



HAL
open science

Représentation des données praomys à l'aide des cartes autoorganisées

Madalina Olteanu, Nicolas Vergne, Brigitte Schaeffer, Olivier David,
Catherine Laredo

► **To cite this version:**

Madalina Olteanu, Nicolas Vergne, Brigitte Schaeffer, Olivier David, Catherine Laredo. Représentation des données praomys à l'aide des cartes autoorganisées. Projet IFORA, Colloque final de restitution (Agropolis International, Montpellier). ANR, Jun 2010, Montpellier, France. hal-02753761

HAL Id: hal-02753761

<https://hal.inrae.fr/hal-02753761>

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.



Agence Nationale de la Recherche
ANR

Projet IFORA

Colloque final de restitution

Agropolis International
21 et 22 juin 2010
Montpellier, France



Le contexte

Le projet IFORA proposait une approche intégrative et multidisciplinaire de la dynamique de la biodiversité dans l'un des principaux « points chauds » de biodiversité et d'endémisme du continent africain : les forêts de plaine et de montagne de la région camerouno-gabonaise, dites de « Basse Guinée ». Notre objectif global était d'identifier les événements majeurs ayant structuré la diversité forestière dans l'histoire de l'Afrique centrale. Nous nous sommes intéressés en premier lieu à documenter des phases d'assèchement climatique passées, à comprendre l'impact des fluctuations climatiques sur la fragmentation et l'extension des forêts, et à détecter les traces phylogéographiques de ces événements dans divers groupes végétaux et animaux. En explorant et en comparant la structuration de la diversité dans différents groupes d'organismes ayant connu la même histoire climatique, nous avons voulu examiner leurs réponses aux fluctuations climatiques, tant dans les variations de leur aires de répartition que l'histoire évolutive de leurs lignées.

Pour atteindre ces objectifs, il fallait établir le cadre géographique (la structuration des milieux dans l'espace, dans une région à fort relief : la Ligne Volcanique Camerounaise qui constitue un archipel de forêts de montagne isolé au milieu de la forêt de plaine) et documenter les fluctuations climatiques ayant conduit aux migrations des populations d'organismes dans cet espace au cours du temps.

Il était nécessaire de documenter la biodiversité dans cette zone. Pour les différents groupes d'organismes étudiés, nous avons combiné des approches morphologiques et moléculaires afin d'étudier, à différentes échelles de temps selon les taxons, la radiation des lignées d'espèces et l'organisation de la diversité génétique intraspécifique aux niveaux inter- et intra-populationnels. Nous avons essayé d'évaluer les effets des changements (géologiques, climatiques, anthropiques) à toutes ces échelles sur la structuration de la biodiversité.

Les différentes équipes partenaires du projet ont étudié certaines des questions parmi les plus fondamentales de la biologie évolutive et de l'écologie :

- pourquoi existe-t-il des gradients de diversité et en particulier des points chauds ?
- Ces points chauds sont-ils des « berceaux » de la biodiversité (plus forts taux de spéciation) ou des « musées » de la biodiversité (plus faibles taux d'extinction), ou les deux à la fois ?
- Comme la diversité topographique est un trait commun à tous les « points chauds » de la zone intertropicale, la Ligne Volcanique Camerounaise (et d'autres massifs) et leurs forêts d'altitude étaient un point focal du projet. Quel est le rôle de cette diversité topographique dans la génération d'espèces, ou dans leur conservation, minimisant les phénomènes d'extinction ?

Nous nous sommes intéressés aussi aux questions parmi les plus importantes pour l'avenir de la biodiversité :

- comment la biodiversité répondra-t-elle aux changements climatiques ? Que peut-on apprendre en étudiant ses réponses aux changements climatiques passés ?

Ce projet s'est par ailleurs volontairement confronté à certains défis de la recherche en partenariat dans plusieurs pays tropicaux. Nous nous sommes ainsi attachés à répondre à quelques questions sociétales dans ce domaine : peut-on façonner un projet qui aide les pays détenteurs de la biodiversité tropicale à développer la capacité scientifique (formation, collections) à gérer les connaissances et les bases de données sur la biodiversité de leurs propres pays ? Va-t-on vers un partage équitable des connaissances ? A-t-on contribué à des actions importantes de formation ?

L'objectif de ce colloque est de faire le point sur notre progrès vers ces objectifs ambitieux du projet, de tenter une synthèse des résultats acquis, des analyses en cours et des perspectives pour l'avenir.

Le contenu scientifique du colloque

Le contenu scientifique du colloque reflétera les questions scientifiques et les champs thématiques qui ont structuré le projet.

Les questions ci-après sous-tendent toutes nos recherches. Chaque participant doit y répondre dans la mesure du possible dans le cadre des présentations proposées. Ces questions seront aussi la base des tables rondes et discussions.

- ✓ Pour le taxon que vous avez étudié, quel patron de structuration (phylogénétique, phylogéographique, génétique des populations, selon le cas) est observé ?
- ✓ Qu'est-ce que ces patrons de structuration nous apprennent sur l'histoire de ces lignées, et sur l'histoire des forêts ? Quelle est la dynamique comparative des taxons de plaine et de montagne ? En particulier, les hypothèses des biogéographes (théorie des refuges forestiers ou des écotones ; Aubreville, Maley, White) sont-elles vérifiées par vos observations ? Sont-elles infirmées ? La réponse est-elle différente pour différents aspects de ces hypothèses ? Est-elle différente suivant le niveau taxonomique considéré (population, espèce, genre, famille....) ? Les concepts en la matière ont-ils évolué depuis le lancement d'IFORA ? Quelles hypothèses nouvelles structurant la recherche dans ce domaine actuellement proposez-vous pour rendre compte de vos données ?
- ✓ Que pouvez-vous inférer des réponses des lignées que vous étudiez aux changements climatiques récents et en cours ?

Taux d'erreurs des méthodes phylogénétiques et des méthodes statistiques de classification pour le Barcode ADN

Larédo C.^{1,2}, David O.¹, Schaeffer B.¹, Vergne N.¹, Austerlitz F.³ & Bleakley K.⁵

Sur base du travail de l'équipe : Larédo C.^{1,2}, David O.¹, Schaeffer B.¹, Austerlitz F.³, Olteanu M.⁴, Bleakley K.⁵, Vergne N.¹, Leblois R.⁶ & Veuille M.⁶

¹ INRA, Mathématiques et Informatique Appliquées, UR 341, Jouy-en-Josas, France

² Laboratoires de Probabilités et Modèles aléatoires, Universités Denis Diderot et Pierre et Marie Curie, UMR CNRS 7599, 4 place Jussieu, F-75005 Paris, France

³ CNRS, Laboratoire Ecologie Systématique et Evolutio, UMR 8079, Université Paris_Sud, F-91405 Orsay, France

⁴ SAMOS-MATISSE, UMR 8174, Université Paris Panthéon-Sorbonne, 90 rue de Tolbiac, F-75013 Paris, France

⁵ Center for Computational Biology, Ecole des mines de Paris, INSERM, U900NRA, 35 rue St Honoré, F-77305 Fontainebleau, France

⁶ Laboratoire Origine et Structuration de la Biodiversité, UMR 5202, MNHN/CNRS, 16 rue Buffon, 75005 Paris, France

e-mail du correspondant : catherine.laredo@jouy.inra.fr

Mots-clefs :

Résumé : Le Barcode ADN a pour but d'assigner des individus à des espèces données à partir de leur séquence ADN situé à un locus (en général une partie du gène mitochondrial COI). Dans ce contexte, nous avons d'abord étudié deux types d'approches : (i) des méthodes phylogénétiques (Neighbour Joining et PhyML) qui, pour assigner, reconstruisent les généalogies à partir de l'évolution de l'ADN ; (ii) des méthodes statistiques de classification supervisée qui, à partir de la variabilité observée dans la famille étudiée, construisent un algorithme d'assignation à des espèces de la famille (k-Nearest Neighbour, CART, Random Forest, méthodes à noyaux ou SVM). Nous avons étudié la capacité de ces méthodes à classer correctement des séquences tirées au hasard parmi un ensemble d'espèces voisines. Les jeux de données utilisés ont été obtenus par simulations ou proviennent de données réelles issues du domaine public (Astraptés, Cowries, Papillons d'Amazonie). Les autres données ont été obtenues en simulant des arbres de coalescence où nous avons fait varier l'histoire généalogique, les paramètres de mutation, le nombre d'individus échantillonnés par espèce et le nombre total d'espèces. Partant du constat que la méthode k-NN était relativement satisfaisante, nous étudions des méthodes bayésiennes qui, tout en gardant la simplicité de l'algorithme, k-NN améliorent ses performances. Parallèlement, à partir de méthodes statistiques pour les graphes et les réseaux, nous avons étudié les liaisons entre des populations géographiquement réparties (données *Praomys*, IFORA). Les méthodes précédentes supposent connue l'assignation d'un certain nombre de séquences. Un troisième axe de notre travail est de ne plus supposer cette connaissance préalable. Nous développons des algorithmes de classifications non supervisées par réseaux de neurones qui sont adaptés aux données du Barcode et permettent d'obtenir simultanément une représentation de la proximité des espèces.

Diversification in *Zaprionus* (Drosophilidae) from the CVL

Lelarge C.^{1,2}, Yassin A.², Suwalski A.^{1,2} & Veuille M.^{1,2}

¹ Ecole Pratique des Hautes études, 45 rue de Lille, F-75007 Paris, France

² UMR 7205 - Équipe GPS3, MNHN, 16 rue Buffon, F-75005 Paris, France

e-mail pour correspondance : veuille@mnhn.fr

Mots-clefs : speciation, barcode, *Zaprionus*, *Drosophilidae*, Cameroon

Résumé : Former speciation studies in central African drosophilids proved revealing for the biogeographical history of this area. Lachaise *et al's* hypotheses (1988, 2000) on the causes of endemism in the melanogaster subgroup in the CVL were seminal to the IFORA project. After D Lachaise passed away, the scope of this task of the project centered on the *Zaprionus* genus, a subsection of African drosophilids having undergone a substantial and probably recent diversification in Africa (Yassin *et al*). Our molecular taxonomy study made use of two markers: (1) The *COI* barcode fragment (mitochondrial), a standard and useful marker with no recombination, thus potentially providing reliable phylogenetic information, though with some drawbacks such as the co-occurrence of *Wolbachia*, which occurs frequently in Diptera and may confound historical relationships; (2) an *ITS* fragment (nuclear), from a highly repeated and highly recombining region showing concerted evolution (Eickbush *et al* 2007), thus providing a reliable marker of breeding communities, but not of segregating variation. The two markers were used jointly for inferring specific boundaries, and showed a perfect match in our study. Of 12 morphologically identified species from the CVL (out of $N = 1293$ collected individuals), 6 were included in the molecular study ($N = 162$). The later appeared to actually consist of 12 species, of which 6 match no known barcode sequence and are probably new. Pooling data from Cameroon and Gabon (Ikogou *et al's* poster) and combining morphological and molecular information shows that 10 taxa out of 22 are probably new to science. They were found either in Cameroon or in Gabon, thus suggesting high levels of speciation and endemism.

Biogéographie et écologie des insectes de la ligne volcanique du Cameroun

Le Gall P.¹, Le Ru B.², Delvare G.³ & Dulac C.²

¹ UR IRD 072– BEI, IRD, BP 1857 Yaoundé, Cameroun

² UR IRD 072– BEI, s/c CNRS, Laboratoire LEGS, Avenue de la Terrasse, Bat.05, BP1 F-91198 Gif sur Yvette Cedex, France

³ CIRAD-Amis, TA 40/02, Avenue Agropolis, BP 5035, F-34398 Montpellier Cedex 5, France

e-mail pour correspondance : philippe.le-gall@ird.fr

Mots-clefs : biogéographie, phylogénie, insectes, Noctuidae, Cameroun

Résumé : Malgré son importance biogéographique, le peuplement entomologique de la Ligne Volcanique du Cameroun reste fortement méconnu. Pendant les 3 années du projet IFORA, un matériel biologique important a été rassemblé dans des collections (insectes entiers et d'extrait d'ADN) et des bases de données. Plus de 300 localités ont été prospectées sur la LVC et dans les régions périphériques. L'étude taxonomique et phylogénétique des Lépidoptères Noctuidae foreurs des graminées a permis de mieux comprendre l'origine du peuplement entomologique d'altitude tout au long de la LVC. L'analyse phylogénétique a porté sur des fragments des 7 gènes suivants : CYTB (CP1-TSER), CO1 (LCO-HCO), 28S (D2-D3) (28S01/28SR01), EF1A (M3-RCM53), EF1A (M46-RCM4), 12S (SRJ-SRN), 16S (LRJ-LRN). Plus de 25 espèces de Noctuelles ont été obtenues au stade imaginal et ont pu être incluses dans une analyse phylogénétique comprenant les espèces homologues collectées en Afrique de l'Est. L'analyse de l'arbre phylogénétique obtenu permet de mieux comprendre l'importance des taxons d'origine est-africaine dans l'établissement du peuplement en insectes des régions d'altitude du Cameroun.

Pattern phylogéographique et spéciation de deux lignées de Cichlidae dans les lacs de cratère de la ligne volcanique du Cameroun : approche morphologique et moléculaire.

Gilles A.¹, A. R. Bitja Nyom A.R.², Pech N.³, Costedoat C.⁴, Morand S.⁵, Bilong Bilong C.F.² & A. Pariselle A.⁶

¹ Equipe Evolution Génome Environnement, UMR 6116 IMEP, Université de Provence Aix-Marseille I, F-13331, France

² Département de Biologie et Physiologie Animales, Université de Yaoundé I, BP 812 Yaoundé, Cameroun

³ Equipe Evolution Génome Environnement, UMR 6116 IMEP, Université de Provence Aix-Marseille I, F-13331, France

⁴ Equipe Evolution Génome Environnement, UMR 6116 IMEP, Université de Provence Aix-Marseille I, F-13331, France

⁵ Institut des Sciences de l'Evolution, UMR 5554, Université Montpellier 2, CC062, F-34095 Montpellier Cedex 05, France

⁶ Institut des Sciences de l'Evolution, UMR 5554, Université Montpellier 2, CC062, F-34095 Montpellier Cedex 05, France

e-mail pour correspondance : andre.gilles@univ-provence.fr

Mots-clefs : Cichlidae, complexe d'espèces, spéciation sympatrique, morphologie, ADN mitochondrial, microsatellites.

Résumé : Les Cichlidae constituent le groupe de Téléostéens le plus étudié et sont souvent considérés comme un des exemples les plus frappants de radiations adaptatives. Certains membres de ce groupe présentent en effet une rapide diversification morphologique permettant l'identification de nombreuses espèces (spéciation sympatrique dans les grands lacs africains). Cependant, ce groupe est aussi caractérisé par la présence d'espèces à large répartition : des spécimens appartenant à un même morphotype et provenant de différentes régions (du Sénégal au Cameroun) soulèvent le problème de la notion d'espèce (espèce cryptique) dans ce groupe. Après un bref aperçu phylogénétique du genre *Tilapia* (sensu lato), nous nous sommes focalisés sur les deux complexes d'espèces se trouvant dans les lacs de cratère de la ligne volcanique du Cameroun : *Tilapia guineensis* et *Sarotherodon galilaeus*. Afin d'obtenir une vision la plus large possible de ces complexes d'espèces sur leur aire de répartition, nous avons échantillonné plusieurs localités d'Afrique de l'Ouest et Centrale. Une analyse moléculaire, portant sur plus de 600 individus (1140 pb du cytochrome b et 12 microsatellites), a révélé les patrons de colonisation et de diversification de ces deux complexes. Nous avons alors couplé cette analyse moléculaire avec une analyse morphométrique (Analyse procruste), en étudiant la forme du corps, du crâne et des dents pharyngiennes. Nous avons pu mettre en évidence la plasticité morphologique de ces lignées, aussi bien dans les rivières que dans les lacs de cratère de la ligne volcanique du Cameroun, ainsi que les contraintes adaptatives qui y sont associées.

Lung nematodes, *Rhabdias* spp., parasitic in Chamaeleonidae and anurans from the Cameroonian Volcanic Line

Lhermitte-Vallarino N.¹, Barbuto M.², Junker K.³, Ineich I.¹, Wanji S.⁴ & Bain O.¹,

¹ Museum National d'Histoire Naturelle, UMR 7205, Parasitologie comparée, Paris, France

² Università degli Studi Milano Bicocca, Dipartimento di Biotechnologie e Bioscienze, Milano, Italy

³ Onderstepoort Veterinary Institute, Onderstepoort, South Africa

⁴ Research Foundation in Tropical Diseases and Environment REFOTDE, Buea, Cameroun

e-mail pour correspondance : bain@mnhn.fr

Mots-clefs : Lung nematodes, *Rhabdias*, Chamaeleonidae, Anurans

Résumé : Lung nematodes have not been reported in Cameroon but are expected, for two reasons: (i) they are present in eastern Africa and Madagascar (two in chamaeleonids, three in anurans), (ii) a humid climate is a condition for the free-living heterogonic phase producing infective larvae. *Rhabdias* from Cameroon, Madagascar, eastern and southern Africa were analyzed. Morphological study of the adult parasite (female phenotypes) was performed and, when possible, coprocultures and sequencing of *cox1*, 12S, and 18S-28S (M.B.). Of the nine species/subspecies of Cameroonian chamaeleonids analyzed, 6 were infected by lung nematodes (*Rhabdias* spp.). Species identity of parasites depended on hosts and sites. From Mount Cameroon, *R. cristati* was found in *Trioceros cristatus*, *R. sp1* and *R. sp 2* in *T. montium* and *R. rhampholeonis* in *Rhampholeon spectrum*. From the Manengouba massif, *R. lebretoni* and *R. okuensis* were found in *T. q. quadricornis*. From Mount Oku, *R. okuensis* was found in *T. quadricornis gracilior* (type host) and in the sympatric *T. w. wiedersheimi* perching in the same village. Infection by two parasites species in the same host individual very likely occurs in Cameroon. Cameroonian *Rhabdias* are endemic, as are their hosts. Two Cameroonian *Rhabdias* species seem to be respective vicariants of two east African species. Species of one of these pairs perforate the lung wall of the host. The two *Rhabdias* species from five individual anurans captured (*R. ohlerae* in *Leptopelis brevirostris* from Mount Cameroon and *R. tanyai* in *Astylosternus rheophilus* from Oku village) are very distant from the species parasitizing chamaeleonids. This systematic study will lead to development of non-invasive diagnostic methods permitting further inclusion of this complex parasite-host model, susceptible to environmental changes, in analyses of the structuring of biodiversity.

Les rongeurs Muridae de la LVC : origine et endémisme

Missoup A.D., Nicolas V. & Denys C.

MNHN, Département Systématique & Evolution, UMR 7205, 55 rue Buffon, F-75005 Paris, France

e-mail pour correspondance : denys@mnhn.fr

Mots-clefs : mammifères, endémisme, origine, taxonomie, Afrique de l'Est

Résumé : Dans le but de mieux comprendre l'origine et la mise en place de la faune de rongeurs de la LVC nous avons mené des études intégratives combinant des données morphologiques et génétiques (séquençage d'ADN nucléaire et mitochondrial). Pour cela, quatre genres de rongeurs Muridae ont été retenus : *Lamottemys*, *Hybomys*, *Lophuromys* et *Praomys*. *Lamottemys* est un genre monospécifique, endémique du Mont Cameroun, dont les relations de parenté étaient inconnues. Nos analyses phylogénétiques, tant moléculaires que morphologiques, montrent que *Desmomys* serait le groupe frère de *Lamottemys* et qu'ils auraient divergé il y a environ 4.6 Ma. *Desmomys* étant endémique des forêts de montagne d'Ethiopie, nos résultats suggèrent, de ce fait, une affinité entre la LVC et les montagnes du rift est africain. Les genres *Hybomys*, *Lophuromys* et *Praomys* comprennent plusieurs espèces dont certaines sont considérées dans la littérature comme endémiques de la LVC. Toutefois ces espèces ont été décrites uniquement sur base morphologique et sur un nombre réduit de spécimens. Nous avons testé la validité de ces espèces. Nos résultats phylogénétiques ont été replacés dans un contexte spatio-temporel. Ils permettent de valider certaines espèces (par exemple, *Praomys morio*, *P. hartwigi*) et montrent que d'autres devraient plutôt être considérées comme des formes géographiques (*Hybomys rufocanus badius* et *H. r. eisentrauti*; *Lophuromys eisentrauti roseveari* et quel autre taxon ?). Ainsi, chez les rongeurs, l'endémisme au niveau de la LVC est présent, à la fois au niveau générique, spécifique et sous-spécifique. Ce fort endémisme est lié à des patrons de divergence montagne/montagne par vicariance mais aussi à de la diversification plaine/montagne.

Les genres *Entandrophragma* (Meliaceae) et *Dacryodes* (Burseraceae) en Afrique centrale atlantique

Chevallier M.-H.¹, Coppens d'Eeckenbrugge G.², Todou G.³, Benoit L.², Vignes H.², Niangadouma R.⁵, Onana J.-M.⁴, Joly H.² & Doumenge C.⁶

¹ CIRAD, Station de Ligne-Paradis, F-97410 Saint Pierre, Ile de La Réunion

² CIRAD, UMR CEF 5175, 1919 Route de Mende, F-34293 Montpellier Cedex, France

³ Université de Maroua, Ecole Normale Supérieure, BP 55, Maroua, Cameroun

⁴ Herbier National du Cameroun, IRAD, BP 1601, Yaoundé, Cameroun

⁵ Herbier National du Gabon, IPHAMETRA-CENAREST, BP 1156, Libreville, Gabon

⁶ CIRAD, UR 105, Campus International de Baillarguet TA-105/D, F-34398 Montpellier cedex 5, France

e-mail pour correspondance : geo.coppens@cirad.fr

Mots-clefs : *Entandrophragma*, *Dacryodes*, diversité, phylogénie, Afrique centrale atlantique

Résumé : Dans le genre *Entandrophragma*, l'étude a été centrée sur les cinq taxons rencontrés en forêt dense humide de terre ferme et de basse altitude (*E. angolense* et *congoense*, *E. candollei*, *E. cylindricum*, *E. utile*). Les autres espèces du genre sont situées dans des milieux forestiers (deux d'entre elles) et, souvent, dans le domaine des savanes et forêts claires. Les premières analyses génétiques montrent que ces taxons de forêts denses humides sont proches, plus particulièrement *E. cylindricum* et *E. utile*. Deux taxons, placés en synonymie par certains botanistes, *E. angolense* et *E. congoense*, n'ont pas pu être différenciés à ce stade. Concernant le genre *Dacryodes*, les premières analyses phylogénétiques des espèces africaines indiquent qu'elles sont également proches génétiquement ; toutes sont des espèces de forêts denses humides, y compris celles de la région congolaise. Ainsi, les mitotypes dominants (NAD712) pour *D. buettneri*, *D. edulis*, *D. klaineana*, *D. igaganga*, *D. macrophylla* et *D. normandii* sont identiques. Un deuxième mitotype est commun à *D. buettneri* et à *D. edulis*. Les autres mitotypes sont rares. L'ADN chloroplastique (rpl16) montre une plus grande variation mais les données sont moins nombreuses. On remarque une très forte différenciation entre deux chlorotypes rencontrés chez *D. edulis*, même au sein d'une même population cultivée. Des analyses génétiques supplémentaires sont encore nécessaires afin d'évaluer plus précisément les relations et les distances génétiques entre les espèces telles que définies par les botanistes.

Délimitation et identification des espèces végétales en Afrique centrale – apport des approches de génétique des populations et de phylogéographie

Hardy O.J.¹, Dauby G.¹, Doumenge C.², Duminil J.¹, Heuertz M.³, Koffi G.¹, Lachenaud O.¹, Ley A.¹, Onana J.-M.⁴ & Parmentier I.¹

¹ Service Evolution Biologique et Ecologie, CP160/12, Faculté des Sciences, Université Libre de Bruxelles, 50 Av. F. Roosevelt, B-1050 Bruxelles, Belgique

² Cirad, Campus International de Baillarguet, TA C-105/D, F-34398 Montpellier cedex 5, France

³ Centre of Forest Research, Dept. Forest Genetics and Ecology, Carretera de La Coruña km 7.5, E-28040 Madrid, Espagne

⁴ Herbier National du Cameroun, B.P. 1601, Yaoundé, Cameroun

e-mail pour correspondance : ohardy@ulb.ac.be

Mots-clefs : spéciation, code-barres ADN, introgression

Résumé : La délimitation des espèces végétales ainsi que leur identification sur le terrain est une difficulté récurrente dans les forêts tropicales humides. Bien que le choix des taxons pour nos études phylogéographiques reposait sur des espèces a priori sans problème taxonomique, il est rapidement apparu que nos données pouvaient, dans certains cas, remettre en question la taxonomie adoptée. Des éclaircissements sur la délimitation des espèces seront présentés pour les arbres des genres *Carapa*, *Erythrophleum*, *Greenwayodendron* et *Santiria* et les lianes du genre *Haumania*. Dans certains cas les marqueurs génétiques confirment la classification taxonomique et permettent d'identifier a posteriori des espèces difficiles à distinguer sur le terrain (*Erythrophleum*). D'autres cas suggèrent que la classification taxonomique ne reflète pas des espèces au sens biologique (*Santiria*, *Greenwayodendron*). Enfin, des cas d'incongruence entre génomes cytoplasmique et nucléaire mettent en évidence des phénomènes d'introgression et donc une spéciation inachevée. Ainsi, les séquences de gènes chloroplastiques ne sont pas toujours fiables pour délimiter ou identifier les espèces. Enfin, une analyse de barre-codes ADN basée sur le génome chloroplastique chez les espèces d'arbres d'un plot de 50ha à Korup (Cameroun) montre que seulement près de 60% des espèces et 80% des genres peuvent être identifiés par cette approche avec le gène *rbcl*.

Phylogénie de *Leonardoxa* et de ses fourmis associées : rôle des fluctuations climatiques dans la diversification du vivant dans une région à fort relief

McKey D.¹, Kjellberg F.¹, Djieto-Lordon C.¹ & Blatrix R.¹

¹ Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive, CNRS, 1919 route de Mende, F-34293 Montpellier cedex 5, France

² Laboratoire de Zoologie, Faculté des Sciences, Université de Yaoundé 1, BP 812 Yaoundé, Cameroun

e-mail pour correspondance : doyle.mckey@cefe.cnrs.fr

Mots-clefs : ORD (orbitally forced species range dynamics), spéciation, milieu biotique, étage submontagnard

Résumé : Le genre *Leonardoxa* (Leguminosae-Caesalpinioideae) inclut quatre taxons forestiers (sous-espèces ou espèces résultantes d'une spéciation en cours) d'Afrique centrale atlantique. Trois de ces quatre taxons sont myrmécophytes, possédant des tiges renflées et creuses hébergeant une colonie de fourmis résidentes qui protègent la plante contre les insectes phytophages. Le quatrième taxon possède des nectaires foliaires attirant des fourmis généralistes qui visitent la plante de façon opportuniste, sans l'occuper de manière permanente. Les données morphologiques, écologiques, biogéographiques et moléculaires suggèrent un scénario de diversification de cette lignée et des fourmis associées. La diversification est liée à l'adaptation différentielle aux forêts submontagnardes et de basse altitude. L'histoire de chaque taxon est liée aux fluctuations climatiques passées ayant induit des expansions et des contractions variables de chacun de ces étages de végétation au cours du temps. Dans l'étage submontagnard, les contraintes posées aux fourmis (animaux poïkilothermes fourrageant sur des surfaces toujours froides et humides) limitent la spécialisation myrmécophile. A basse altitude, les températures plus chaudes — plus favorables à la fois aux fourmis et aux insectes phytophages contre lesquels les fourmis peuvent protéger leur plante-hôte — ont favorisé les adaptations myrmécophiles. La ligne volcanique camerounaise a agi comme une barrière géographique favorisant la spéciation allopatrique des deux taxons myrmécophytes les plus spécialisés et de leurs fourmis symbiotes. Le taxon le moins spécialisé (et apparemment basal dans la lignée) est plutôt typique de l'étage submontagnard ; il se trouve aussi dans plusieurs refuges fluviaux et marécageux de basse altitude. Les réponses différentes aux fluctuations climatiques des espèces composant le réseau d'interactions — les fourmis et les insectes phytophages répondant à la température, la plante répondant à la disponibilité hydrique, déterminée par la combinaison de température, précipitation et conditions édaphiques — ont joué un rôle important dans la diversification des espèces impliquées dans ces interactions.

Molecular study of the diversification of *Zaprionus* (Drosophilidae) in Gabon

Ikogou M.^{1,2}, Suwalski A.^{1,2}, Mavoungou J.³ & Veuille M.^{1,2}

¹ Ecole Pratique des Hautes études, 45, rue de Lille, 75007 Paris

² UMR 7205 - Équipe GPS3, MNHN, 16 rue Buffon, 75005 Paris

³ Institut de Recherche en Ecologie Tropicale, BP 13354, Libreville, Gabon

e-mail pour correspondance : mayalbv@yahoo.fr

Mots-clefs_: *speciation, Barcode, Zaprionus, Drosophilidae, Gabon*

Résumé : The dynamics of ecological communities in the African rain forest were investigated using the genus *Zaprionus* (Drosophilidae), a highly diversified group which is dependent on decaying fruit and flowers for its feeding and breeding sites. As in Cameroon (see the presentation by Veuille *et al.*) its diversification in Gabon was studied by jointly using the barcode (the mitochondrial *COI*) and an *ITS* fragment (nuclear). We genotyped a total of 80 individuals from the coastal area (Libreville) and from the central forested area (Waka-Lope). Samples from other sites are currently under study. As in Cameroon, the discovery of new taxa in Gabon (3 potential cryptic species) suggested a high level of endemism. The sample size and variability level in *Z. indianus* allowed us to genetically investigate population structuring, and confirmed a conclusion from the Cameroon study: coastal populations (Mt Cameroon, Libreville) are closer to each other and to those from Guinea (Mt Nimba) than they are to populations from Mt Kupe, suggesting that insularization along the CVL predated the fragmentation of coastal forests.

Le genre *Stomoxys* (Diptera, Muscidae) : nouvelles données sur la systématique, l'écologie et le rôle pathogène.

Dsouli-Aymes N.¹, Duvallet G.¹, Mavoungou J.F.² & Jacquet P.³

¹ UMR5175 CEFE, Université de Montpellier, Route de Mende, F-34199 Montpellier Cedex 5, France

² IRET-CENAREST, BP 13354, Libreville, Gabon

³ Laboratoire de Parasitologie, Ecole Nationale Vétérinaire, BP 87 614, F-31076 Toulouse Cedex 03, France

e-mail pour correspondance : dsouli2005@yahoo.fr

Mots-clés : *Stomoxys* spp., écologie, phylogénie, rôle vecteur

Résumé : Le genre *Stomoxys* Geoffroy 1762 comprend 18 espèces, dont 17 ont une répartition tropicale et une seule (*Stomoxys calcitrans* L. 1758) présente une répartition cosmopolite. En dehors des espèces *S. calcitrans* et *S. niger* Macquart 1851, mieux étudiées car liées à l'homme et à son bétail, très peu de données sont disponibles sur la biologie et l'écologie des autres espèces. Par exemple, pour la majorité de ces espèces, les stades larvaires ne sont pas connus. Ce sont pourtant des insectes hématophages, à la fois nuisant par leurs piqûres et la prédation sanguine mais aussi vecteurs potentiels de nombreux pathogènes. Les travaux récents de phylogénie du genre *Stomoxys* permettent d'élever au rang d'espèce les sous-espèces *S. niger niger* et *S. niger bilineatus* Grünberg 1906. Ils permettent également de remettre dans le genre *Stomoxys* l'espèce *Prostomoxys saegerae* Zumpt 1969. Les travaux menés au Gabon ont permis de préciser l'écologie de plusieurs espèces et de montrer que l'espèce *S. xanthomelas* Auteur ? vit dans la canopée, qu'elle prend ses repas de sang essentiellement sur singe, mais aussi parfois sur l'homme. Cette espèce pourrait être ainsi un redoutable vecteur de zoonoses émergentes. Enfin, des observations menées en France métropolitaine permettent de penser que *S. calcitrans* pourrait intervenir dans la transmission de *Besnoitia besnoiti* au bovin.

Divergences morphologiques d'un Cichlidae endémique de deux lacs de cratères du Sud-ouest et affinités avec des Tilapias de la Ligne Volcanique du Cameroun

Bitja Nyom A. R.¹, Gilles A.², Pariselle A.³, Snoeks J.⁴ & Bilong Bilong C.F.¹

¹ Département de Biologie et Physiologie Animales, Université de Yaoundé I, BP 812 Yaoundé, Cameroun

² Equipe Evolution Génome Environnement, UMR 6116 IMEP, Université de Provence Aix-Marseille I, F-13331, France

³ Institut des Sciences de l'Evolution, UMR 5554, Université Montpellier 2, CC062, F-34095 Montpellier Cedex 05, France

⁴ Department of Zoology, Ichthyology, Royal Museum for Central Africa, Leuvensesteenweg 13, B-3080 Tervuren, Belgium

e-mail pour correspondance : andre.gilles@univ-provence.fr

Mots-clefs :

Résumé : Plusieurs travaux récents, essentiellement basés sur les analyses moléculaires et parfois écologiques, proposent une explication de l'origine des « species flocks » de certains lacs de cratères camerounais. Toutefois, les preuves morphologiques permettant d'expliquer la mise en place de ces communautés de poissons sont souvent insuffisantes. Cette étude a été focalisée sur la variabilité morphologique de *Tilapia kottae* Loennberg, 1904, espèce endémique de deux lacs de cratères voisins sur la ligne volcanique du Cameroun (Lacs Barombi Kotto et Mboandong) et sur les affinités morphologiques avec d'autres *Tilapia* de la région. L'Analyse en Composantes Principales (ACP) des caractères métriques et méristiques classiques a montré que dans chaque lac, *T. kottae* subit une différenciation morphologique en deux principaux phénotypes sur le diamètre de l'œil, et que les deux populations du même lac de cette espèce divergent significativement sur certains de leurs caractères métriques (longueurs de la tête et prédorsale) et méristiques (nombres de branchiospines et de rangées de dents maxillaires internes). La Classification Hiérarchique des Groupes (Cluster Analysis) a montré que *T. kottae* a plus d'affinités morphologiques avec les Tilapias du lac Ejagham qu'avec ceux du lac Barombi Kotto et de la Cross river. Ces résultats, qui s'accordent avec les travaux menés par d'autres auteurs sur la parenté moléculaire de *T. kottae* et des Tilapias d'Ejagham, suggèrent aussi que les fleuves côtiers de l'ouest du Cameroun ont joué un rôle important dans le processus de colonisation des lacs par les Cichlidae. Ces résultats mettent aussi en évidence le rôle de l'isolement géographique résultant de la fragmentation des habitats sur les divergences morphologiques observées et sur l'endémisme dans cette région.

Systematique et diversification des *Praomys* (Rodentia : Muridae) endémiques de la LVC

Missoup A.D., Nicolas V., Hutterer R., Bilong Bilong C.F. & Denys C.

MNHN, Département Systematique & Evolution, UMR 7205, 55 rue Buffon, F-75005 Paris

e-mail pour correspondance : missoup@mnhn.fr

Mots-clefs : Muridae, *Praomys*, forêt de montagne, extensions / retractions, pléistocène.

Résumé : En Basse Guinée, trois espèces de rongeurs endémiques appartenant au genre *Praomys* (*P. hartwigi*, *P. morio* et *P. obscurus*) sont signalées comme endémiques des forêts de montagne de la LVC. Décrites à partir d'un nombre réduit de spécimens, ces espèces n'avaient jamais fait l'objet de révision taxinomique. Dans le but de tester leur statut spécifique et d'établir leurs relations de parenté, nous avons mené une analyse basée sur quatre marqueurs moléculaires (cytochrome *b*, 16S, IRBP et GHR) et sur 20 mesures crânio-dentaires. Nos résultats confirment le statut spécifique de *P. hartwigi* et de *P. morio*. Des analyses supplémentaires intégrant des spécimens de toute l'aire de distribution de *P. hartwigi* sont nécessaires pour définitivement résoudre la question du statut de *P. obscurus*, les deux espèces étant proches d'un point de vue géographique, génétique et morphologique. Nos estimations des temps de divergence et les topologies des arbres reconstruits suggèrent de reconnaître deux principaux patrons de diversification allopatrique ayant permis la mise en place des *Praomys* endémiques de la LVC : un patron complexe et plus ancien (après 1,9 Ma) entre des lignées de forêts de plaine et celles de forêts de montagne ; et un patron classique et plus récent (après 0,9 Ma) exprimant des événements de vicariance entre des lignées de forêt de différentes montagnes de la LVC. Ces deux schémas confirment le rôle des extensions / retractions successives de la forêt de montagne au cours du Pléistocène dans la génération de la biodiversité de la LVC.

Représentation des données *Praomys* à l'aide des cartes auto-organisées

Olteanu M.¹, Nicolas V.², Schaeffer B.³, David O.³ & Laredo C.³

¹ SAMOS – MATISSE, Université de Paris I, 90 Rue de Tolbiac, F-75634 Paris Cedex 13, France

² MNHN, Département Systématique & Evolution, UMR 7205, 55 rue Buffon, F-75005 Paris, France

³ INRA, Mathématiques et Informatique Appliquées, UR 341, Jouy-en-Josas, France

e-mail pour correspondance :

Mots-clefs :

Résumé : Nous proposons une analyse des données *Praomys* à l'aide des cartes auto-organisées (ou cartes de Kohonen). Cette méthode d'analyse permet une représentation de l'échantillon en deux dimensions et met en évidence les distances et les proximités entre espèces, ainsi que la variabilité intra-spécifique. Les cartes auto-organisées étant une méthode de classification non-supervisée, l'information sur les espèces n'est traitée qu'à posteriori. De cette manière, il est possible de confirmer les hypothèses sur la répartition des espèces, ainsi que de repérer les éventuelles erreurs d'identification.

Structure et dynamique de la diversité génétique dans un complexe agroécologique de deux espèces apparentées de *Dacryodes* (Burseraceae) au Cameroun et au Gabon

Todou G.¹, Gabeloux M.², Benoit L.², Coppens d'Eeckenbrugge G.² & Joly H.²

¹ Université de Maroua, Ecole Normale Supérieure, BP 55, Maroua, Cameroun

² CIRAD, UMR CEFE 5175, 1919 Route de Mende, F-34293 Montpellier Cedex, France

e-mail pour correspondance : todougilbert@yahoo.fr

Mots-clefs : *Dacryodes edulis*, *Dacryodes buettneri*, structure génétique, flux de gènes

Résumé : *Dacryodes edulis* et *D. buettneri* sont des espèces à usages multiples. De sérieuses menaces, perceptibles ou non, pèsent toutefois sur le développement ces espèce de grande importance socio-économique dont l'organisation génétique n'est pas encore connue. Nous avons étudié sa diversité génétique au moyen de marqueurs génétiques neutres en vue d'évaluer le niveau de la structure génétique et de tester le flux de gènes entre les deux espèces. Des folioles ont été récoltées sur 760 arbres (525 individus domestiqués ou non de *D. edulis* et 236 individus naturels de *D. buettneri*). Ces échantillons proviennent de 29 populations à travers le Cameroun et le Gabon. Les paramètres de diversité génétique ont été déterminés en utilisant les programmes Genetix 4.05 et DARwin 5. Les paramètres de diversité intra-population ont révélé des valeurs assez élevées, avec un nombre moyen d'allèles (A) de 5,38 pour *D. edulis* et de 4,43 pour *D. buettneri* ; un pourcentage de polymorphisme (P) de 100 % pour les deux espèces et un taux d'hétérozygotie attendue (H_{att}) de 0,46 pour *D. edulis* et 0,35 pour *D. buettneri*. Les populations gabonaises de *D. edulis* sont nettement différenciées des populations camerounaises. Les résultats indiquent des flux de gènes fortement limités par la distance géographique au sein de *D. edulis*, malgré l'importance des flux commerciaux. La diminution de l'excès d'hétérozygotes dans les sous-populations de cultures intenses suggère le rôle de l'homme dans le brassage génétique malgré la neutralité des marqueurs moléculaires et le rôle des pollinisateurs (insectes). L'importante diversité génétique au sein des sous-populations et la faible différenciation génétique entre les sous-populations indiquent que la diversité génétique est d'origine intra-population. La valeur moyenne non négligeable du flux de gène ($Nm = 0,33$) et la faible différenciation génétique moyenne entre *D. edulis* et *D. buettneri* ($F_{st} = 0,42$) laissent supposer qu'elles appartiennent à un même groupe génétique ou qu'il y a eu un échange génétique entre les deux espèces avant le cloisonnement spécifique.

Species identification and estimation of inter-species gene flow: application to a set of sympatric tropical tree species from tropical Africa, the genus *Carapa* sp. (Meliaceae).

Duminil J.^{1,2}, Kenfack D.³, Viscosi V.⁴, Grumiau L.¹ & Hardy O.¹.

¹ Service Evolution Biologique et Ecologie, ULB, 50 Av. F. Roosevelt, B-1050 Bruxelles, Belgique.

² Laboratoire de Foresterie des Régions tropicales et subtropicales, Unité de Gestion des Ressources forestières et des Milieux naturels, Gembloux Agro-Bio Tech, Université de Liège, Passage des Déportés, 2, B- 5030 Gembloux, Belgique

³ CTFS-SIGEO, Arnold Arboretum, Harvard University, 22 Divinity Avenue, Cambridge, MA 02138, USA

⁴ Museo Erbario del Molise (MEM), Dipartimento S.T.A.T. - Università degli Studi del Molise, C.da Fonte Lappone, IT-86090 Pesche (IS), Italia

e-mail pour correspondance : jduminil@ulb.ac.be

Mots-clefs :

Résumé : Morphological species identification in tropical ecosystems can be challenging in the absence of reliable or easily available morphological diagnostic characters. This particularly concerns sister tree species occurring in sympatry with potential inter-specific gene flow. In this context, population genetic approaches are relevant both for species identification and for the estimation of inter-species gene flow. Here, we test this approach on the model genus *Carapa* (Meliaceae) in South Cameroon. Sets of individuals were sampled in three populations where different *Carapa* species were found in sympatry. A general agreement between morphological and nuclear DNA markers (both microsatellites and ITS) in species delimitation allowed an assignation of the individuals to species. In particular, three nuclear gene pools were defined using microsatellites and each corresponded to a different species. However, despite a congruence of these data with chloroplastic DNA markers (cpDNA) the absence of cpDNA polymorphism in one of the three populations revealed historical gene flow between the two sympatric species. Overall this study demonstrates (i) the need to interpret cpDNA-based species identification with caution and the limitation this imposes on the use of cpDNA barcodes in this respect; (ii) the necessity to compare maternally-inherited and biparentally-inherited markers for inter-specific gene flow studies; (iii) the usefulness of developing population genetic approaches for species delimitation in sister species presenting potentialities of gene flow; (iv) the complexity of the evolutionary history of the genus *Carapa* in Africa.

Species delimitation in Central African herbs combining phylogenetic and phylogeographic approaches – the case of *Haumania* J.Leonard (Marantaceae)

Ley A.C. & Hardy O.J.

Department of Evolutionary Biology and Ecology, CP160/12, Faculté des Sciences, Université Libre de Bruxelles, 50 Av. F. Roosevelt, B-1050 Bruxelles, Belgium

e-mail pour correspondence : alexley@ulb.ac.be

Mots-clefs :

Résumé : Species delimitation is a fundamental biological concept which is frequently discussed and altered to integrate new insights. These insights have revealed that speciation is not a one step phenomenon but an ongoing process; morphological characters alone are no longer sufficient to properly describe the results of this process. Here we want to assess the degree of speciation in two closely related lianescent taxa from the tropical African genus *Haumania* which display distinct vegetative traits despite a high similarity in reproductive traits and a partial overlap in distribution area which might facilitate gene flow. We used nuclear (nr) (5S) and chloroplast (cp) (trnC - petN1r) markers and phylogenetic and phylogeographic analyses in comparison to morphological species descriptions. The nuclear dataset unambiguously supports the morphological species concept in *Haumania*. However, the main chloroplastic haplotypes are shared between species and, although a geographic analysis of cpDNA diversity confirms that individuals from the same taxon are more related than individuals from distinct taxa, cp-haplotypes display correlated geographic distributions between species. Hybridization is the most plausible reason for this pattern. A scenario involving speciation in geographic isolation followed by range expansion is outlined. The study highlights the gain of information on the speciation process in *Haumania* by adding georeferenced molecular data to the morphological characteristics. It also shows that nr and cp sequence data might provide different but complementary information, calling into question the reliability of the unique use of chloroplast data for species recognition by DNA barcoding.

Le SIG du projet Ifora et les bases de données associées : outils de base pour les études phylogéographiques

Chevillotte H.¹, Valton C.², Fauvet N.³ & Doumenge C.³

¹ IRD, UMR OSEB, s/c MNHN, 16 Rue Buffon, F-75005 Paris, France

² IRD, Laboratoire de Cartographie Appliquée, 32 Av. Henri Varagnat, F-93143 Bondy cedex, France

³ CIRAD, UR B&SEF, Campus International de Baillarguet, TA-105/D, F-34398 Montpellier cedex 5, France

e-mail pour correspondance : herve.chevillotte@ird.fr

Mots-clefs : SIG, spatialisation des données, représentation cartographique, végétation, Afrique centrale atlantique

Résumé : Les SIG permettent de gérer des informations géoréférencées, d'intégrer différentes dimensions de l'espace, de croiser et combiner des données multiples (géomorphologie, climat, végétation, faune...), de construire des hypothèses et de les visualiser spatialement (proximité génétique et spatiale de diverses espèces ; recherche de paramètres environnementaux déterminant l'endémisme d'une espèce...), d'assigner des variables écologiques à posteriori aux individus collectés et d'en tirer des analyses statistiques, et de présenter graphiquement les informations pertinentes pour une meilleure communication. Le SIG du projet IFORA a été conçu comme un outil intégrateur des données des diverses équipes, permettant (i) de comparer les patrons de répartition des espèces sur lesquelles nous travaillons, (ii) de poser des hypothèses sur les déterminants environnementaux de ces répartitions et (iii) de les confronter aux hypothèses relatives à l'existence de refuges forestiers. Le SIG du projet incorpore actuellement divers types de données : MNT et courbes de niveaux, réseaux hydrographiques, données pluviométriques, frontières des états, réseaux routiers, villes, cartes de végétation. L'un des travaux les plus importants réalisé à ce jour concerne la digitalisation de la carte de végétation de R. Letouzey sur l'ensemble du Cameroun. Le SIG permet de travailler à plusieurs échelles et de réaliser des cartes adaptées aux besoins des diverses équipes. Il permet, par exemple, de positionner les points de collecte d'échantillons (botaniques, zoologiques) sur la carte de végétation de Letouzey afin de développer des analyses écologiques. Toutefois, à ce jour, toutes les potentialités du SIG n'ont pas encore été valorisées, tant d'un point de vue scientifique que de communication.

Patterns of distribution in *Zaprionus* (Drosophilidae) from the CVL

Veuille M.^{1,2}, Yassin A.¹, Lelarge C.^{1,2} & Suwalski A.^{1,2}

¹ Ecole Pratique des Hautes études, 45, rue de Lille, 75007 Paris

² UMR 7205 - Équipe GPS3, MNHN, 16 rue Buffon, 75005 Paris

e-mail pour correspondance : veuille@mnhn.fr

Mots-clefs : biogeography, communities, *Zaprionus*, Drosophilidae, Cameroon

Résumé : The comparison of ~ 670 *Zaprionus* drosophilids collected in Mt Kupé and northward along the CVL, and of ~ 560 individuals collected in Mt Fako ("Mt Cameroon") in 2007 and 2008 (combining morphological and molecular information) showed a striking contrast between the two samples. Of 18 species, 3 were shared, 4 were found only in the Fako, 9 were found only in the northern range, and the last 2 were the dominant species in the north but were rare (only 1-3 individuals) in the south. Since the Fako sample came from an exposed side of the mountain (facing the sea), while the northernmost samples came from relatively sheltered areas (western slope of Mt Kupe, plateau north to Oku), a new field campaign in March 2010 compared a sheltered side of the Fako (above Buea) to more exposed parts of the northern range (top of Mt Kupe, slope west to Dschang), and this time the situation was reversed: from morphological traits, the two areas appeared to accommodate the species complexes that we hitherto believed to be present in the other area. A full interpretation of these data will be possible only when the sequencing has been completed. We are currently examining the hypothesis that the fragmentation of Drosophilid communities does not simply involve insularisation through altitudinal zonation, but also the presence of at least two different kinds of montane associations depending on physical factors.

Biodiversité des insectes de la ligne volcanique du Cameroun : distribution spatiale des Scarabeïinae Cetoniinae (Coléoptères)

Fogoh J.M. & Le Gall P.

IRD-IRAD, BP 1857, Yaoundé, Cameroun

e-mail pour correspondance : fogohm@yahoo.com

Mots-clefs : biodiversité, ligne volcanique du Cameroun, richesse, distribution.

Résumé : Les écosystèmes montagnards tropicaux sont très riches en espèces endémiques. Ils sont aussi menacés par les activités anthropiques et les changements globaux. La Ligne Volcanique du Cameroun (LVC), qui s'étend sur une distance de 1600 km depuis Annobon en Guinée Equatoriale jusqu'à l'Est du Nigeria, en passant par São Tome, Principe, Bioko et le Cameroun, souffre particulièrement d'érosion de nombreuses espèces due à la disparition progressive de sa végétation indigène. Pour décrire la richesse et la distribution de la faune des Coléoptères de cette région, nous avons échantillonné le peuplement de Cetoniinae de différentes localités de la LVC à l'aide de pièges attractifs et par la recherche participative. Les données de distribution de toutes les espèces collectées dans la LVC ont été analysées grâce à un Système d'Information Géographique conçu par le projet IFORA. La richesse et l'abondance des espèces ont été analysées en utilisant le logiciel PAST. Au total, 3640 individus ont été échantillonnés, appartenant à 124 espèces de cétoines. Le massif volcanique du Mont Bamboutos a enregistré le plus grand nombre d'individus (1844 individus), tandis que le massif volcanique du Mont Manenguba a été le plus riche en espèces (Menhinick = 3.18). On observe un étagement précis des communautés. La faune endémique de la LVC est concentrée dans les régions d'altitude supérieure à 1600 m. La fraction située au-dessus de 2000 m est moins riche en espèces mais héberge uniquement des espèces endémiques. Les régions de forêts denses sempervirentes de basse altitude sont moins riches en faune de cétoines que les régions des forêts submontagnardes et montagnardes. Les résultats de ces travaux fournissent des informations supplémentaires sur la composition faunique de la LVC qui nécessitent d'être utilisés pour réorienter les décisions relatives à la conservation de la biodiversité dans cette région d'écosystèmes fragiles et subissant des pressions anthropiques importantes.

Phylogéographie de quelques espèces de muridés en Basse Guinée

Missoup A.D., Denys C. & **Nicolas V.**

MNHN, Département Systématique & Evolution, UMR 7205, 55 rue Buffon , F-75005 Paris, France

e-mail pour correspondance : vnicolas@mnhn.fr

Mots clés : Afrique ouest centrale, mammifère, phylogéographie, rivière, refuge, Pléistocène

Résumé : Des analyses de phylogéographie ont été menées sur plusieurs espèces de rongeurs muridés, à la fois à l'échelle de toute la région biogéographique de Basse Guinée mais aussi à l'échelle de la LVC (Ligne Volcanique du Cameroun). Les résultats obtenus pour *Hybomys univittatus s.l.* soulignent le rôle probable des refuges forestiers de plaine du Pléistocène dans la structuration génétique observée. De plus, pour *Praomys misonnei* et *Hybomys univittatus s.l.*, les fleuves Sanaga et Ogooué-Ivindo ont également dû jouer un rôle de barrière aux flux de gènes. Nous avons testé le rôle de la LVC comme barrière au flux de gènes entre les populations situées à l'est et à l'ouest de cette ligne. Les résultats obtenus pour *H. univittatus s.l.* et *P. misonnei* indiquent que des clades génétiques différents sont retrouvés de part et d'autre de la LVC, et que ceux-ci sont parapatriques au niveau de cette cordillère. Ces résultats suggèrent que la LVC a dû, au moins récemment, jouer un rôle de barrière. Les phylogéographies obtenues à l'échelle de la LVC pour *Praomys misonnei*, *Hybomys rufocanus*, *Praomys jacksoni* et *Lophuromys eisentrauti* nous ont permis de proposer un modèle de structuration de la diversité génétique au niveau de la LVC, suggérant de reconnaître une sous-unité nord allant du Tchabal Mbabo au Mont Oku, et une sous-unité sud allant du Mt Cameroun au Mt Lefo.

Biogéographie et histoire des genres *Entandrophragma* (Meliaceae) et *Dacryodes* (Burseraceae) en Afrique forestière

Doumenge C.¹, Coppens d'Eeckenbrugge G.², Arbonnier M.¹, Todou G.⁴, Chevallier M.-H.³,
Onana J.-M.⁵, Niangadouma R.⁶, Issembe I.⁷, Sene Belinga V.⁵,
Joly H.², Fauvet N.¹ & Chevillotte H.⁸

¹ CIRAD, UR 105, Campus International de Baillarguet TA-105/D, F-34398 Montpellier cedex 5, France

² CIRAD, UMR CEFE 5175, 1919 Route de Mende, F-34293 Montpellier Cedex, France

³ CIRAD, La Réunion

⁴ Université de Maroua, Ecole Normale Supérieure, BP 55, Maroua, Cameroun

⁵ Herbier National du Cameroun, IRAD, BP 1601, Yaoundé, Cameroun

⁶ Herbier National du Gabon, IPHAMETRA-CENAREST, BP 1156, Libreville, Gabon

⁷ IRET-CENAREST, BP 13354, Libreville, Gabon

⁸ IRD, UMR OSEB, s/c MNHN, 16 Rue Buffon, F-75005 Paris, France

e-mail pour correspondance : charles.doumenge@cirad.fr

Mots-clefs : *Entandrophragma*, *Dacryodes*, spéciation sympatrique, Afrique

Résumé : De par leurs adaptations climatiques, les espèces étudiées d'*Entandrophragma* (*E. angolense* et *congoense*, *E. candollei*, *E. cylindricum*, *E. utile*) sont fortement différenciées des autres espèces du genre, lesquelles occupent des bas-fonds périodiquement inondés (bassin du Congo), des habitats de montagne (Grands-Lacs) ou des régions de climat plus sec et contrasté (Angola et Afrique australe). Pourtant, l'étude de leur distribution et de leurs enveloppes climatiques ne montre que très peu de différenciation. Seule *E. angolense* se distingue par une plus grande plasticité. Ces résultats, ainsi que les résultats des premières analyses phylogénétiques, suggèrent un cas de spéciation sympatrique récente. L'omniprésence du caractère décidu dans le genre, ainsi que l'existence d'espèces sous des climats plus secs (précipitations, saison sèche), indiqueraient que ces espèces ont pénétré relativement récemment en forêt humide. Elles ont donc colonisé des régions à pluviométrie intermédiaire, en dehors des refuges forestiers supposés. Les espèces de *Dacryodes* étudiées présentent aussi des fortes similitudes d'adaptations climatiques, avec un fort recouvrement des aires de distribution potentielles. Ces dernières sont centrées sur le Gabon et le Sud du Cameroun, en particulier dans les régions de refuges forestiers supposés. La plupart des espèces présente une répartition limitée à la région floristique dite de « basse Guinée ». Seuls *D. klaineana* et *D. edulis* (espèce domestiquée) ont pu franchir la LVC et le couloir du Dahomey. Les *Dacryodes* sont adaptées aux forêts humides, en particulier à une humidité atmosphérique élevée (piedmonts et versants au vent, couverture nuageuse durable). Cette faible différenciation dans l'adaptation suggère une spéciation sympatrique probablement récente, contrastant avec une radiation en allopatrie pour les représentants sud-américains du genre.

Phylogéographie des arbres des forêts du Bas-Guinéen et histoire de la végétation

Hardy O.J.¹, Daïnou K.², Dauby G.¹, Debout G.¹, Doumenge C.³,
Duminil J.¹, Heuertz M.⁴ & Koffi G.¹

¹ Service Evolution Biologique et Ecologie, CP160/12, Faculté des Sciences, Université Libre de Bruxelles, 50 Av. F. Roosevelt, B-1050 Bruxelles, Belgique

² Laboratory of tropical and subtropical forestry, Unit of Forest and Nature Management, Gembloux Agro-Bio Tech, University of Liege, 2 Passage des déportés, B-5030 Gembloux, Belgium

³ Cirad, Campus International de Baillarguet, TA C-105/D, F-34398 Montpellier cedex 5, France

⁴ Centre of Forest Research, Dept. Forest Genetics and Ecology, Carretera de La Coruña km 7.5, E-28040 Madrid, Espagne

e-mail pour correspondance : ohardy@ulb.ac.be

Mots clefs : phylogéographie, refuges forestiers

Résumé : La phylogéographie tente d'identifier les liens phylétiques entre populations pour reconstruire leur histoire. C'est une source d'information pouvant aider à reconstruire l'histoire de la végétation durant le Quaternaire et notamment tester l'hypothèse des refuges forestiers. Nous avons entamé des études phylogéographiques sur une quinzaine d'espèces d'arbres du bassin Guinéo-Congolais. Les patrons phylogéographiques basés sur les gènes chloroplastiques ou des microsatellites nucléaires permettent le plus souvent d'identifier des pools géniques distincts (*Distemonanthus benthamianus*, *Erythrophleum suaveolens*, *Greenwayodendron suaveolens*, *Milicia excelsa*, *Santiria trimera*), traces possibles d'une fragmentation forestière passée. La comparaison entre espèces révèle qu'une disjonction nord-sud se répète sur plusieurs espèces, suggérant une possible séparation entre un bloc forestier nord et un bloc forestier sud. La répartition des allèles rares, traceurs potentiels de refuges forestiers, donne des résultats relativement hétérogènes. Une corrélation entre diversité allélique et position des refuges forestiers hypothétiques est observée chez certaines espèces (*Santiria*) mais pas d'une manière générale.

Structure of chloroplast DNA diversity of an African lowland rainforest tree, *Santiria trimera* (Burseraceae)

K. Koffi G.K.¹, Heuertz M.² & Hardy O.J.¹

¹ Université Libre de Bruxelles, Faculté des Sciences, Evolutionary Biology and Ecology, CP160/12, Av. F. Roosevelt 50, B-1050 Brussels, Belgium

² Centre of Forest Research, Dept. Forest Genetics and Ecology, Carretera de La Coruña km 7.5, E-28040 Madrid, Spain

e-mail pour correspondance : kokoffi@ulb.ac.be

Mots-clefs : phylogeography, haplotype, *Santiria trimera*, African rainforests

Résumé : Hypotheses on the demographic history of species populations in the African rainforests can be tested by phylogeographic studies of forest dwelling species. Here, we characterized the genetic diversity of *Santiria trimera*, a typical tree from the mature forests of the Guineo-Congolian Region. The sequencing of 1598 bp of chloroplast DNA of 377 individuals sampled in 42 populations from the Upper and the Lower Guinean domains, as well as from São Tomé, permitted identification of 12 haplotypes. A deep genetic divergence among these three regions was observed, suggesting an ancient genetic isolation among them. The divergence between the Upper and the Lower Guinean domains is probably a consequence of a persistent discontinuity of rainforest cover between West and Central Africa. Moreover, the highest genetic diversity was observed in the Lower Guinean part of the studied area. The distribution of endemic haplotypes coincides with northwestern and southwestern parts of the Atlantic rainforests of Cameroon (Mount Kupe and Akom, respectively), that appear as potential refuge areas. A deep genetic divergence was also observed between two morphotypes occurring in Gabon and one in São Tomé.

Chloroplast DNA polymorphism and phylogeography of a Central African tree species widespread in mature rainforests: *Greenwayodendron suaveolens* (Annonaceae)

Dauby G.¹, Duminil J.^{1,2}, Heuertz M.^{1,3} & Hardy O.J.¹

¹ Université Libre de Bruxelles, Evolutionary Biology and Ecology CP 160/12, Faculté des Sciences, Av. F.D. Roosevelt, 50, B-1050 Brussels, Belgium

² Gembloux Agro-Bio Tech, Université de Liège, Laboratoire de Foresterie des Régions tropicales et subtropicales, Unité de Gestion des Ressources forestières et des Milieux naturels, Passage des Déportés, 2 - 5030 Gembloux, Belgique

³ Real Jardín Botánico, Consejo Superior de Investigaciones Científicas, Department of Biodiversity and Conservation, Plaza de Murillo, 2, E-28014 Madrid, Spain.

e-mail pour correspondance : gdauby@ulb.ac.be

Mots-clefs : African rainforest, chloroplast DNA sequencing, Lower Guinea domain, phylogeography, Pleistocene refuge theory

Résumé : The phylogeography of a tree species widespread in Central African mature forests, *Greenwayodendron suaveolens* subsp. *suaveolens* (Annonaceae), was investigated in the Lower Guinea phytogeographic domain by sequencing an intergenic spacer of the chloroplast genome (*trnC-petN1R*). A total of 11 polymorphic sites defined 12 haplotypes. The taxon is represented by two sympatric varieties (var. *suaveolens* and var. *gabonica*) that carried distinct and relatively divergent haplotypes. These varieties might therefore represent true biological species. The variety *suaveolens*, more common and more widespread than the variety *gabonica*, was represented by 10 haplotypes. Two sets of related haplotypes occurred respectively in the northern and the southern hemispheres. These results suggest that the distribution of *Greenwayodendron suaveolens* subsp. *suaveolens*, which is currently continuous in the Lower Guinea domain, might have been more fragmented in the past, possibly in relation with past forest fragmentation.

CpDNA-based species identification and phylogeography: application to a complex of African tropical tree species

Duminil J.¹, Heuertz M.^{1,2}, Doucet J.-L.³, Bourland N.³, Cruaud C.⁴;
Doumenge C.⁵, Navascués M.^{6,7} & Hardy O.¹.

¹ Service Evolution Biologique et Ecologie, ULB, 50 Av. F. Roosevelt, B-1050 Bruxelles, Belgique

² Department of Biodiversity and Conservation, Real Jardín Botánico, CSIC, Plaza de Murillo, 2, E-28014 Madrid, Spain

³ Laboratoire de Foresterie des Régions tropicales et subtropicales, Unité de Gestion des Ressources forestières et des Milieux naturels, Gembloux Agro-Bio Tech, Université de Liège, Passage des Déportés 2, B-5030 Gembloux, Belgique

⁴ CEA, DSV, Institut de Génomique, Genoscope, 2 rue Gaston Crémieux, CP5706, F-91057 Evry, France

⁵ Unité Biens et Services des Ecosystèmes Forestiers, CIRAD, TA C-105/D, Campus international de Baillarguet, F-34398 Montpellier Cedex 5, France

⁶ Équipe Éco-évolution Mathématique. CNRS UMR 7625 Écologie et Évolution. Université Pierre et Marie Curie, École Normale Supérieure, UMR 7625, 46 rue d'Ulm, F-75230 Paris Cedex 05, France

⁷ INRA, UMR CBGP (INRA/IRD/Cirad/Montpellier SupAgro), Campus International de Baillarguet, CS 30016, F-34988 Montferrier-sur-Lez Cedex, France

e-mail pour correspondance : jduminil@ulb.ac.be

Mots-clefs : pleistocene forest refuges, genetic structure, human influence, species delimitation, African rainforest

Résumé : Despite their importance as a hotspot of biodiversity, the history of the African tropical lowland rainforests is poorly known. In particular the respective influence of past climatic factors, environmental heterogeneity and physical barriers on the demographic history of plant species still have to be studied. Molecular approaches that characterise the distribution of genetic diversity in plant species and try to interpret it in the light of past historical events are promising in this respect. We examine here the distribution of genetic diversity at maternally-inherited markers (chloroplast DNA) of two tropical timber tree species, *Erythrophleum ivorense* and *Erythrophleum suaveolens* (Leguminosae-Caesalpinioideae), in their Lower Guinea distribution (essentially Gabon and Cameroon). As for many tropical sister-taxa, species identification is almost impossible in the field when flowers or fruits are not available. Using a blind-sampling approach and confronting molecular and morphological markers it was possible to attribute sampled individuals to one or the other species. The two species appear to have different ecological requirements and are rarely found in sympatry. A phylogeographic signal was found for *E. suaveolens* and, for both species, higher levels of diversity were observed in the South than in the North of the Lower Guinea domain. A recent period of forest perturbation, potentially human-induced, has probably favoured the expansion of these two light-demanding species. An observed genetic signal of demographic decline and the poor recruitment of the species can be interpreted as consequences of the natural succession of the forest formations.

Signal phylogéographique détecté via les marqueurs microsatellites nucléaires entre les structures génétiques spatiales des populations de Moabi situées de part et d'autre de l'équateur (Gabon-Cameroun)

Ndiade-Bourobou D.^{1,2}, Favreau B.², Delicat L.³, Niangadouma R.¹,
Doumenge C.⁴, Hardy O.⁵, Mignot A.⁶ & Bouvet J.-M.²

¹ CENAREST, IRAF, BP 842, Libreville, Gabon

² CIRAD, Research Unit "genetic diversity and breeding of forest tree species", International Campus of Baillarguet, TA-A-39/C, F-34398 Montpellier cedex 5, France

³ Université d'Orléans, Faculté des Sciences, Château de la Source, Avenue du Parc Floral, F-45100 Orléans, France

⁴ CIRAD, UR B&SEF, International Campus of Baillarguet, TA-C-105/D, F-34398 Montpellier cedex 5, France

⁵ Service Evolution Biologique et Ecologie, CP160/12, Faculté des Sciences, Université Libre de Bruxelles, 50 av. F. Roosevelt, 1050 Brussels, Belgium

⁶ UM2, Université of Sciences of Montpellier, UFR Sciences, 22 Place Eugène Bataillon, F-34095 Montpellier cedex 05, France.

e-mail pour correspondance : dndiade@yahoo.com ; ndiade-bourobou@cirad.fr

Mots-clefs : Moabi, microsatellites, phylogéographie, structuration génétique spatiale

Résumé : Les patrons de structuration génétique spatiale et les forces abiotiques expliquant la formation de ces structures ont été très peu étudiés sur de larges échelles géographiques climatiquement contrastées chez les populations d'arbres. Notre étude présente des éléments de réponse sur la dynamique génétique spatiale du Moabi (*Baillonella toxisperma* Pierre, Sapotaceae), une espèce endémique du bassin guinéo-congolais, représentée à très faibles densités (5-7 adultes/km²). Quinze marqueurs microsatellites nucléaires ont été utilisés pour géotyper 530 individus issus de différentes régions du Cameroun et du Gabon. A l'aide de modèles bayésiens nous avons détecté trois grandes structures génétiques spatiales : un groupe situé au Cameroun (Cluster 1) et deux groupes situés au Gabon, dont l'un continental (Cluster 2) et l'autre le long de la côte atlantique (Cluster 3). Les paramètres de diversité génétique variaient de façon modérée d'un groupe à l'autre ($H_{e_{nuc}} = 0,49-0,58$; $R_{nuc} = 6,9-8,9$). Les indices de différenciation génétique étaient essentiellement élevés entre le groupe du Cameroun et ceux du Gabon (respectivement [Cluster1 vs Cluster 2 : $F_{st_{nuc}} = 0.207^{***}$; $R_{st_{nuc}} = 0.223^*$] et [Cluster 1 vs Cluster 3 : $F_{st_{nuc}} = 0.113^{***}$; $R_{st_{nuc}} = 0.278^{***}$]), mettant ainsi en évidence un signal phylogéographique fort. Les premières pistes d'explications de ce signal phylogéographique pourraient être : (i) l'effet de l'inversion des saisons due au fait que le Gabon et le Cameroun se trouvent de part et d'autre de l'équateur climatique - fait qui serait susceptible d'affecter la synchronisation de la floraison entre les arbres en fleurs - ou (ii) différents scénarios historiques de patrons de colonisation ou de recolonisation des forêts du bassin guinéo-congolais.

Genetic structure of *Symphonia globulifera* at different geographical scales

Budde K.B.¹, González-Martínez S.C.¹, Dick C.W.², Hardy O.J.³ & Heuertz M.^{1,3}

¹Centre of Forest Research CIFOR-INIA, Madrid, Spain

²University of Michigan, Ann Arbor, USA

³ Evolutionary Biology and Ecology, Free University of Brussels, Brussels, Belgium

e-mail pour correspondance : budde.katharina@inia.es

Mots clés: *Symphonia globulifera*, SGS, nSSR, chloroplast psba-trnH intergenic region

Résumé :

Understanding the spatial genetic structure of tree species is crucial to develop suitable conservation strategies. Especially for tropical tree species, little is known about the genetic structure at different geographical scales. *Symphonia globulifera* (Clusiaceae) is a widespread and very old rainforest tree species (pollen fossil records date back to ~45 Ma bp). Today it is found in tropical Africa, America and the West Indies. Its flowers are insect- and bird-pollinated and the fruits are dispersed by birds and various mammals. The genus possibly radiated in Madagascar from where it spread to Africa and subsequently to America. The species was exposed to multiple climatic oscillations during this inconceivably long time period, producing various vicariance events. In particular the last glacial and interglacial epochs might have left signatures in its genetic constitution. Little is known about the spatial distribution of genetic variation in *S. globulifera*. So far few studies have addressed this issue and all were restricted to Central and South America. We here investigate the genetic structure within and among populations of *S. globulifera* in Atlantic Equatorial Africa by adapting microsatellite primers developed from American individuals of this species. Furthermore, our findings are supplemented by data on chloroplast DNA sequences that enable us to elucidate the biogeographic history of the species in Africa. The patterns obtained are discussed and interpreted against the historical and ecological background.

Population history and gene dispersal inferred from spatial genetic structure of a Central African timber tree, *Distemonanthus benthamianus* (Caesalpinioideae)

Debout G.D.G¹, Doucet J.-L.² & Hardy O.J.¹

¹ Evolutionary Biology and Ecology, CP 160/12, Faculté des Sciences, Université Libre de Bruxelles (ULB), 50 Av. F. Roosevelt, B-1050 Brussels, Belgium.

² Laboratory of tropical and subtropical forestry, Unit of forest and nature management, University of Liege, Gembloux Agro-Bio-Tech (ULg - GxABT), B-5030 Gembloux, Belgium.

e-mail pour correspondence : gdebout@ulb.ac.be

Mots-clefs :

Résumé : African rainforests have undergone major distribution range shifts during the Quaternary, but few studies have investigated the impact of these range shifts on the genetic diversity of plant species. We lack knowledge on the extent of gene flow to predict how plant species can cope with such environmental changes. Analysis of the spatial genetic structure (SGS) of a species is an effective method to determine the major features of the demographic history of its populations and to estimate the extent of gene dispersal. The present study characterises the SGS of an African tropical timber tree species, *Distemonanthus benthamianus*, at various spatial scales in Cameroon and Gabon. Displaying a large continuous distribution in the Lower Guinea domain, this is a model species to detect signs of past population fragmentation and recolonisation, and to estimate the extent of gene dispersal. Ten microsatellite loci were used to genotype 295 adult trees sampled from eight populations. Three clearly differentiated gene pools were resolved at this regional scale and could be linked to the biogeographical history of the region, rather than to physical barriers to gene flow. A comparison with the distribution of gene pools observed for two other tree species living in the same region invalidates the basic assumption that all species share the same Quaternary refuges and recolonisation pathways. In four populations, significant and similar patterns of SGS were detected. Indirect estimates of gene dispersal distances (σ) obtained for three populations ranged from 400 m to 1200 m, while neighbourhood size estimates ranged from 50 to 110 m.

Can Pleistocene refuge theory explain within-species patterns of genetic diversity in African lowland rainforest trees?

Heuertz M.^{1,2}, Savolainen V.^{3,4}, Budde K.B.⁵, Daïnou K.⁶, Duminil J.¹, Koffi G.K.¹ & Hardy O.J.¹

¹ Evolutionary Biology and Ecology, Free University of Brussels, B-1050 Brussels, Belgium

² CIFOR-INIA, carretera de La Coruña km 7.5, E-28040 Madrid, Spain

³ Imperial College London, South Kensington Campus, London SW7 2AZ, UK

⁴ Jodrell Laboratory, Royal Botanic Gardens Kew, Richmond TW9 3DS, London, UK

⁵ Department of Forest Systems and Resources, CIFOR-INIA, E-28040 Madrid, Spain

⁶ Laboratory of tropical and subtropical forestry, Gembloux Agricultural University, B-5030 Gembloux, Belgium

e-mail pour correspondance : mheuertz@ulb.ac.be.

Mots clés: biodiversity, central Africa, chloroplast DNA, Pleistocene, phylogeography, rainforest refuges

Résumé : The main factors governing the geographical distribution of biodiversity in Central Africa have been suggested to be adaptations to ecological gradients and stochastic processes related to historical climate. The latter are exemplified in Pleistocene refuge theory, which holds that regions which nowadays harbour high numbers of endemic species correspond to so-called forest refuges, where rainforest persisted through periods of adverse climatic conditions. Refuge theory has been developed essentially based on recent species radiations, or on groups of species with poor dispersal adaptations. In order to test whether this theory might have a more general validity, we here surveyed geographical patterns of genetic diversity based on chloroplast DNA sequences in fifteen rainforest tree species from twelve plant families in Atlantic Equatorial Africa. Chloroplast DNA is largely neutral to selection and reflects therefore the demographic history of species, ignoring adaptations. Our results indicate that levels of genetic diversity vary strongly among species. Some species with heavy, oily seeds have low or no diversity, suggesting that they have been subjected to strong genetic drift in small populations. Species with high genetic diversity often harbour divergent lineages and represent species complexes or species for which taxonomy is poorly known. Most species display genetic structure, with an average differentiation of $G_{ST} = 0.54$ (± 0.39 , SD). Although some species have genetic structure patterns consistent with refuge theory, there are no common geographic patterns of genetic structure between species. Average levels of genetic diversity within species are similar in suggested forest refuges, e.g. in mountainous areas bordering the Gulf of Guinea, and in suggested recolonized regions in Atlantic Equatorial Africa. Our results are essential for understanding the origin of biodiversity patterns in Central Africa.

La forêt guinéo-congolaise atlantique depuis le dernier maximum glaciaire, apport des données palynologiques

Lézine A.-M.¹ & Vincens A.²

¹ Laboratoire des Sciences du Climat et de l'Environnement, UMR 8212 Orme des merisiers, bâtiment 701, F-91191 Gif-sur-Yvette cedex, France

² CEREGE, UMR 6635 Europôle de l'Arbois, BP 80, F-13545 Aix-en-Provence cedex 04, France

e-mail pour correspondance : anne-marie.lezine@lsce.ipsl.fr

Mots-clefs : pollen, paléoenvironnements, paléoclimats, holocène, déglaciation, Afrique centrale atlantique

Résumé : Les données palynologiques accumulées au cours des trois dernières décennies dans le domaine guinéo-congolais des bordures de l'océan atlantique documentent son histoire paléoenvironnementale et paléoclimatique depuis la dernière période glaciaire jusqu'à nos jours. Longtemps considéré comme très homogène dans sa composition, le massif forestier central-africain apparaît aujourd'hui beaucoup plus complexe. Les données palynologiques montrent qu'il a subi, tout au long de l'histoire climatique récente, de profondes transformations tant dans son extension géographique que dans sa composition floristique en réponse au changement climatique. Ces transformations se traduisent par son extrême réduction au moment de périodes les plus défavorables du climat, comme ce fut le cas autour du lac Bosumtwi (Ghana) lors de la dernière période glaciaire, ou sa fragmentation lors de la crise de la fin de la Période Humide Holocène (ex : autour du lac Sélé, au Bénin ; du Lac Sinnda, au Congo). Au contraire, lors des périodes les plus favorables comme pendant l'Holocène, le massif forestier atteint son extension maximum jusqu'à 7°N (plateau de l'Adamaoua). Ces transformations sont toujours associées à des modifications de sa composition floristique au gré des périodes climatiques défavorables ou favorables. Parmi les paramètres majeurs du climat qui ont influencé ces changements figurent les variations de températures et de CO₂ au cours des périodes glaciaires et interglaciaires, ainsi que les fluctuations des précipitations, non seulement de leur montant annuel mais aussi de leur répartition saisonnière.

Evolution de la végétation d'altitude dans les hautes montagnes du Cameroun depuis 20000 ans : implications pour l'étude de la biodiversité tropicale

Assi-Kaudjhis C.¹, Lézine A.-M.¹ & Roche E.²

¹ Laboratoire des Sciences du Climat et de l'Environnement, UMR 8212 Orme des merisiers, bâtiment 701, F-91191 Gif-sur-Yvette cedex, France

² Université de Liège, Allée du 6 Août, Bâtiment B-18, Parking 40, B-4000 Liège 1, Belgique

e-mail pour correspondance : anne-marie.lezine@lsce.ipsl.fr

Mots-clefs : pollen, paléoenvironnements, paléoclimats, holocène, déglaciation, Afrique centrale atlantique, montagnes

Résumé : Dans le cadre des projets de recherche ANR-Biodiversité (IFORA et C3A) 14,5 m de sédiments ont été carottés au lac Bambili, Cameroun (05°56'N, 10°14'31"E, 2273m alt). Cette série sédimentaire livre une séquence pollinique continue qui permet, pour la première fois en Afrique occidentale atlantique, de documenter l'histoire des forêts d'altitude et leur sensibilité au changement climatique depuis 20 Kans. Bambili est situé 40 km au SW du Mt Oku, sur lequel se trouve une forêt unique au Cameroun avec de nombreuses espèces endémiques ainsi qu'une population importante de *Podocarpus nom spécifique*. Cette espèce montagnarde fait partie de la paléoflore de Bambili mais n'est pas présente actuellement autour du lac. Le diagramme pollinique montre d'importantes variations tant en physionomie qu'en diversité, qui témoignent de l'extrême sensibilité de la forêt montagnarde au changement climatique. L'évolution forestière suit les grandes phases climatiques de la déglaciation avec une première phase d'extension amorcée vers 14,5 Kans, et une régression marquée lors du YD. La forêt reprend ensuite son extension dont le maximum est atteint entre 11 et 3,5 Kans au cours de la « Période Humide Holocene » (PHH). La fin de la PHH est complexe, marquée par une dégradation abrupte de la forêt en réponse à une dégradation climatique bien antérieure. Les derniers millénaires enregistrent des fluctuations mineures qui témoignent de la réactivité de la végétation même aux variations climatiques de faible amplitude. Ces données polliniques permettent d'analyser la dynamique de colonisation des espèces au cours du post-glaciaire, les temps de réponse de la formation forestière à la dégradation climatique de la fin de la PHH et le comportement des espèces au cours de l'Holocène. Elles apportent des informations originales et nouvelles sur la dernière période glaciaire et sur les fluctuations en altitude des étages de végétation.

Timing of population expansion and fragmentation events in western and central African *Zaprionus* (Drosophilidae)

Yassin A.², Lelarge C.^{1,2}, Suwalski A.^{1,2}, Lachaise D.(†), **Veuille M.**^{1,2}

¹ Ecole Pratique des Hautes études, 45, rue de Lille, F-75007 Paris, France

² UMR 7205 - Équipe GPS3, MNHN, 16 rue Buffon, F-75005 Paris, France

e-mail pour correspondance : veillance@mnhn.fr

Mots-clefs : population expansion, population structuring, *Zaprionus*, Drosophilidae, Cameroon

Résumé : Former studies of genetic differentiation showed *Drosophila* species to be highly structured in Africa, central Africa appearing as a complex boundary (Lachaise *et al.* 1981, Cobb *et al.* 2000, Baudry *et al.* 2006, 2008). An intriguing fact was that central African populations of the forest-specific *Drosophila teissieri* were not intermediate between western and eastern African populations, but were more genetically distinct than were the other two. IFORA data allowed us to use mitochondrial sequence polymorphism to compare two distant CVL populations and a western population (Mt Nimba, Guinea) in *Z. indianus* and *Z. taronus*. In either case, the two CVL species were more different between themselves than they were from the Guinean population. This remains to be confirmed on a larger sample of species and of nuclear markers, but nevertheless contributes to strengthen the idea that the CVL region is substantially structured. Available coalescent-based models showed that while the three species of the *indianus* complex speciated about 2-3 MY ago, two of them underwent a population expansion ~ 100 KY ago, and the third one underwent a population expansion 10-15 KY ago. Thus the timing of population events and that of speciation events occur at very different time scales. The three *Z. taronus* populations mentioned above split ~ 5-10 KY ago, and have been increasing ever since. The Mt Kupe population of *Z. inermis* also underwent a population expansion ~ 10 KY ago. These data suggest that our wild-caught samples are witnesses of major ecological changes having affected several species at a time.

Les fluctuations climatiques et la sélection sur la dispersion : résultats sur *Leonardoxa* et perspectives concernant *Barteria*

McKey D.¹, Kjellberg F.¹, Blatrix R.¹ & Djieto-Lordon C.²

¹ Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive, CNRS, 1919 route de Mende, F-34293 Montpellier cedex 5, France

² Laboratoire de Zoologie, Faculté des Sciences, Université de Yaoundé 1, BP 812 Yaoundé, Cameroun

e-mail pour correspondance : doyle.mckey@cefe.cnrs.fr

Mots clés : orbitally forced species range dynamics (ORD), évolution de la dispersion, fluctuations climatiques

Résumé : Les fluctuations climatiques donnent naissance à des fluctuations dans les répartitions géographiques des espèces. La théorie de l'ORD (dynamique des aires de répartition des espèces sous l'influence des fluctuations climatiques) prédit que la dynamique des fluctuations d'aires géographiques d'espèces sera plus forte aux hautes latitudes, reflétant les plus fortes fluctuations climatiques à ces latitudes. La théorie prédit aussi que, durant les épisodes de recolonisation accompagnant les périodes d'amélioration climatique, des phénotypes plus disperseurs seront sélectionnés sur le front de colonisation. Nous avons étudié l'ORD et ses conséquences près de l'équateur, dans les forêts denses humides d'Afrique centrale atlantique, chez un petit ensemble d'espèces en forte interaction (*Leonardoxa* et fourmis associées). Dans les régions tropicales certaines plantes (dont *Leonardoxa* est un exemple) vivent en symbiose avec des fourmis ; elles fournissent « le gîte et le couvert » à la colonie qui les protège contre les herbivores. Dans notre modèle de mutualisme plante-fourmi, la structuration génétique des populations de la plante montre une expansion récente d'aire de répartition, probablement liée aux fluctuations climatiques des derniers milliers d'années. Bien que les fourmis n'aient pas nécessairement les mêmes capacités de dispersion que leur plante hôte, nous avons observé le même signal génétique d'expansion récente pour l'espèce de fourmi mutualiste, et pour une fourmi parasite du mutualisme. De plus, les deux espèces de fourmis montrent un phénotype plus disperseur au front de colonisation, caractéristique qui n'a pas pu être mise en évidence chez la plante.

Les fluctuations climatiques et l'évolution des mutualismes

Blatrix R.¹, Kjellberg F.¹, McKey D.¹ & Djieto-Lordon C.²

¹ Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive, CNRS, 1919 route de Mende, F-34293 Montpellier cedex 5, France

² Laboratoire de Zoologie, Faculté des Sciences, Université de Yaoundé 1, BP 812 Yaoundé, Cameroun

e-mail pour correspondance : blatrix@cefe.cnrs.fr

Mots clés : ORD ('orbitally forced species range dynamics'); mosaïque géographique de la coévolution; mutualismes plantes-fourmis; dispersion; stabilité évolutive des mutualismes

Résumé : Selon la théorie de l'ORD (dynamique des aires de répartition des espèces sous l'influence des fluctuations climatiques), les fluctuations des milieux abiotique et biotique occasionnées par les fluctuations climatiques fortes doivent favoriser les espèces généralistes, ayant une tolérance large vis-à-vis du milieu. De plus, dans le cas des espèces symbiotiques, l'évolution de la dispersion doit avoir des conséquences sur l'évolution du mutualisme, car l'investissement dans les traits liés à la fonction « dispersion » puise sur les mêmes ressources limitées, fournies par la plante-hôte, que la fonction « protection de la plante ». Chez l'espèce de fourmi mutualiste associée à *Leonardoxa*, le phénotype « plus disperseur » trouvé près du front de colonisation présente une stratégie moins mutualiste (plus grand investissement dans les sexués [disperseurs], moins grand investissement dans la production d'ouvrières [protectrices]) et est accompagné d'un investissement moindre des ouvrières dans la défense comportementale de la plante. Malgré cela, on ne note pas de déstabilisation du mutualisme sur le front de colonisation. Le maintien du mutualisme sur le front de colonisation pourrait s'expliquer par un temps de génération beaucoup plus long (et donc une réponse évolutive plus lente) chez la plante. Ces résultats soulignent l'importance des fluctuations climatiques comme force potentielle de déstabilisation des mutualismes et suggèrent des mécanismes sous-tendant leur résilience.

The impact of ecological differentiation and dispersal limitation on species turnover and phylogenetic structure of plant communities on inselbergs

Parmentier I. & Hardy O.J.

Service Evolution Biologique et Ecologie, CP160/12, Faculté des Sciences, Université Libre de Bruxelles, 50 Av. F. Roosevelt, B-1050 Bruxelles, Belgique

e-mail pour correspondance : inparmen@ulb.ac.be

Mots-clefs:

Résumé : Analysis of phylogenetic structure of communities is a novel way to address the relative importance of stochastic and deterministic processes governing species assemblages. Here we investigate the phylogenetic structure of the vegetation of inselbergs located in the African rain forest. Inselbergs combine strong ecological gradients at the local scale due to variation in soil depth and insular properties at the regional scale. They are therefore ideal models to assess the influence of ecological sorting and dispersal limitation on the phylogenetic structure of plant communities. On 21 inselbergs separated by up to 200 km where five microhabitat types were recognized, 311 vegetation plots were inventoried. We found that floristic similarity between plots depended on both microhabitat differentiation and spatial distance, while phylogenetic clustering (i.e. excess of phylogenetic similarity between species from a same plot) only appeared between plots from differentiated microhabitats and increased with ecological distance. Within a microhabitat type, the absence of phylogenetic structure between inselbergs indicates that species turnover is probably due to dispersal limitation rather than to regional-scale variations in environmental factors. Hence, phylogenetic structure analysis can help disentangle the effects of ecological sorting and dispersal limitation on species assemblages. To estimate the timescale of the processes generating the phylogenetic structure, we investigated how lineage similarity changes with increasing age in the phylogenetic tree. High lineage similarity levels between ecologically very differentiated plots were only reached at the proximity of the root of the phylogenetic tree. This was observed even when considering only plots sharing no species and indicates that phylogenetic niche conservatism has been important in generating the observed phylogenetic structure. Hence, ancient diversification exerts an impact on the assembly of current plant communities.

Ecological succession of arthropods in *Barteria fistulosa*

Djipto-Lordon C.¹

¹Laboratory of Zoology, Faculty of Science, PO Box. 812, Yaounde, Cameroon

e-mail pour correspondance : champlain_djipto@yahoo.ca

Mots-clefs :

Résumé : This study describes the ontogenetic succession of arthropod fauna on a true plant-ant of Cameroon lowland rain forest, *Barteria fistulosa* (Passifloraceae). This plant which is widely distributed in the tropical rainforest region of Western and Central Africa (Breteler 1999) is closely involved in an obligatory mutualistic interaction with a plant-ant *Tetraponera aethiops* (Pseudomyrmicinae). These ants are the sole occupants of mature plants on suitable sites. The ant related plant traits include foliar and stems nectaries and swollen and hollow lateral branches that may be occupied by ants (domatia). These two structures are exploited by various arthropods species either for feeding resources of nectaries or for a nest or shelter of domatia. Consequently, on young plants not yet controlled by large and efficiently competitive colonies of the specialized ant, *T. aethiops*, there is a competition for the occupation of domatia as nests as well as for nectaries food rewards. With the aim of highlight colonization dynamics of these arthropods, we've monitored the fauna of the plant in various sites in the southern Cameroon and one in south eastern Gabon. Two main parameters were taken into account in data analysis: top shade above the biota and the high/age of the plants. Data obtained indicates in young trees (H < 1 m) that the plant domatia are occupied by a great number of invertebrates, including ants, beetles, wasps, spiders etc. This diversity decreases as plant grows and are reduced to one inhabiting ant species in old trees. Also, there is a significant influence of the vegetation structure on the colonization rate and success of young trees by *T. aethiops*.

La rivière Sanaga, une barrière phytogéographique pour les Orchidaceae et les Rubiaceae ?

Droissart V.^{1,2}, Sonké B.^{3,4,5}, Hardy O.J.⁴ & Stévant T.^{2,5,6}

¹ Institut de Recherche pour le Développement (IRD), UMR AMAP, Botanique et Bioinformatique de l'Architecture des Plantes, Bd de la Lironde, TA A51/PS2, F-34398 Montpellier cedex 5, France. vincent.droissart@ird.fr

² Herbarium et Bibliothèque de Botanique africaine, Université Libre de Bruxelles - ULB, 50 Av. F. Roosevelt, CP 169, B-1050 Brussels, Belgium.

³ Plant Systematic and Ecology Laboratory, Higher Teacher's Training College, University of Yaoundé I, P. O. Box 047 Yaoundé, Cameroon.

⁴ Service d'Evolution Biologique et Ecologie, Université Libre de Bruxelles - ULB, 50 Av. F. Roosevelt, CP160/12, B-1050 Brussels, Belgium.

⁵ Missouri Botanical Garden, Africa & Madagascar Department, P.O. Box 299, 63166-0299, St Louis, Missouri, USA.

⁶ National Botanic Garden of Belgium, Domein van Bouchout, Nieuwelaan 38, B-1860 Meise, Belgium.

Email du correspondant :

Mots-clefs :

Résumé : Les Orchidaceae et les Rubiaceae font partie des cinq familles végétales les plus diversifiées au monde. Les Rubiaceae sont majoritairement des arbustes de sous-bois et ont, par la nature de leurs diaspores, une capacité de dispersion limitée. Les Orchidaceae sont majoritairement épiphytes et, en raison de leurs graines de petite taille, peuvent potentiellement être disséminées sur de longues distances. Ces deux familles très différentes par leur mode de vie et le type de diaspores possèdent un taux d'endémisme important et un endémisme local élevé, ce qui en fait de bons marqueurs pour l'identification des patrons d'endémisme. La rivière Sanaga divise la partie forestière du Cameroun en deux ensembles. Cette rivière, longue de 900 km, est supposée servir de barrière biogéographique tant pour certains amphibiens ou mammifères que pour les plantes. Cependant, aucune étude statistique n'appuie ces hypothèses. Récemment, nous avons procédé à une étude phytogéographique des Orchidaceae en Afrique centrale atlantique (ACA), qui a permis la délimitation de leurs aires d'endémisme. Cette étude confirme l'existence d'une barrière phytogéographique matérialisée par la rivière Sanaga entre les deux principales aires d'endémisme de l'ACA: la ligne volcanique du Cameroun et la chaîne montagneuse morcelée Ngovayang-Mayombe. Pour tester le rôle de barrière biogéographique de la rivière Sanaga, nous avons utilisé un jeu de données de 3650 herbiers collectés au Cameroun, géoréférencés et appartenant à 115 Orchidaceae et 207 Rubiaceae endémiques d'ACA. Ces données nous ont permis (1) de comparer la distribution des deux familles à l'échelle des écorégions identifiées au Cameroun et (2) d'analyser le turnover des espèces de part et d'autre de la Sanaga en utilisant un indice non biaisé de similarité floristique (*NNESS*). Les résultats montrent: (1) qu'un nombre élevé de taxons endémiques d'ACA présentent une distribution restreinte à l'une des six écorégions délimitées au Cameroun et qu'environ deux tiers des taxons étudiés sont strictement distribués dans les écorégions situées soit au nord (32,9% ; 106 taxons) soit au sud (31% ; 100 taxons) de la Sanaga; (2) l'étude du turnover des espèces de part et d'autre de la Sanaga confirme que cette rivière marque une limite entre des ensembles floristiques distincts.

Dynamique des espèces héliophiles dans les forêts non perturbées du Gabon : résultats préliminaires

Engone Obiang N.L.¹, Ngomanda A.¹, Mboma R.¹, Nzabi T.²,
Ngoye A.¹, Atsima L.¹ & Picard N.³

¹ IRET, BP 13354, Libreville, Gabon

² IPHAMETRA, BP 1156, Libreville, Gabon

³ CIRAD, Campus International de Baillarguet, TA C-105D, F-34398 Montpellier cedex 5, France

e-mail pour correspondance : engonobiang@yahoo.fr

Mots clés : espèces héliophiles, Gabon, dynamiques des populations, répartitions spatiales, forêts tropicales

Résumé : Les forêts du Bassin du Congo abritent des écosystèmes d'une richesse exceptionnelle. Pour contribuer à la gestion durable des écosystèmes forestiers, il importe de pouvoir prédire l'évolution naturelle des forêts. Les forêts considérées comme matures sont-elles des systèmes à l'équilibre ou des états transitoires dans une dynamique naturelle ? On observe en particulier, dans de nombreuses forêts tropicales non perturbées, un déclin de certaines espèces. Au Gabon, par exemple, les espèces héliophiles telles que l'iroko et l'okoumé sont essentiellement concernées par ce phénomène. Ce sont également, pour la plupart, des essences commerciales. Cette étude a pour objectif principal d'étudier la dynamique des espèces héliophiles dans les forêts gabonaises. On s'appuie pour cela sur des dispositifs permanents de suivi de la dynamique forestière, à partir desquels seront estimés des caractéristiques démographiques des espèces (taux de mortalité, taux de recrutement, croissance). Les résultats obtenus dans le Parc National des monts de Cristal ont permis d'estimer les paramètres de la dynamique globale du peuplement d'arbres (toutes espèces, 5 parcelles d'un hectare, individus dont le diamètre du tronc est supérieur ou égal à 10 cm) : 241 arbres sont morts entre 2004 et 2009 (taux de mortalité annuel : 1,7 %), et 102 arbres nouveaux sont apparus entre 2004 et 2009 (taux de recrutement annuel : 0,7 %). L'accroissement diamétrique moyen (respectivement médian) est de 0,76 cm (resp. 0,4 cm), avec un écart-type de 1,27 cm. Cela correspond à une vitesse moyenne de croissance diamétrique de 0,15 cm/an. On observe, comme c'est le cas le plus souvent en forêt naturelle, une augmentation des accroissements avec la taille des arbres. Les résultats obtenus permettent donc de mettre en évidence que les peuplements d'arbres ne seraient pas dans un état stationnaire sur les dispositifs suivis. Les données du Gabon et celles obtenues sur les dispositifs de recherche de M'Baïki (République Centrafricaine) et de Nouabalé-Ndoki (Congo), permettent d'analyser la répartition spatiale des arbres grâce à la fonction K de Ripley. Trois grands types de distribution spatiale des arbres ont été caractérisés : aléatoires, en bouquets et uniformes. Cette étude montre que la compétition entre les arbres, toutes espèces confondues, pouvait être prédite à partir de la taille moyenne du peuplement, sachant que la structure spatiale de ce dernier est indicatrice de la compétition qui s'exerce entre les arbres (voir article publié dans la revue *Oikos*).

Environmental determinants of species and trait distributions in tropical forests of the Congo Basin

Fayolle A. & Gourlet-Fleury S.

UR B&SEF, Département Environnements et Sociétés, CIRAD, Campus International de Baillarguet, TA C-105/D, F-34398 Montpellier Cedex 5, France

e-mail pour correspondance : adeline.fayolle@cirad.fr

Mots-clefs : functional strategy, Sangha River Interval, species sorting, wood density

Résumé : The factors shaping distribution patterns at a regional scale in the tropics remain poorly understood. This study aimed to identify the environmental determinants of the distribution of tree species and their key functional traits in the tropical semi-evergreen forests of Central Africa. The distribution of 31 tree species was analyzed in an area of more than 7 million hectares in the Central African Republic, Cameroon and the Republic of Congo. Spatial variations of environmental factors pertaining to climate, topography and geology were quantified from maps and satellite records. Species shade tolerance, wood density, leaf phenology and annual growth rate were calculated or extracted from the literature. The geological substrate was of major importance for the distribution of the studied species while climate had little impact. Species were mainly divided into a group associated with a central sandstone plateau in the area, and species avoiding this plateau. One abundant species, *Lophira alata*, showed a separate pattern suggesting an affinity for wet conditions. Species associated with the nutrient-poor and dry sandy soils of the sandstone plateau were characterized by a conservative strategy of resource use with slow growth rates, high wood density and evergreen leaves. These findings are of major importance for the ecology and conservation of tropical forests, especially in the African forest where little is known about.... In addition, knowledge of tree species distribution and its determinant factors is indispensable for the sustainable management of tropical forests.

Endémisme floristique et refuges forestiers au Cameroun : apport du Système d'information géographique (SIG)

Onana J.-M. & Sene O.

Herbier national du Cameroun, BP 1601, Yaoundé, Cameroun

e-mail pour correspondance : jmonana2002@yahoo.fr

Mots clés : Cameroun, endémisme, flore, refuge, SIG

Résumé : Les aires supposées des refuges forestiers du Quaternaire récent ont été délimitées en particulier sur la base de l'endémisme de haut degré d'une famille de plantes : les *Medusandraceae* pour le refuge de l'ouest de la Sanaga, d'une part ; et de l'endémisme d'une famille d'animaux : les Anoures pour le refuge du sud, d'autre part. Grâce aux recherches entreprises depuis quelques années sur l'endémisme floristique dans l'ensemble du territoire camerounais, les principales aires de concentration d'espèces endémiques ont pu être identifiées. Ces résultats confirment dans une large mesure les aires supposées des refuges planitiaires et les îlots montagneux en position de refuge de la ligne volcanique du Cameroun. D'un point de vue phylogénétique, alors que l'ordre des Medusandrales présente un endémisme de haut degré avec une relation phylogénétique difficile à établir avec les autres Ordres connus à l'ouest de la Sanaga, l'ordre des Laurales, de par son caractère franchement archaïque, est un signe du caractère ancien du refuge forestier du sud. La végétation d'altitude renferme quant à elle la plus grande densité d'espèces endémiques, avec des espèces physiologiquement différenciées par rapport à celles de basse altitude.

Allopatrie, sympatrie et vicariance chez certains grands arbres d'Afrique tropicale

Sene Belinga V.-O.

Université de Yaoundé I, Faculté des Sciences, Département de Biologie et Physiologie végétales, Cameroun
Herbier National du Cameroun, IRAD, B.P 1601 Yaoundé, Cameroun

e-mail pour correspondance : olivier_sene@yahoo.fr

Mots-clefs : arbres tropicaux, allopatrie, sympatrie, vicariance, outils moléculaires, approche comparative, conservation

Résumé : De nombreuses études réalisées aujourd'hui dans plusieurs disciplines tentent d'apporter des réponses aux multiples bouleversements écologiques responsables des variations observées dans la structure génétique de nombreuses espèces. C'est le cas notamment des études visant la relation entre les capacités de dispersion d'un organisme et le taux de divergence génétique entre les populations de cette espèce. Ces études phylogéographiques sont rendus encore plus complexes, particulièrement chez les arbres tropicaux, du fait de la très grande diversité, des convergences morphologiques et de la multitude d'interactions qui existent au sein des communautés végétales. Le présent travail s'attache à comprendre la distribution de couples de taxons afin d'apporter des éléments de réponses supplémentaires à l'épineux problème de l'origine et des patrons de vicariance, d'allopatrie et de sympatrie en zone tropicale. Pour ce faire, l'étude réunira des travaux distincts mais complémentaires basés, d'une part, sur l'utilisation des outils moléculaires selon une approche comparative et, d'autre part, sur l'analyse de l'adaptation des graines aux modifications du milieu abiotique dans un souci de conservation des espèces.