

**PLAN TYPE DE RAPPORT FINAL D'UN PROJET DE
RECHERCHE DU PROGRAMME ET**

Note : le rapport, une fois finalisé, sera téléchargeable sur le site Internet d'ECOFOR ou du MEEDDM, hormis la partie confidentielle éventuelle.

**DYNAMIQUE DE LA DIVERSITE NEUTRE ET ADAPTATIVE AU NIVEAU DE LA COMMUNAUTE :
ETUDE DU GENRE *EPERUA* EN GUYANE FRANÇAISE**



**DYNAMIQUE DE LA DIVERSITE NEUTRE ET
ADAPTATIVE AU NIVEAU DE LA COMMUNAUTE : ETUDE
DU GENRE *EPERUA* EN GUYANE FRANÇAISE**

**DYNAMICS OF NEUTRAL AND ADAPTIVE DIVERSITY AT
THE COMMUNITY LEVEL: THE CASE OF THE *EPERUA*
GENUS IN FRENCH GUIANA**

**Programme Ecosystèmes Tropicaux
Rapport de fin de contrat**

INRA UMR 0745 « Ecologie
des Forêts de Guyane »
Ivan SCOTTI
BP 709 – 97387 KOUROU
Cedex
Ivan.scotti@cirad.fr

Date : 20/12/2009

N° de contrat : 0000349
Date du contrat : 21/12/2006

TABLE DES MATIERES

Remarques concernant ce document	4
Synthèse destinée à publication.....	5
Résumés	12
Rapport scientifique	Erreur ! Signet non défini.
Annexe : copie des publications	Erreur ! Signet non défini.
Annexe : partie confidentielle	Erreur ! Signet non défini.

REMARQUES CONCERNANT CE DOCUMENT

- ❖ La mise en forme de ce rapport, hormis sa partie scientifique et les annexes, doit être respectée. Ce format imposé permettra au Service de la recherche une copie automatique vers d'autres documents à usage interne ou externe.
- ❖ Merci de limiter la taille de votre document à 5Mo (merci de réduire le poids des photos notamment).
- ❖ Votre rapport doit nous parvenir sous forme électronique ainsi que sous format papier en 3 exemplaires en recto-verso, interligne simple, sans couverture plastique ni spirales. Des exemplaires supplémentaires, à la charge du ou des bénéficiaire(s), seront éventuellement demandés (art. 4 de la convention).
- ❖ Les versions électroniques des **résumés** et de la **synthèse** de votre rapport doivent impérativement nous parvenir sous format modifiable rtf afin de pouvoir être réutilisés pour valorisation ou publiés (après relecture de votre part), ainsi que sous format pdf (art. 4 de la convention).
- ❖ Les documents de ce rapport, en dehors de l'éventuelle partie confidentielle, serviront aussi bien pour l'évaluation du projet que pour la valorisation des résultats.

SYNTHESE DESTINEE A PUBLICATION



TITRE DU PROJET

DYNAMIQUE DE LA DIVERSITE NEUTRE ET ADAPTATIVE AU NIVEAU DE LA COMMUNAUTE : ETUDE DU
COMPLEXE D'ESPECES *EPERUA FALCATA* / *E. GRANDIFLORA* EN GUYANE FRANÇAISE

ASPECTS ADMINISTRATIFS ET OBJECTIFS DES RECHERCHES

ASPECTS ADMINISTRATIFS

Date d'engagement :

Montant du budget : 80 000 €

Cofinancements obtenus : (organisme, montant, durée) *INRA*, 45 000 €, 3 ans

Participants au projet :

Responsable scientifique du projet :

Ivan SCOTTI

INRA – UMR « Ecologie des forêts de Guyane »

Kourou, BP 709, 97387 Kourou Cedex; Tél : 0594 329300, fax : 0594 324302

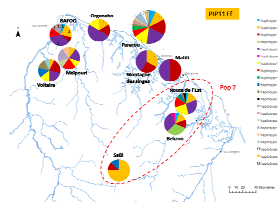
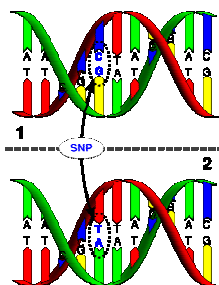
Noms et organismes des autres partenaires scientifiques bénéficiaires

Damien BONAL, INRA

Lilian BLANC, CIRAD

MOTS CLES

Eperua, adaptation, diversité génétique, génétique quantitative, démographie, écophysiologie, stress hydrique, stress anoxique, gènes candidats



DYNAMIQUE DE LA DIVERSITE NEUTRE ET ADAPTATIVE AU NIVEAU DE LA COMMUNAUTE : ETUDE DU GENRE *EPERUA* EN GUYANE FRANÇAISE

OBJECTIFS DES RECHERCHES

La question de l'adaptation des arbres forestiers tropicaux à leur milieu, et de leur potentiel d'adaptation aux modifications de l'environnement, est un sujet qui n'a pas encore reçu l'attention qu'il mérite de la part de la communauté des chercheurs et des gestionnaires. Si les informations et les recherches sur les aspects liés à la dynamique forestière tropicale sont relativement nombreuses et parfois étayées par des données tirées de la caractérisation génétique des populations, en revanche les études de la base génétique des adaptations au milieu sont éparpillées.

Avec ce programme nous avons abordé l'analyse de la relation entre diversité génétique et adaptation au milieu, avec deux approches complémentaires : une démarche « centrée sur le peuplement », visant à caractériser la base génétique des propriétés fonctionnelles de populations implantées sur des milieux contrastés ; et une approche « centrée sur le gène », ayant le but de déterminer si les gradients environnementaux exercent une pression de sélection naturelle sur des gènes connus pour leur implication dans l'adaptation au milieu. Ce programme repose donc sur une combinaison de méthodes propres à la génétique quantitative et de celles propres à la génétique moléculaire des populations ; son but est de quantifier les différences génétiques entre peuplements qui se différencient pour les contraintes écologiques qu'ils subissent. L'hypothèse à tester est que les processus démographiques (pollinisation, reproduction, dissémination, survie) interagissent avec la sélection naturelle en produisant des patrons de distribution de la diversité génétique adaptative qui résultent de l'équilibre entre diffusion et tri environnemental. A leur tour, ces patrons de variabilité génétique (exprimée au niveau des caractères quantitatifs aussi bien qu'au niveau des séquences géniques) pourraient être observés à plusieurs échelles géographiques, du peuplement jusqu'à l'aire de répartition. Si cette hypothèse est vérifiée, ce mécanisme d'interaction entre démographie et sélection peut représenter l'une des bases du maintien de la diversité de la forêt tropicale. La compréhension de ces phénomènes et la mise en évidence des facteurs génétiques à la base de l'adaptation et du potentiel adaptatif des espèces peuvent contribuer à la gestion forestière, permettant de suivre l'impact des changements climatiques et des actions de gestion sur la structure génétique des peuplements.

I. PRESENTATION DES TRAVAUX

INTRODUCTION (problématiques)

Dans le contexte du suivi et de la gestion du potentiel adaptatif des peuplements forestiers tropicaux, qui est l'un des facteurs qui contribuent de façon déterminante à la pérennité des ressources biologiques, trois composantes jouent un rôle déterminant : la *plasticité* (c'est-à-dire la capacité des organismes à ajuster leurs caractéristiques morpho-fonctionnelles en réponse à la variabilité du milieu, dans l'espace et dans le temps), la *dynamique* (la capacité des peuplements d'occuper l'espace disponible par colonisation) et l'*adaptabilité* (la capacité des peuplements de réagir aux changements du milieu dans l'espace et dans le temps à l'échelle évolutive). Les trois domaines de l'écophysiologie, de la démographie et de la génétique cherchent à évaluer l'importance de chacun de ces phénomènes dans le maintien de la diversité biologique forestière. Il est fondamental par ailleurs de ne pas sous-estimer l'importance des liens entre ces trois disciplines, que l'on peut résumer en disant que les phénomènes d'interaction des individus avec le milieu relèvent de l'écophysiologie, et que sur le long terme les processus génétiques déterminent les propriétés physiologiques, selon des processus dont la dynamique est déterminée par la démographie.

DYNAMIQUE DE LA DIVERSITE NEUTRE ET ADAPTATIVE AU NIVEAU DE LA COMMUNAUTE : ETUDE DU GENRE *EPERUA* EN GUYANE FRANÇAISE

Nous avons donc décidé, dans le contexte des activités rapportées ici, de réunir des actions de recherche relevant des trois disciplines, afin d'esquisser un modèle des liens entre les trois types de processus.

MATERIELS ET METHODES (sites, espèces, protocoles...)

Les analyses moléculaires (séquençage de gènes) ont été menées sur un échantillon à l'échelle de la Région Guyane, afin d'estimer la variabilité génétique sur un sous-ensemble significatif de l'aire de répartition, et de façon exhaustive sur deux parcelles présentant des gradients de conditions édaphiques ; les sites choisis sont celui de Paracou et des Nouragues. Dans ces deux sites, tous les arbres adultes des deux espèces cibles ont été échantillonnés sur une surface entre six et vingt hectares. L'échantillonnage de matériel biologique a été effectué en prélevant du tronc un disque de cambium d'un diamètre de 20 mm, ce qui permet d'obtenir une quantité suffisante d'ADN par arbre et d'échantillonner tous les arbres en contournant la nécessité d'atteindre les feuilles. L'analyse moléculaire repose sur l'isolement des gènes d'aquaporine et de gènes tirés aléatoirement d'une librairie de gènes exprimés chez les plantules, qui ont fait l'objet d'une publication scientifique soumise à une revue à comité de lecture et d'un rapport de stage de Master I (Annexes I et II). Ces gènes ont ensuite été séquencés pour plus de 700 arbres d'*E. falcata* et pour plus de 200 arbres d'*E. grandiflora*, ce qui représente le plus grand jeu de données de séquence existant pour un arbre tropical non soumis à des activités d'agroforesterie. Les données ainsi obtenues ont été analysées dans le double but de (a) identifier les portions de gène soumises à sélection naturelle et (b) identifier les gènes et les portions de gène qui montreraient une différence entre des populations soumises à des contraintes environnementales contrastées, et éventuellement les variantes génétique mieux adaptées à chaque milieu.

Les analyses de génétique quantitative ont été menées sur un total de plus de 1800 plantules cultivées en milieu semi-contrôlé en serre. Ces plantules sont issues de 18 arbres mères d'*E. falcata* et 12 arbres mères d'*E. grandiflora*, choisis de façon équilibrée sur des milieux contrastés dans le site de Paracou sur une parcelles de 9 ha. Les conditions édaphiques et de teneur en eau de cette parcelle ont été caractérisés finement (annexe III).

L'analyse en familles génétiques maternelles en milieu commun permet d'estimer la composante génétique de la variabilité des caractères, y compris le rôle joué par la différenciation génétique entre sous-peuplements qui auraient des préférences pour des milieux différents. De plus, les familles maternelles ont été soumises à des stress hydriques et d'engorgement, permettant ainsi d'estimer la plasticité phénotypique et l'intensité de l'interaction génotype \times environnement. Les expériences de traitement en conditions de stress se termineront en avril 2010 et ne seront donc pas décrites ici.

RESULTATS

Isolement des gènes et analyse de la pression de sélection

Respectivement trois gènes et un gène de la famille des aquaporines, impliqués dans le maintien du bilan hydrique chez les plantes, ont été isolés pour *E. falcata* et *E. grandiflora*. Les séquences de ces gènes ont montré un degré élevé de polymorphisme, ce qui en fait potentiellement des bons marqueurs génétiques. L'analyse de la pression de sélection par le biais de méthodes statistiques basées sur l'analyse de la distribution du polymorphisme de séquence entre individus a montré que ces gènes sont potentiellement soumis à sélection balancée, c'est-à-dire que plusieurs variantes génétiques (« allèles ») sont maintenues dans les peuplements. Cela peut avoir deux explications principales : soit les différents allèles sont favorisés par des milieux différents, de sorte que chaque allèle correspond à un « optimum » écologique différent, soit les individus hétérozygotes (qui portent donc deux allèles différents) sont avantagés en général. Toutefois, un excès d'hétérozygotes n'a pas été observé, et donc la

DYNAMIQUE DE LA DIVERSITE NEUTRE ET ADAPTATIVE AU NIVEAU DE LA COMMUNAUTE : ETUDE DU GENRE *EPERUA* EN GUYANE FRANÇAISE

seconde hypothèse semble être peu probable. Les analyses des différences génétiques entre sous-peuplements permettent d'approfondir la première hypothèse (voir plus bas).

En parallèle à l'isolement ciblé de gènes de la famille des aquaporines, une collection (« librairie ») de gènes exprimés a été produite, et dix gènes ont été choisis au hasard comme référence à laquelle comparer les résultats de diversité des aquaporines. Ces gènes ont également montré un degré élevé de polymorphisme, et peuvent être utilisés comme marqueurs génétiques.

Analyse de la différenciation entre sous-peuplements et structure démographique des peuplements

Les gènes obtenus dans la première phase ont été utilisés pour détecter des différences entre sous-peuplements occupant des milieux contrastés à l'échelle de la parcelle. Ces analyses ont mis en évidence, au moins pour deux gènes chez *E. falcata*, une différenciation entre peuplement de plateau et peuplement de bas-fond. Des allèles différents sont surreprésentés dans les deux milieux, indiquant que la sélection agit en faveur d'une différenciation génétique entre les sous-peuplements, malgré le possible effet homogénéisateur de la dissémination des graines. En revanche, la limitation de la dispersion des graines et du pollen, qui entrainerait un groupement des individus ayant des génotypes proches, n'est pas suffisante à expliquer la différenciation entre populations : la similarité génétique entre individus décroît avec la distance, comme attendu pour des espèces à dispersion limitée, mais elle décroît beaucoup plus rapidement dans la direction du gradient écologique que dans la direction perpendiculaire au gradient. Ce résultat suggère donc que la différenciation des milieux renforce la différenciation causée par la distance physique, et que le tri sélectif opéré par l'environnement est une force importante dans la détermination de la distribution de la diversité génétique.

Analyse de la diversité génétique des caractères quantitatifs

L'analyse des caractères quantitatifs (mesures de croissance, de caractères liés à la photosynthèse, de composition chimique et de discrimination isotopique du carbone) reflètent les résultats obtenus sur les données de séquence des gènes : en plus des différences attendues entre espèces, nous avons mis en évidence des différences significatives entre familles maternelles pour la plupart des caractères, et surtout des différences significatives entre familles génétiques dérivées d'arbres mères implantés dans des milieux contrastés. Parmi les résultats plus marquants on peut rappeler les différences dans le taux de croissance, qui est plus fort pour les plantules de bas-fond que pour celles de plateau, à parité de milieu et après avoir pris en compte les possibles effets d'origine maternelle (taille de la graine, statut de l'arbre mère...). Ce résultat indique donc qu'une partie importante de la diversité des caractères a une origine génétique, et que la sélection naturelle a entraîné une différenciation dans la moyenne des traits entre peuplements proches mais avec des préférences écologiques différentes.

DISCUSSION

L'isolement de marqueurs basés sur le séquençage de gènes a montré que les deux espèces cibles ont une forte diversité génétique moléculaire, et peuvent donc être aisément analysées du point de vue de la diversité des gènes ; en revanche, l'activité d'isolement de marqueurs microsatellites, initialement prévue et qui n'est pas décrite ici, n'a pas permis d'identifier des marqueurs avec un niveau de diversité satisfaisant. Les résultats à la fois sur la diversité moléculaire et sur la diversité des caractères quantitatifs montrent que la différenciation entre peuplements, probablement entraînée par les différences de milieu, a une grande importance dans la détermination des niveaux de diversité biologique. Ce mécanisme pourrait constituer l'un des facteurs fondamentaux du maintien de la diversité forestière tropicale. En revanche,

DYNAMIQUE DE LA DIVERSITE NEUTRE ET ADAPTATIVE AU NIVEAU DE LA COMMUNAUTE : ETUDE DU GENRE *EPERUA* EN GUYANE FRANÇAISE

les deux résultats (sur les caractères quantitatifs et sur les gènes) sont pour l'instant à juxtaposer sans formuler d'hypothèses de relations de cause à effet entre les gènes et les caractères : il n'y a aucune raison de penser que les gènes étudiés soient directement impliqués dans la détermination des caractères. En revanche, la mise en évidence du même patron de différenciation dans deux jeux de données si différents laisse entendre que la différenciation génétique par sélection est un phénomène important à l'échelle du génome à l'échelle du peuplement, et ce malgré la tendance des flux des gènes à homogénéiser la composition génétique des populations.

CONCLUSIONS – PERSPECTIVES

Les résultats de ce premier programme de recherche sur les liens entre diversité génétique et adaptation chez une espèce forestière tropicale sont très prometteurs ; les liens entre environnement et constitution génétique apparaissent de façon plutôt claire et permettent d'envisager des études plus poussées pour identifier explicitement les bases génétiques de l'adaptation.

II. ACQUIS EN TERMES DE TRANSFERT

Les conclusions que l'on peut tirer d'ors et déjà de ce programme sont multiples et peuvent, d'ores et déjà, fournir quelques indications pratiques de gestion et de programmation, bien que, pour qu'elles se transforment en véritables outils de gestion, il faudra attendre l'analyse approfondie des données, qui est en cours.

Patrimoine génétique et adaptation locale. Nous avons mis en évidence que beaucoup de caractères physiologiques et de croissance ont une forte base génétique, du moins au stade de plantule et en milieu contrôlé. Ces résultats nécessitent une confirmation en pleine forêt et à l'âge adulte, mais nous pouvons dire que, plus qu'une adaptation locale des peuplements à leur habitat, il existe une véritable adaptation des sous-peuplements aux variations microgéographiques du milieu. Ainsi, des arbres écartés de quelques dizaines de mètres n'auront pas la même constitution génétique s'ils ne partagent pas le même milieu. Ce facteur est à prendre en compte : si dans la gestion d'une forêt on empêche les arbres d'un milieu donné de se reproduire, on peut faire la supposition que les arbres voisins, adaptés à un milieu différent, ne seront pas tout à fait capables de combler le vide, car leurs graines ne seront pas adaptées au milieu laissé libre. Il faut donc voir le peuplement comme une mosaïque de milieux et de génotypes associés, et ce, malgré le flux de gènes qui a tendance à les mélanger. Voyons quelques indications pratiques et conséquences possibles de cette situation.

Changements d'usage de terre et survie des peuplements. Le changement d'usage des terres s'accompagne inévitablement de travaux d'aménagement qui peuvent changer la circulation de l'eau dans le sol. Il faut alors s'attendre que, localement, les conditions édaphiques changent plutôt rapidement, et que les peuplements adaptés localement finiront par dépérir puis disparaître. Compte tenu de la dispersion très limitée des graines de ces espèces, il est possible que le remplacement des peuplements par d'autres mieux adaptés à la nouvelle situation ne se fasse pas assez rapidement ; la situation sera aggravée si les pollinisateurs disparaissent, en ôtant ainsi la possibilité d'un flux de gènes à longue distance qui pourrait fournir les variantes génétiques mieux adaptées. Si le résultat obtenu pour *Eperua* peut être généralisé à d'autres espèces capables de s'adapter à plusieurs milieux, il faut alors s'attendre à la persistance des espèces plus mobiles et à la disparition, sur le court terme, des moins mobiles.

Changements climatiques et survie des peuplements. Un raisonnement similaire peut être appliqué aux changements climatiques. Si les changements climatiques entraînent des changements édaphiques, il faut s'attendre à ce que les sous-peuplements adaptés très

DYNAMIQUE DE LA DIVERSITE NEUTRE ET ADAPTATIVE AU NIVEAU DE LA COMMUNAUTE : ETUDE DU GENRE *EPERUA* EN GUYANE FRANÇAISE

localement ne pourront pas palier le changement des conditions écologiques sans l'importation de gènes adaptés à la nouvelle donne environnementale. En particulier, si les changements n'entraînent pas tout simplement un glissement des gradients, mais plutôt une situation nouvelle avec une nouvelle combinaison de facteurs, il est possible que le matériel génétique adapté aux changements ne soit tout simplement pas disponible, et que l'espèce disparaisse localement.

Transplantations. Les pratiques sylvicoles classiques ne sont pas à l'ordre du jour en Guyane, et il n'est pas envisageable de penser à des pratiques telles que la plantation, surtout pour ces espèces qui sont encore peu exploitées. Toutefois, cette situation pourrait évoluer avec les transitions démographiques que va connaître le plateau guyanais, et une composante de génie environnemental, liée à l'aménagement raisonné du territoire, pourrait s'ajouter à la possibilité de gestion agroforestière. Dans ce contexte, nos résultats prônent un choix attentif de la source de graines à utiliser dans chaque milieu. Le bon choix ne semble pas être celui de la « provenance locale » ou du simple mélange de provenances, mais plutôt celui de la plantation de graines qui correspondent le mieux au milieu de destination ; les derniers résultats attendus de ce projet à l'échelle régionale, et les expériences de transplantation réciproque prévues pour la suite, nous dirons si cette adaptation au milieu a seulement une composante environnementale ou s'il est nécessaire de prendre également en compte l'origine régionale.

Banques génétiques, séquences, marqueurs génétiques. Ce programme a produit des résultats importants du point de vue de la caractérisation génétique moléculaire. Dix gènes ont été caractérisés finement du point de vue de la diversité des séquences, et 4000 clones de gènes d'*E. falcata* sont stockés dans notre laboratoire. Ces ressources génétiques peuvent représenter la base pour la recherche d'autres séquences d'intérêt écologique ou industriel (bien que nous ayons déjà programmé un effort de pyroséquençage de l'ensemble du transcriptome, qui fournira donc des données beaucoup plus complètes). Les marqueurs de séquence qui ont été identifiés comme liés aux variations environnementales permettent de prédire le comportement d'un arbre individuel vis-à-vis de l'environnement, et d'en comprendre ainsi le potentiel d'adaptation. Ces marqueurs sont donc un outil d'analyse mais également un outil de prédiction qui peut s'avérer très utile dans le domaine de la gestion des ressources génétiques forestières.

Les partenaires du transfert de connaissances. En Guyane, les organismes de recherche sur la forêt travaillent en collaboration étroite avec l'ONF, qui est un partenaire privilégié. L'Office a déjà montré un certain intérêt pour le développement de l'exploitation d'*Eperua* et il est donc naturel que les informations réunies par ce projet soient transférées à l'ONF. Un autre axe de transfert est représenté par Guyane Technopole, pépinière d'entreprises qui montre beaucoup d'intérêt surtout en ce qui concerne les aspects (bio)technologiques des résultats en recherche forestière.

III. LISTE DES PRINCIPALES VALORISATIONS DES RECHERCHES

- Articles scientifiques publiés, sous presse, soumis et en préparation :

PUBLICATIONS SCIENTIFIQUES A PARAITRE

Audigeos D, Buonamici A, Belkadi L, Rymer P, Boshier D, Scotti-Saintagne C, Vendramin GG, Scotti I (soumis) Aquaporins in the wild: natural genetic diversity and selective pressure in the PIP gene family in five Neotropical tree species. Soumis à *BMC evolutionary biology*. [confidentiel jusqu'à l'acceptation pour publication]

**DYNAMIQUE DE LA DIVERSITE NEUTRE ET ADAPTATIVE AU NIVEAU DE LA COMMUNAUTE :
ETUDE DU GENRE *EPERUA* EN GUYANE FRANÇAISE**

PUBLICATIONS SCIENTIFIQUES PREVUES

1. Un article dans une revue internationale à comité de lecture sur les analyses génétiques moléculaires à l'échelle de la parcelle.
 2. Un article dans une revue internationale à comité de lecture sur les analyses génétiques moléculaires à l'échelle phylogéographique
 3. Deux articles dans des revues internationales à comité de lecture sur les analyses génétiques quantitatives
 4. Une thèse de doctorat (D. Audigeos)
- Participations aux colloques nationaux ou internationaux (communication orale et poster) :
1. Audigeos D, Scotti I (2008) What an DNA analyses tell us about population history? ATBC meeting, Paramaribo.
 2. Audigeos D, Buonamici A, Vendramin GG, Rymer P, Boshier D, Scotti I (2008) Aquaporins in the wild: what gene sequences can reveal about the history of tropical rainforest ecosystems. SIBE meeting, Alghero, Italy.
 3. Audigeos D, Bonal D, Brousseau L, Scotti I, Scotti-Saintagne C (2009) Selection in the tropical rain? Gene-level and trait-level divergence within a population of trees. ESEB meeting, Turin.
 4. Aquaporins in the wild: natural genetic diversity and selective pressure in the PIP gene family in five Neotropical tree species (2009) EFI Workshop, Freiburg.
- Rapports de fin d'étude (mémoires de master, de DEA, thèses...) :
1. L. Brousseau (2009) Rapport de stage de Master I, Université de Bordeaux
 2. D. Audigeos (2010) Thèse de Doctorat, Université des Antilles et de la Guyane

RESUMES

En français

RESUME

1/2 à 1 page

Eperua falcata et *Eperua grandiflora* sont des arbres de la forêt tropicale humide qui montrent un degré variable d'adaptation aux gradients de conditions édaphiques. Nous avons étudié leur adaptation au milieu par une approche double, basée d'un côté, sur l'analyse génétique quantitative de plantules issues d'arbres mères identifiés et cultivées en milieu contrôlé, et de l'autre côté, sur l'analyse moléculaire des divergences génétiques entre sous-peuplements adaptés à des milieux différents.

Les résultats montrent que la base génétique des caractères étudiés est forte et qu'il y a des divergences dans les moyennes des traits entre familles de plantules issues d'arbres mères d'origine environnementale différente. Cela suggère qu'il existe une forme d'adaptation de long terme aux conditions locales et que dans un peuplement il y a une forte diversité de comportement écologique, qui a une base génétique. En parallèle, les résultats moléculaires montrent que les peuplements sont aussi structurés géographiquement à l'échelle de la parcelle du point de vue des fréquences des allèles de gènes potentiellement soumis à sélection. Cette structure ne peut pas être expliquée par les limitations de la dispersion des graines et du pollen, et laisse entendre que le gradient écologique impose une forte différenciation entre sous-peuplements.

Globalement, ces deux résultats montrent que l'adaptation locale au milieu est un moteur fort au maintien de la diversité génétique chez les peuplements d'arbres forestiers tropicaux.

MOTS CLES

Eperua, adaptation, diversité génétique, génétique quantitative, démographie, écophysiologie, stress hydrique, stress anoxique, gènes candidats

In English

ABSTRACT

1/2-1 page

Eperua falcata and *Eperua grandiflora* are two species of Neotropical rainforest trees showing variable degrees of ecological flexibility relative to edaphic conditions. We have studied their adaptation to environmental conditions with a two-pronged approach. On one hand, we have performed quantitative genetic analyses on glasshouse-grown seedlings derived from known mother trees; on the other hand, we have analysed molecular genetic diversity in natural stands subject to environmental gradients.

Our results show that the studied characters have a large genetic base and show divergence between offspring derived from mother trees growing in different environments. This suggests some form of local adaptation and implies that the stands have large genetic diversity and large genetically determined ecological flexibility. In parallel, molecular genetic data also show that stands are internally structured according to the environmental gradients; allele frequencies at candidate genes for stress response covary with the gradient. This result cannot be explained by limited dispersal only and suggests that the gradient imposes a strong selective pressure on the genes. As a whole, the results presented here show that adaptation to

**DYNAMIQUE DE LA DIVERSITE NEUTRE ET ADAPTATIVE AU NIVEAU DE LA COMMUNAUTE :
ETUDE DU GENRE *EPERUA* EN GUYANE FRANÇAISE**

local environmental gradients is a strong factor of genetic diversification within stands of tropical rainforest trees.

KEYWORDS

Eperua, adaptation, genetic diversity, quantitative genetics, demography, ecophysiology, drought stress, hypoxic stress, candidate genes

**DYNAMIQUE DE LA DIVERSITE NEUTRE ET ADAPTATIVE AU NIVEAU DE LA COMMUNAUTE :
ETUDE DU GENRE *EPERUA* EN GUYANE FRANÇAISE**