



HAL
open science

A propos de génétique des populations...

Brigitte Musch, Alain Valadon, Sylvie Oddou-Muratorio

► **To cite this version:**

Brigitte Musch, Alain Valadon, Sylvie Oddou-Muratorio. A propos de génétique des populations...
Rendez-vous Techniques de l'ONF, 2004, hors-série 1, pp.7-15. hal-02681755

HAL Id: hal-02681755

<https://hal.inrae.fr/hal-02681755v1>

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.

À propos de génétique des populations...



Inra-URFM Avignon

Régénération de sapin pectiné colonisant une futaie de pin sylvestre

Quelles diversités !

Chez les êtres vivants, la notion de diversité ne peut être clairement définie que si on lui associe un niveau d'organisation, correspondant souvent à un niveau d'échelle spatiale donné (Gosselin et Laroussinie, 2004). On distingue ainsi généralement la diversité génétique*, la diversité taxinomique (ou interspécifique) et la diversité écosystémique (figure 1).

Nous limiterons volontairement notre propos à la seule diversité génétique et aux forces qui l'affectent.

À l'échelle d'un individu, la présence d'allèles* différents ou non à un locus* donné sur une paire de chromosomes homologues* constitue une forme de diversité génétique : on distingue ainsi des individus homozygotes* et des individus hétérozygotes* pour un gène donné. C'est bien ici la variabilité du gène* lui-même qui permet de caractériser la diversité génétique.

Si on considère maintenant un ensemble d'individus appartenant à la même

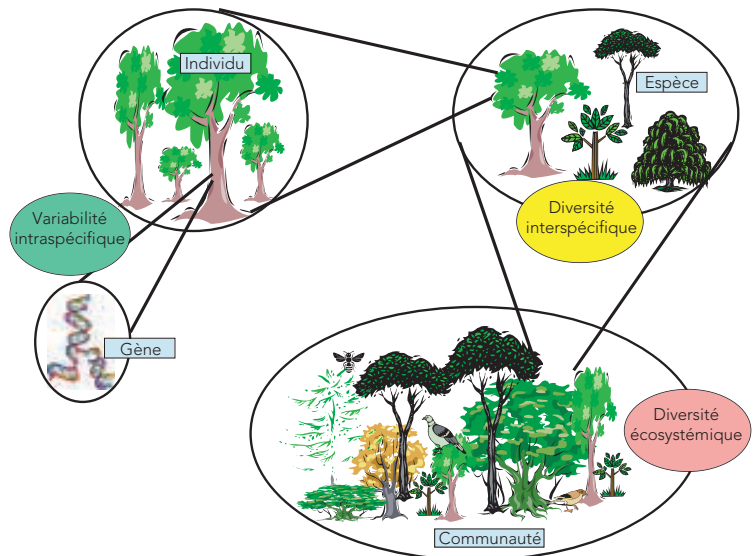


Fig. 1 : les différents niveaux de la diversité biologique, des gènes aux communautés

r é s u m é

La diversité génétique constitue l'un des niveaux de diversité du vivant. Cet article, conçu comme une présentation des notions de base en

génétique des populations, décrit succinctement les quatre grandes forces évolutives qui peuvent affecter cette diversité – la dérive, la migration, la mutation et la sélection – leurs mécanismes et leurs consé-

quences en génétique des populations. L'influence de la gestion forestière – et ses limites – sur chacune de ces forces est abordée de manière générale.

* Voir glossaire p 117

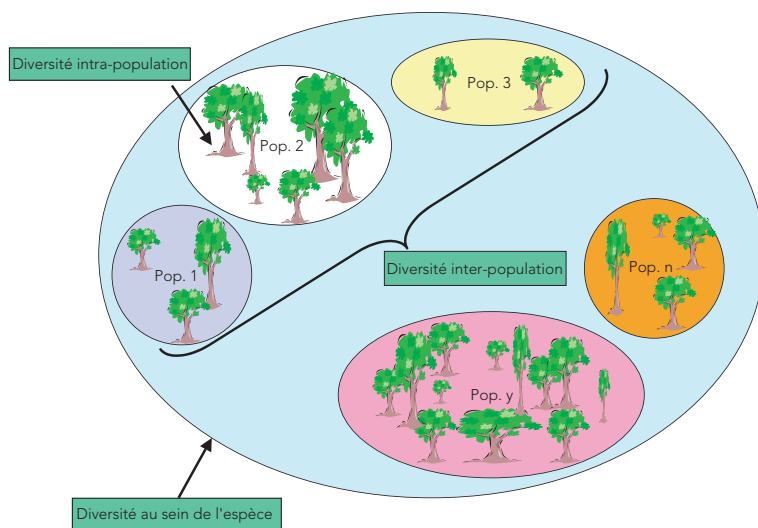


Fig. 2 : les différents niveaux de diversité observables pour une même espèce

espèce, la diversité génétique au sein de celle-ci, également appelée variation ou diversité intraspécifique, est le résultat des différences existant entre les génomes* (ensembles des gènes) des individus. Le terme de diversité intraspécifique traduit ainsi le fait que tous les individus d'une même espèce ne sont pas identiques ; cette diversité peut souvent être constatée à l'œil nu en observant les caractères phénotypiques* exprimés. Ces différences entre individus peuvent cependant être plus subtiles et non discernables directement : variabilité de portions non codantes de l'ADN* ou de gènes non exprimés. Enfin, cette diversité peut être structurée ou non géographiquement à l'intérieur de l'aire de distribution de l'espèce considérée.

À une autre échelle, celle de la population*, les différences entre individus d'une même espèce au sein d'une même population correspondent à la diversité intra-population. La variation observée entre populations au sein de

leur aire de répartition correspond quant à elle à la diversité inter-populations (figure 2).

La génétique des populations*

À chacun des niveaux évoqués ci-dessus, la diversité génétique peut être mise en évidence grâce à des outils tels que divers types de marqueurs* et mesurée à l'aide de différents paramètres standardisés (tableau 1 – voir également Ducouso et al. page 33, Kremer page 105).

Outre la mesure de la variabilité génétique (ou diversité génétique) par la fréquence des différents allèles d'un même gène, il est aussi important de comprendre non seulement comment la variabilité génétique se transmet d'une génération à l'autre mais également comment et pourquoi cette variabilité génétique évolue au fil des générations. Tels sont les buts de la génétique des populations.

Pour appréhender les différents facteurs qui influencent la diversité génétique intraspécifique, les généticiens ont recours à des modèles. Le modèle est une simplification intentionnelle d'une situation complexe dans le but d'éliminer les détails et de se concentrer sur l'essentiel (voir Dreyfus et Oddou-Muratorio page 97). En génétique des populations, le modèle le plus couramment utilisé est celui de Hardy-Weinberg car il est simple et décrit relativement bien les populations alors même que toutes ses hypothèses sont rarement vérifiées simultanément (voir encadré ci-contre).

En effet, les populations naturelles ne sont pas toujours de grande taille (sauf peut-être pour les arbres forestiers) et cette dernière est rarement constante dans le temps. De plus, dans la nature, les croisements se font rarement au hasard : de nombreuses études ont ainsi identifié des croisements préférentiels entre voisins chez les arbres forestiers (voir Gerber et al., page 16). Chez ces derniers, la multiplication végétative (drageons, rejets de souche) est possible chez certaines espèces et les générations peuvent se chevaucher dans les peuplements à structure irrégulière par exemple. Si en outre, l'effectif de la population est limité – par exemple un nombre inégal de fleurs mâles et femelles ou des décalages de floraison avec, dans ce cas, l'impossibilité pour tous les arbres de se croiser au hasard – et si les couples de parents n'ont pas le même nombre de descendants, alors la constitution génétique de cette population ne sera pas constante d'une génération à la suivante. *In fine*, l'analyse de la conformité ou non d'une population au modèle de Hardy-Weinberg permet de mettre en évidence les forces capables de modifier les fréquences alléliques (ou forces évolutives), forces composées de la dérive, la migration, la mutation et la sélection.

abstract

Genetic diversity is one of the different levels of diversity in nature. This

paper presents the main basic concepts in population genetics and summarizes the mechanisms and the consequences of the four evolutionary forces acting on this diversity (drift,

mutation, migration and selection) in population genetics. The impact and the limits of forest management on each force is briefly discussed.

Niveau d'organisation	1 niveau : individu	2 niveaux : individu, population	3 niveaux : individu, population, ensemble de populations
Patrimoine génétique	1 génome	1 pool génétique (= ensemble de génomes)	Des pools génétiques
Paramètres de mesure	Homozygote /Hétérozygote pour un gène donné	Nombre de loci polymorphes Nombre moyen d'allèles par locus	Nombre de loci polymorphes Nombre moyen d'allèles par locus
	Nombre de loci polymorphes	Fréquences alléliques*	Fréquences alléliques
		Taux d'hétérozygotie*	Taux d'hétérozygotie
		Taux de consanguinité*	Taux de consanguinité
		Héritabilité*	Héritabilité
			Taux de migration
			Coefficients de différenciation génétique*

Tab. 1 : les différents niveaux de diversité génétique intraspécifique

Nous allons maintenant définir chacune de ces forces évolutives, examiner leur impact sur la diversité génétique avec une illustration sous forme d'un exemple.



J.-C. Bastien, Inra Orléans

Variabilité de la forme du houpier : le cas des arbres colonnaires. Sapin en forêt domaniale du Risoux

Dérive génétique

Définition et conséquences

Dans un peuplement donné, d'effectif donné, les gènes portés par les

ovules et les grains de pollen n'échantillonnent qu'une très faible partie de l'ensemble des gènes de la population parente, tous les arbres n'étant pas des géniteurs et tous les

Le modèle de Hardy-Weinberg

Ce modèle repose sur les hypothèses suivantes :

- l'organisme est diploïde* ($2n$ chromosomes*),
- la reproduction est sexuée (pas de multiplication végétative),
- les générations ne se chevauchent pas (un semencier ne se croise pas avec un de ses descendants),
- les croisements entre individus se font au hasard (et non préférentiellement entre voisins proches par exemple),
- la taille de la population est infinie (ou suffisamment grande pour être considérée comme telle),
- la migration* des individus d'une population à l'autre est négligeable,
- la mutation* est négligeable,
- la sélection* n'affecte pas les allèles.

Un des principaux résultats de ce modèle est que **les fréquences des allèles initialement présents dans une population ne sont pas modifiées d'une génération à l'autre**. Dans ce modèle, les forces évolutives qui s'appliquent sur les populations naturelles que sont la dérive génétique*, la mutation, la migration et la sélection sont supposées ne pas agir sur les fréquences alléliques*. Tout écart des fréquences alléliques observé dans une population naturelle par rapport à celles attendues par le modèle va donc obliger à remettre en cause au moins un des postulats du modèle.

générateurs ne produisant pas de fleurs mâles et femelles. Si on considère en outre qu'une forte proportion de ces ovules et grains de pollen ne produira aucune graine viable, les gènes réellement disponibles à la génération suivante (dans les semis viables) ne représentent qu'un échantillon très réduit du pool initial de gènes des parents. Ce phénomène est accentué dans le cas de populations à faible effectif, qui plus est s'il se produit à chaque génération. On va alors s'écartier de plus en plus des fréquences alléliques de la population initiale. Sur un grand nombre de générations, les effets cumulés de ces écarts peuvent devenir très importants.

La notion de dérive génétique correspond à ces fluctuations aléatoires dans la fréquence des allèles d'une génération à l'autre. Les effets de la dérive sont plus rapidement et plus fortement visibles dans de petites populations issues soit de la fragmentation d'une population initialement plus vaste, soit de la réduction dras-

tique de la taille de la population initiale, soit de la fondation de celle-ci par un nombre réduit d'individus.

Quand la dérive génétique se poursuit pendant un grand nombre de générations, la plupart des populations deviennent alors fixées pour l'un ou l'autre des allèles présents à un emplacement (locus) donné d'un chromosome, et donc avec la perte de l'autre allèle (figure 3). Ce phénomène de fixation se produit aussi dans de grandes populations mais il faut alors plus de temps pour les affecter notablement. On est généralement incapable de prévoir précisément les modifications des fréquences alléliques dans une population donnée, sous l'effet de la dérive. On peut toutefois apprécier la moyenne des changements attendus. Ainsi, la probabilité de perte ou de fixation d'un allèle dépend de sa fréquence dans la population de départ.

Dérive et consanguinité

Au processus de dérive affectant les petites populations peut s'ajouter la

consanguinité*, régime de reproduction où les croisements se font entre individus apparentés et qui est favorisé par de faibles effectifs. La consanguinité entraîne une réduction de la variabilité à l'intérieur des populations de faible taille et une augmentation des fréquences des homozygotes. Cette réduction de la variabilité n'entraîne pas forcément l'extinction de l'espèce pour cause de consanguinité ; toutefois elle peut se traduire par une mauvaise adaptation* à des environnements changeants.

Mutation

La mutation est la cause fondamentale de la variabilité génétique (figure 4). En effet, c'est la seule source créatrice d'allèles nouveaux. De nombreux variants* génétique sont ainsi produits par modification du matériel génétique et ces modifications sont héréditaires.

Le taux de mutation spontané est faible, de l'ordre de 10^{-4} à 10^{-6} mutations

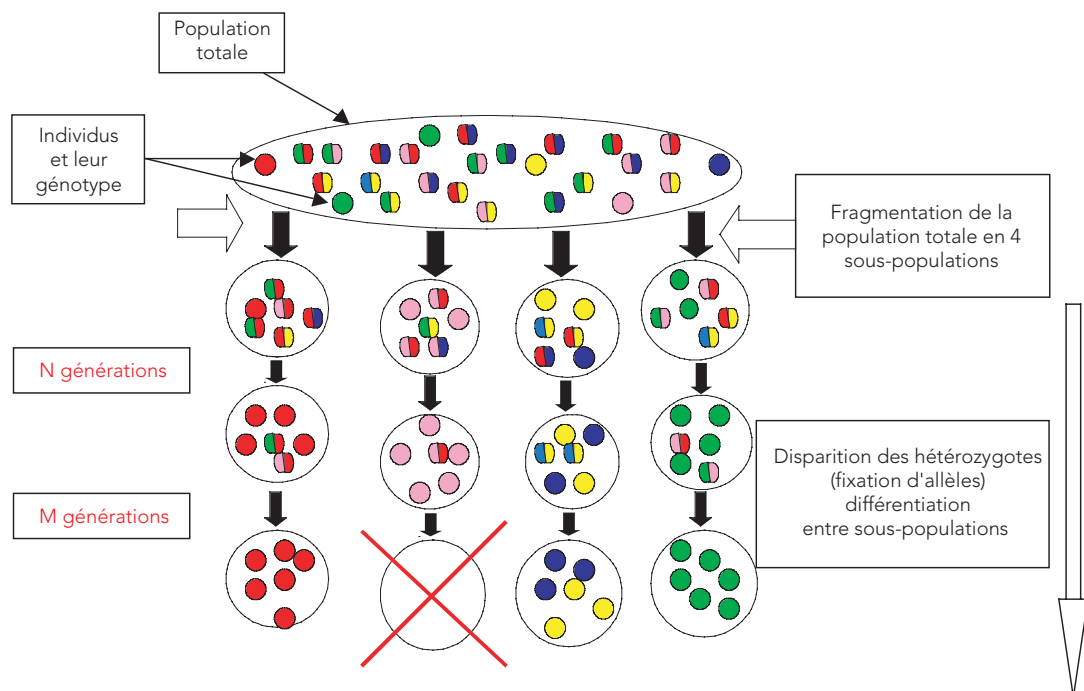


Fig. 3 : conséquences de la dérive génétique après fragmentation d'une population en petites unités isolées. Chaque couleur correspond à un allèle. Les individus hétérozygotes sont représentés par des cercles bicolores, les homozygotes par des cercles d'une seule couleur

Cas de dérive génétique

Une étude portant sur les populations d'éléphants en Afrique du Sud (Whitehouse et al., 2001) montre clairement la réduction de la diversité génétique dans des populations en raison de la dérive génétique.

Actuellement, il n'existe plus que deux populations d'éléphants dans ce pays (Addo et Kruger) :

- l'une au Nord (Kruger), qui après avoir été isolée du reste des populations d'éléphants d'Afrique de l'Est, a subi des introductions d'éléphants du Mozambique voisin. On peut donc considérer cette population comme la population originelle d'Afrique du Sud ;

- l'autre (Addo) est complètement isolée depuis le 19^e siècle et a subi la plus forte réduction d'effectifs pour atteindre 11 individus seulement en 1930. À partir de cette date, le nombre d'animaux n'a cessé de croître pour atteindre 325 actuellement, le braconnage ayant diminué.

Les chercheurs ont entrepris de comparer ces deux populations entre elles et avec celle des éléphants d'Afrique de l'Est. Ils ont ainsi pu démontrer que la population d'Addo avait subi la plus forte diminution du nombre d'allèles par locus A et du taux d'hétérozygotes H (Addo : $A=1,89 - H=0,18$; Kruger : $A=3,89 - H=0,44$). De plus, grâce à quelques spécimens morts d'éléphants originaires d'Addo conservés dans des musées, ils ont pu mettre en évidence la perte de plusieurs allèles par rapport à ces témoins passés⁽¹⁾, conséquence elle aussi de la dérive génétique.

Cette population risque à court terme de subir les effets de la consanguinité et de l'accumulation de gènes létaux, malgré l'augmentation de ses effectifs depuis 1930. Son faible niveau de diversité génétique limite ses possibilités d'adaptation à des changements de milieu et d'évolution dans le futur. Les auteurs proposent donc d'introduire de nouveaux génotypes au sein de la population en créant artificiellement des flux de gènes entre populations via l'introduction d'éléphants d'Afrique de l'Est.

par gène et par génération. Les modifications des fréquences alléliques par mutations successives sont très faibles sur quelques générations mais peuvent devenir significatives sur de nombreuses générations. Toutes les mutations ne vont pas pro-

duire d'effets directement, soit qu'elles apparaissent dans des zones non exprimées du génome soit qu'il s'agisse de mutations sans effet sur la fonction du gène modifié : on parle alors de mutation sélectivement neutre.

Il existe cependant aussi des mutations sélectivement non neutres, mais avec un taux extrêmement faible et des conséquences pratiquement négligeables à l'échelle d'un peuplement forestier et surtout à l'échelle temporelle de la gestion humaine !

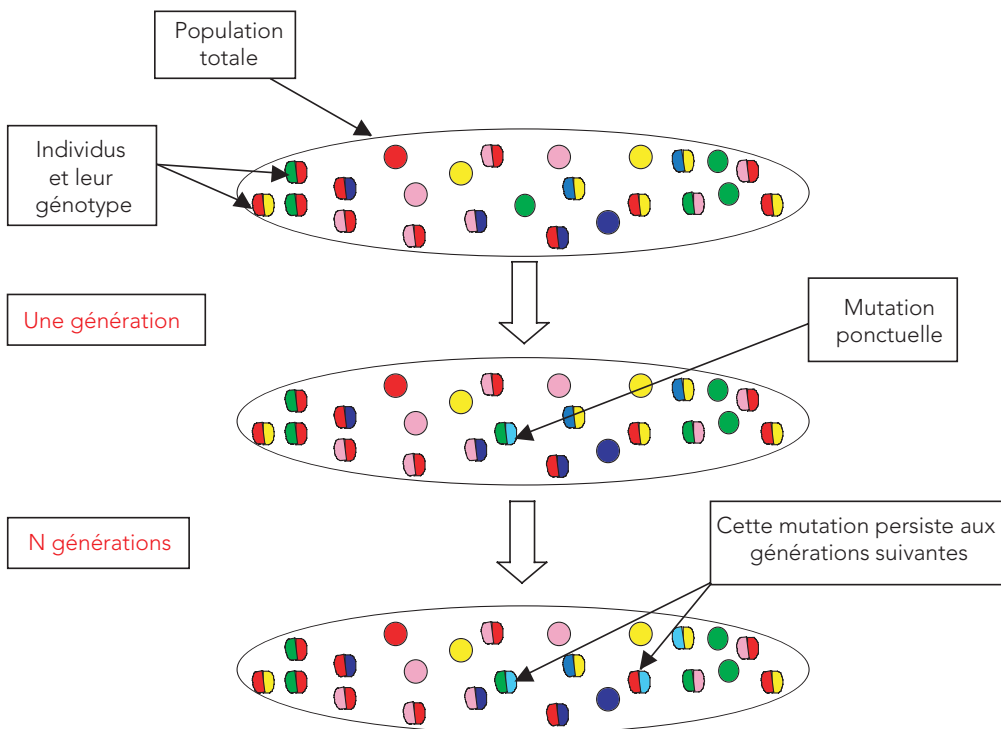


Fig. 4 : conséquences de la mutation au sein d'une population. Chaque couleur correspond à un allèle. Les individus hétérozygotes sont représentés par des cercles bicolores, les homozygotes par des cercles d'une seule couleur

(1) On notera ici l'intérêt des échantillons type animaux empaillés ou planches d'herbiers pour des approches génétiques



T. Lamant, ONF-CGAF

Les Faux de Verzy, exemple de mutation chez le hêtre

Migration

La migration correspond, chez les végétaux, au passage de gènes d'une popu-

lation dans une autre par voie de pollen, de graines, de propagules ou de morceaux de plantes. Cette force évolutive est à l'origine de flux génétiques* importants entre populations. Au niveau intra-population, la migration augmente le niveau de diversité génétique en apportant de nouveaux allèles (figure 5) qui peuvent contribuer à augmenter le taux d'hétérozygotes dès la génération suivante. Au niveau inter-populations en revanche, elle limite la divergence génétique entre populations et s'oppose à l'adaptation locale et à la dérive génétique par l'apport d'allèles nouveaux (figure 5). Des migrations, même faibles, suffisent en effet à empêcher l'apparition de divergence génétique marquée entre populations par ailleurs soumises à la dérive génétique ; de même, des migrations fréquentes entre populations conduisent à une homogénéisation de la composition en allèles des différentes populations, limitant leur différenciation. On voit bien là l'importance du niveau d'échelle spatiale (intra ou inter-populations) auquel on se place pour évaluer l'effet d'une force évolutive.

La migration peut se traduire par la fondation d'une nouvelle population quand, par exemple, une graine ou une bouture donnent naissance à un individu viable après transfert sur un site où l'espèce n'était pas présente auparavant. On peut aussi observer, sous l'effet de la migration, des ruptures d'isolement de populations existantes.

Il faut également noter que le résultat de la migration est indépendant de la taille de la population : un migrant par génération compte autant dans une population de 10 individus que dans une population de un million d'individus. En effet, s'il est clair qu'un seul migrant dans une population d'un million d'individus « pèse » très peu, l'augmentation de la consanguinité dans cet effectif fini y est aussi très faible, de sorte que les deux phénomènes se compensent. Dans une petite population en revanche, l'effet de la consanguinité est très sensible mais il est là aussi contrecarré par le « poids » élevé de l'apport d'un seul individu nouveau dans un effectif initialement très faible.

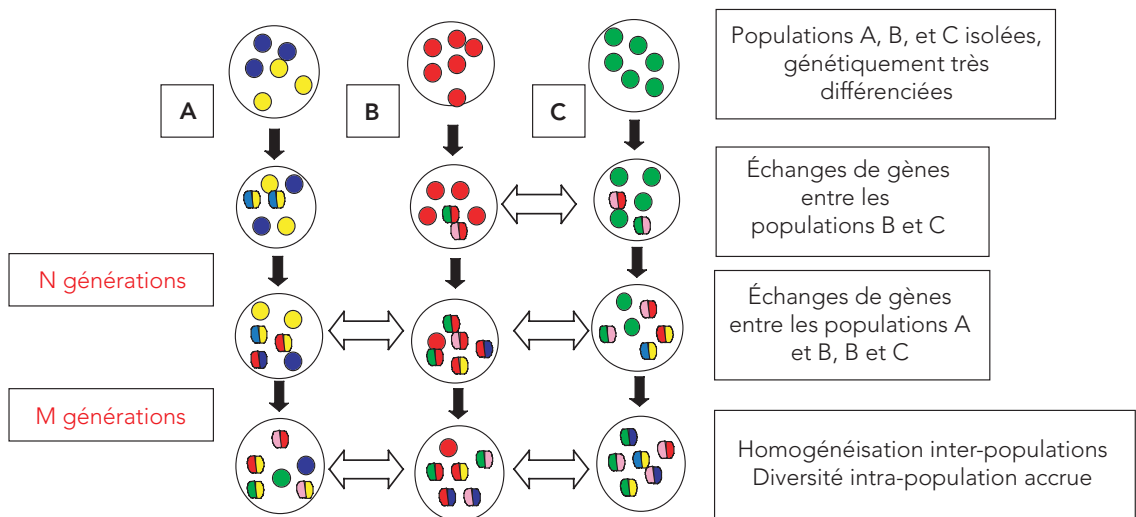


Fig. 5 : effets de la migration entre des populations initialement isolées. On observe une homogénéisation de la composition allélique des populations et une augmentation de la diversité génétique au sein de chaque population. Chaque couleur correspond à un allèle. Les individus hétérozygotes sont représentés par des cercles bicolores, les homozygotes par des cercles d'une seule couleur

La notion de migration traduit la difficulté de définir ce qu'est une population. En effet, dans la plupart des cas, il est impossible de réaliser une partition satisfaisante d'une espèce en populations distinctes. C'est notamment le cas pour l'espèce humaine mais également pour beaucoup d'animaux et de végétaux. En fait, chaque individu a plus de chance de se reproduire avec un partenaire originaire d'un lieu proche qu'avec un partenaire éloigné. C'est ce que montrent notamment les études réalisées sur les arbres forestiers ces dernières années (Streiff et al. 1998, Dutech et al. 2002) : le partenaire privilégié est très fréquemment l'arbre le plus proche. Néanmoins, comme cela a notamment été démontré sur l'alisier (Oddou-Muratorio, 2002), les croisements entre individus géographiquement éloignés, parfois de plusieurs kilomètres, sont loin d'être négligeables.

À l'échelle de l'aire de distribution d'une espèce, les fréquences des allèles diffèrent d'un site à l'autre de manière progressive et varient de manière continue dans le temps. Deux populations voisines ont des fréquences proches et ce n'est qu'en choisissant délibérément des populations éloignées que l'on peut avoir l'impression qu'une discontinuité existe. Les études sur les arbres ont bien montré qu'il y avait plus de différence génétique entre des chênes d'Espagne et de Slovénie qu'entre des chênes tous choisis en forêt de Bercé.

La sélection

Chaque individu d'une population ne laisse pas nécessairement le même nombre de descendants pour la génération suivante. Cette capacité, appelée valeur sélective*, dépend à la fois de la

viabilité de l'individu – ou probabilité d'atteindre l'âge de reproduction – mais également de sa fertilité. Si on peut affecter à chaque génotype une valeur sélective donnée, il est également possible, en génétique des populations, d'attribuer une valeur sélective moyenne à une population prise dans son ensemble et donc d'étudier l'évolution d'une population soumise aux effets de cette force évolutive.

La sélection naturelle agit sur les phénotypes* et non sur les génotypes*. Les premiers sont déterminés à la fois par un grand nombre de gènes mais aussi par l'environnement (voir Kremer page 105). La sélection tend à optimiser l'adaptation des populations à leur environnement, en modifiant la valeur moyenne d'une population pour le(s) caractère(s) soumis à cette sélection. **C'est la force directrice de l'évolution.** Les populations d'une espèce comme le hêtre par exemple sont contraintes de vivre dans des environnements parfois différents en raison de l'étendue importante – et donc de l'hétérogénéité – de son aire de répartition. Si les environnements sont très différents, la sélection naturelle va favoriser la divergence génétique entre populations au sein d'une même espèce, en augmentant l'adaptation de chaque population à son environnement propre. Si, par contre, les environnements sont très similaires d'une population à l'autre, la sélection naturelle va empêcher les populations de diverger génétiquement puisque le « filtre » que constitue l'adaptation sera identique dans toutes les populations.

En résumé, la variation génétique au sein des populations et entre populations est le résultat de l'interaction des diverses forces évolutives décrites ci-dessus (tableau ci-après). La diversité génétique observée à un instant t chez une espèce

constitue donc l'illustration de l'équilibre ou des déséquilibres entre ces forces.

Quand la sélection favorise un seul des phénotypes extrêmes, elle est dite **directionnelle**. Si elle favorise des phénotypes intermédiaires, elle est dite **stabilisatrice** ou conservatrice ; enfin si tous les phénotypes extrêmes sont avantagés alors que les intermédiaires ne le sont pas, on la dit **divergente** ou disruptive. C'est sur cette force qu'agissent les sélectionneurs en créant des variétés plus plastiques aux différentes conditions environnementales.

Et le forestier dans tout ça ?

Aucune maîtrise des mutations !

S'il ne contrôle pas l'apparition de mutations chez les arbres forestiers, le gestionnaire intervient également peu, par son action, sur les conséquences de ces mutations. En effet, si la mutation intervenue est neutre, et n'affecte donc pas visiblement les arbres, le forestier n'agira pas spécifiquement en faveur ou au détriment des tiges concernées ; s'il s'agit de mutations produisant des gènes létaux, il est vraisemblable que la sélection naturelle conduira très tôt à l'élimination des arbres affectés, avant même que le gestionnaire n'intervienne ; seuls les cas de mutations qui produisent des individus aux meilleures performances de croissance juvénile – donc ceux qui intéressent généralement le forestier – peuvent être favorisés par l'action sylvicole du gestionnaire.

Attention : dérive...

Par contre, le forestier peut accentuer la dérive génétique, en ne maintenant pas

EFFETS DES DIFFÉRENTES FORCES ÉVOLUTIVES SUR LA DIVERSITÉ DES POPULATIONS

	Dérive	Mutation	Migration	Sélection
Différenciation entre populations	↗	↗	↘	↗
Variabilité génétique intra population	↘	↗	↗	↘
Hétérozygotie	↘	↗	↗	↘ ou ↗
Type de force	aléatoire	aléatoire	aléatoire	directionnelle



P. Lacroix, ONF

Coupe secondaire et semis naturel de chêne sessile en forêt domaniale de Chateauroux

en place une population d'effectif suffisamment grand (diminution de manière drastique du nombre de générateurs, les espèces disséminées y étant particulièrement sensibles) et surtout en supprimant les flux de gènes entre populations par suite d'une fragmentation du milieu (voir Bilger *et al.* page 51, Fady et Lefèvre page 24). Mais aussi en introduisant, par plantation, des individus provenant de récoltes faites sur très peu de semenciers et en les régénérant naturellement à la génération suivante (cas potentiellement des exotiques). On notera cependant que des modifications de milieu non directement liées à des actes de gestion forestière (création d'infrastructures nécessitant d'importants défrichements et provoquant une fragmentation de massifs par exemple) sont susceptibles d'affecter directement, par dérive génétique, les populations d'espèces gérées en forêt. Les effets de la dérive et de la migration sont ici étroitement imbriqués : fragmentation = isolement (donc peu à pas de migration) + taille réduite (donc risque de dérive).

Migrations or not migrations ?

Le gestionnaire peut aussi intervenir très largement en terme de migration. Tout d'abord lors de régénération artificielle, les récoltes de graines faites sur les peuplements sélectionnés peuvent

être utilisées dans toute la région de provenance qui peut être très vaste. Il y a donc potentiellement une homogénéisation au sein même de la région de provenance. D'autre part pour certaines espèces, comme le chêne par exemple, des pénuries récurrentes de semences existent pour certaines régions de provenance, obligeant à s'approvisionner en dehors de la zone de provenance correspondant au lieu de plantation. Cette pratique favorise ainsi une homogénéisation de la composition génétique à l'échelle de plusieurs régions de provenance (pour le chêne cela peut aller jusqu'à la moitié de la France). Cette homogénéisation possible peut-elle à terme gommer les différences existantes entre populations, rendant difficile voire impossible toute démarche de traçabilité (pour plus de détails, voir Petit *et al.* page 71, Bilger *et al.* page 51, Ducouso *et al.* page 33) ? Elle risque aussi et surtout de supprimer les adaptations locales (débourrements tardifs en zone Nord par exemple).

Le gestionnaire va aussi agir sur la migration lors de la régénération naturelle, mais de façon plus indirecte. En ouvrant le milieu pour la coupe d'ensemencement, il va favoriser l'apparition d'espèces pionnières qui peuvent ne pas être déjà présentes sur la parcelle

(cas des feuillus précieux disséminés comme l'alisier) ; à l'inverse, la récolte d'arbres adultes risque d'isoler des sous-populations ou des individus en privant les pollinisateurs d'arbres relais. Enfin, comme le montre l'article de Gerber *et al.* (page 16), des flux de pollen et de graines vont parvenir depuis les parcelles environnantes. Si ces dernières contiennent des individus d'origine allochtone, on aura introduction d'allèles différents (voir Fady et Lefèvre page 24). En outre, le gestionnaire ne peut s'opposer à l'introduction, via les flux de pollen et de graines, d'espèces ornementales ou cultivées dans des zones limitrophes de la forêt, qui peuvent modifier le pool allélique du peuplement forestier.

Délit de phénotype ?

Le gestionnaire agit également de manière sensible sur la sélection tout au long du processus de gestion du peuplement, depuis les éclaircies à différents stades, y compris dès les dépressages, (pour plus de détails, voir Pichot page 89) jusqu'à la mise en floraison/fructification, avec le choix des semenciers – ou des provenances s'il s'agit de plantations. En effet, à chacune de ces étapes, il sélectionne sur leur phénotype un certain nombre d'individus qui vont, à leur tour, faire l'objet d'un nouveau tri à l'étape suivante de maturation du peuplement, pour terminer le cycle sylvicole avec quelques individus seulement. Tous ces choix techniques, dont le gestionnaire assume la responsabilité, reposent sur les préférences accordées à un nombre limité de critères jugés d'intérêt sylvicole : choix de l'espèce objectif puis critères de vigueur, de forme, de résistance à des pathogènes, de qualité du bois. L'influence de ces choix s'exerce :

- soit directement dans une parcelle donnée (sélection de l'essence dominante, dépressage ou premières éclaircies par exemple),
- soit depuis des parcelles voisines, les sélections de tiges dans une parcelle pouvant influencer sur la reproduction ou la régénération dans une parcelle limitrophe via les flux de pollen ou de graines (voir Gerber *et al.* page 16).

L'action du marteleur en forêt est donc loin d'être neutre, comme le montrent les études effectuées sur différentes provenances de chênes (pour plus de détails, voir Ducouso et al. page 33) : on mesure ainsi des différences de forme et de hauteur à 10 ans entre des grands crus comme Tronçais et des forêts avoisinantes comme Gros Bois qui constituent des populations de chêne pourtant proches géographiquement et écologiquement. L'environnement est donc théoriquement neutre, l'origine des chênaies est la même et la seule différence qui a pu être mise en évidence à ce jour provient du rôle du sylviculteur agissant comme force de sélection.

On voit donc que la compréhension de l'influence de ces quatre grandes forces de l'évolution est nécessaire pour que le forestier agisse en toute connaissance de cause dans les différentes étapes de la vie d'un peuplement. Il est le principal responsable de l'équilibre ou non de ces forces. Néanmoins, il ne faut jamais perdre de vue que les forêts ne sont pas situées sous une « cloche de verre » les isolant d'un cadre spatial plus vaste mais qu'elles subissent au contraire l'influence et la pression des zones non boisées avoisinantes.

Brigitte MUSCH

ONF, conservatoire génétique des arbres forestiers
Orléans
brigitte.musch@onf.fr

Alain VALADON

ONF, conservatoire génétique des arbres forestiers
Orléans
alain.valadon@onf.fr

Sylvie ODDOU-MURATORIO

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



J. Tallardat, ONF

Éclaircie en forêt domaniale de Tronçais

Bibliographie

DUTECH C., SEITER J., PETRONELLI P., JOLY H., JARNE P., 2002. Evidence of low gene flow in a neotropical clustered tree species in two rainforest stands of French Guiana. *Molecular Ecology*, vol. 11, n° 4, pp. 725-738

GOSELIN M., LAROUSSINIE O., 2004. Biodiversité et gestion forestière : connaître pour préserver. Synthèse bibliographique et premières recommandations. Coll. Études du Cemagref, série Gestion des territoires n° 20. Antony : Cemagref. 416 p.

ODDOU-MURATORIO S., 2002. Impact des processus démographiques et spatiaux sur la diversité génétique des arbres forestiers : le cas d'une espèce disséminée, l'Alisier Torminal (*Sorbus torminalis* L. Crantz). Thèse ONF-ENGREF. 97 p. + annexes

STREIFF R., DUCOUSSO A., KREMER A., 1998. Organisation spatiale de la diversité génétique et flux polliniques dans une chênaie mixte. *Genetics Selection Evolution*, vol. 30, suppl. 1, pp. S137-S152

WHITEHOUSE A.M., HARLEY E.H., 2001. Post-bottleneck genetic diversity of elephant populations in South Africa, revealed using microsatellite analysis. *Molecular Ecology*, vol. 10, n° 9, pp. 2139-2149

Pour en savoir plus...

GONICK L., WHEELIS M., 1986. Guide illustré de la génétique. Paris : Belin. 215 p.

HARTL D.L., 1994. Génétique des populations. Coll. « Médecine-Sciences ». Paris : Flammarion. 305 p.

HENRY J.P., GOUYON P.-H., 1998. Précis de génétique des populations. Paris : Masson. 186 p.

En ligne

<http://ead.univ-angers.fr/~jalouzot/genetique/accueil.htm>

<http://www.univ-tours.fr/genet>