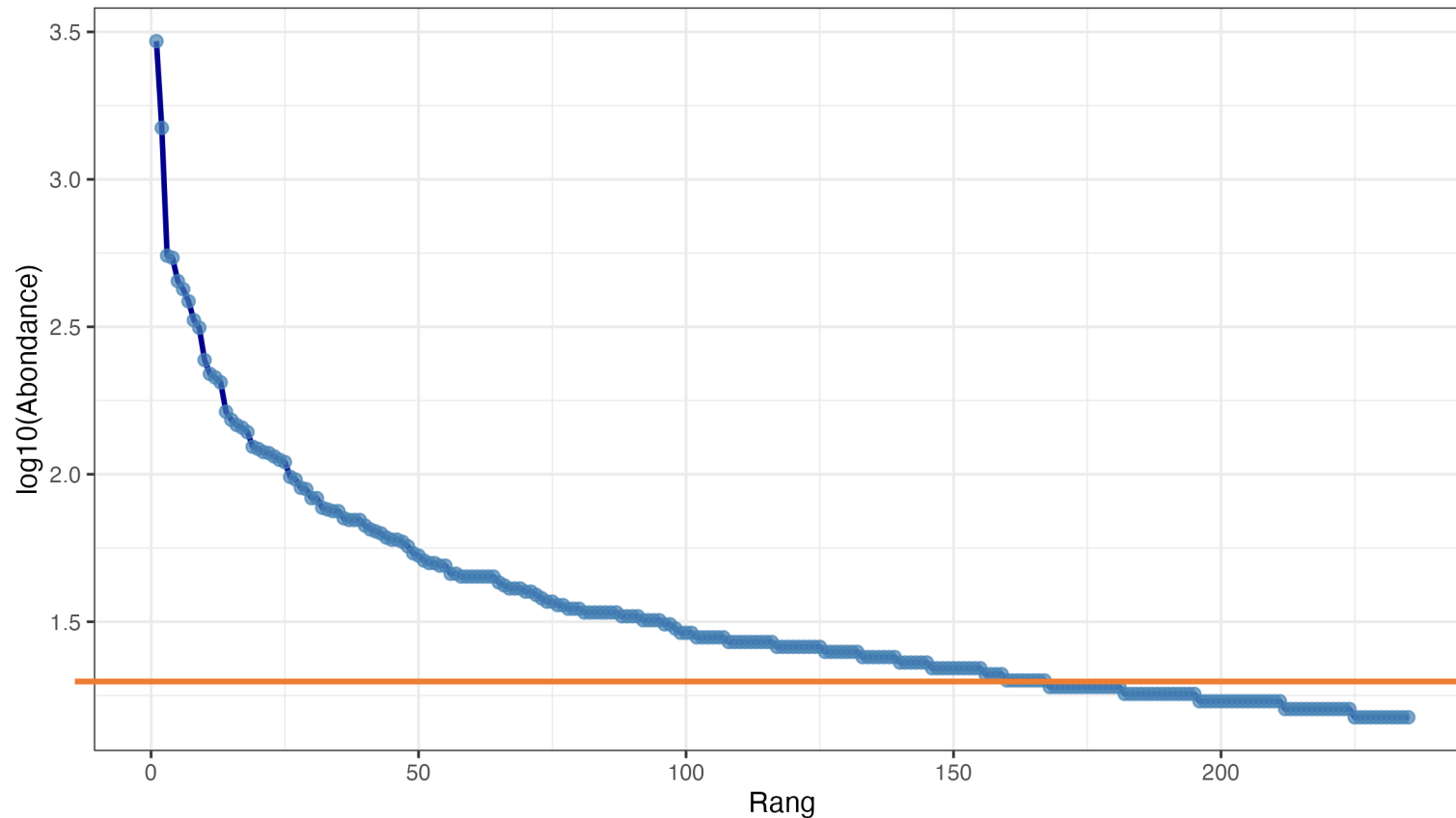
Métrique	Valeur
Metadata: Type	Shell
Metadata: Lieu	Beniguet
Metadata: Age	Neo_recent
---	---
Nombre total de séquences	8431
Nombre de taxons détectés (brut)	417
Nombre de taxons présents (\geq 15 seq.)	140
Taxons filtrés par le seuil	277
Abondance moyenne par taxon	46.09
Taxon le plus abondant	Codium
Abondance du taxon dominant	694
Proportion du dominant (%)	10.8
Indice de Shannon	4.341
Indice de Simpson	0.973
Équitabilité de Pielou	0.879
Inverse Simpson	37.34

Shannon élevé (4.31) Richesse élevée (biodiversité remarquable)

ALGUES (Béniguet) – Coquilles »Bronze «

1_2 C Courbe rang-abondance (ou *rank-abundance curve*, courbe de Whittaker

Échelle logarithmique



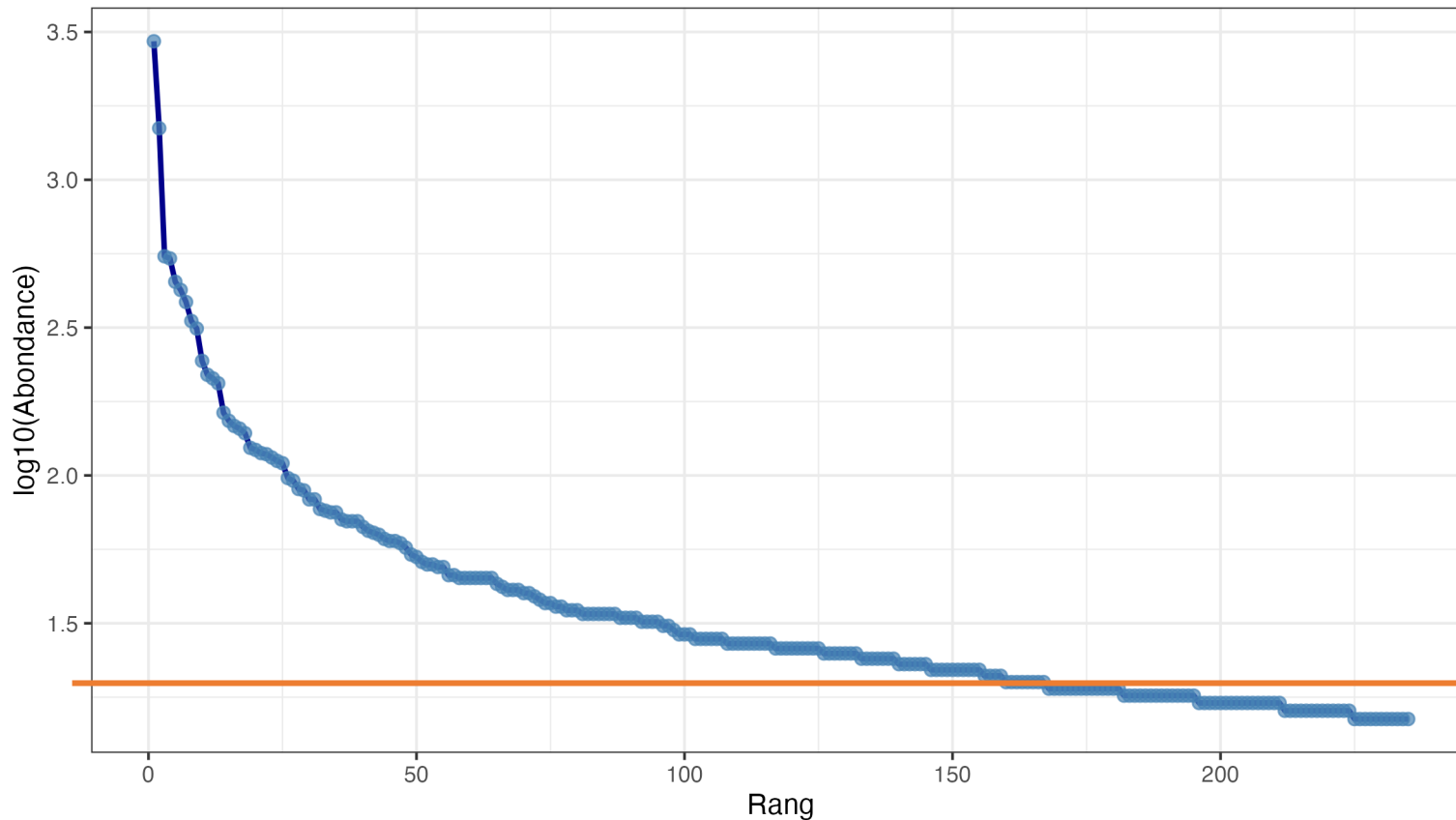
Métrique	Valeur
Metadata: Type	Shell
Metadata: Lieu	Beniguet
Metadata: Age	Neo_recent
---	---
Nombre total de séquences	8431
Nombre de taxons détectés (brut)	417
Nombre de taxons présents (≥ 15 seq.)	140
Taxons filtrés par le seuil	277
Abondance moyenne par taxon	46.09
Taxon le plus abondant	Codium
Abondance du taxon dominant	694
Proportion du dominant (%)	10.8
Indice de Shannon	4.341
Indice de Simpson	0.973
Équitabilité de Pielou	0.879
Inverse Simpson	37.34

Pielou moyen (0.89) bonne équitabilité mais imparfaite : pas de dominance mais des taxons majoritaires
Taxon majoritaire : Codium (algue verte) contribue à 11 %

ALGUES (Béniguet) – Coquilles »Bronze «

1_2 C Courbe rang–abondance (ou *rank–abundance curve*, courbe de Whittaker

Échelle logarithmique

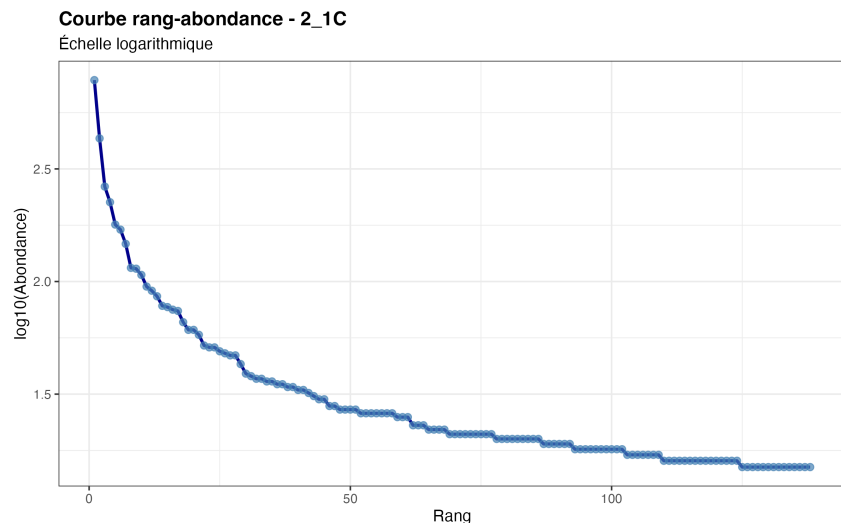


Métrique	Valeur
Metadata: Type	Shell
Metadata: Lieu	Beniguet
Metadata: Age	Neo_recent
---	---
Nombre total de séquences	8431
Nombre de taxons détectés (brut)	417
Nombre de taxons présents (≥ 15 seq.)	140
Taxons filtrés par le seuil	277
Abondance moyenne par taxon	46.09
Taxon le plus abondant	Codium
Abondance du taxon dominant	694
Proportion du dominant (%)	10.8
Indice de Shannon	4.341
Indice de Simpson	0.973
Équitabilité de Pielou	0.879
Inverse Simpson	37.34

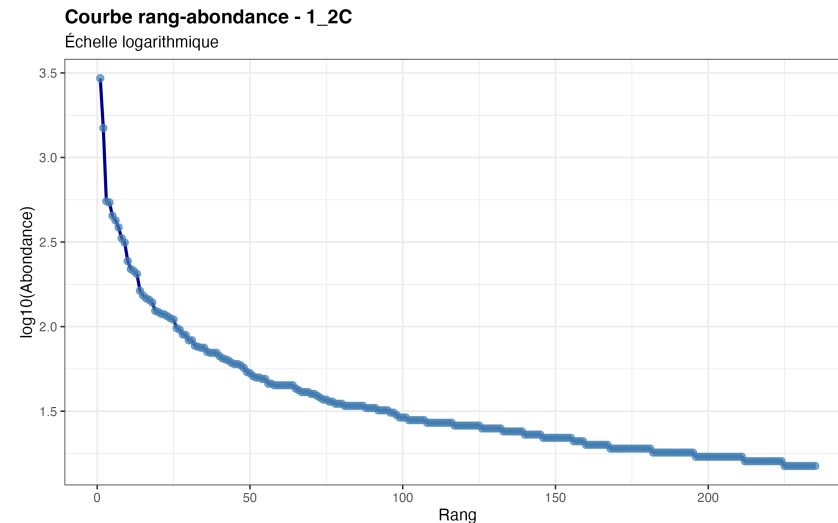
Axe X : rang des taxons (≈ 130 – 140 taxons)

Inverse Simpson : 37,34 (équivalent à un effectif) : environ 37 taxons » équi-abondants «

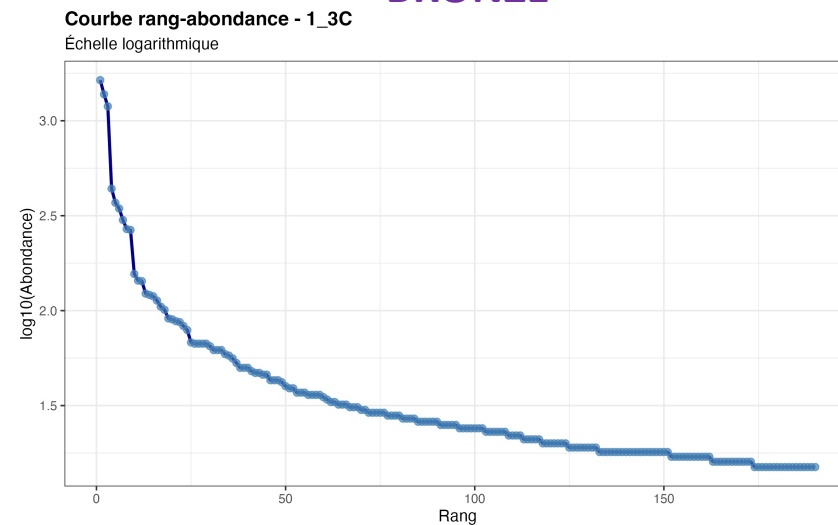
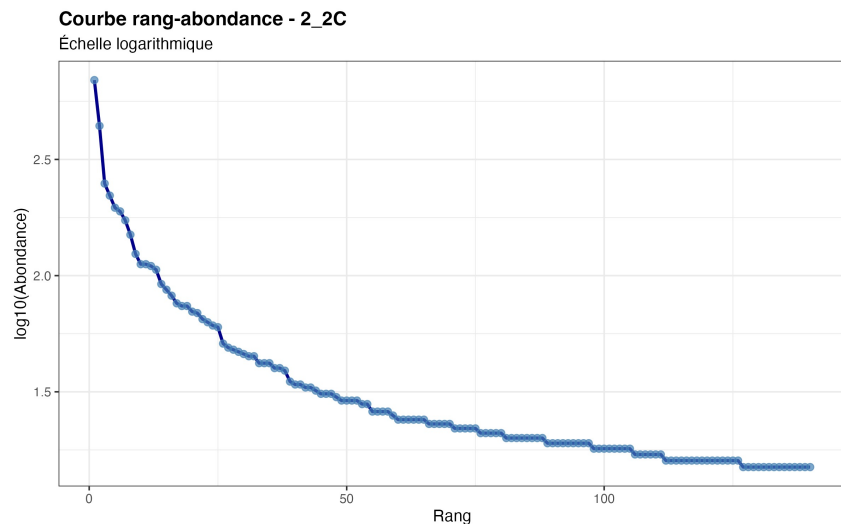
ALGUES (Béniguet) – Courbe de Whittaker des coquilles



NEO



BRONZE



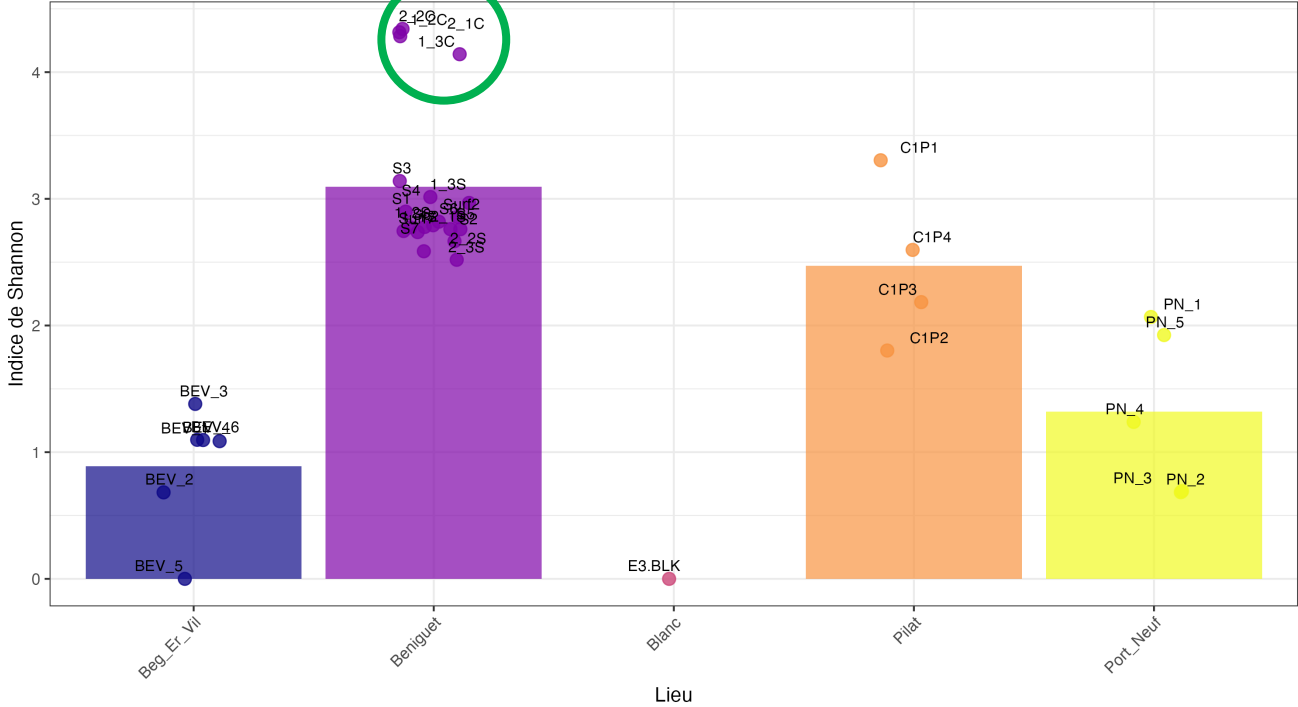
Le contenu en algues est plus **équilibré** au néolithique avec un répartition « naturelle »

Les effets de **dominance** observables au bronze suggèrent une **zone productive, un apport ou un système ouvert**

Comparaison des sites : Diversité

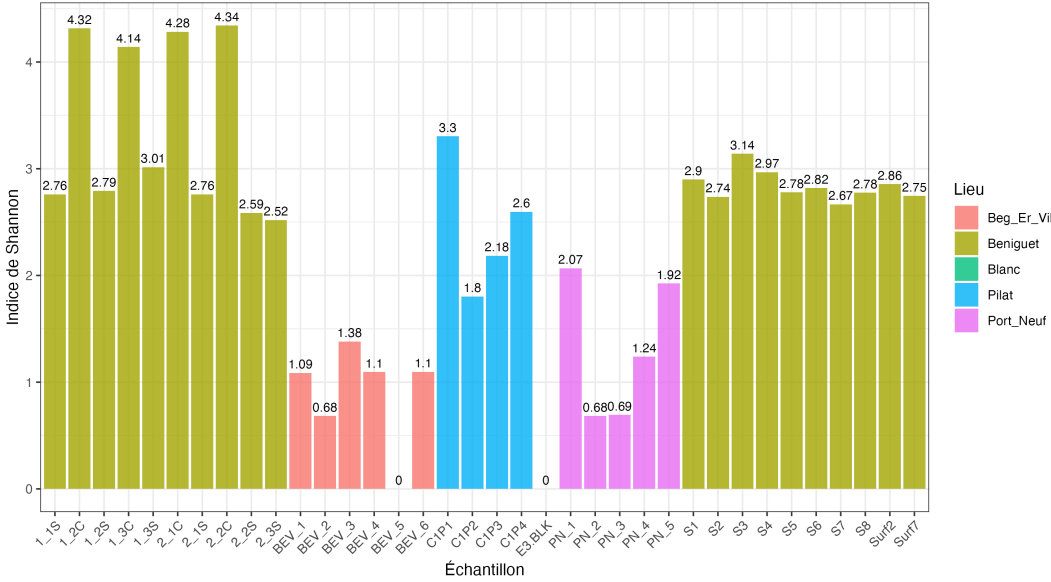
Indice de Shannon par lieu

Seuil de présence ≥ 15 séquences



Indice de Shannon par échantillon

Seuil de présence ≥ 15 séquences



Beniguet : Site le plus riche avec

Richesse en algues plus importante dans les coquilles

Richesse des sédiments dans coquilles et sédiments en bloc équivalentes (déjà observé pour mollusques)

Richesse variable mais significatif pour le Pilat

Richesse faible et hétérogène pour Bev et PN

Richesse en algues plus importante dans les coquilles ?

Dans les coquilles de *Patella* spp., on observe une forte proportion d'ADN algal, notamment de macro-algues (ex. *Fucus*, *Codium*, *Ulva*, *Gracilaria*), par rapport aux sédiments environnants

Plusieurs éléments d'explication possible : **1- APPORT ALIMENTAIRE DIRECT**

La patelle est un brouteur qui consomme des macroalgues brunes intertidales comme le *Fucus* spp.

Sur de nombreuses côtes abritées, *P. vulgata* s'agrège autour des peuplements établis de *Fucus vesiculosus*, et des « marques de morsures » sont visibles sur les frondes des algues. Les frondes sont souvent beaucoup plus courtes que prévu, ce qui correspond au fait que leurs extrémités sont directement broutées par les patelles voisines (Davies et al. 2007, Davies et al. 2008, Notman et al, 2016).

Lorenzen (2007) a également observé *P. vulgata* se nourrir de macroalgues échouées pendant les périodes d'émersion, et les résultats d'analyses isotopiques stables provenant de plusieurs sources fournissent des preuves solides suggérant que les macroalgues pourraient être une source de carbone organique plus importante pour *P. vulgata* qu'on ne le pensait auparavant (Campbell 2004, Riera et al. 2009, Schaal et al. 2010, Notman 2011).

Richesse en algues plus importante dans les coquilles ?

2- Cet apport alimentaire entraine une accumulation locale d'ADN d'algues sur la coquille

3- Il y une accumulation locale d'ADN alimentaire sur la coquille

Les coquilles de patelles sont composées de carbonate de calcium, connu pour adsorber fortement l'ADN intra et extracellulaire (Der Sarkissian, 2017).

Cela favorise la rétention à long terme de l'ADN algal.

Macro - Algues dans coquilles



Néolithique 2_1 et 2_2

Même régime alimentaire pour les deux coquilles :

Codium en majorité

Fucus

Pas d'Ulva

Saisonnalité ?

Disponibilité ?

codium fixé / ulva libre

Préférence alimentaire ?



Ulva



Codium



Fucus

Macro - Algues dans coquilles



Bronze 1_1 et 1_2

Régime alimentaire différent pour les deux coquilles :

Coquille 2 :

Fucus en majorité
Codium
Pas d'Ulva

Coquille 3 :

Codium en majorité
Ulva
Pas de fucus

Saisonnalité ?

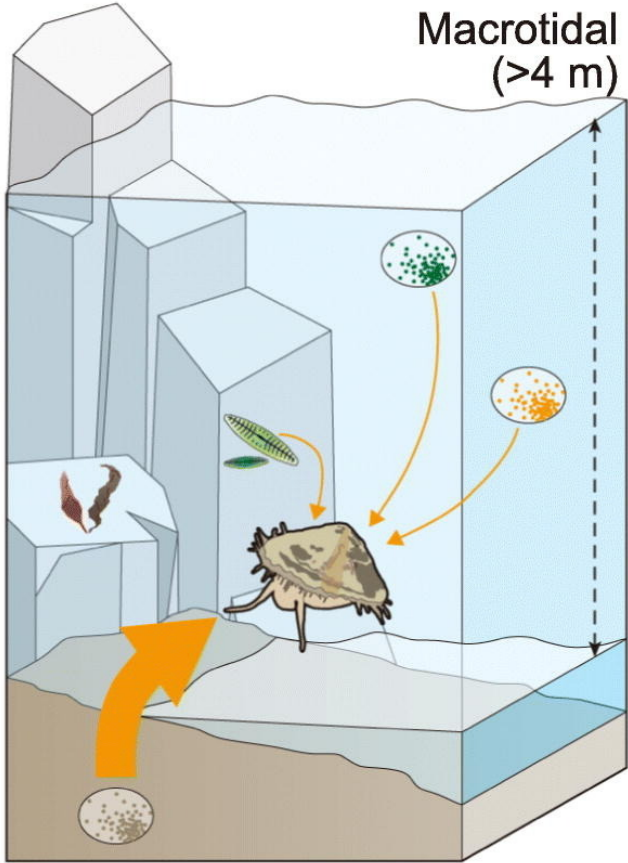
Disponibilité ?
 Préférence alimentaire ?



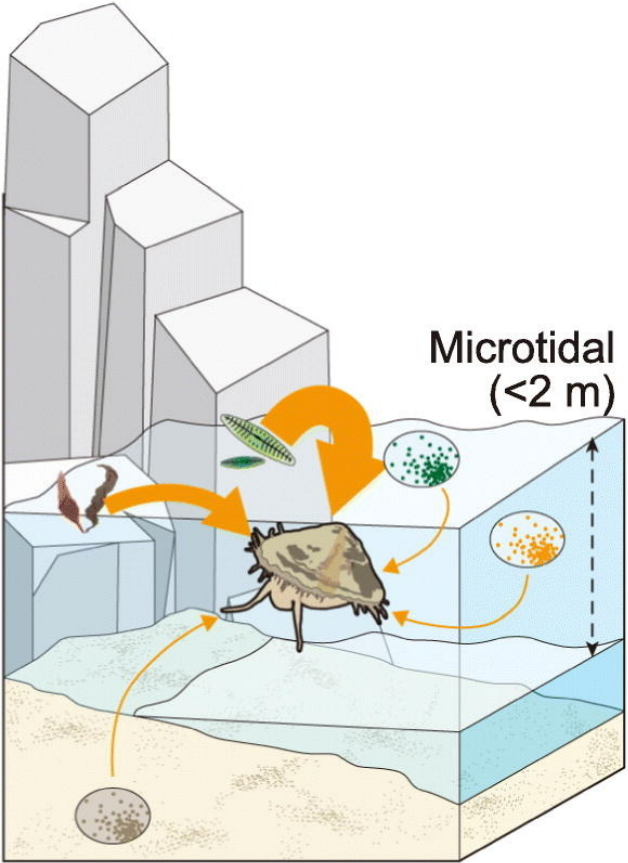
Macro - Algues dans coquilles

Lien avec l'habitat (Kim et al, 2024) : consommation principale de flore benthique (fixée)

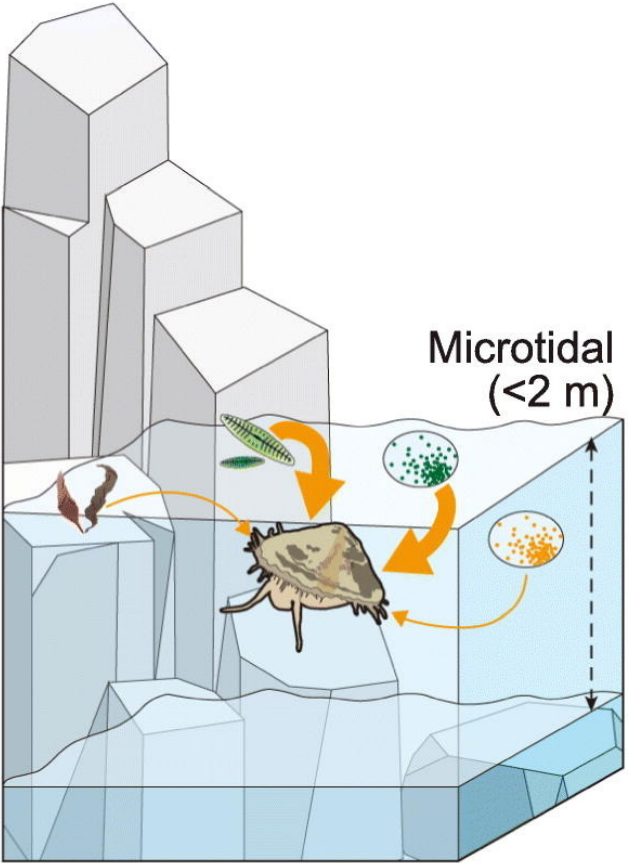
Tidal flat - SOM



Beach - Benthic flora



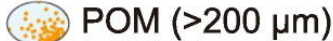
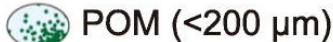
Bedrock - Microalgae



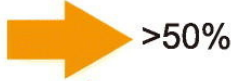
Limpet



Food source

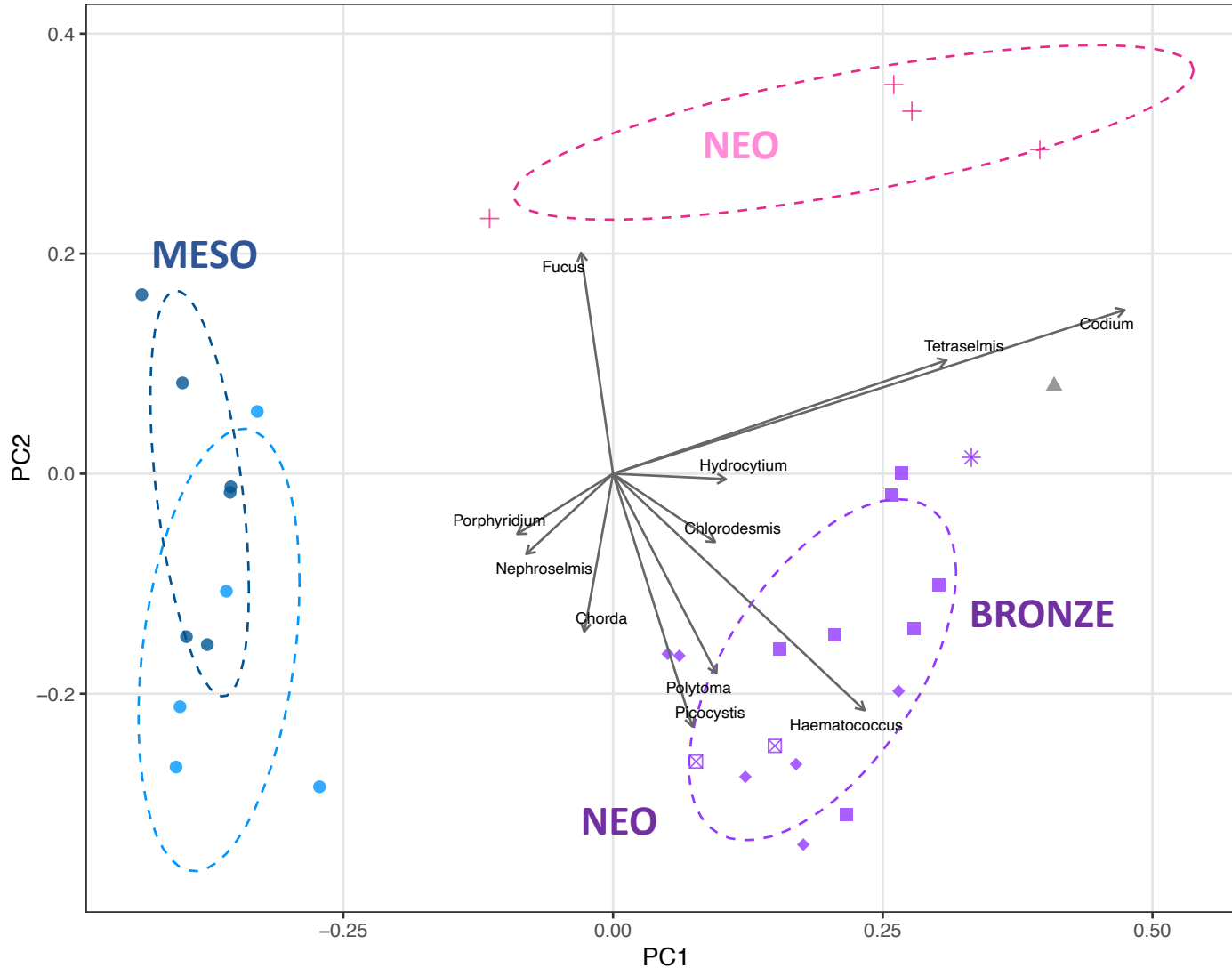


Food source contribution



Taxons d'algues différenciant les sites dans les sédiments (hors coquilles)

PCA / RDA non contrainte



Age

- Meso
- ▲ Blanc
- Bronze
- + Neo
- ⊠ Neo_anc
- * Neo_camp
- ◆ Neo_recent

Lieu

- Beg_Er_Vil
- Beniguet
- Pilat
- Port_Neuf

Séparation selon l'âge (PERMANOVA)

Permutation test for adonis under reduced model
 Permutation: free
 Number of permutations: 999

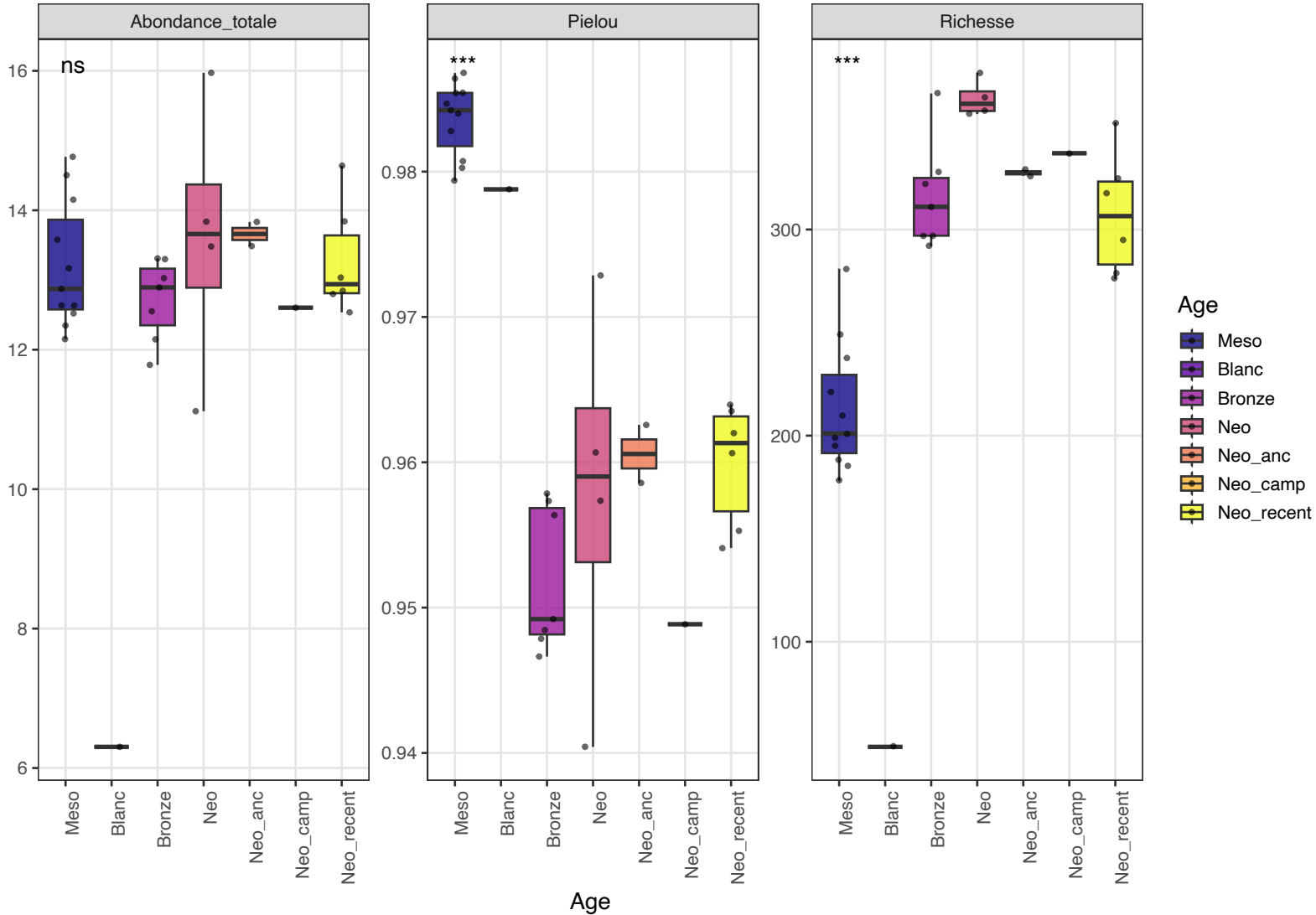
```
adonis2(formula = dist_mat ~ Age, data = meta_no_shell, permutations = 999)
      Df SumOfSqs    R2      F Pr(>F)
Model  6  0.97256 0.46066 3.5588  0.001 ***
Residual 25  1.13869 0.53934
Total  31  2.11125 1.00000
```

46 % de variance expliquée par l'âge (mésos / néos / bronzes ...)

$p < 0.01 = \text{statistiquement significative}$

Cas des échantillons « méso »

Richesse, Abondance et Pielou par âge



Après normalisation:

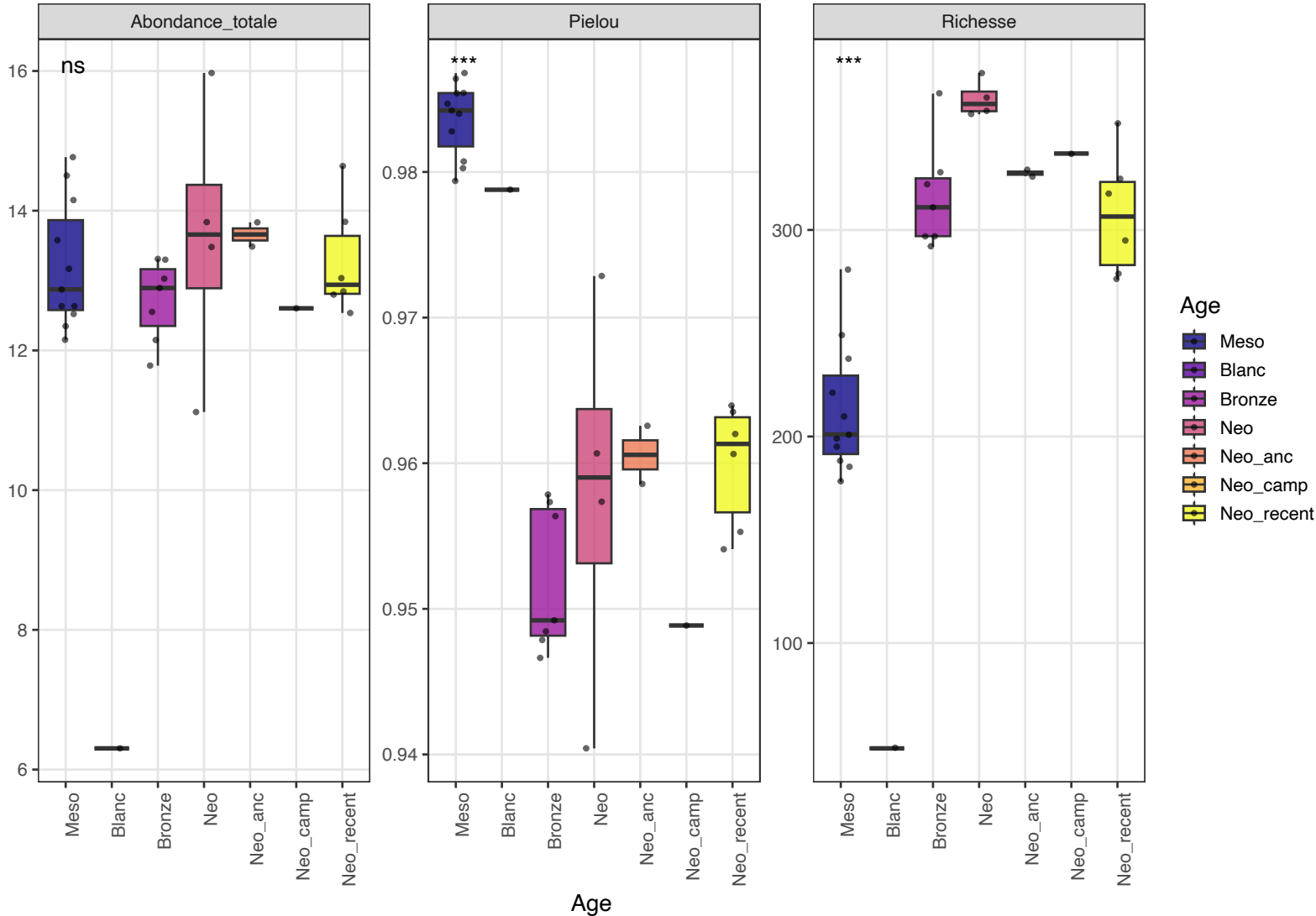
Pas de différence d'abondance (ns)

Forte d'équitabilité. Pas de dominance
*Pielou proche de 1 ****

Forte perte de richesse ***

Cas des échantillons « méso »

Richesse, Abondance et Pielou par âge



Explications :

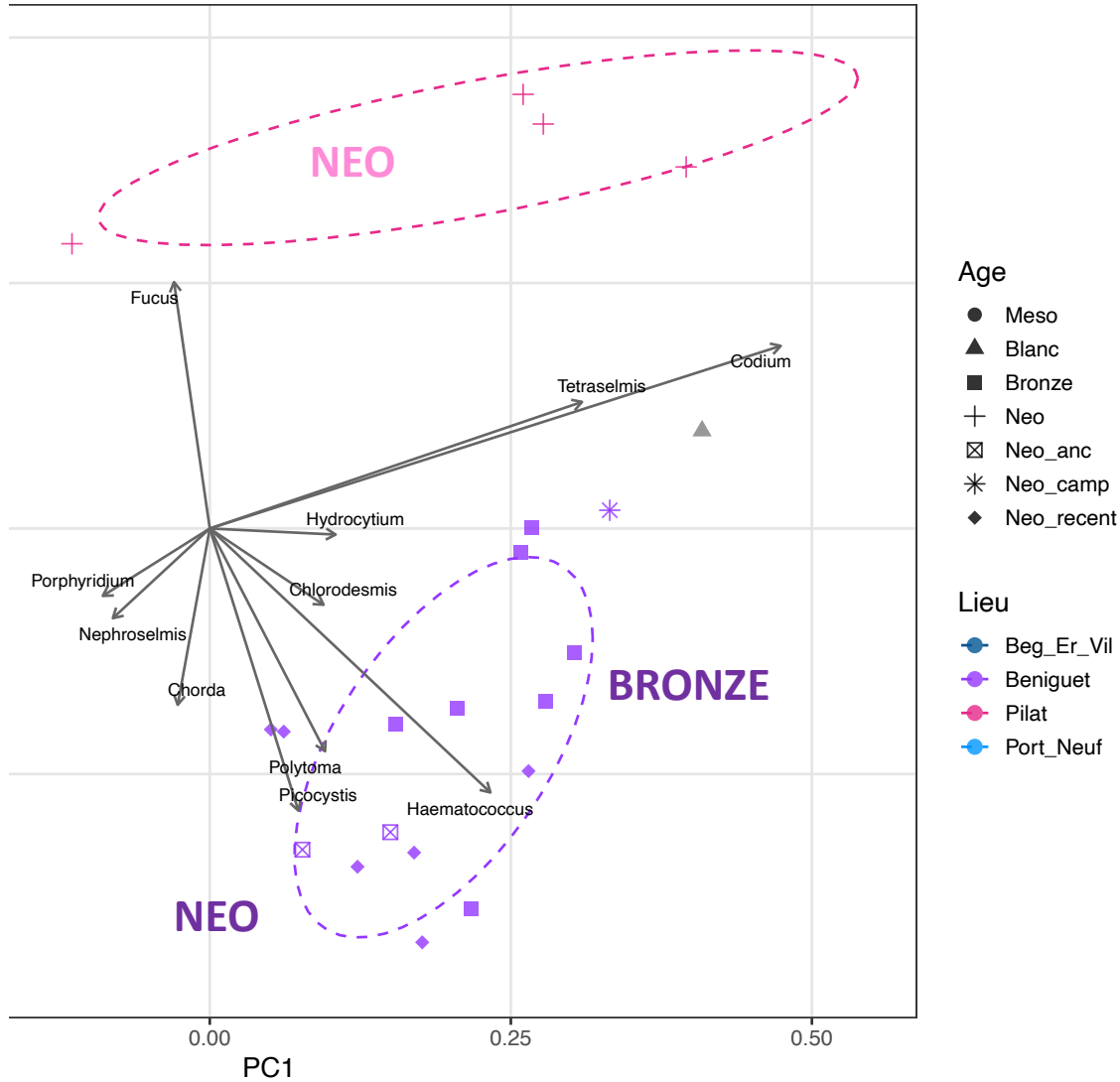
Conditions naturelles
(température, salinité, nutriments...)
moins favorable ?

Moins d'espèces

Anthropisation
(cueillette, apport agricole)
Déséquilibre population ?

- Taxons dominants
- Richesse « introduite »

Cas des échantillons « Neo/Bronze » - Pilat versus Beniguet

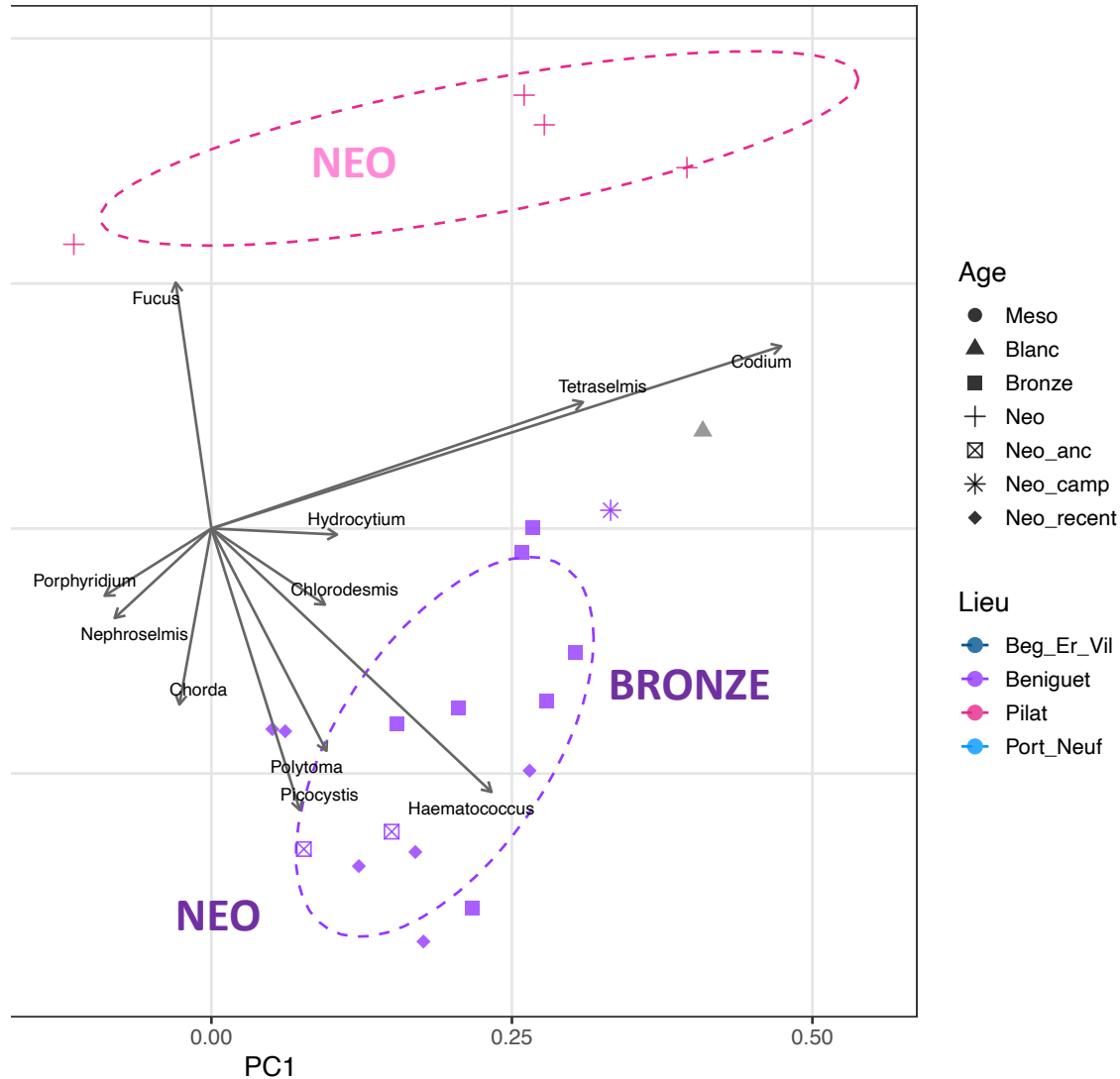


Différences sur microalgues

	stat	p.value	
Berkeleya	0.874	0.004	**
Isochrysis	0.858	0.008	**
Ascoseira	0.838	0.019	*
Palisada	0.829	0.036	*
Limnomonas	0.824	0.041	*
Phyllymenia	0.820	0.045	*
Cymathaere	0.643	0.044	*



Cas des échantillons « Neo/Bronze » - Pilat versus Beniguet



Berkeleya (Diatomée benthique)

Vit dans les zones côtières, eaux saumâtres

Rôle clé comme colonisateur précoce et formateur de blooms dans les zones côtières

Pourquoi plus au Pilat ?

Zones saumâtres

Sédiments fins : Vases favorables aux diatomées benthiques

Faible hydrodynamisme : Permet formation de biofilms épais

Bretagne = courants trop forts, substrats grossiers

Conclusion sur les algues

Information sur les régimes alimentaires des coquilles (saisonnalité de pêche ?)

Informations sur les milieux « naturelles » versus anthropiques

Informations sur l'écologie des sites

A poursuivre

CREATION BASE DE DONNEES PLASTES

Bases de données chloroplastes 2026

Simplification Beniguet

Bronze ancien TR1

Surf7
S7
1.1
1.2
1.3

Néo
Campaniforme
S8

TR1

TR2

USX1

1.1
1.2
1.3

Surf7
S7
S8

S1
S4

Bronze ancien TR2

S1
S4

USX2

USX3

Surf2
S2
S3

2.1
2.2
2.3

Néo récent TR2

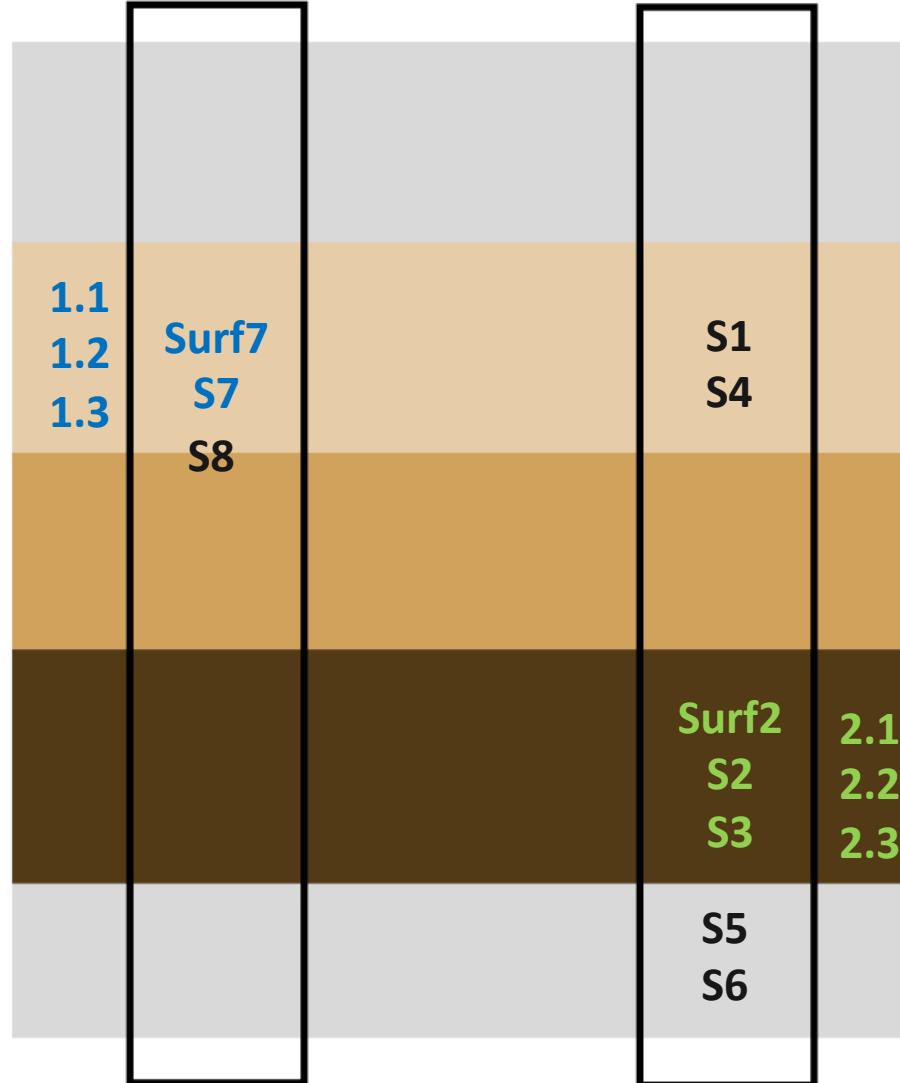
Surf2
2.1 / 2.2 / 2.3
S2/ S3

USX4

S5
S6

Néo ancien TR2

S5
S6



Site mésolithique : Beg Er Vil

Plantes de cueillette

Raphanus sp (radis sauvage)

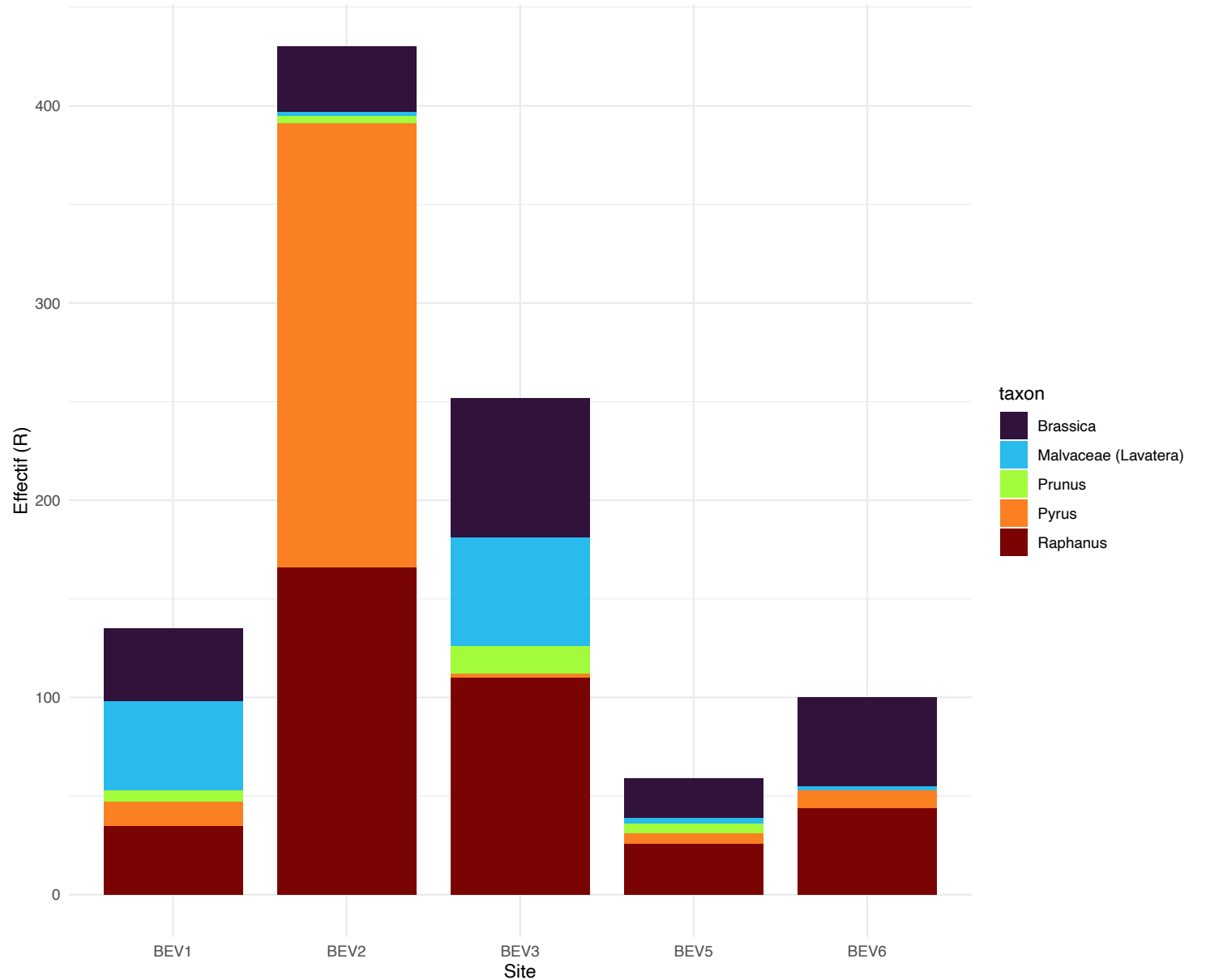
Brassicaceae sauvages

Malvaceae (Lavatera) usage médicinal ?

Prunus et *Pyrus*

Aucune plante cultivée

Ces plantes reflètent un paysage exploité



Site mésolithique : Port Neuf

Plantes de cueillette

Lolium (ivraie)

Vicia (vesce) et Lathyrus (gesse)

Rosa (rosier sauvage, églantier)

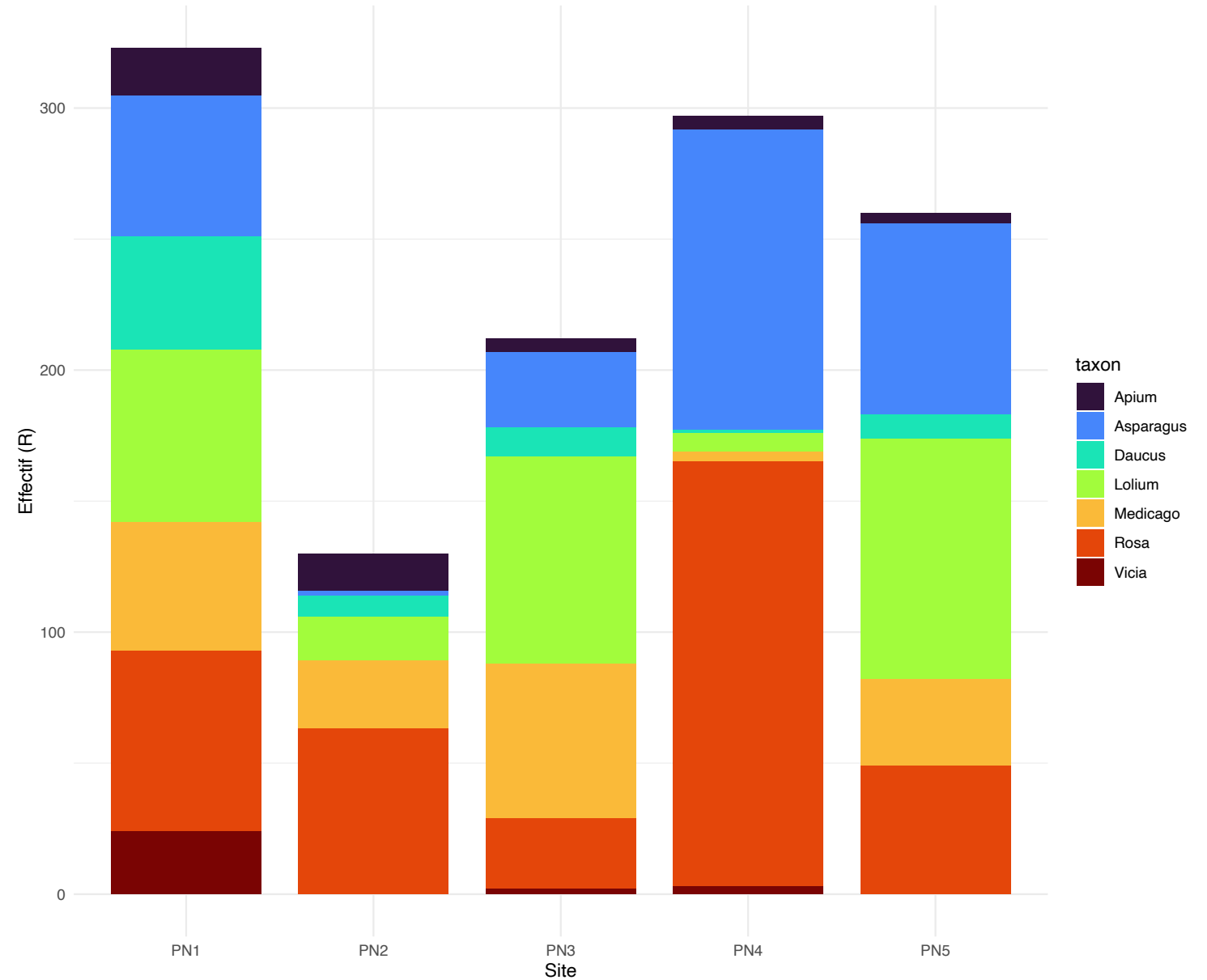
Daucus (carotte sauvage)

Asparagus (Asperge sauvage)

Apium : (ache sauvage).

Trifolium (trèfle) et Medicago (luzerne/trèfle)

Ces plantes reflètent un paysage exploité



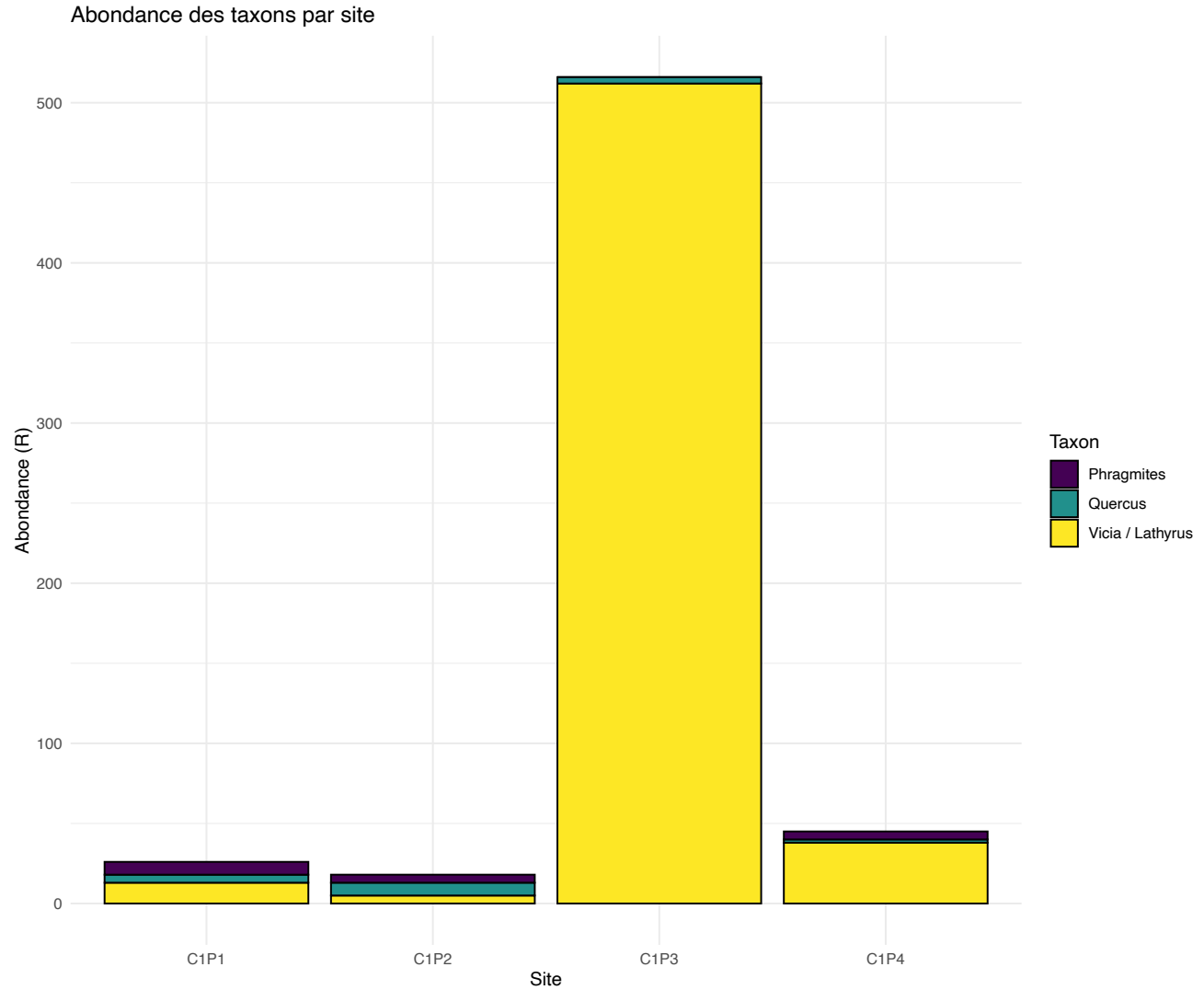
Site néolithique : Dune du Pilat

Peu d'ADN de plantes avec plastes ?

Legumineuses
Phragmites
Quercus

Conditions écologiques extrêmes :

Taphonomie défavorable



Beniguet

Raphanus & Brassica

→ plantes opportunistes / adventices cueillies.

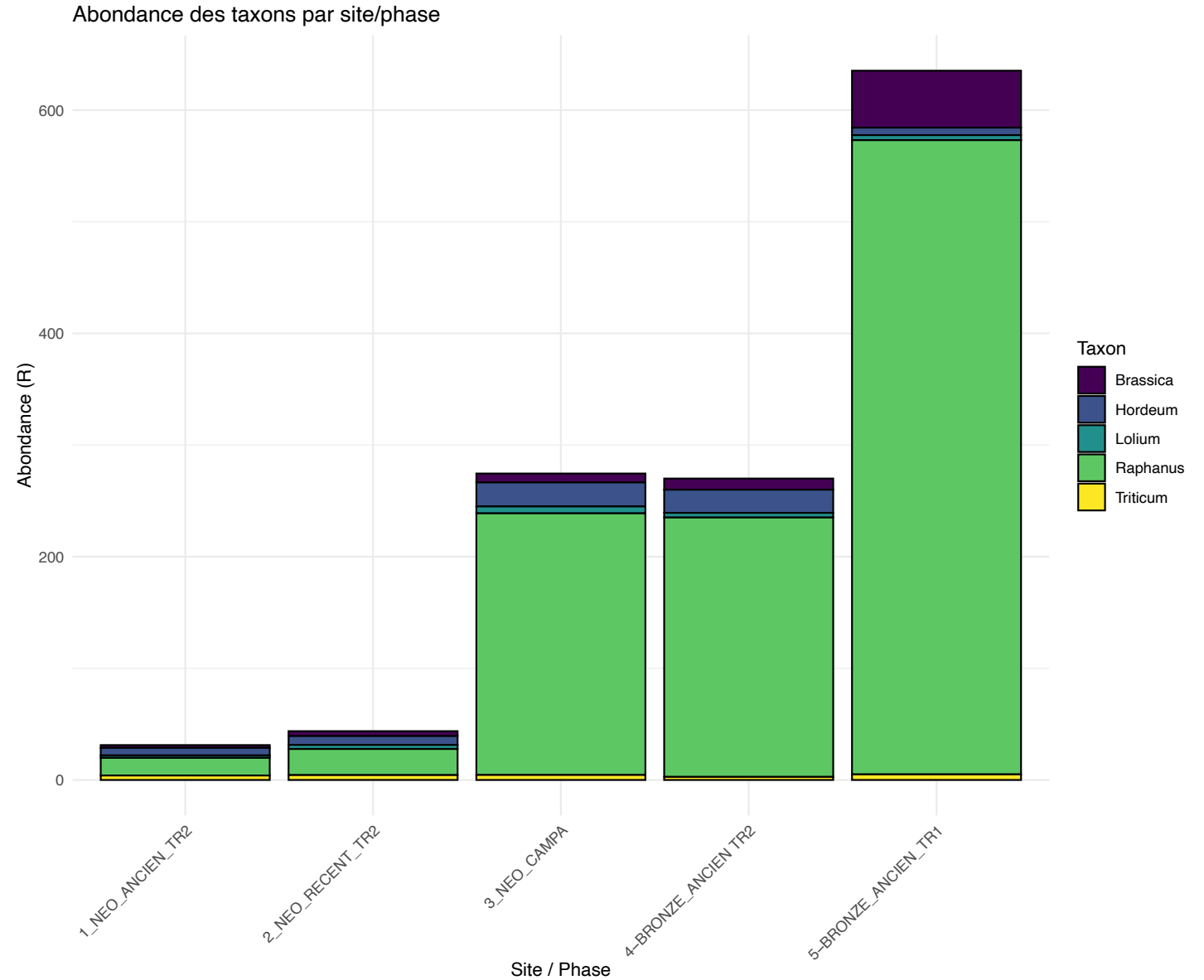
Hordeum & Triticum

→ céréales domestiquées, culture organisée

Lolium → adventice associée aux céréales

Nouveau signal plantes cultivées

Hordeum & Triticum



ETUDES

4 sites :

Beniguet (Sealex)

Beg-Er-Vil

Port Neuf

Dune du Pilat

Etude de 4 compartiments :

Mollusques

Algues

Plantes

Microbiome

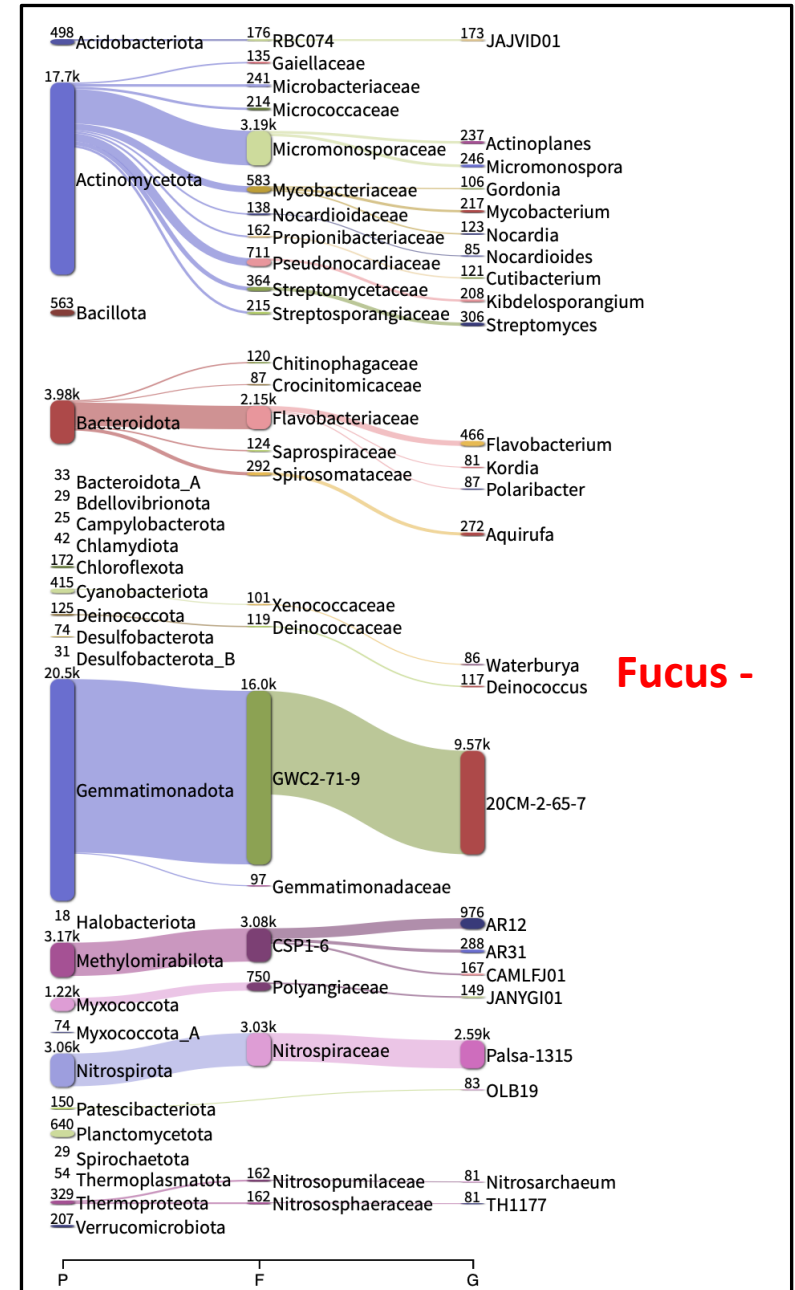
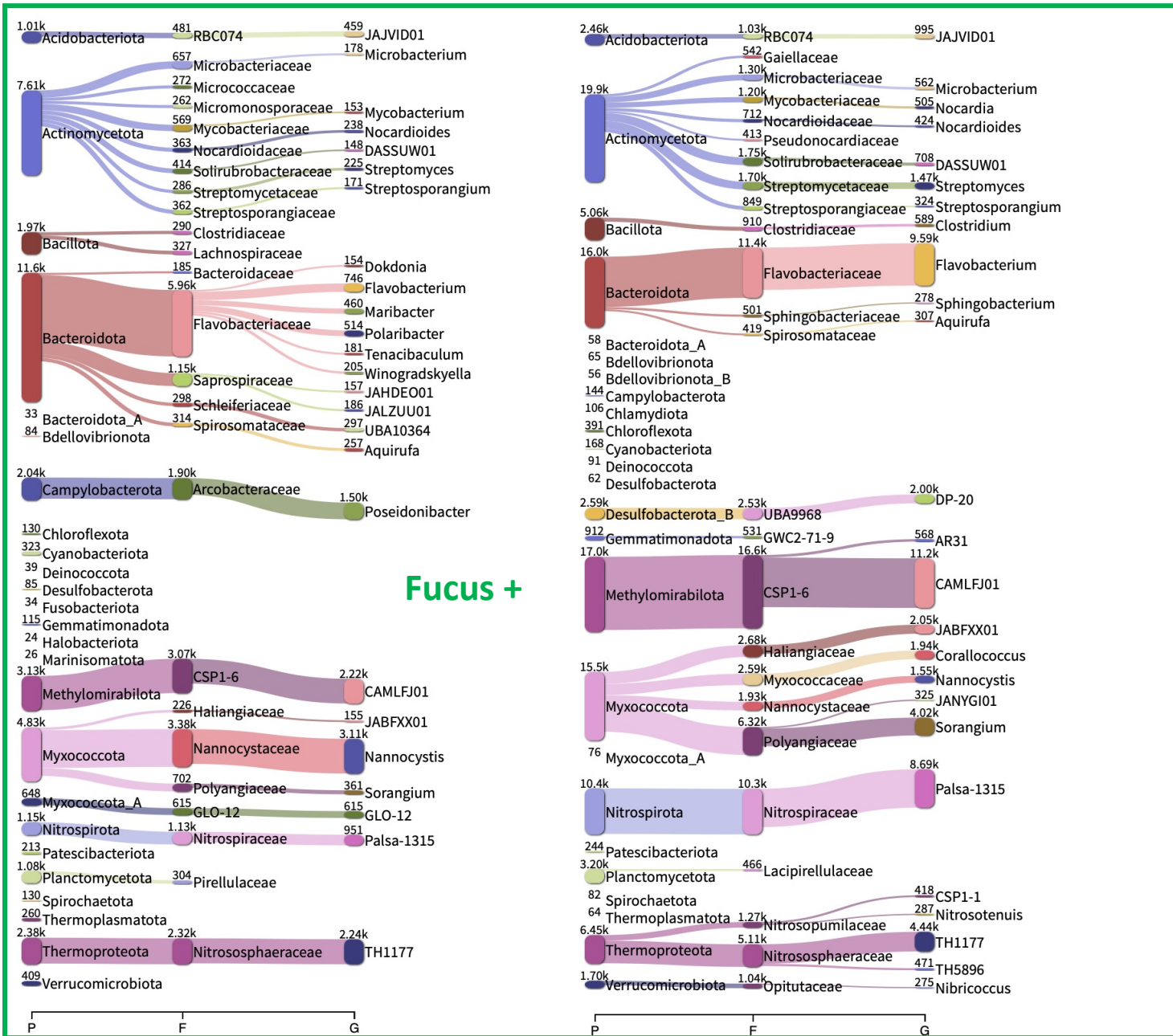


Exemple microbiome associé aux patelles vivantes

Kiloniella majae : isolé de branchies de palourdes (Gerpe et al, 2017).

Poseidonibacter sp. : isolé d'intestins de coquillages (Baek et al, 2023)

Microbiome dans coquilles (2 régimes alimentaires cf dia précédente)



Microbiome associé aux algues et biofilms consommés par les patelles

Diet microbiome (Fucus)

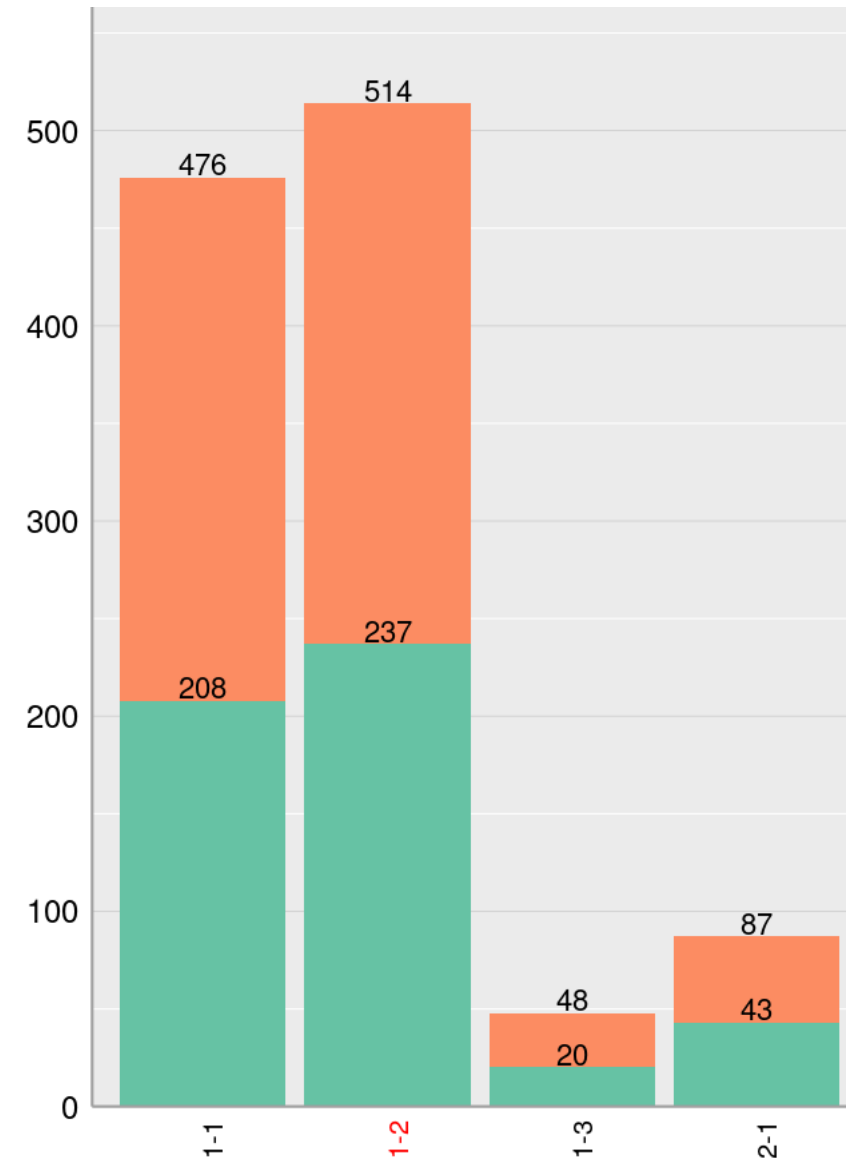
Fucus extrêmement riches en DMSP :
molécule organosulfurée

Exemple : *Polaribacter*

Dégradation de polysaccharides algaux
(fucoïdanes, laminarine, alginate)

Dégradation de DMSP, fournit carbone et
soufre assimilable

Participe au recyclage des composés
organiques libérés par Fucus et autres algues
brunes



Microbiome associé aux algues consommées par les Patelles

Flavobacteriaceae marines

(*Zobellia*, *Dokdonia*, *Winogradskyella*, *Maribacter*) qui dégradent les polysaccharides d'algues brunes et rouges consommées par les patelles

Cyanobactéries

(*Rivularia*, *Phormidesmis*, *Waterburya*), composantes principales des biofilms épilithiques, que les patelles consomment activement en raclant sur les rochers.

Kiloniella

microbiome des algues littorales, participe à l'équilibre microbien et à la protection de l'algue contre pathogènes

Microbiome des coquilles (hors alimentation)

Kiloniella majae : isolé de branchies de palourdes (Gerpe et al, 2017).

Poseidonibacter sp. : isolé d'intestins de coquillages (Baek et al, 2023)

Microbiome des sédiments, biofilms et eaux marins côtiers

Shewanella : Courante dans les zones de transition oxique / anoxique. Sédiment marin peu oxygéné (Hau & Gralnick, 2007)

Palsa-1315 : (MAG clade Nitrospiraceae), colonise et dénitrifie le substrat benthique. Fernandez-Guerra et al (2025)

Aquirufa : Zones littorales marines peu profondes, biofilms sur roches ou surfaces submergées

Dongia_A : (MAG clade Bacteroidetes) : commensal ou opportuniste dans **biofilms algaux** ou sur surfaces submergées

ETUDES

4 sites :

Beniguet (Sealex)

Beg-Er-Vil

Port Neuf

Dune du Pilat

Etude de 4 compartiments :

Mollusques

Algues

Plantes

Microbiome

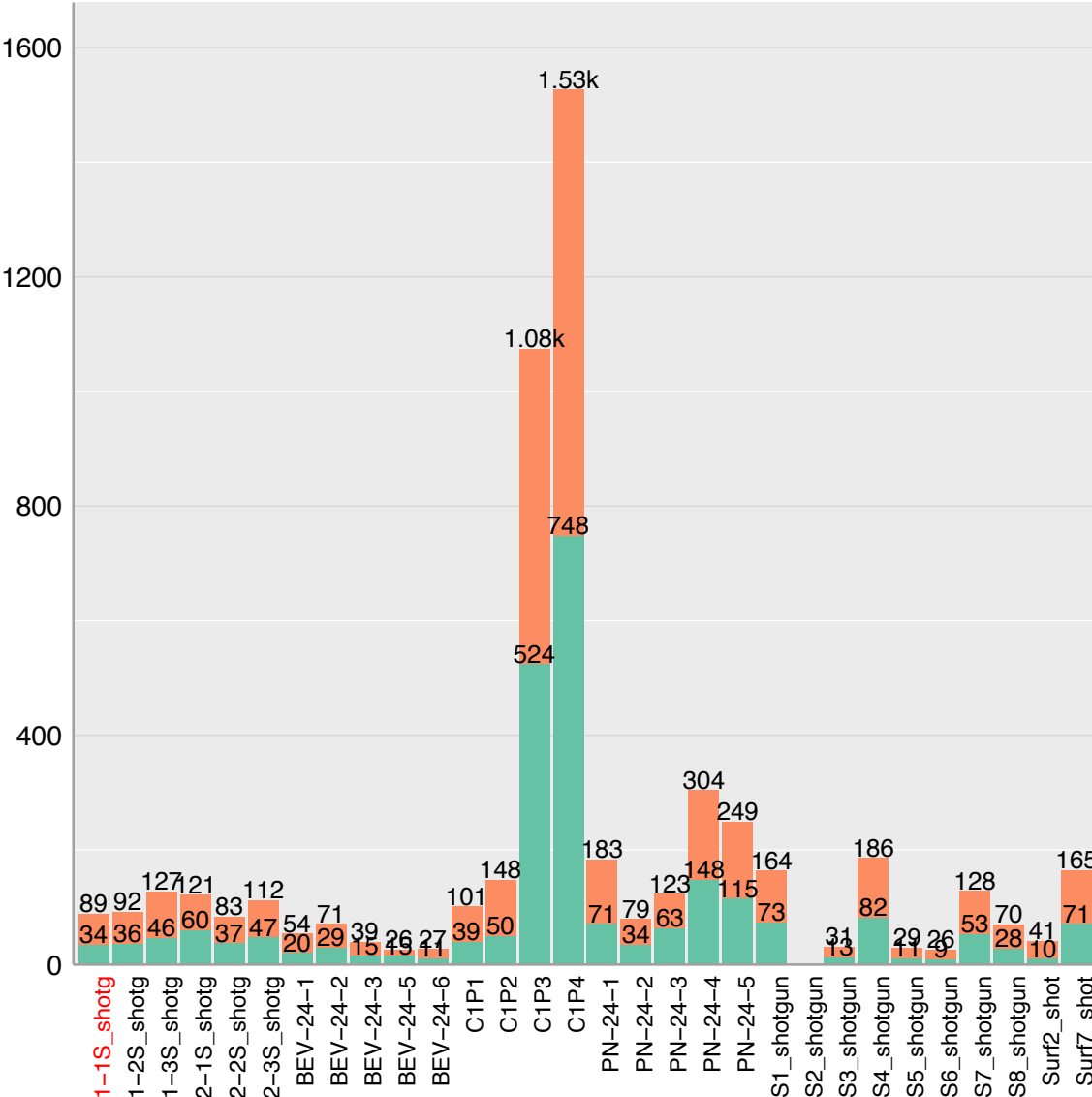
Microbiome du sol associé aux plantes

Bradyrhizobium :

Fixation d'azote chez légumineuses associées

Symbiose avec Vicia

-> au Pilat

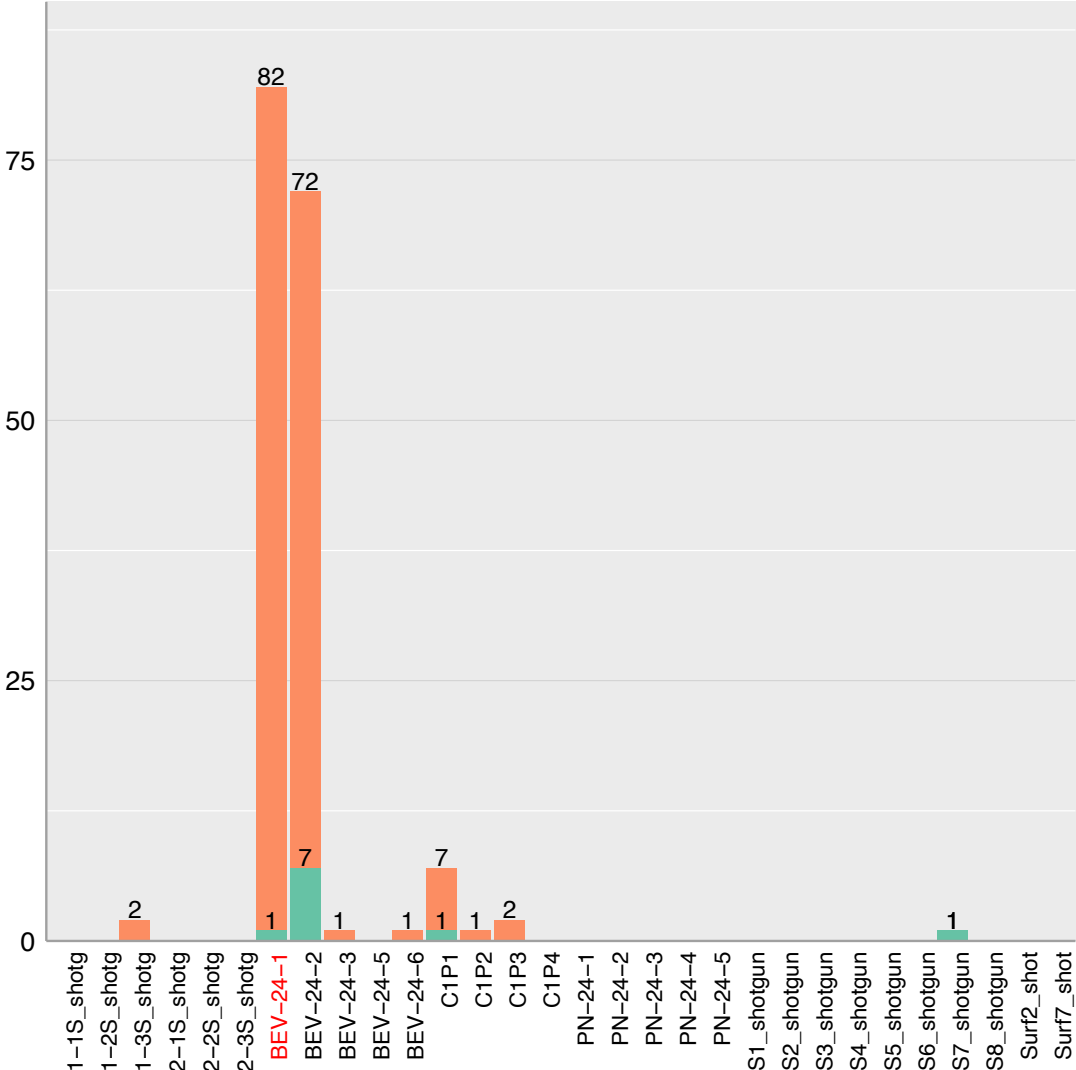


Microbiome témoinant de « submersion »

Limnobacter :

Microbiome de sédiments ou surfaces submergées

-> Beg Er Vil



Conclusion sur les microbiotes

1- Information écologique

Décomposition de matière organique et recyclage des nutriments (C, N, P, S).

Formation et stabilisation des sols par biofilms et agrégats microbiens.

Actualisme (conditions physico-chimiques)

Archéologie et paléoécologie : reconstruction des pratiques agricoles et de l'usage des sols.

2- Anthopisation-Néolithisation

Sols riches en microbiotes favorisent **céréales et légumineuses**

Suivi des microbiotes pouvant indiquer **impact des pratiques humaines anciennes** (défrichage, fumure, pâturage).

3. Présence ou absence d'animaux

La faune (vers de terre, insectes, herbivores) modifie la structure et diversité du microbiome.

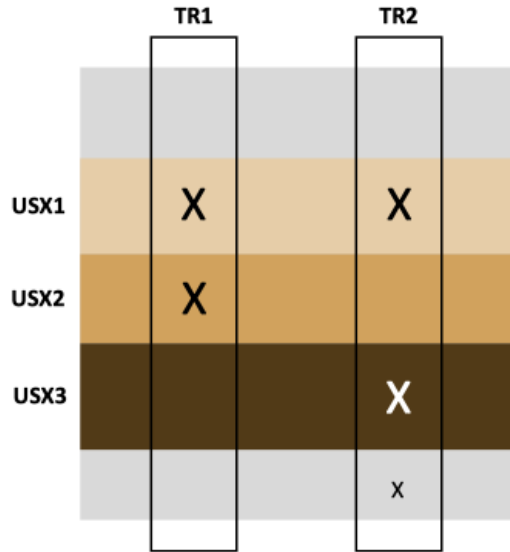
Fertilisation et amendements : traces de microbiotes associés aux excréments animaux (Clostridium, Bacteroides)

4. Microbiotes en associations avec coquilles, algues et consortia



Détection de la faune dans les échantillons

Echantillons étudiés à Beniguet



USX1: 2000-1800 BC (bronze ancien)

USX2: 2200-2000 BC

USX3: 2500-2200 BC (néolithique final/ campaniforme)

X: unité stratigraphique échantillonnée

-> Sédiments en bloc

Deux boîtes par niveau= pooler?

	S5	S6	S2	S3	S8	S7	S1	S4		Surf2	Surf7
US x	4	4	3	3	1 ou 2	1	1	1		3	1
TR	2	2	2	2	1	1	2	2		2	1
carré	/	/	C2	C2	/	/	C3	C3		/	/
datations	Néo. Ancien à Néo. récent		Néo. final/ Campaniforme		Bronze ancien (4100-3800 cal. BP)						

-> Sédiments dans les coquilles (en cours)

Échantillons :

Coquilles patelles : 8 coquilles :

- TR1 : 2 niveaux (USX1 et USX2) x 2 patelles par niveaux

- TR2 : 2 niveaux (USX1 et USX3) x 2 patelles par niveaux

-> ADN des coquilles (en cours)

Méthodologie pour la faune

1) Blast contre base de donnée ciblée sur le groupe d'étude
(critères: evalue: 10^{-5} , percent-id >90%, query-cover > 90%)

2) Blast des séquences récupérées contre la NT
(critères: evalue: 10^{-5} , percent-id >90%, query-cover > 90%)

3) Parsing et contingences

Attribution à un taxon de manière conservative, Si ambiguïté=> rang supérieur
=> comptage par taxon + rang taxonomique

4) Validation à posteriori selon les critères suivants:

Absence dans les blancs

≥ 5 reads dans au moins un échantillon

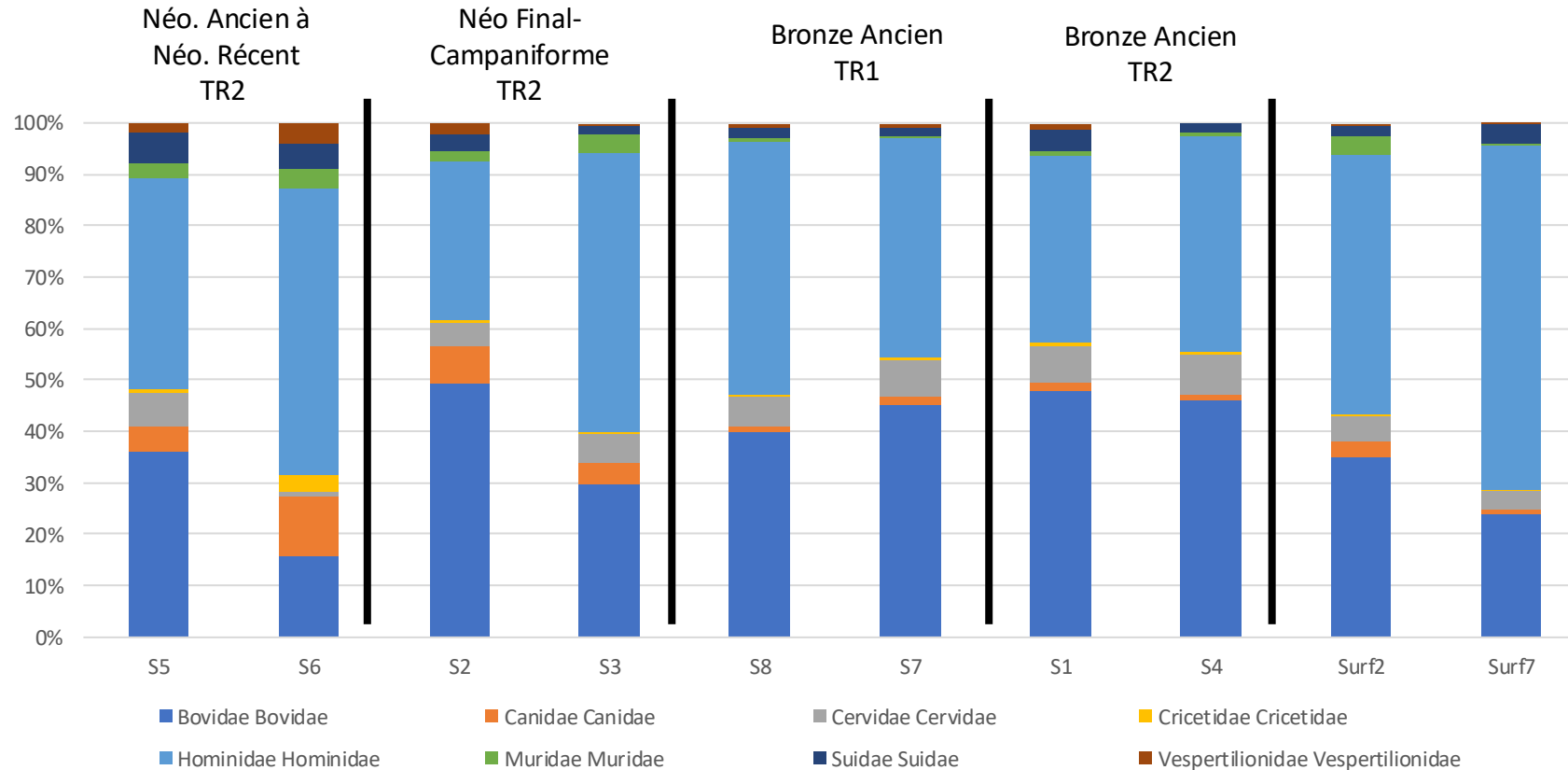
ET présent dans ≥ 3 échantillons

ET total ≥ 20 reads

-> a) à l'échelle de la famille

-> b) à l'échelle du genre au sein des familles précédemment validées

Les mammifères identifiés à Beniguet

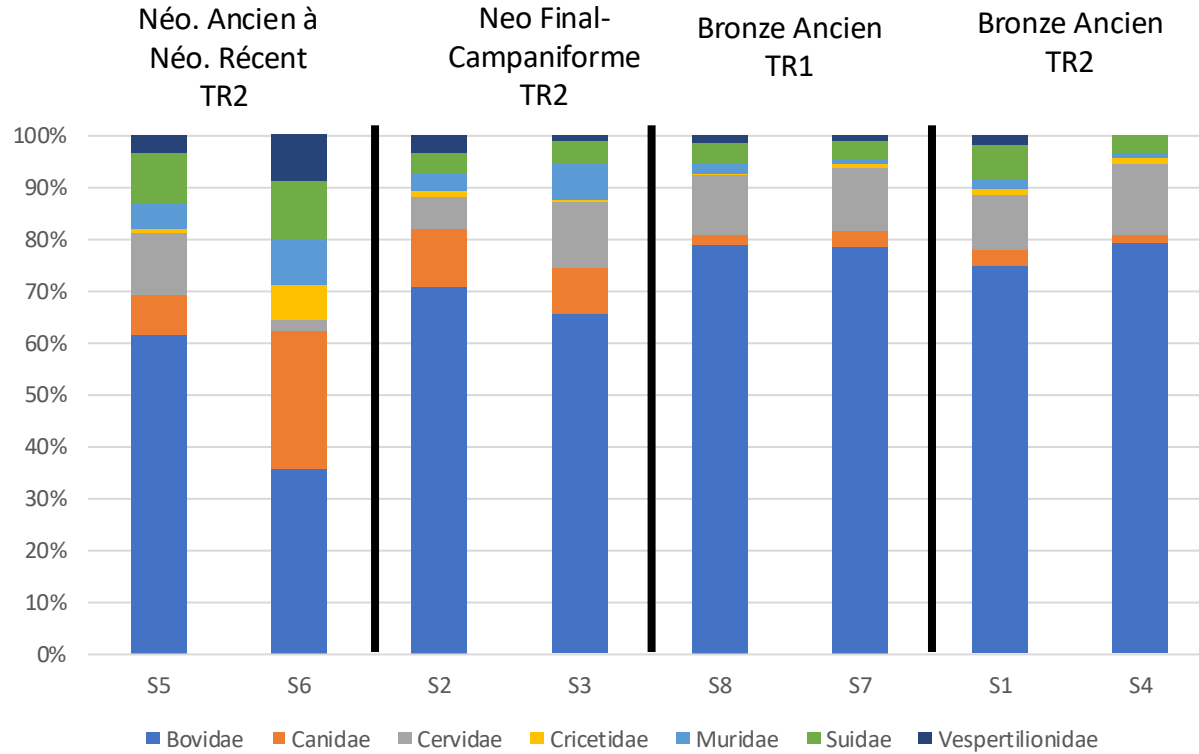


Huit familles de mammifères

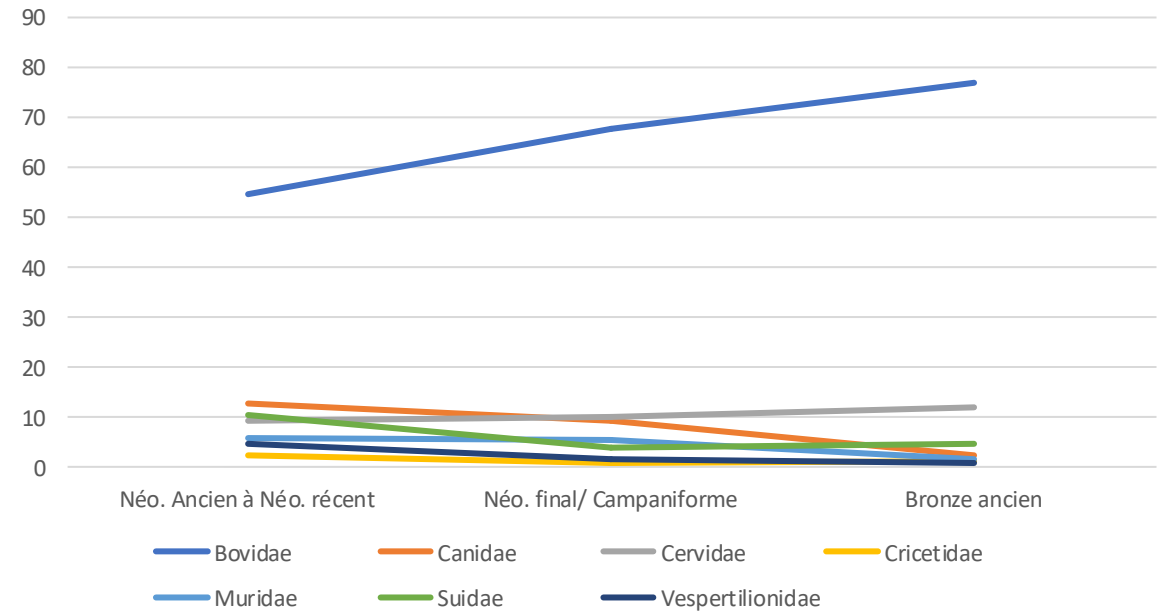
Homme et Bovidae sont majoritaires

« répliqués »(?) => se comportent différemment, proposition de pool si cohérence?

Proportion des mammifères (non humains) à Beniguet



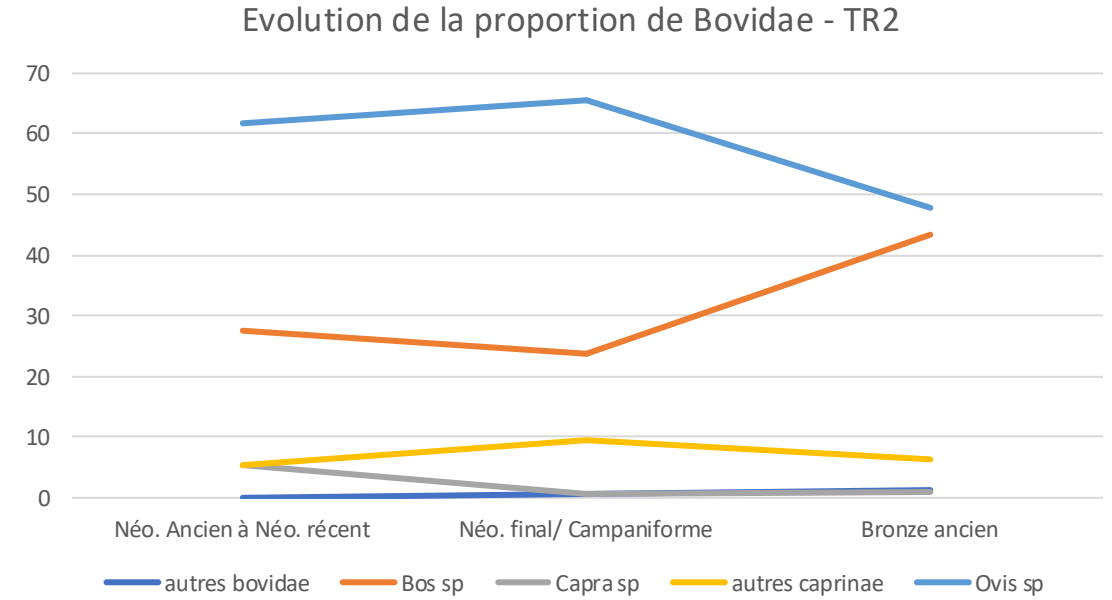
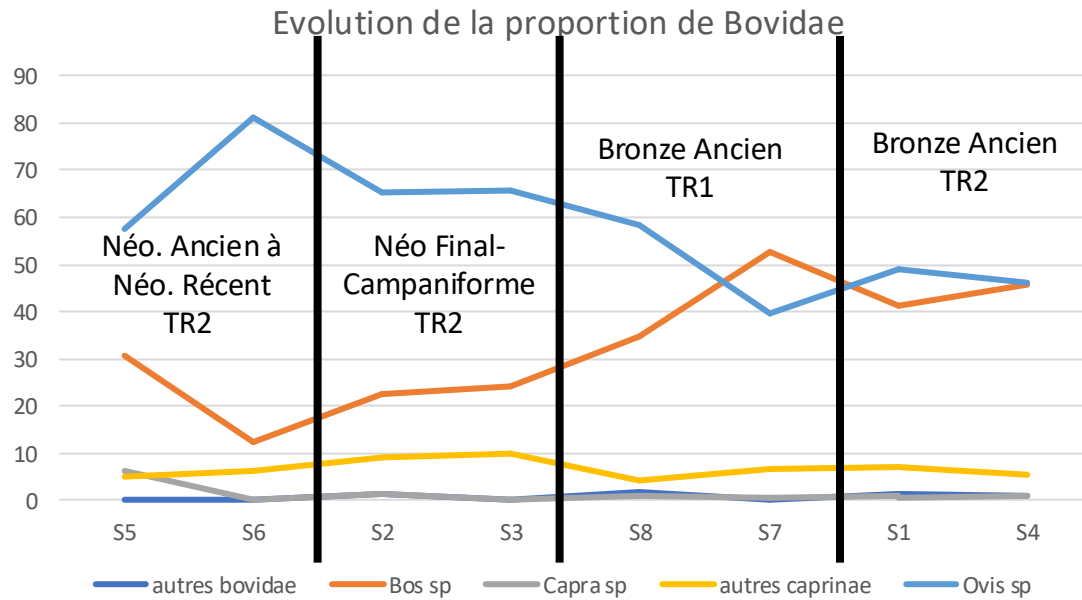
Evolution de la proportion de mammifères - TR2



* TR2: Pool de S5-S6 / S2-S3 / S1-S4

Une majorité de Bovidae dont la proportion semble augmenter à l'Age du Bronze.

Evolution de la proportion de Bovidae à Beniguet



* TR2: Pool de S5-S6 / S2-S3 / S1-S4

Parmi les Bovidae, présence d'Ovis, Bos et de Caprinae.
Proportion stable des caprinae au cours du temps.

Augmentation de la proportion de *Bos* au détriment d'*Ovis* à l'Age du Bronze
=> changement des pratiques ?

Résultats préliminaires sur le reste de la faune

Aves, Teleostens, Chondrictyens, amphibiens, reptiles, mollusques, crustacés

Environ 20% des séquences des échantillons traités => pas d'interprétation d'abondance, ni inter-échantillons et liste non exhaustive à ce stade !!!!

Selon les critères définis précédemment:

POISSONS

(Selon les critères définis précédemment)

Néo. Ancien à
Néo. Récent
TR2



Néo Final-
Campaniforme
TR2

Mugilidae (Chelon sp= mulet)
Labridae (Labrus sp= vieille)
Gadidae (Pollachius sp= lieu)
Gobiidae
Clupeidae
Bleniidae
Sparidae
Leuciscidae
Syngnathidae
Merlucciidae (Merluccius sp= merlu)
Sciaenidae







Bronze Ancien
TR1

Congridae (Conger sp)
Labridae (Labrus sp= vieille)
Gadidae (Pollachius sp= lieu)
Gobiidae
Mugilidae (Chelon sp= mulet)
Bleniidae
Syngnathidae

Bronze Ancien
TR2

Congridae (Conger sp)

Résultats préliminaires sur le reste de la faune

	Néo. Ancien à Néo. Récent TR2	Néo Final-Campaniforme TR2	Bronze Ancien TR1	Bronze Ancien TR2
Oiseaux		Turdidae Anatidae Phasianidae	Turdidae Anatidae	
Crustacea		Eriphiidae Portunidae Palaemonidae	Eriphiidae	
Mollusca		Patellidae Trochidae Littorinidae Helicidae (escargot-terrestre) Agriolimacidae (loche-terrestre) Cardiidae (Cerastoderma=coque) Chromodorididae (Nudibranche)	Patellidae Trochidae Muricidae Agriolimacidae (loche-terrestre)	

Echantillons étudiés à Port-Neuf, Beg-er-vil et Dune du Pilat

1) Blast contre base de donnée ciblée sur le groupe d'étude
(critères: evalue: 1^{-05} , percent-id >90%, query-cover > 90%)

2) Blast des séquences récupérées contre la NT
(critères: evalue: 1^{-05} , percent-id >90%, query-cover > 90%)

3) Parsing et contingences

Attribution à un taxon de manière conservative, Si ambiguïté=> rang supérieur
=> comptage par taxon + rang taxonomique

4) Validation à posteriori selon les critères suivants:

Absence dans les blancs

≥ 5 reads dans au moins un échantillon

ET présent dans ≥ 3 échantillons

ET total ≥ 20 reads

-> a) à l'échelle de la famille

-> b) à l'échelle du genre au sein des familles
précédemment validées

Problème: Le blanc contient des séquences !!!

Critères supplémentaires:

- reads BK différent en séquence
- pas de reads commun entre échantillon
- reads sample/max(reads blancs) ≥ 5
- proportion (p) du taxon sample > p blank

Le problème des mammifères

	Beg-er-vil						Port-neuf				
Groupe	BEV-24-1	BEV-24-2	BEV-24-3	BEV-24-4	BEV-24-5	BEV-24-6	PN-24-1	PN-24-2	PN-24-3	PN-24-4	PN-24-5_all
Bos sp	invalide	invalide	0	0	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide
Ovis sp	0	7	invalide	0	0	0	12	8	invalide	8	invalide
Canis	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide
Cervidae	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide
Sus sp.	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide	invalide

	Dune du Pilat			
Groupe	C1P1	C1P2	C1P3	C1P4
Bos sp	0	invalide	invalide	invalide
Ovis sp	0	0	invalide	invalide
Canis	invalide	invalide	invalide	invalide
Cervidae	invalide	invalide	invalide	invalide
Sus sp.	invalide	invalide	invalide	invalide

Ovis à BEV et Port Neuf ???? => très probablement NON!

Attention: jamais de match *Ovis* à 100%, attribution non fiabilisée

=> Invalidation de l'ensemble des mammifères

Résultats préliminaires sur le reste de la faune

Beg-er-vil

Port-Neuf

Pilat

poissons

Gobiidae

Salmonidae

Leuciscidae ? (vairon- eau douce)

Gadidae (Pollachius sp= lieu)

Bleniidae

Pleuronectidae

Gobiidae

Gadidae (Pollachius sp= lieu)

Gadidae (Pollachius sp= lieu)

Salmonidae

Bleniidae

Clupeidae (sardine)

Labridae (Labrus sp= vieille)

Leuciscidae ? (vairon- eau douce)

Sciaenidae

Gobiidae

Sparidae

Scophthalmidae (turbot)

oiseaux



Rallidae (*Rallus sp-* aquatique)



Crustacea

Ostracodes

Portunidae

Pollicipedidae (pousse-pied)

Portunidae

Portunidae

Ostracodes

Eriphiidae

Palaemonidae

Mollusca

Patellidae +++++

Cardiidae (*Cerastoderma*=coque) +++++

Trochidae (*Phorcus*)-Bev-1 (cœur couche coqu.)

Mytilidae -Bev-1 (cœur couche coqu.)

Ostreidae (*Ostrea*)-Bev-2= niveau huitre

Helicidae (escargot-terrestre)

Agriolimacidae (loche-terrestre)

Patellidae +++++

Mytilidae

Sepiolidae

Muricidae

Littorinidae

Loliginidae (seiches et calmars)

Sepiolidae (supion, chipiron)

LOADING.....



On se revoit avant les vacances d'été pour interpréter tout ça?