

### L'ÉCHANTILLONNAGE DES INSECTES

L'intérêt pour les études traitant des plantes et de leurs pollinisateurs s'est considérablement accru ces dernières années auprès de tous les publics (Hall & Steiner, 2019 ; Wignall et al., 2019).



De manière classique, les études scientifiques dans le domaine de l'écologie des pollinisateurs et de leurs relations avec les plantes utilisent des protocoles de types « filets fauchoirs » ou « coupelles colorées » (Westphal et al., 2008), des méthodes partiellement voire complètement létales selon la résolution taxonomique désirée par les auteurs et coûteuses en moyens humains (Gay, 2023 ; Hopkins & Freckleton, 2002). Ces méthodes de piégeage sont aujourd'hui décriées : la méthode des coupelles colorées est indéniablement létale pour les insectes – y compris non cibles – et la méthode des filets l'est aussi lorsque les espèces en présence sont trop complexes à déterminer à vue – ce qui implique souvent que ces espèces soient rares (Barrett et al., 2023 ; McCravy, 2018). Bien que ces méthodes létales ne semblent pas affecter la structure de la communauté des pollinisateurs en termes d'abondance, de richesse spécifique et de composition des groupes fonctionnels (à hauteur d'un échantillonnage toutes les deux semaines avec des bols colorés et des filets ; Gezon et al., 2015), la question du bien-être animal reste centrale (Barrett et al., 2023). C'est pourquoi des études similaires

mais utilisant d'autres méthodes d'échantillonnage sont nécessaires.

### UNE MÉTHODE NOVATRICE

De nombreux scientifiques cherchent à présent à adopter des méthodes plus éthiques (Montero-Castaño et al., 2022 ; Tepedino & Portman, 2021), à travers le développement de nouvelles méthodes d'échantillonnage *via* la technologie (Curran et al., 2020). L'expérience de l'observateur, la documentation photographique des individus (MacPhail et al., 2019), l'utilisation de méthodes dommageables mais pas létales pour identifier les individus (par ex. prélèvement de bout d'antenne soumis ensuite à des identifications d'ADN ; Packer & Darla-West, 2021) sont autant de méthodes possibles pour se passer des méthodes létales. Il en est une qui prend une place de plus en plus importante dans la littérature scientifique : le metabarcoding moléculaire (Bohmann et al., 2014 ; Bruce et al., 2021 ; Thomsen & Willerslev, 2015).



Il est par exemple possible de connaître le spectre alimentaire d'une espèce de pollinisateur grâce aux traces d'ADN porté ce pollinisateur, et ainsi la communauté végétale en présence dans le milieu de vie de l'insecte (Davis et al., 2020 ; Lowe et al., 2022). À l'heure actuelle, **apilab** dispose de données robustes pour confirmer son efficacité sur nos sites

#### Contact :

Claire Gay – Docteure en biologie de l'environnement, des populations, écologie  
claire.gay@apilab.fr

d'études, grâce aux suivis de l'abeille domestique *Apis mellifera*. Pour en faire une méthode non invasive pour ces abeilles domestiques, **apilab** utilise des prélèvements de miel et les fait analyser pour déterminer les ressources florales de la ruche – une méthode validée par les chercheurs universitaires (Bruni et al., 2015 ; De Vere et al., 2017 ; Hawkins et al., 2015).

## ... ET COMPLÉMENTAIRE

L'utilisation de l'ADN environnemental n'a pas vocation à remplacer les échantillonnages de terrain classiques et reste inadaptée pour certaines études, notamment lorsque ces dernières requièrent des données telles que l'âge ou le sexe d'un individu, mais elle n'en reste pas moins un complément très utile. Ainsi, ses applications sont très larges dans le domaine de l'écologie des pollinisateurs :

- ✿ Au-delà de déterminer les fleurs visitées par un insecte, elle peut aussi servir à identifier quel(s) pollinisateur(s) a(ont) visité une fleur donnée grâce au prélèvement de fleurs sur site et à leur analyse en laboratoire, comme démontré dans la littérature scientifique (Johnson et al., 2013 ; Newton et al., 2023 ; Thomsen & Sigsgaard, 2019 ; Yoneya et al., 2023).
- ✿ Bien que la plupart des études se concentrent sur l'abeille domestique *Apis mellifera*, il existe à présent des méthodes pour récupérer le pollen sur d'autres espèces de pollinisateurs telles que les bourdons *Bombus sp.* (Bontšutšnaja et al., 2021 ; Eckert et al., 2020;

Somme et al., 2015) ou les autres abeilles sauvages (Piko et al., 2021 ; Potter et al., 2019) en récoltant le pollen sur les individus. Il est aussi possible de collecter les résidus de pollen laissés dans les cocons avortés des abeilles sauvages, notamment dans les tubes d'hôtels à insectes qui leur servent de nids (Fernandes et al., 2022 ; Keller et al., 2013 ; Sickel et al., 2023 ; Voulgari-Kokota et al., 2019).

## ET LE RÔLE DES ÉCOLOGUES ?



Au-delà de l'obtention d'une liste d'espèces présentes dans le milieu échantillonné, c'est aussi l'interprétation qui en est faite qui permet d'avoir des conclusions sur l'environnement étudié. Décrire la biologie des espèces recensées à travers des recherches bibliographiques permet de mieux comprendre les communautés végétales et animales qui peuplent le milieu, dans le but de mieux les préserver.

### Contact :

Claire Gay – Docteure en biologie de l'environnement, des populations, écologie  
claire.gay@apilab.fr

## RÉFÉRENCES

- Barrett, M., Fischer, B., Buchmann, S., 2023. Informing policy and practice on insect pollinator declines: Tensions between conservation and animal welfare. *Front. Ecol. Evol.* 10, 1–6. <https://doi.org/10.3389/fevo.2022.1071251>
- Bohmann, K., Evans, A., Gilbert, M.T.P., Carvalho, G.R., Creer, S., Knapp, M., Yu, D.W., De Bruyn, M., 2014. Environmental DNA for wildlife biology and biodiversity monitoring. *Trends Ecol. Evol.* 29, 358–367. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2014.04.003>
- Bontšutšnaja, A., Karise, R., Mänd, M., Smagghe, G., 2021. Bumble Bee Foraged Pollen Analyses in Spring Time in Southern Estonia Shows Abundant Food Sources. *Insects* 12, 922. <https://doi.org/10.3390/insects12100922>
- 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>
- Bruni, I., Galimberti, A., Caridi, L., Scaccabarozzi, D., De Mattia, F., Casiraghi, M., Labra, M., 2015. A DNA barcoding approach to identify plant species in multiflower honey. *Food Chem.* 170, 308–315. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2014.08.060>
- Curran, M.F., Summerfield, K., Alexander, E.-J., Lanning, S.G., Schwyter, A.R., Torres, M.L., Schell, S., Vaughan, K., Robinson, T.J., Smith, D.I., 2020. Use of 3-Dimensional Videography as a Non-Lethal Way to Improve Visual Insect Sampling. *Land* 9, 340. <https://doi.org/10.3390/land9100340>
- Davis, M., Harper, L.R., Molano-Flores, B., Benito, J., Niemiller, M.L., 2020. Assessing Pollinator Communities via Environmental DNA (eDNA) Metacommunity Assay. *SERDP*.
- De Vere, N., Jones, L.E., Gilmore, T., Moscrop, J., Lowe, A., Smith, D., Hegarty, M.J., Creer, S., Ford, C.R., 2017. Using DNA metabarcoding to investigate honey bee foraging reveals limited flower use despite high floral availability. *Sci. Rep.* 7. <https://doi.org/10.1038/srep42838>
- Eckerter, P.W., Albus, L., Natarajan, S., Albrecht, M., Ammann, L., Gobet, E., Herzog, F., Tinner, W., Entling, M.H., 2020. Using Temporally Resolved Floral Resource Maps to Explain Bumblebee Colony Performance in Agricultural Landscapes. *Agronomy* 10, 1993. <https://doi.org/10.3390/agronomy10121993>
- Fernandes, K., Prendergast, K., Bateman, P.W., Saunders, B.J., Gibberd, M., Bunce, M., Nevill, P., 2022. DNA metabarcoding identifies urban foraging patterns of oligolectic and polylectic cavity-nesting bees. *Oecologia* 200, 323–337. <https://doi.org/10.1007/s00442-022-05254-0>
- Gay, C., 2023. Compréhension du rôle des pollinisateurs dans les paysages agricoles dans différents contextes de gestion. La Rochelle Université.
- Gezon, Z.J., Wyman, E.S., Ascher, J.S., Inouye, R.E., Irwin, R.E., 2015. The effect of repeated, lethal sampling on wild bee abundance and diversity. *Methods Ecol. Evol.* 6, 1044–1054. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12375>
- Hall, D.M., Steiner, R., 2019. Insect pollinator conservation policy innovations at subnational levels: Lessons for lawmakers. *Environ. Sci. Policy* 93, 118–128. <https://doi.org/10.1016/j.envsci.2018.12.026>
- Hawkins, J., De Vere, N., Griffith, A., Ford, C.R., Allainguillaume, J., Hegarty, M.J., Baillie, L., Adams-Groom, B., 2015. Using DNA Metabarcoding to Identify the Floral Composition of Honey: A New Tool for Investigating Honey Bee Foraging Preferences. *PLOS ONE* 10, e0134735. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0134735>
- Hopkins, G.W., Freckleton, R.P., 2002. Declines in the numbers of amateur and professional taxonomists: implications for conservation. *Anim. Conserv.* 5, 245–249. <https://doi.org/10.1017/S1367943002002299>
- Johnson, S., Domínguez-García, V., Muñoz, M., 2013. Factors Determining Nestedness in Complex Networks. *PLoS One* 8, e74025. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0074025>
- Keller, A., Grimmer, G., Steffan-Dewenter, I., 2013. Diverse Microbiota Identified in Whole Intact Nest Chambers of the Red Mason Bee *Osmia bicornis* (Linnaeus 1758). *PLoS ONE* 8, e78296. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0078296>
- Lowe, A., Jones, L., Brennan, G., Creer, S., De Vere, N., 2022. Seasonal progression and differences in major floral resource use by bees and hoverflies in a diverse horticultural and agricultural landscape revealed by DNA metabarcoding. *J. Appl. Ecol.* 59, 1484–1495. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.14144>
- MacPhail, V.J., Richardson, L.L., Colla, S.R., 2019. Incorporating citizen science, museum specimens, and field work into the assessment of extinction risk of the American Bumble bee (*Bombus pensylvanicus* De Geer 1773) in Canada. *J. Insect Conserv.* 23, 597–611. <https://doi.org/10.1007/s10841-019-00152-y>
- McCravy, K., 2018. A Review of Sampling and Monitoring Methods for Beneficial Arthropods in Agroecosystems. *Insects* 9, 170. <https://doi.org/10.3390/insects9040170>
- Montero-Castaño, A., Koch, J.B.U., Lindsay, T.T., Love, B., Mola, J.M., Newman, K., Sharkey, J.K., 2022. Pursuing best practices for minimizing wild bee captures to support biological research. *Conserv. Sci. Pract.* 4, e12734. <https://doi.org/10.1111/csp2.12734>
- Newton, J.P., Bateman, P.W., Heydenrych, M.J., Kestel, J.H., Dixon, K.W., Prendergast, K.S., White, N.E., Nevill, P., 2023. Monitoring the birds and the bees: Environmental DNA metabarcoding of flowers detects plant–animal interactions. *Environ. DNA* 5, 488–502. <https://doi.org/10.1002/edn3.399>
- Packer, L., Darla-West, G., 2021. Bees: How and Why to Sample Them, in: Santos, J.C., Fernandes, G.W. (Eds.), *Measuring Arthropod Biodiversity*. Springer International Publishing, Cham, pp. 55–83. [https://doi.org/10.1007/978-3-030-53226-0\\_3](https://doi.org/10.1007/978-3-030-53226-0_3)
- Piko, J., Keller, A., Geppert, C., Batáry, P., Tschamtké, T., Westphal, C., Hass, A.L., 2021. Effects of three flower field types on bumblebees and their pollen diets. *Basic Appl. Ecol.* 52, 95–108. <https://doi.org/10.1016/j.baae.2021.02.005>
- Potter, C., De Vere, N., Jones, L.E., Ford, C.R., Hegarty, M.J., Hodder, K.H., Diaz, A., Franklin, E.L., 2019. Pollen metabarcoding reveals broad and species-specific resource use by urban bees. *PeerJ* 7, e5999. <https://doi.org/10.7717/peerj.5999>
- Sickel, W., Kulow, J., Krüger, L., Dieker, P., 2023. BEE -quest of the nest: A novel method for eDNA -based, nonlethal detection of cavity-nesting hymenopterans and other arthropods. *Environ. DNA* 5, 1163–1176. <https://doi.org/10.1002/edn3.490>
- Somme, L., Vanderplanck, M., Michez, D., Lombaerde, I., Moerman, R., Wathélet, B., Wattiez, R., Lognay, G., Jacquemart, A.-L., 2015. Pollen and nectar quality drive the major and minor floral choices of bumble bees. *Apidologie* 46, 92–106. <https://doi.org/10.1007/s13592-014-0307-0>
- Tepedino, V.J., Portman, Z.M., 2021. Intensive monitoring for bees in North America: indispensable or improvident? *Insect Conserv. Divers.* 14, 535–542. <https://doi.org/10.1111/icad.12509>

### Contact :

Claire Gay – Docteure en biologie de l’environnement, des populations, écologie  
[claire.gay@apilab.fr](mailto:claire.gay@apilab.fr)

- Thomsen, P.F., Sigsgaard, E.E., 2019. Environmental DNA metabarcoding of wild flowers reveals diverse communities of terrestrial arthropods. *Ecol. Evol.* 9, 1665–1679. <https://doi.org/10.1002/ece3.4809>
- Thomsen, P.F., Willerslev, E., 2015. Environmental DNA – An emerging tool in conservation for monitoring past and present biodiversity. *Biol. Conserv.* 183, 4–18. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2014.11.019>
- Voulgari-Kokota, A., Ankenbrand, M.J., Grimmer, G., Steffan-Dewenter, I., Keller, A., 2019. Linking pollen foraging of megachilid bees to their nest bacterial microbiota. *Ecol. Evol.* 9, 10788–10800. <https://doi.org/10.1002/ece3.5599>
- Westphal, C., Bommarco, R., Carré, G., Lamborn, E., Morison, N., Petanidou, T., Potts, S.G., Roberts, S.P.M., Szentgyörgyi, H., Tscheulin, T., Vaissière, B.E., Woyciechowski, M., Biesmeijer, J.C., Kunin, W.E., Settele, J., Steffan-Dewenter, I., 2008. Measuring bee diversity in different European habitats and biogeographical regions. *Ecol. Monogr.* 78, 653–671. <https://doi.org/10.1890/07-1292.1>
- Wignall, V.R., Alton, K., Ratnieks, F.L.W., 2019. Garden centre customer attitudes to pollinators and pollinator-friendly planting. *PeerJ* 7, e7088. <https://doi.org/10.7717/peerj.7088>
- Yoneya, K., Ushio, M., Miki, T., 2023. Non-destructive collection and metabarcoding of arthropod environmental DNA remained on a terrestrial plant. *Sci. Rep.* 13. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-32862-4>



**Contact :**

Claire Gay – Docteure en biologie de l’environnement, des populations, écologie  
[claire.gay@apilab.fr](mailto:claire.gay@apilab.fr)