



**HAL**  
open science

## Indicateurs de la diversité intra-spécifique chez les arbres forestiers

E. Collin, Francois Lefèvre, S. Oddou Muratorio

► **To cite this version:**

E. Collin, Francois Lefèvre, S. Oddou Muratorio. Indicateurs de la diversité intra-spécifique chez les arbres forestiers. Les indicateurs de biodiversité forestière. Synthèse des réflexions issues du programme de recherche "Biodiversité, gestion forestière et politiques publiques", GIP Ecofor, p. 79 - p. 81, 2012, 978-2-914770-05-7. hal-00776131

**HAL Id: hal-00776131**

**<https://hal.science/hal-00776131>**

Submitted on 15 Jan 2013

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

# Indicateurs de la diversité intra-spécifique chez les arbres forestiers

Éric Collin\*, François Lefèvre et Sylvie Oddou-Muratorio\*\*,

\*Institut national de recherche en sciences et technologies pour l'environnement (IRSTEA)

\*\*Institut national de la recherche agronomique (INRA)

Les trois auteurs sont membres de la Commission des ressources génétiques forestières (CRGF)

La diversité intra-spécifique des arbres tient une place majeure dans l'éventail des processus qui déterminent le potentiel adaptatif des espèces et des écosystèmes forestiers. En effet, la diversité biologique repose notamment sur les mécanismes de l'hérédité (reproduction sexuée), qui confèrent aux populations leur capacité à évoluer au fil des générations, à s'adapter localement, à répondre aux changements environnementaux. Une population qui ne présente aucune diversité génétique au niveau d'un caractère morpho-physiologique donné (exemple : l'efficacité d'utilisation de l'eau) ne présentera en effet aucune dynamique évolutive pour ce caractère (dans le sens, par exemple, d'une meilleure résistance à la sécheresse).

L'arbre auquel on s'intéresse ici constitue une espèce clef de voûte pour l'écosystème forestier. Il offre un support au développement de nombreux autres organismes et la gestion forestière est généralement définie et orientée à son profit. Ces éléments plaident en faveur de la mise à disposition, auprès des gestionnaires des espaces forestiers et des décideurs, d'indicateurs permettant de suivre l'impact des pratiques sylvicoles et des changements globaux sur la diversité adaptative des arbres forestiers.

L'évaluation et le suivi de la diversité intra-spécifique d'une population d'arbres forestiers - et *a fortiori* de forêts ou d'espèces entières - ne peut pas se limiter au recensement et à la conservation de formes de gènes particulières (on parle de formes alléliques des gènes ou allèles). En effet, l'essentiel de la di-

versité génétique des caractères morphologiques ou physiologiques des individus résulte en premier lieu de la diversité des combinaisons d'allèles d'un grand nombre de gènes à faible effet plutôt que de l'existence d'allèles ayant un effet individuel majeur sur la diversité des caractères. En d'autres termes, la « valeur » d'un allèle (son effet sur un caractère donné) dépend du fonds génétique dans lequel il se trouve, c'est-à-dire des formes alléliques des autres gènes de l'individu. Enfin, la diversité génétique d'une population évolue sous l'effet de différents processus qui modifient les fréquences alléliques<sup>1</sup> des gènes et l'assemblage des gènes au sein des individus au fil des générations. Parmi ces processus, la sélection naturelle qui s'exerce tout au long de la vie du peuplement conserve certains allèles, certains assemblages, parce qu'ils confèrent une meilleure valeur adaptative aux individus qui les portent. D'autres processus aléatoires lors de la reproduction ainsi que les flux de gènes par pollen et graines issus d'autres populations contribuent également à l'évolution des fréquences alléliques. Au-delà de la conservation d'allèles particuliers, il importe surtout de conserver la diversité génétique globale et de ne pas bloquer les processus qui permettent l'adaptation des populations.

## ■ Évaluer la diversité intra-spécifique à l'aide des marqueurs moléculaires : intérêts et limites

Le marquage moléculaire consiste à dénombrer les différentes formes (ou « allèles ») de petites portions

<sup>1</sup> Fréquence à laquelle se trouve l'allèle d'un gène dans une population.

d'ADN (gènes exprimés ou non<sup>2</sup>) par des technologies issues de la biologie moléculaire. Cette technique est de plus en plus largement utilisée à mesure que son potentiel d'analyse (nombre d'individus et de marqueurs) augmente et que son coût décroît. Cette approche ne constitue généralement pas une mesure directe de la variabilité génétique réelle des caractères adaptatifs (vigueur, date de débourrement, résistance à une maladie, etc.) présents dans la population étudiée. En revanche, cette approche est très utile pour évaluer la diversité génétique de façon globale sur l'ensemble du génome et donner des informations indirectes sur les processus qui ont façonné cette diversité dans un passé plus ou moins récent, ainsi que sur les forces évolutives en cours. On peut notamment détecter les risques de changement de fonctionnement (dérive génétique, consanguinité) qui peuvent affecter des populations dont la taille a brusquement diminué (fragmentation, etc.).

### ■ Combinaisons d'indicateurs de suivi de la diversité intra-spécifique à l'échelle locale

Les différentes combinaisons d'indicateurs génétiques proposées à ce jour pour la gestion durable des forêts (exemple : Namkoong *et al.*, 1996 ; Brown *et al.*, 1997 ; Koski *et al.*, 1997 ; Palmberg-Lerche, 1998 ; Lefèvre et Kajba, 2001 ; Aravanopoulos, 2011) visent à caractériser certains mécanismes contribuant à l'adaptation (par exemple proportion d'autofécondation, distance de dispersion des gènes par pollen ou par graine, niveau de dérive). Ces indicateurs portent sur (i) des informations générales acquises à l'échelle de l'écosystème (régime des perturbations, fragmentation, etc.), (ii) des informations démographiques sur la population ciblée (nombre d'arbres adultes, classes de diamètre, faculté germinative des graines, abondance de la régénération, etc.) et, lorsque l'utilisation de marqueurs moléculaires est possible, (iii) des para-

mètres génétiques qui résument la diversité et sa trajectoire (taille efficace de la population, richesse allélique, taux d'allo/autofécondation, etc.).

### ■ Les indicateurs nationaux de gestion durable des ressources génétiques forestières

La première tentative d'intégration de la diversité intra-spécifique parmi les indicateurs de gestion durable des forêts date de la quatrième Conférence ministérielle pour la protection des forêts en Europe (Vienne, 2003). L'indicateur 4.6 de gestion forestière durable (Nivet *et al.*, page 41) est centré sur la conservation des ressources génétiques. Il ne reflète pas l'état réel de ces ressources mais seulement l'effort et les progrès consentis au niveau national en termes de surfaces dédiées à la conservation de ressources génétiques (*in situ* et *ex situ*) ainsi qu'à la production de semences et de plants forestiers. A un tel niveau d'agrégation, les chiffres ne rendent que très imparfaitement compte des différences entre deux pays ou entre deux périodes d'inventaire. Pour remédier à ce défaut, les données relatives à la France assemblées par Irstea sont assorties de commentaires et de tableaux plus détaillés. Récemment, le programme *EUFORGEN* (*European Forest Genetic Resources Programme*)<sup>3</sup> a mis en place un système d'information sur le réseau pan-européen de conservation dynamique des ressources génétiques forestières (accessible sur le portail *EUFGIS*<sup>4</sup>, plus de trente pays et quatre-vingts espèces concernés). De nouveaux indicateurs globaux basés sur des critères et définitions standards clairs combinant informations écologiques, démographiques et génétiques sont en cours de développement.

### ■ Quelles perspectives ?

Il n'existe actuellement pas d'indicateur opérationnel et communément admis de l'état de la diversité intra-spécifique de populations d'arbres forestiers.

<sup>2</sup> Un gène est constitué d'une alternance de séquences exprimées (ou codantes) qui contiennent l'information nécessaire à la synthèse des protéines et de séquences non exprimées (non codantes).

<sup>3</sup> EUFORGEN, établi en 1994, constitue le mécanisme de mise en œuvre de la Résolution S2 (Conservation des ressources générales) de la première Conférence ministérielle sur la protection des forêts en Europe (Strasbourg, 1990). Ce programme collaboratif vise la promotion de la conservation et l'utilisation durable des ressources génétiques forestières : <http://www.euforgen.org/abouteuforgen.html>

<sup>4</sup> Portail European Information System on Forest Genetic Resources (EUFGIS) : <http://portal.eufgis.org/>

Plusieurs facteurs fournissent cependant des informations susceptibles d'en faire émerger : (i) les progrès de la recherche en termes de connaissance et de modélisation des processus écologiques et génétiques au sein des populations d'arbres forestiers ; (ii) le développement de techniques de caractérisation moléculaire de l'ADN extrêmement puissantes et à faible coût ; (iii) la volonté de développer à l'échelle pan-européenne (programme *EUFORGEN* et réseau conservatoire *EUFGIS*) un suivi de l'évolution des ressources génétiques conservées de manière coordonnée par plus de trente pays d'Europe.

En plus d'indicateurs nécessitant l'acquisition de telles données génétiques et démographiques complexes, il serait utile de mettre à disposition des gestionnaires des indicateurs simplifiés fondés sur l'évaluation des impacts de la diversité de pratiques en matière de régénération naturelle (nombre de semenciers, durée de la régénération, densité de semis, etc.) ou artificielle (utilisation de lots de plants répondant à une charte de diversité génétique, densité de plantation, etc.). Le développement de tels indicateurs devra s'appuyer sur la connaissance importante des mécanismes évolutifs chez les arbres forestiers (Valadon, 2009).

Enfin, pour les espèces soumises à la réglementation des graines et plants forestiers, on utilise actuellement des statistiques sur les volumes commercialisés pour chaque variété, ce qui constitue une approche très indirecte de la diversité génétique plantée. Il serait en effet utile de combiner les informations sur la diversité des matériels forestiers de reproduction avec celles sur leurs aires effectives d'utilisation. ■

## Références bibliographiques

Aravanopoulos F.A., 2011. Genetic monitoring in natural perennial plant populations, *Botany*, vol. 89, p.75–81.

Brown A., Young A., Burdon J., Christidis L., Clarke G., Coates D. and W. Sherwin, 1997. *Genetic indicators for state of the environment reporting, Australia: State of the Environment Technical Paper Series (Environmental indicators)*. Canberra: Department of the Environment, Sport and Territories.

Koski V., Skrøppa T., Paule L., Wolf H. and Turok J., 1997. *Technical guidelines for genetic conservation of Norway spruce (Picea abies (L.) Karst.)*. Rome : International Plant Genetic Resources Institute.

Lefèvre F. and Kajba. D., 2001. Indicators for monitoring genetic diversity. In: Lefèvre F., Barsoum N., Heinze B., Kajba D., Rotach P., De Vries S. and Turok J. (Eds) *In situ conservation of Populus nigra*. Rome : International Plant Genetic Resources Institute, p.36-46.

Namkoong G., Boyle T., Gregorius H.-R., Joly H., Savolainen O., Ratnam W. and Young A., 1996. *Testing criteria and indicators for assessing the sustainability of forest management: genetic criteria and indicators*. CIFOR Working Paper n°10.

Palmberg-Lerche C., 1998. *Management of forest genetic resources: some thoughts on options and opportunities*. FAO Forest Genetic Resources, vol. 26, p.43-44.

Valadon A., 2009. Effets des interventions sylvicoles sur la diversité génétique des arbres forestiers : analyse bibliographique, *Les Dossiers Forestiers de l'ONF*, vol. 21.