



HAL
open science

Prévoir l'évolution de la diversité pour différents itinéraires sylvicoles

Philippe Dreyfus, Sylvie Oddou-Muratorio

► **To cite this version:**

Philippe Dreyfus, Sylvie Oddou-Muratorio. Prévoir l'évolution de la diversité pour différents itinéraires sylvicoles. Rendez-vous Techniques de l'ONF, 2004, hors-série 1, pp.97-104. hal-02676458

HAL Id: hal-02676458

<https://hal.inrae.fr/hal-02676458v1>

Submitted on 11 Jul 2024

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.

Prévoir l'évolution de la diversité pour différents itinéraires sylvicoles

Comment comparer les effets de divers modes de gestion sylvicoles sur la diversité génétique ?

L'idée que la gestion forestière n'est pas neutre sur le plan génétique n'est pas nouvelle. Par exemple, dans une revue des interactions entre génétique et sylviculture, Birot (1986) cite des choix sylvicoles concrets dont les effets sur la structure génétique sont à considérer avec attention : renouvellement des peuplements par régénération naturelle, sylviculture par points d'appui ou bouquets de dissémination. Les articles précédents de ce hors série ont illustré différentes conséquences génétiques des choix opérés par le sylviculteur lors de la phase de régénération du peuplement. Mais de façon générale, on dispose de très peu d'éléments concrets pour comparer l'effet global de divers modes de traitements sylvicoles sur la diversité génétique*.

Différentes études « expérimentales » ont cherché à comparer la diversité génétique observée dans des peuplements soumis à des traitements sylvicoles contrastés, en supposant que toutes les autres caractéristiques de ces peuplements étaient comparables, notamment la composition génétique initiale. Une étude allemande de Konnert et Hussendorfer (2001) a par exemple consisté à comparer les niveaux de diversité génétique observés dans seize peuplements équiennes et neuf peuplements à structure d'âge irrégulière de sapin pectiné : les peuplements irréguliers tendent à avoir

plus d'allèles* rares, mais un indice de diversité génétique de Nei plus faible que les peuplements équiennes, dû à des fréquences alléliques* moins équilibrées. Ainsi, les peuplements irréguliers pourraient avoir une diversité plus élevée (liée en partie au chevauchement des générations) mais cette diversité pourrait être plus sensible à des perturbations démographiques que celle des peuplements équiennes. D'autres études ont mis en évidence de fortes modifications de la structure génétique de peuplements lors des opérations d'éclaircie et de récolte. Mais la structure génétique dépend fortement de la distribution spatiale des arbres, elle-même fortement affectée par les éclaircies : dès lors, comment mesurer les effets respectifs de ces paramètres ? On touche là aux limites de l'approche descriptive en forêt.

Une autre stratégie pour comprendre les effets de divers scénarios de gestion sylvicole consiste à décrire les effets de la sylviculture sur la dynamique des peuplements (croissance, compétition, mortalité), ainsi que les interactions entre processus dynamiques et génétiques. La gestion sylvicole intervient en effet essentiellement sur la dynamique, en particulier en régulant la compétition, en éliminant certains arbres et en facilitant la croissance ou l'apparition d'autres individus (figure 1).

Un outil : la modélisation

Sur la base de connaissances théoriques et de données obtenues dans des dispositifs variés (expérimentations ou placettes d'observation en forêt, récoltes et piégeage de graines, suivis en serre ou pépinière, analyses au

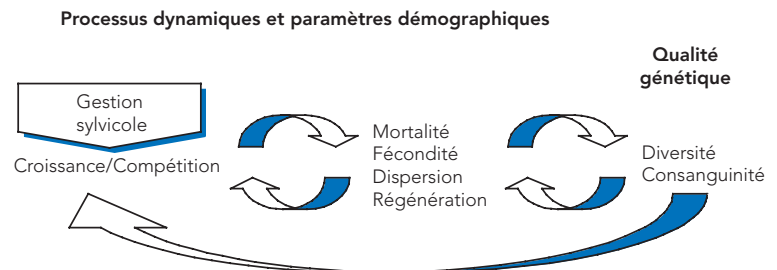


Fig. 1 : interactions entre les processus dynamiques des peuplements forestiers et leur qualité génétique via les paramètres démographiques. La gestion intervient sur l'équilibre « croissance/compétition » en favorisant certains individus de manière sélective (au stade « adulte » comme au stade « semis ») et en supprimant d'autres, à l'occasion des coupes d'éclaircie et de régénération, et de l'exploitation forestière

résumé

Évaluer les conséquences de la gestion forestière sur la diversité génétique

n'est pas chose facile. De nombreux facteurs et processus entrent en jeu et leur résultante ne peut généralement pas être déduite simplement. La modélisation et la simulation peuvent

aider à comparer l'impact de divers modes de gestion. Des progrès significatifs dans cette direction ont été réalisés récemment et ouvrent des perspectives pour l'aide à la décision.

* Voir glossaire p 117

laboratoire...), des modèles peuvent être construits en utilisant des méthodes d'analyse statistique plus ou moins complexes. Un modèle est une représentation simplifiée des objets auxquels on s'intéresse (ici des arbres, des peuplements), des processus qui gouvernent leur évolution (dispersion, régénération, compétition, croissance, mortalité, reproduction...) et des facteurs (station écologique, densité, sylviculture...) qui déterminent l'intensité de ces processus, en un endroit donné, à un moment donné. On considère souvent qu'un « bon » modèle est un modèle qui correspond au meilleur rapport efficacité/complexité, son efficacité étant jugée à partir de sa capacité à répondre aux questions posées. Et le « bon » modèle pour un type de questions donné ou une échelle spatiale donnée (la communauté d'arbres qui occupent une parcelle forestière, par exemple) n'est pas forcément le meilleur pour des questions d'un autre ordre ou à une autre échelle spatiale (la mosaïque de parcelles qui constituent une forêt ou un petit massif...).

Construire un modèle dans le but de répondre à certaines questions, scientifiques ou appliquées, c'est d'abord en déterminer la structure, c'est-à-dire définir les objets d'intérêt, les processus à prendre en compte. Il faut ensuite caractériser l'action de chaque processus sur les objets d'intérêt, généralement sous forme d'une relation mathématique qui décrit l'évolution des caractéristiques des objets (dimensions, croissance, probabilité d'apparition, de survie) sous l'effet du processus. Une fois le modèle construit, calibré (ajustement des valeurs des paramètres des équations constitutives, à partir des données disponibles), testé, évalué, et intégré dans un logiciel de simulation, il devient possible de simuler l'évolution des arbres et des peup-

Modèles de croissance – Modèles de dynamique forestière

L'évolution de **peuplements homogènes**, c'est-à-dire **monospécifiques** et **équiennes**, peut être représentée par des « **modèles de croissance** ». Ils décrivent la croissance (hauteur, diamètre) et la mortalité des arbres, et l'évolution du peuplement (surface terrière, volume, production) en fonction de l'espèce (voire de provenances), de la station et de la sylviculture. Bon nombre d'entre eux sont du type « **arbre – sans spatialisation** » (= « arbre – indépendant de la distance ») et prennent en compte la distribution d'arbres-type par classes de diamètre ou un inventaire individuel (alors que les modèles « **arbre moyen** » ou « **peuplement** » ne considèrent que les diamètres moyen et dominant du peuplement), sans considérer la position des arbres dans la parcelle. Quelques modèles de type « arbre – avec spatialisation » (= « arbre – dépendant de la distance ») utilisent la cartographie des arbres pour lier la croissance aux compétiteurs les plus proches). Houllier *et al.* (1991) présentent ces types de modèles et leur utilisation (y compris le lien avec des outils de prévision de la qualité des bois).

Pour l'évolution de **formations mélangées, irrégulières**, où la **régénération** doit être prise en compte puisqu'elle intervient potentiellement en permanence et pas seulement en fin de cycle, on a recours à des modèles « **arbre – avec spatialisation** » (Courbaud *et al.*, 2000) ou à des « **modèles de dynamique forestière** ». Ces derniers sont très divers en termes de mode de représentation du peuplement et des processus (régénération/recrutement, croissance, mortalité, dispersion) et d'échelle spatiale considérée (voir Franc *et al.* 2000) ; des « modèles de trouées » (« gap models » en anglais) ont notamment été développés pour des situations correspondant à la plupart des grands types de forêts du globe.

Quelques lectures

COURBAUD B., GOREAUD F., DREYFUS PH., BONNET F.R., 2000. Sylviculture et modèle de croissance dépendant des distances : mise en oeuvre du logiciel CAPSIS 3.0 sur des pessières irrégulières de montagne. *Revue Forestière Française*, vol. 52, n° 5, pp. 425-438

HOULLIER F., BOUCHON J., BIROT Y., 1991. Modélisation de la dynamique des peuplements forestiers : état et perspectives. *Revue Forestière Française*, vol. 43, n° 2, pp. 87-108

FRANC A., GOURLET-FLEURY S., PICARD N., 2000. Une introduction à la modélisation des forêts hétérogènes. Paris : ENGREF. 312 p.

Le numéro spécial « *Modélisation de la croissance des arbres forestiers et de la qualité des bois* » (1995) de la *Revue Forestière Française* présente une grande variété d'approches de modélisation.

Le Cemagref (Nogent-sur-Vernisson) a établi récemment un dossier « Bilan et perspectives sur les modèles de croissance, de dynamique forestière et de qualité des bois » pour le compte du ministère de l'Agriculture.

abstract

Measuring the consequences of forest management on genetic diversity is not straightforward. Many factors and

processes have to be accounted for and their integrated effects cannot be predicted in a simple way. Therefore, modelling and simulation can be very useful to compare the impact of diffe-

rent management options. Significant improvement in that way has been obtained recently and suggest interesting prospects to help for decision making.

plements selon divers scénarios de gestion (y compris l'absence d'intervention).

Il existe de nombreux modèles de croissance ou de dynamique forestière (voir encadré sur les modèles). En France, une bonne partie des modèles existants sont intégrés dans la plate forme de simulation Capsis (voir encadré ci-contre et <http://capsis.free.fr>).

Par ailleurs, différents modèles ont été mis au point pour simuler l'évolution de la structure génétique des peuplements forestiers et de leur diversité. Mais dans ces modèles, les processus démographiques sont généralement représentés de manière très simplifiée.

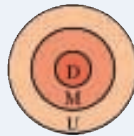
Coupler des modèles de dynamique forestière et des modèles de flux de gènes*

En 2002, a débuté un projet visant à élaborer un outil de simulation permettant de tester l'impact de la gestion forestière sur la diversité génétique de peuplements forestiers divers et, plus généralement, les interactions (dans les deux sens) entre la dynamique des peuplements forestiers et les processus de reproduction et de flux de gènes. Ce projet a été mené conjointement par des équipes de l'Inra et du Cirad, à Avignon, Montpellier et Bordeaux, et par le Conservatoire génétique des arbres forestiers (CGAF Orléans, ONF), en réponse à un appel à propositions de recherche du Bureau des ressources génétiques. Il a été cofinancé principalement par le ministère de l'Agriculture. Cette thématique a bénéficié parallèlement d'un soutien conjoint de l'Inra et du Cirad.

La démarche a consisté à rassembler des spécialistes de la modélisation dans le domaine de la croissance des arbres, de la dynamique forestière et de la génétique pour étudier la manière de connecter les modèles correspondant à ces champs de

Le projet CAPSIS : Croissance d'Arbres en Peuplement et Simulation d'Interventions Sylvicoles (<http://capsis.free.fr>)

Dès ses débuts en 1994, ce projet logiciel avait pour objectif de mettre les modèles établis par les chercheurs à la disposition des forestiers. Au stade actuel (version 4), Capsis est devenu une plate-forme modulaire, évolutive et pérenne, ouverte. Une charte définit son organisation comme un développement partagé, autour du responsable du projet global (*) et du développement du noyau logiciel :



Développeur : développement du noyau (Java ; Win32, Linux...), conseil, formation, assistance ;

Modélisateurs : développement des modules, intégration des connaissances scientifiques ;

Utilisateurs : des modules opérationnels, en relation avec les modélisateurs.

L'objectif est de permettre la simulation des conséquences de conduites sylvicoles variées – et de la gestion forestière en général – sur la base des connaissances scientifiques sur la croissance des arbres et la dynamique des peuplements. Cette **plate-forme d'intégration de modèles** de croissance et de dynamique forestière est à la disposition des modélisateurs, des gestionnaires forestiers et des enseignants.

De nombreux modèles de croissance et de dynamique forestière développés par des équipes de recherche, françaises pour la plupart (Inra, Cemagref, Cirad, IRD...), sont intégrés dans Capsis 4. Une bibliothèque de fonctionnalités économiques est en cours de développement par l'Institut européen de la forêt cultivée (<http://www.iefc.net/>).

En 2003-2004, Capsis 4 a été enrichi de nombreux éléments permettant la prise en compte de la génétique et l'intégration de modèles couplant la dynamique (croissance, mortalité, régénération) avec la dispersion, la reproduction et les flux de gènes.

(*) : François de Coligny (Inra) - UMR « botAnique et bioinforMatique de l'Architecture des Plantes (AMAP) - Montpellier

connaissances. Cette connexion est considérée à la fois du point de vue théorique (enchaînement des processus de reproduction – c'est-à-dire production et dispersion des graines et du pollen en lien avec la phénologie – de régénération ou recrutement, de croissance, compétition et mortalité) et du point de vue informatique.

Les possibilités de la plate-forme de simulation Capsis qui hébergeait déjà des modèles de croissance et de dynamique forestière (dont certains utilisés par l'ONF) ont été étendues par adjonction de fonctionnalités ayant trait à la génétique (méiose*, fécondation).

Le projet portant sur le couplage démo-génétique* s'appuie sur une

gamme de situations forestières et d'espèces, pour lesquelles les chercheurs disposent de données expérimentales et de modèles pour les champs scientifiques à connecter. Ces situations ou modèles biologiques ont joué deux rôles :

- garantir, par leur variété, que la partie théorique et informatique du projet a une portée suffisamment générale ;

- contribuer à tester ces outils, puis à évaluer des méthodes de gestion des ressources génétiques.

Pour chacune des situations forestières étudiées, un module informatique intégrant le modèle correspondant (résultant du couplage des modèles de chaque champ de connaissance) a été écrit, en utilisant

Situation forestière Espèce principale prise en compte sur le plan génétique	Équipe de recherche
Peuplements monospécifiques de pins évoluant par colonisation vers des sapinières-hêtraies (Mont-Ventoux) Sapin pectiné (<i>Abies alba</i> Mill.)	Inra – Unité de recherches forestières méditerranéennes (Avignon)
Forêt dense tropicale humide en évolution constante, avec exploitation pour le bois d'œuvre (Guyane française) Angélique (<i>Dicorynia guianensis</i> Amsh.), Wacapou (<i>Vouacapoua americana</i> J.B. Aublet)	Cirad-Forêt - Programme Forêts naturelles, équipe « Étude et modélisation de la dynamique forestière » (Montpellier)
Espèce feuillue disséminée (Bassin parisien) Alisier torminal (<i>Sorbus torminalis</i> Crautz) dans chêne sessile	ONF – Conservatoire génétique des arbres forestiers (Orléans)
Espèces feuillues sociales (Sarthe) Chênes sessile (<i>Quercus petraea</i> (Mattus.) Liebl.) et pédonculé (<i>Q. robur</i> L.)	Inra - Laboratoire de génétique et amélioration des arbres forestiers – (Bordeaux)
Peuplement monospécifique en expansion (Luberon) Cèdre de l'Atlas (<i>Cedrus atlantica</i> (Endl) Carr.)	Inra – Unité de recherches forestières méditerranéennes (Avignon)

en particulier les nouvelles fonctionnalités génétiques de la plate-forme. Pour un module correspondant à une structure mélangée, il est possible de suivre l'évolution génétique d'une seule des espèces présentes ou de plusieurs (selon les connaissances disponibles sur chaque espèce et les informations fournies au départ d'une simulation).

Le travail réalisé au cours de ces deux années a ainsi permis de rendre nettement plus réaliste la composante « démographique » en matière de couplage démo-génétique en reliant les effectifs et structures d'âges à l'évolution des dimensions des arbres, évolution qui résulte elle-même de processus décrivant croissance et survie en fonction de la densité et de la compétition plus ou moins intense, ainsi que des potentialités stationnelles.

Premiers résultats

De premières simulations ont été réalisées pour chaque situation étudiée, dans le but de tester le fonctionnement des modèles résultant du couplage démo-génétique pour les situations forestières sélectionnées, et d'évaluer leur sensibilité

pour certains processus. Par ailleurs, des simulations de différents modes de gestion (réels et alternatifs, y compris l'évolution naturelle sans intervention) ont été réalisées.

Certaines indications sur la structuration et l'évolution des ressources génétiques ont ainsi été ébauchées. Deux exemples sont détaillés ci-dessous.

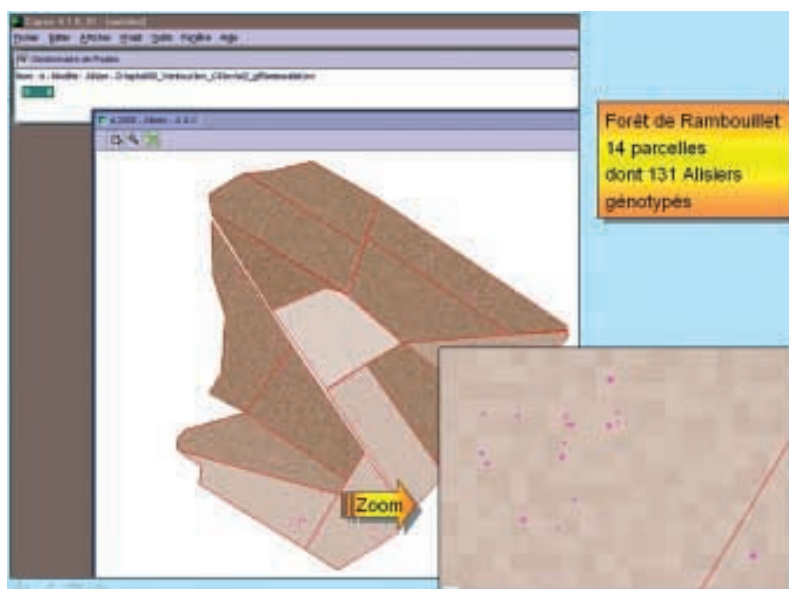


Fig. 2a : alisier torminal disséminé dans une chênaie - Début de simulation. La visualisation montre une partie de la forêt constituée de 14 parcelles de chêne sessile, cultivées en futaie régulière. Les parcelles sont à différents stades ; la teinte plus ou moins foncée indique une surface terrière plus ou moins forte. Les alisiers adultes, cartographiés et génotypés* sont figurés en rose

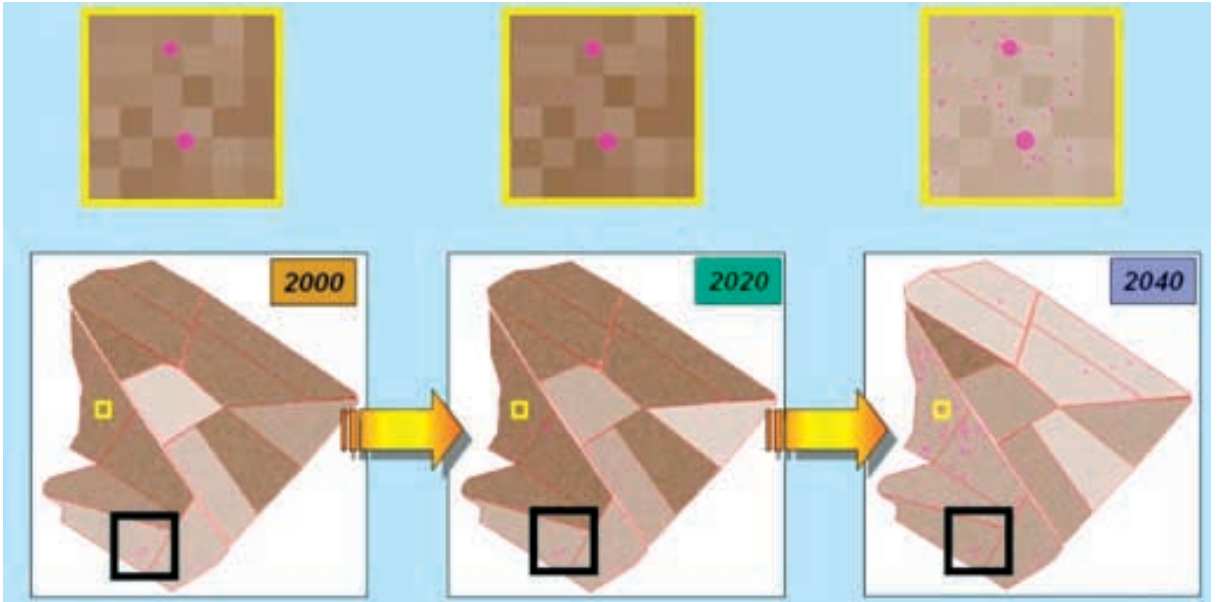


Fig. 2b : alisier torminal disséminé dans une chênaie – Simulation sur 40 ans. La visualisation montre que les parcelles de chêne voient leur surface terrière évoluer du fait de la croissance et des coupes de régénération. Des semis d'alisier apparaissent au voisinage des adultes ou dans des parcelles où les conditions de concurrence sont favorables

Exemple 1 : Alisier torminal disséminé en chênaie sessile

■ Dans ce module, nous avons assemblé différentes connaissances existantes sur la croissance du chêne sessile,

la dispersion du pollen et des graines de l'alisier, et différentes caractéristiques du régime de reproduction* de ces deux espèces (durée de la phase juvénile, production relative de

graines...). Par contre, faute de modèle de croissance établi pour l'alisier torminal, nous avons été contraints d'utiliser un modèle dérivé de celui du chêne sessile, tout en tenant compte (via des termes de pondération) du comportement connu de l'alisier par rapport à la compétition.

■ Les figures 2a et 2b donnent un aperçu d'une session de simulation dans Capsis.

■ Premiers résultats : la simulation montre que l'absence de coupes dans la population de chênes condamne pratiquement l'alisier (figure 3).

Exemple 2 : le sapin pectiné, en phase de colonisation des pineraies de l'arrière-pays méditerranéen

■ Ce module est construit autour d'un modèle démographique de dynamique forestière, encore en cours d'élaboration, qui décrit l'évolution conjointe (compétition, croissance, mortalité, recrutement) des pins (sylvestre, à crochets ou noir) et des colonisateurs que sont le hêtre

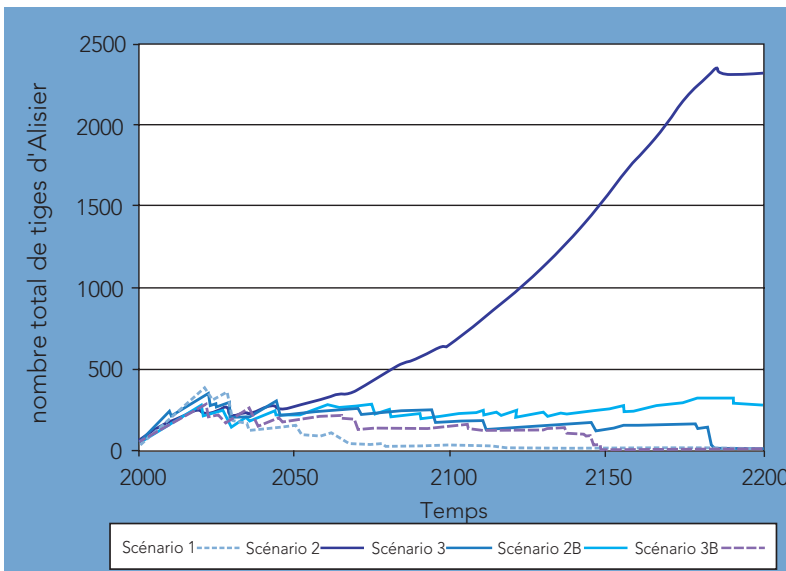


Fig. 3 : alisier torminal disséminé dans le chêne sessile - Évolution démographique de la population d'Alisier torminal selon cinq scénarios de gestion sylvicole :

1 : évolution libre – 2 : gestion dynamique favorable à l'alisier – 3 : gestion passive favorable à l'alisier – 2B : gestion dynamique ne tenant pas compte de l'alisier – 3B : gestion passive ne tenant pas compte de l'alisier



Fig. 4 : sapinière-hêtraie en cours de constitution – Mont-Ventoux. Ce schéma représente deux états à 20 ans d'intervalle, avec croissance des arbres en place, apparition de nouveaux individus (régénération). Le génotype* (encadré vert) d'un semis est déduit de celui issu de sa mère, situé à proximité (et représentée sur le plan informatique comme un individu unique, dont le génotype est décrit par la valeur des allèles aux différents locus*) et de celui de son père, distant (représenté sur le plan informatique par un objet correspondant à un ensemble d'individus situés dans la même parcelle, de mêmes dimensions et âges ; dans ce cas, le génotype est représenté par un tableau de fréquences alléliques)

et le sapin pectiné ; ce dernier est considéré également sur le plan génétique (figure 4). Le module est conçu pour prendre en compte des zones forestières assez vastes, de quelques centaines à milliers d'hectares. Cela correspond à plusieurs dizaines ou quelques centaines d'entités spatiales (parcelles ou sous-parcelles) considérées comme homogènes du point de vue de la station écologique (information intégrée au système d'information géographique de l'ONF). Pour le sapin, le sous-modèle représentant la dispersion est plus raffiné : la fructification des semenciers dépend de leurs dimensions ; la probabilité d'apparition des semis en un point donné dépend de la position des sapinières environnantes, même lointaines (jusqu'à plus d'un kilomètre), et des semenciers intercalés en avant du front de colonisation.

■ Premiers résultats : naturellement, le sapin pectiné tend à coloniser les peuplements de pins (figure 5) ; la gestion sylvicole favorise son passage des strates basses de régénération vers la strate supérieure. L'érosion génétique (perte d'allèles rares) est assez faible, particulièrement en l'absence de gestion forestière, car il s'agit d'un contexte d'accroissement démographique.

Les modèles restent encore à améliorer

Le couplage accompli se fonde sur les modèles et les relations disponibles, établis lors d'études antérieures ou menées en parallèle. La sensibilité des modèles aux incertitudes sur différents paramètres a été étudiée par simulation. Les résultats montrent que la validation d'orientations de gestion adaptées avec pré-

cision à différentes situations écologiques et socio-économiques nécessite au préalable une amélioration substantielle pour plusieurs composantes des modèles :

- la croissance et la survie, notamment pour les forêts mélangées et multi-strates, ou pour des espèces disséminées (alisier torminal, par exemple) ;
- la dispersion dite « efficace », c'est-à-dire donnant une probabilité d'abondance des semis en un site donné selon la position des arbres ou peuplements semenciers, des conditions d'accueil du milieu, de la compétition qui s'est exercée depuis la germination ;
- la dispersion du pollen, pour tenir compte des flux provenant des peuplements environnants ;
- les fluctuations annuelles de fécondité qui conduisent à des irrégularités dans la régénération, en quantité et en diversité.

Stratégie...

L'objectif final du projet engagé sur la base du simulateur Capsis est de prévoir l'effet de différents modes de gestion. Sur le plan informatique, les possibilités déjà multiples offertes par cette plate-forme pour simuler la sylviculture restent à compléter ou automatiser. Ceci nécessite un effort supplémentaire pour « conceptualiser » – et surtout traduire en code informatique – les interventions sylvicoles (notamment dans des structures de peuplements très irrégulières ou mélangées) ou les modes de gestion à l'échelle de la forêt. Ainsi, les outils mis au point ici permettront à court terme des simulations de type « stratégique » de l'effet d'un éventail de modes de gestion sur la structure dimensionnelle et spatiale des peuplements, leur composition, leur structure génétique, pour une gamme de situations de départ théoriques. On pourra en tirer des recommandations d'ordre général pour une espèce donnée et une grande région, recommandations qui resteront naturellement conditionnées par la connaissance des phénomènes décrits et le degré d'achèvement des modèles.

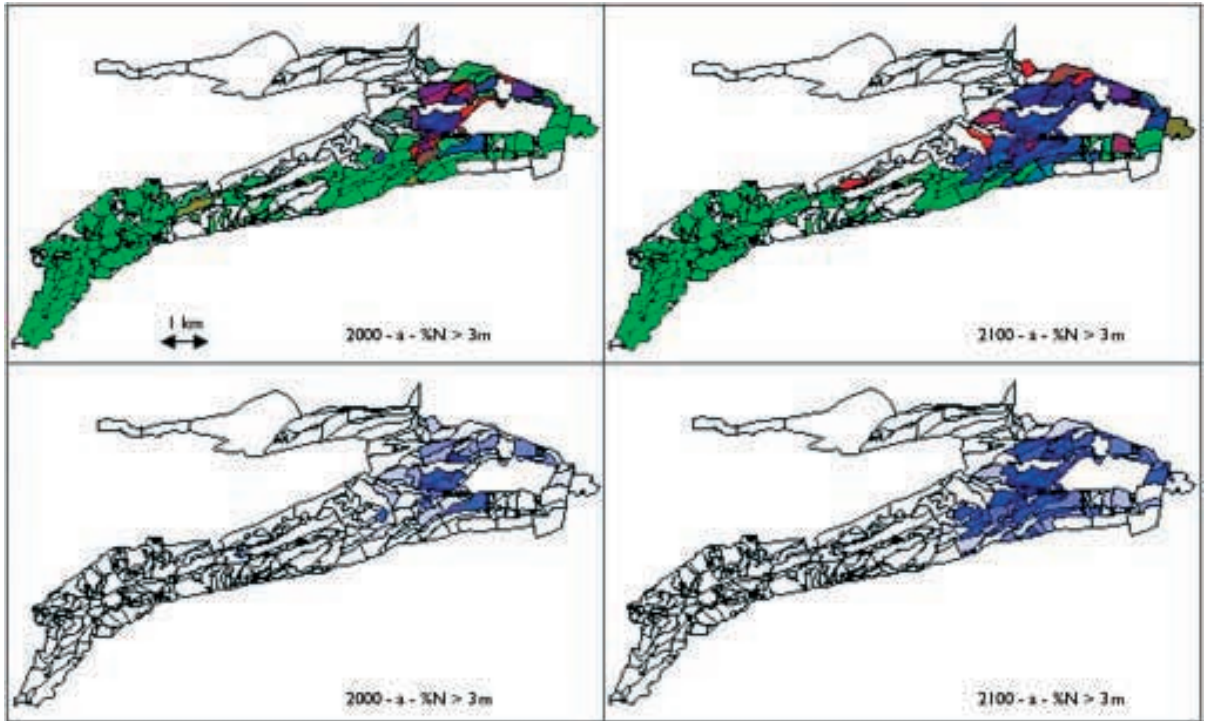


Fig. 5 : recolonisation des peuplements de pins par le sapin pectiné et le hêtre – Simulation sur 100 ans, en absence d'intervention sylvicole, de la colonisation du sapin (en bleu) et du hêtre (en rouge) (année 2000 à gauche, et 2100 à droite) dans les peuplements de pins (sylvestre, à crochets, en vert) en versant Nord du Mont-Ventoux (entre 900 et 1600 m d'altitude). Les cartes du bas ne présentent que le sapin. La teinte est d'autant plus foncée que la proportion de l'espèce est forte, en nombre d'individus de plus de 3 m de hauteur (régénération et adultes). Le sapin s'étend fortement à partir d'un noyau de sapinières matures ; déjà observée en 2000 (unités en bleu plus ou moins clair autour du noyau), cette évolution s'amplifie fortement, d'après la simulation, de 2000 à 2100. La partie gauche de la carte, plus éloignée des sapinières-sources et correspondant à des altitudes basses, moins favorables au sapin (et au hêtre), n'est pratiquement pas concernée par cette colonisation

...et tactique

Par contre, pour des prescriptions adaptées à des situations bien déterminées (une forêt donnée, un petit massif, une parcelle précise), hormis les dispositifs d'étude décrits et suivis de manière bien plus détaillée que ce que permet un contexte de gestion forestière, il serait utile de mettre au point des méthodes de diagnostic permettant de caractériser le point de départ « réel », en vue de simulations de type « tactique ». En effet, la pertinence du résultat des simulations ne dépend pas uniquement de la validité du modèle, mais aussi de la description que l'on a de la situation en question.

Pour mettre au point des méthodes de description, on peut faire appel aux méthodes classiques d'échantillonnage, à condition d'améliorer la description dimensionnelle et spatiale de structures forestières complexes, ainsi que la caractérisation des conditions stationnelles, en gardant ces descriptions compatibles avec un contexte de gestion forestière opérationnelle (son coût de mise en œuvre doit être en rapport avec le bénéfice que l'on peut tirer, soit directement soit par simulation, des éléments obtenus).

Bien entendu, cette question a une importance très générale et n'est pas spécifiquement liée à l'étude de la structure génétique et de son évolution. Sur le plan génétique, en plus des questions d'échantillonnage, la caractérisation de la structure (y compris spatiale) se heurte encore au coût élevé du génotypage.

terisation de la structure (y compris spatiale) se heurte encore au coût élevé du génotypage.

Prendre en compte les effets de la génétique sur la dynamique des peuplements

Le projet a surtout porté sur l'impact de la démographie sur la génétique. Aucun effet génétique sur le phénotype* n'est encore pris en compte dans les modèles mis en œuvre. Mais tout est prêt, dans la plate-forme Capsis, pour intégrer de tels effets.

À court terme, pourraient être pris en compte :

- l'effet de dépression de consanguinité* (effet négatif de la consanguinité



Inra Avignon

Exemple de colonisation de pineraie de pin sylvestre par le sapin pectiné dans le massif du Ventoux

sur la survie des individus) qui peut réduire fortement l'effectif de semis dans les très jeunes régénérations (sapin pectiné, angélique, cèdre, chêne...);

■ le contrôle génétique de la floraison/fructification (par exemple sur cèdre de l'Atlas et sapin) qui détermine en partie les variations inter-individuelles et inter-annuelles de la participation des semenciers à la régénération ;

■ le contrôle génétique de l'adaptation à la sécheresse (et donc sur la survie, voire la vigueur) sur cèdre, chêne. La prise en compte de tels effets est un des enjeux majeurs des recherches poursuivies, en matière de couplage démo-génétique, pour chacune des situations forestières étudiées par les équipes qui ont mené à bien ce projet.

En conclusion : des perspectives intéressantes à moyen terme

Cette étude ouvre de larges perspectives pour la mise au point d'indicateurs de l'effet de la gestion sur les ressources génétiques, notamment lorsque les modèles auront bénéficié

des améliorations indispensables.

Il est encore nécessaire de valider les premiers résultats présentés plus haut, ce qui passe par l'amélioration des modèles et des méthodes de description des situations de départ. Il est cependant possible, d'ores et déjà, d'indiquer le sens de l'évolution de la diversité selon différents itinéraires par des comparaisons en relatif ou d'en déduire quelques indications sur les modes de gestion à éviter.

En attendant que des recommandations plus précises et mieux quantifiées puissent être données avec de bonnes garanties, il faut garder à l'esprit que d'autres éléments peuvent guider les gestionnaires. Pour l'Alisier torminal, par exemple, il est établi que la sylviculture doit maintenir au moins 30 semenciers d'alisier pour 100 ha, pour conserver la richesse allélique* de la population. La mise au point des modèles permettra sans doute de nuancer cette valeur selon différentes situations (20 ou 25 suffiront dans tel cas, 40 seront nécessaires dans d'autres...), mais cet ordre de grandeur est déjà une information précieuse.

Notons, pour finir, que si la base informatique choisie (la plate-forme de

simulation Capsis) offre de nombreux avantages aux chercheurs (architecture modulaire, outil évolutif et pérenne, facilité à mettre à jour les modèles au fur et à mesure des avancées scientifiques), elle est aussi une garantie pour que le progrès des connaissances se traduise dès que possible dans la pratique, puisque cet outil est déjà utilisé (modèles de croissance pour le chêne sessile, le pin maritime, le pin noir, modèle de dynamique des pessières d'altitude...) par les services recherche et développement de l'ONF.

Philippe DREYFUS

Inra, unité de recherches forestières méditerranéennes
Avignon
philippe.dreyfus@avignon.inra.fr

Sylvie ODDOU-MURATORIO

Inra, unité de recherches forestières méditerranéennes
Avignon
oddou@avignon.inra.fr

Bibliographie

BIROT Y., 1986. Principaux apports de la génétique et de l'amélioration des arbres forestiers à la sylviculture : situation actuelle et perspectives. *Revue Forestière Française*, vol. 38, n° spécial Amélioration génétique des arbres forestiers, pp. 208-220

DEMASURE B., ODDOU-MURATORIO S., LE GUERROUÉ B., LÉVÊQUE L., LAMANT T., VALLANCE M. 2000. L'alisier torminal une essence tropicale qui s'ignore ? *Bulletin technique de l'ONF*, n° 39, pp. 51-63

KONNERT M., HUSSENDORFER E., 2001. Genetic variation of silver fir (*Abies alba*) in uneven-aged forests ("Plenter" forest) in comparison with even-aged forests (Altersklassenwald). In Müller-Starck G., Shubert R. eds., *Genetic response of forest systems to changing environmental conditions*. Dordrecht : Kluwer, pp. 307-320