



HAL
open science

Flux de gènes et sélection dans l'évolution de populations invasives : cas des populations adventices de tournesol (*Helianthus annuus*)

Marie Roumet, Marie-Helene M.-H. Muller

► To cite this version:

Marie Roumet, Marie-Helene M.-H. Muller. Flux de gènes et sélection dans l'évolution de populations invasives : cas des populations adventices de tournesol (*Helianthus annuus*). *Ecologie* 2010, Sep 2010, Montpellier, France. 251 p., 2010, Proceedings of Ecology 2010, Colloque national d'écologie scientifique. hal-02751867

HAL Id: hal-02751867

<https://hal.inrae.fr/hal-02751867v1>

Submitted on 3 Jun 2020

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.

Marie Roumet – Marie-Hélène Muller

Parmi les facteurs influençant le potentiel évolutif des espèces invasives le plus classiquement cité est la perte de diversité génétique probablement subie lors de leur introduction. Cependant, lorsque l'espèce introduite est inter-fertile avec une espèce endémique, des flux géniques en provenance de celle-ci, peuvent jouer un rôle complexe. L'évolution des populations dépend alors de l'importance relative de la migration, de la sélection et de la dérive génétique.

Des formes adventices de tournesol (*Helianthus annuus*) sont observées depuis quelques années dans environ 20% des parcelles cultivées en tournesol du Lauragais (région toulousaine) et seraient issues de l'introduction accidentelle d'hybrides sauvages cultivés par les lots de semences. Le niveau d'infestation des parcelles varie de quelques individus sporadiques, à des densités supérieures à 15 plantes/m², densités pour lesquelles les pertes de rendement avoisinent les 50%. Les deux formes sont interfertiles, des flux géniques en provenance du tournesol cultivé apportent aux populations adventices des gènes clés tels que des résistances à des maladies mais aussi des gènes codant pour des caractères défavorables tels que l'absence de dispersion des graines. Chaque parcelle infestée peut être vue comme une répétition d'un phénomène d'invasion; l'étude de populations adventices situées dans des parcelles plus ou moins infestées permet ainsi d'avoir accès à différents stades du processus. Cette particularité peut être exploitée pour répondre à des questions relatives à la dynamique évolutive des populations : l'invasion d'une parcelle par une population adventice est-elle seulement le résultat d'une expansion démographique ou s'accompagne-t-elle d'une adaptation ? Comment sélection et flux de gènes interagissent-ils au cours de l'invasion ?

Nous avons choisi 6 populations adventices à différents niveaux d'infestation. Un échantillon représentatif de ces populations a été caractérisé in situ aux niveaux phénotypiques, phénologiques et génétiques (15 marqueurs microsatellites). Les données récoltées seront utilisées pour caractériser et comparer : (i) la diversité morphologique et génétique présente dans chaque population (ii) les pressions de sélection exercées sur les différents caractères et (iii) les potentialités de croisement entre formes adventices et cultivés via le recouvrement des périodes de floraison.

Par la suite, nous utiliserons la descendance des adventices pour étudier les bases génétiques des caractères mesurés in situ et estimer le taux de croisement de chaque adventice avec le cultivé. Ceci permettra de connaître l'importance des différentes forces évolutives dans nos populations et ainsi de faire des inférences sur leur propension à se répandre, ou non, à l'intérieur des parcelles.