

BioMareau - II 2016-2019

Dynamique de recolonisation de la biodiversité après travaux d'entretien du lit de la Loire

Évolution de la diversité génétique du peuplier noir sur le nouvel îlot C

Le peuplier noir (*Populus nigra* L.)

Après travaux, et dès 2013, de jeunes semis de peuplier noir ont remplacé les arbres détruits sur l'îlot C. L'étude de la diversité génétique doit permettre de déterminer si la perturbation a eu un impact sur cette espèce, en comparant l'ADN avant et après travaux.

Des indicateurs de diversité génétique (allèle, support de l'information génétique) ont été recherchés dans 12 portions ADN dans 1480 peupliers. Les allèles identifiés mettent en évidence à quel point les individus sont génétiquement différents entre eux.

Ces individus sont des jeunes plants (âgés de plus d'un an) échantillonnés en 2008, et des semis de l'année, issus des événements de régénération de 2013 et de 2015 (dont apparus après travaux).



Semis de l'année



Jeunes plants

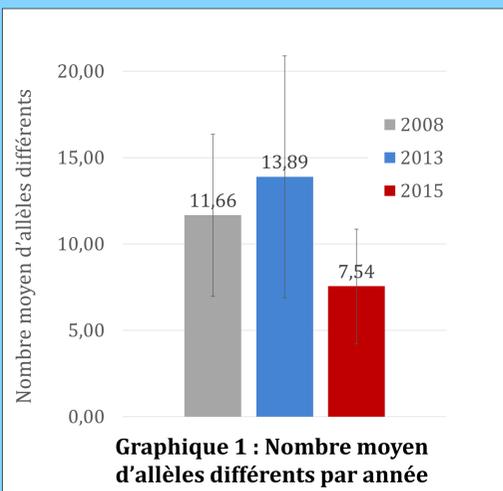
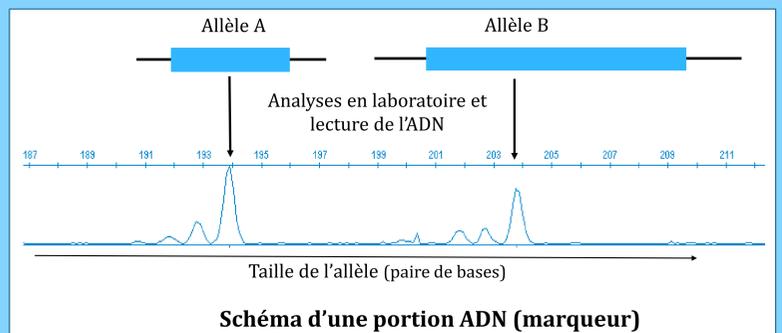
L'îlot de Mareau-aux-Prés : théâtre de l'évolution de la diversité génétique du peuplier noir

La diversité génétique peut être observable :

- à l'œil nu par le changement de caractéristiques anatomiques ou fonctionnelles (taille des feuilles, meilleure résistance à la sécheresse),
- à l'échelle de la cellule (modification de la taille et/ou de la forme de l'ADN).

Nous avons étudié **12 portions d'ADN (marqueurs) par individu**. Chacune d'elle varie en longueur d'un individu à l'autre (allèles différents). **Plus il y a de longueurs différentes dans une population d'individus, plus la diversité est grande** (schéma ci-contre).

Le matériel végétal a été prélevé sur le terrain (une feuille par individu), puis étudié en laboratoire : extraction, amplification et révélation du polymorphisme ADN.

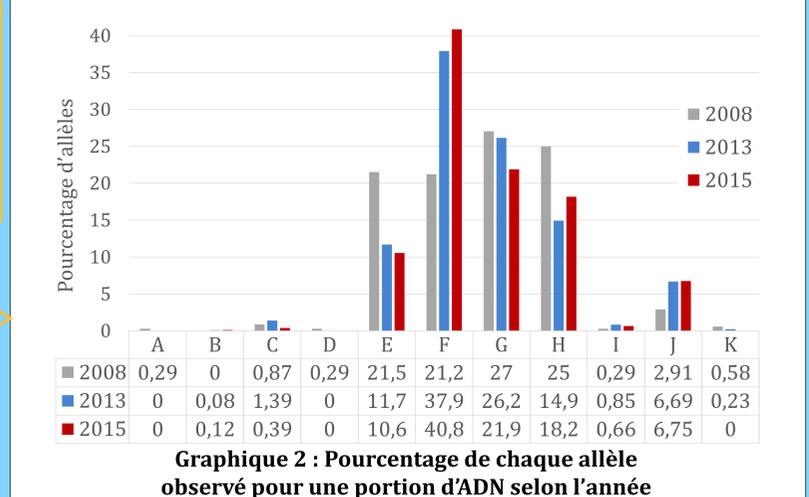


Il existe une diversité génétique entre les individus selon leur année d'échantillonnage :

- nombre d'allèles quasiment identique entre 2008 et 2013 ;
- diminution de moitié entre 2013 et 2015.

Cette fluctuation s'explique par la disparition / apparition d'allèles :

- des allèles rares disparaissent et apparaissent (A, B, C, D, I et K) ;
- les allèles les plus fréquents sont conservés (E, F, G et H) ; pourcentage fluctue selon les années.



Comment expliquer cette diversité génétique ?

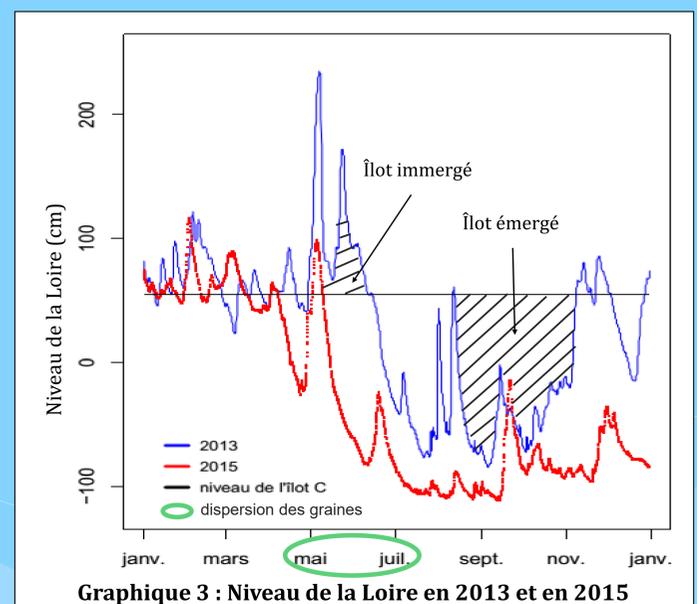
Les travaux effectués en 2012 n'ont pas d'effet négatif, dans l'immédiat, sur la diversité génétique de cette espèce. Il existe toutefois une **fluctuation de la diversité génétique** entre les individus de 2008 (avant travaux) et de 2013-2015 (après travaux).

Entre 2008 et 2013, la diversité génétique est en moyenne positive, avec l'apparition d'allèles (graphique 1).

Les disparitions d'allèles observées dépendent de la portion d'ADN étudiée.

La diversité génétique entre les individus de 2013 et 2015 est nettement plus importante et dépend :

- De la **période de dispersion des graines** liée au **niveau de la Loire** (graphique 3) : les graines sont transportées par l'eau et se déposent à différentes hauteurs ; si l'îlot est immergé, aucune graine ne peut se déposer (graphique 3 - 2013).
- Des **conditions climatiques et environnementales** : sécheresse estivale, disponibilité en eau et des sédiments, dynamique fluviale.



Graphique 3 : Niveau de la Loire en 2013 et en 2015

Source : <http://hydro.eaufrance.fr>



Cette opération est cofinancée par l'Union européenne. L'Europe s'engage sur le bassin de la Loire avec le Fonds européen de Développement Régional.

Auteurs : Auriane ROGER (INRA), Vanina GUERIN (INRA), Véronique JORGE (INRA), Marc VILLAR (INRA), Corinne BURET (INRA), Sara MARIN (Univ. Toulouse)

Journées BioMareau 2017 - 08