

Dynamique évolutive du cycle phénologique foliaire : le cas d'une métapopulation de chênes sessiles le long d'un gradient altitudinal

Cyril Firmat¹, Sylvain Delzon¹, Jean-Marc Louvet¹, Antoine Kremer¹

¹ INRA - Université de Bordeaux, UMR1202, BIOGECO, Cestas, France.

Résumé

La phénologie de la feuille, comme celle de toute structure labile, se caractérise par un cycle défini par une date de formation (débourrement), une date de sénescence, délimitant ensemble la durée de fonction de la structure (saison de croissance). Bien que la variation de chacun de ces traits puisse contenir une composante adaptative forte, ils se trouvent généralement analysés séparément dans le cas des arbres. Cela conduit à négliger le rôle des contraintes génétiques ainsi que de potentiels scénarios de sélection multivariée. Cette étude propose une approche de génétique quantitative intégrée pour comprendre l'évolution du cycle phénologique foliaire chez une métapopulation de chênes distribuée le long d'un gradient altitudinal dans les Pyrénées. Ce système témoigne d'une forte divergence adaptative de la date de débourrement foliaire (Alberto *et al.* 2011). A partir d'un modèle simple dérivé de l'équation de Lande (1979), nous montrons qu'une approche de génétique quantitative appliquée à l'ensemble du cycle phénologique s'avère informative pour comprendre la nature des processus sélectifs présidant à la divergence adaptative en relation avec le climat.

Mots clés

Contraintes évolutives, débourrement, Génétique quantitative, *Quercus petraea*, saison de croissance, sénescence.

Introduction

Sur la base d'un large dispositif en jardin commun (test de provenances-descendances des populations naturelles du gradient), cette étude vise à déterminer :

- (1) le(s) trait(s) impliqué(s) dans la divergence du cycle phénologique en lien avec l'altitude.
- (2) les scénarios évolutifs pouvant affecter la distribution de la (co)variance génétique entre traits, aux niveaux intra- et inter-populations.

Résultats et discussion

Un "modèle animal" a permis d'estimer une variance génétique abondante pour chacun des traits considérés et une covariance faible entre les dates de débourrement et de sénescence foliaire (Figure 1). Cela suggère que les contraintes génétiques n'ont que faiblement influencé l'évolution du cycle phénologique. Le niveau de divergence génétique des traits (Q_{ST}) excède largement l'attendu de neutralité estimé à partir de marqueurs microsatellites (F_{ST}) pour les dates de débourrement comme pour la sénescence (Figure 2). Cela suggère une forte sélection directionnelle sur ces deux traits le long du gradient altitudinal, qui se traduit par la divergence génétique corrélée entre traits au niveau inter-populationnel ($R^2 = 0,41$). La saison de croissance, quant à elle, semble moins soumise à sélection directionnelle (Figure 2, droite). A partir d'une matrice **G** moyenne (Figure 1), notre approche permet d'estimer que le gradient de sélection directionnel moyen s'étant exercé sur la date de débourrement était plus de quatre fois supérieur à son homologue portant sur la date de sénescence.

Conclusion

De fortes pressions de sélection (p. ex., liées à des gels printaniers plus précoces) pour une date de débourrement retardée ont dû jouer un rôle clé dans l'adaptation locale à l'altitude. Une sélection corrélée plus faible pour une date de sénescence plus tardive a certainement permis de compenser partiellement le raccourcissement de la saison de croissance en haute altitude (faible divergence, Figure 2), conduisant à une divergence corrélée des dates de sénescence et de débourrement.

Références

Alberto F., Bouffier L., Louvet J.-M., Lamy J.-B., Delzon S., Kremer A., 2011. Adaptive responses for seed and leaf phenology in natural populations of sessile oak along an altitudinal gradient. *Journal of Evolutionary Biology* 24, 1442–1454.

Lande R., 1979. Quantitative genetic-analysis of multivariate evolution, applied to brain-body size allometry. *Evolution* 33, 402–416.

Figure 1 : Matrice de variance-covariance génétique des dates de débourrement et de sénescence foliaire. *Gauche* : représentation ellipsoïde de la matrice estimée (noir) et distribution (gris) de 1000 échantillons obtenus par la méthode de méthode de Monte-Carlo par chaînes de Markov (MCMC). *Droite* : Estimation (points noirs) et intervalles de crédibilité à 95% (IC 95%) des éléments de la même matrice **G** : variance génétique des dates de débourrement et de sénescence (G_D et G_S) et leur covariance génétique ($G_{D,S}$). La variance G_{SC} de la saison de croissance est de l'ordre de $G_{SC} \approx G_D + G_S$.

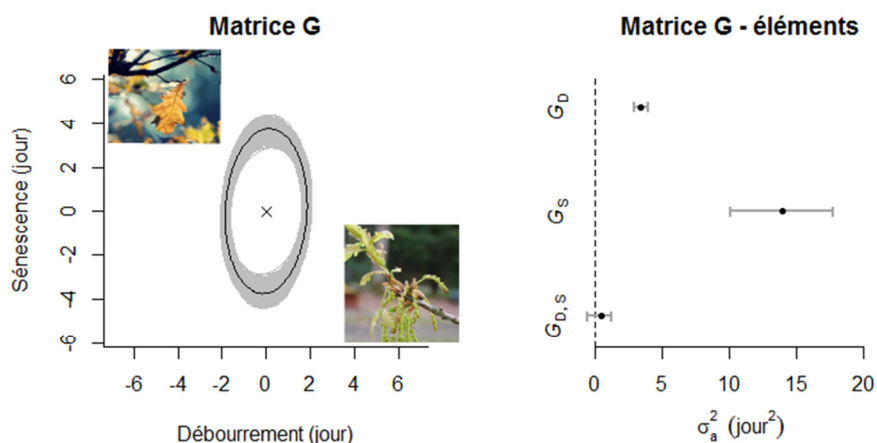


Figure 2 : Comparaison F_{ST} - Q_{ST} pour les trois traits considérés. Ligne rouge : $F_{ST} = 0.02$, correspondant à l'attendu de neutralité (intervalles de confiance à 95% compris). Histogramme : distribution de 1000 échantillons MCMC du Q_{ST} . Ligne grise et surface grisée : médiane et IC 95% de cette distribution.

