

**Aux représentantes
et représentants des médias**

COMMUNIQUÉ DE PRESSE

Recenser les génomes des papillons européens

Neuchâtel, le 2 décembre 2025. L'Université de Neuchâtel (UniNE) représente la Suisse dans un projet européen d'envergure visant à séquencer et étudier le génome des 11'665 espèces européennes de lépidoptères (papillons). Ce catalogue trans-national permettra d'approfondir notre compréhension de l'évolution et de la biodiversité, et d'en favoriser la préservation. Cette initiative fait l'objet d'un nouvel article dans la revue *Trends in Ecology & Evolution (TREE)*.

Une espèce sur dix recensée sur la planète appartient à l'ordre des lépidoptères, avec plus de 160'000 espèces décrites. On en retrouve 11'665 en Europe, dont environ 4000 en suisse. Ces papillons participent à la pollinisation et constituent un maillon important de la chaîne alimentaire, à la fois en tant qu'herbivores et proies. Ils réagissent rapidement aux changements environnementaux ou à la dégradation de leurs habitats. Ils sont donc des indicateurs clés de la santé des écosystèmes.

L'UniNE est la seule institution suisse à participer au projet *Psyche*, qui séquence les génomes des espèces de lépidoptères d'Europe. Avec des accélérations dans l'extinction des espèces suite au changement climatique et à la destruction de leurs habitats, il est pressant de cataloguer la diversité génomique. Celle-ci peut transformer notre compréhension de l'évolution et de l'écologie, et informer la conservation et le monitoring des écosystèmes.

Diverses institutions internationales collaborent sur ce projet et partagent leur expertise, formant un réseau décentralisé de centres de collecte et de séquençage. Cette entreprise de taille vise à produire un catalogue de génomes librement accessible. Plus de 1000 génomes ont déjà été complétés, dont ceux de la plupart des papillons diurnes suisses. A l'UniNE, ce sont les chercheur-euse-s du laboratoire en génomique de la biodiversité qui participent à l'effort de recensement sous la direction de Kay Lucek.

Pourquoi séquencer le génome des papillons ?

Intégrer la génomique aux mesures de conservation permettrait de mieux identifier et suivre les espèces, de comprendre les causes de leur évolution ou de leur déclin, et d'évaluer l'état des populations pour mieux les protéger. Les lépidoptères font également partie des espèces les plus dévastatrices pour l'agriculture et la foresterie. Le projet alimentera le développement de stratégies plus efficaces de lutte contre les nuisibles dans ces domaines.

Applications futures

A l'UniNE, les génomes de lépidoptères ont déjà été utilisés pour différents projets, notamment pour deux thèses de Master sur la diversité cryptique en Suisse à des fins de conservation. L'étude ouvre aussi la perspective à d'autres applications au-delà des papillons. Les données récoltées permettront de comprendre pourquoi certaines espèces ont beaucoup de chromosomes, comment les chromosomes évoluent et ce qui rend les espèces (notamment les nuisibles) si adaptables sur la base de la génomique. « Les milliers de génomes recensés stimuleront ainsi divers domaines de recherche, comme la génomique comparative, la phylogénomique, l'évolution moléculaire et la génomique de conservation des populations », conclut Kay Lucek.

Référence scientifique :

C. Wright, N. Wahlberg, R. Vila, *et al.* (2025). 'Project Psyche: reference genomes for all Lepidoptera in Europe'. *Trends in Ecology & Evolution*. DOI:[10.1016/j.tree.2025.10.007](https://doi.org/10.1016/j.tree.2025.10.007)

En savoir plus :

<https://www.projectpsyche.org/>

Communiqué Wellcome Sanger Institute :

https://www.sanger.ac.uk/news_item/1000-butterfly-and-moth-genomes-to-investigate-evolution-climate-change-resilience-and-tackle-food-security-issues/

Contact

Kay Lucek, professeur assistant, laboratoire en génomique de la biodiversité (EN, DE, FR)

kay.lucek@unine.ch