



HAL
open science

Reconstituer les forêts du passé en couplant la palynologie et la phylogéographie. Diaporama

Jean-Louis de Beaulieu, Bruno Fady

► To cite this version:

Jean-Louis de Beaulieu, Bruno Fady. Reconstituer les forêts du passé en couplant la palynologie et la phylogéographie. Diaporama. Colloque Seolane, Sep 2011, Barcelonnette, France. 47 diapos. hal-02811337

HAL Id: hal-02811337

<https://hal.inrae.fr/hal-02811337>

Submitted on 6 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.



UR629 – Ecologie des Forêts Méditerranéennes



UMR 6116



Reconstituer les forêts du passé

en couplant la palynologie et la phylogéographie

J.-L. de Beaulieu

et

Bruno Fady

SEOLANE – Barcelonnette

Colloque inaugural / 12-16 septembre 2011

Reconstituer les forêts du passé

- **Partie I (J.-L.B)** : la restitution des paysages par la palynologie (ou analyse pollinique: étude des grains de pollen sub-fossiles (avec une attention particulière pour l'European Pollen Database)
- **Partie II (B.F.)** : la génétique des populations et la phylogéographie (B.F.).
- **Partie III** (les deux) : progrès acquis en croisant les deux disciplines : dans l'intimité des forêts européennes.



Partie I. La Palynologie

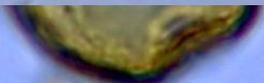
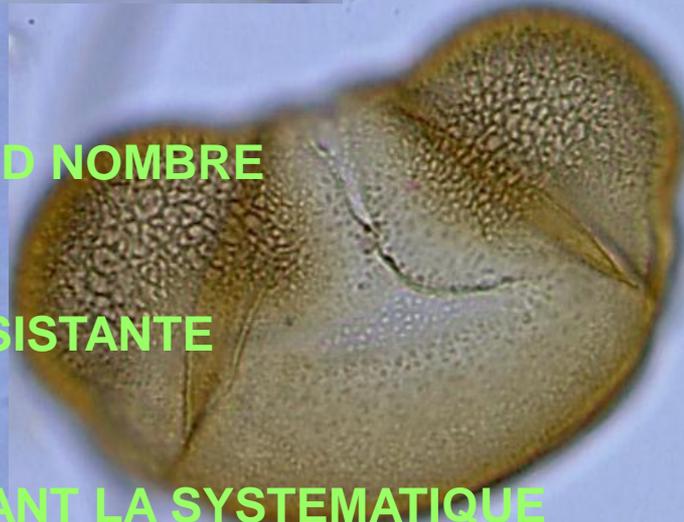
Application à la reconstruction des paysages et des climats passés.

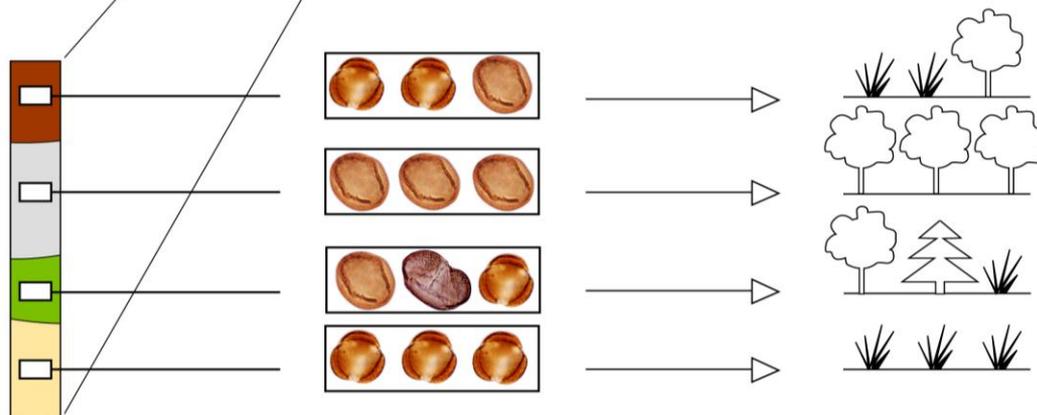
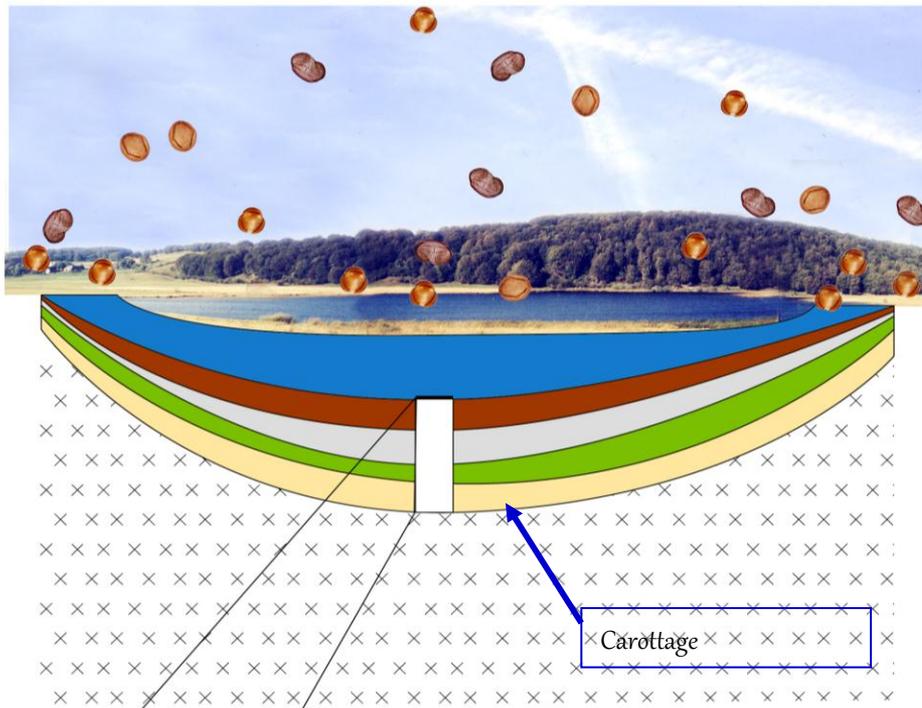
I. Les propriétés merveilleuses des grains de pollen : fondement de la palynologie

1. PRODUCTION ET DISPERSION EN TRES GRAND NOMBRE

2. MEMBRANE CELLULAIRE EXTREMEMENT RESISTANTE

3. TRES GRANDE VARIETE DE FORMES REFLETANT LA SYSTEMATIQUE





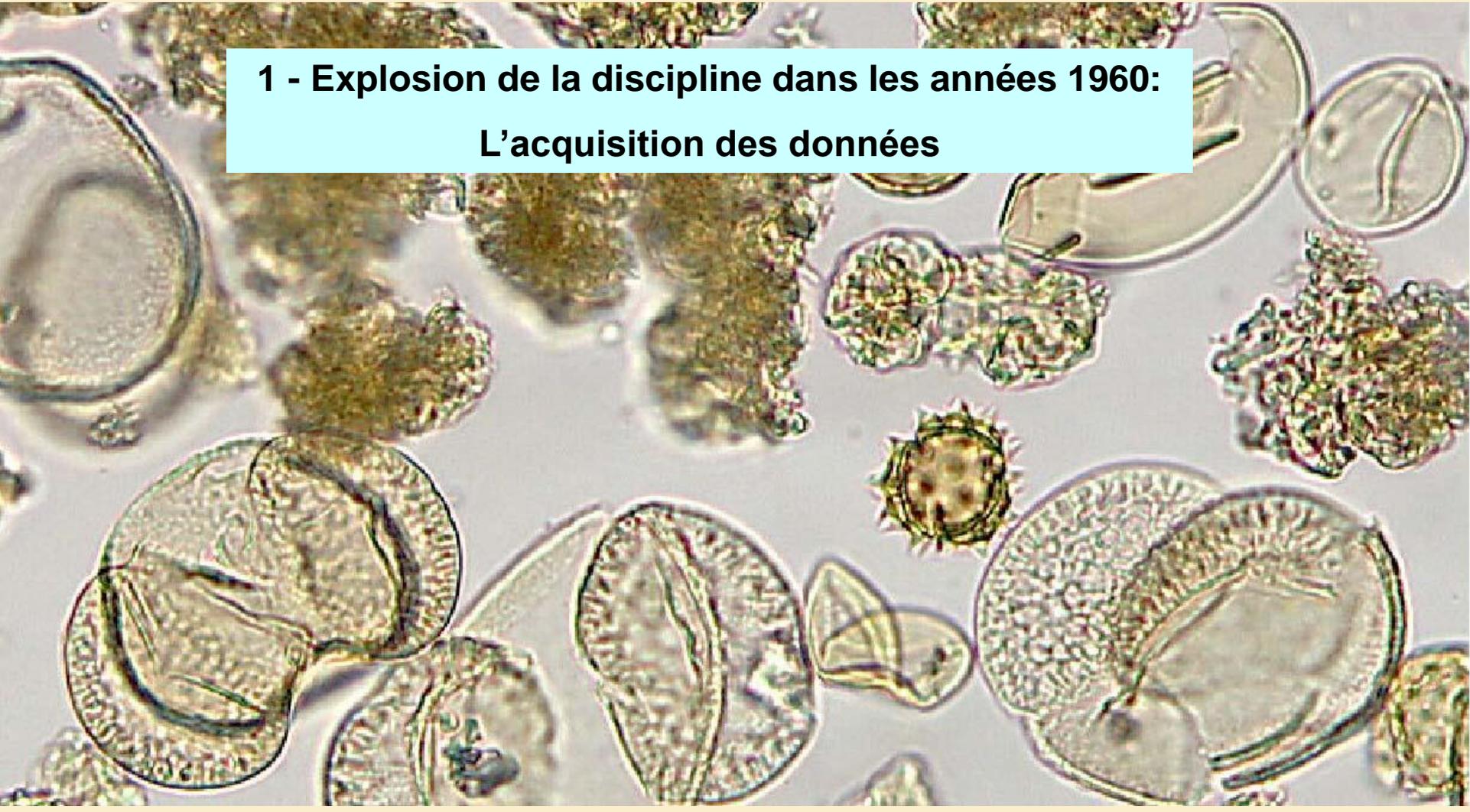
Transportés par le vent jusqu'à leur milieu de conservation, les grands de pollen reflètent les végétations locale et régionale : ils sont un outil d'intégration spatiale

Leur grande abondance permet un traitement statistique des données

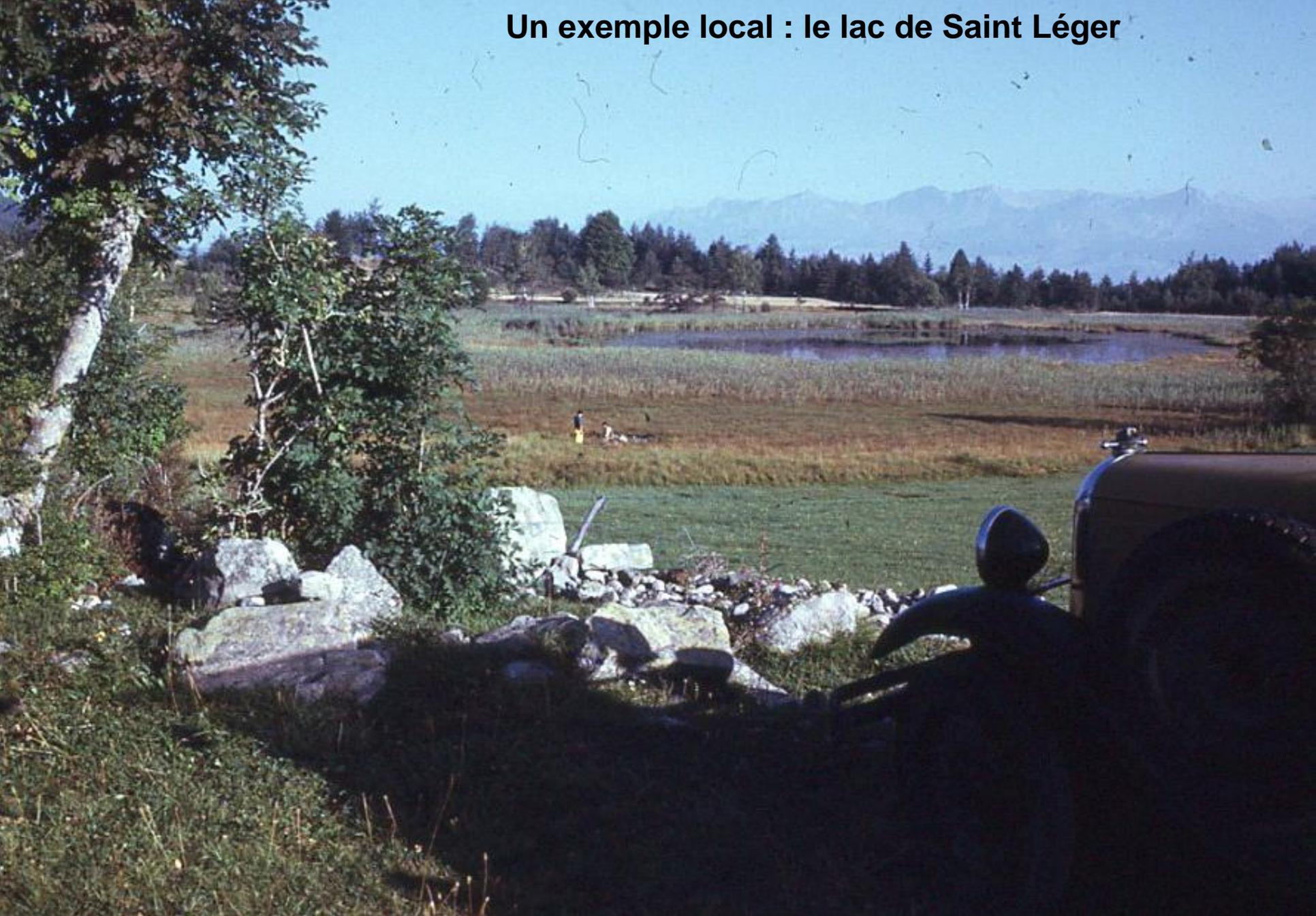
La succession des «assemblages polliniques» est traduite en successions de paysages reliées aux variations du climats ou des perturbations

Les étapes de la recherche en analyse pollinique

**1 - Explosion de la discipline dans les années 1960:
L'acquisition des données**



Un exemple local : le lac de Saint Léger



H 008-500 ST VINCENT (A) 100-500 B

H 008-004 ST VINCENT (A) 100-004 H

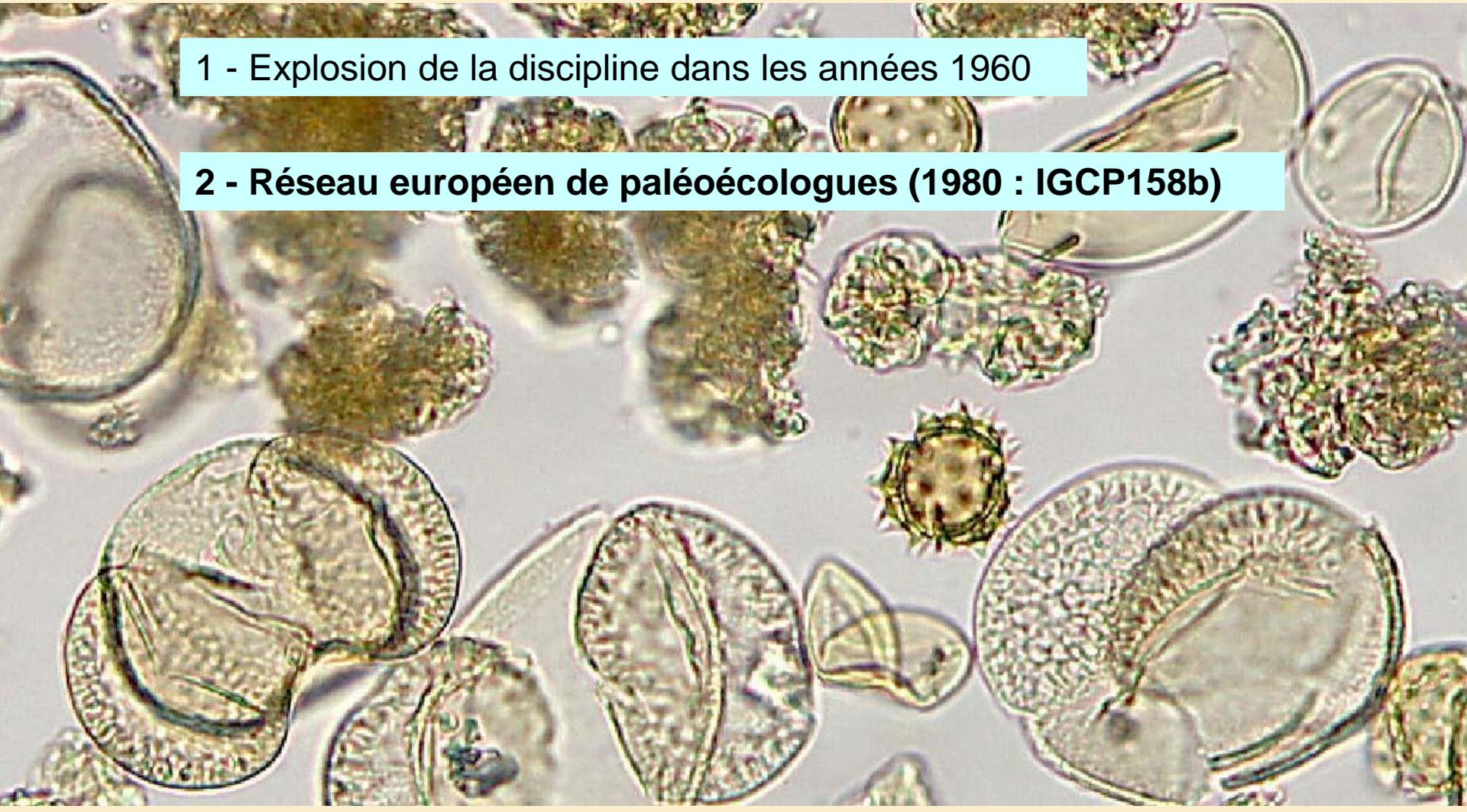
H 800-876 ST VINCENT (A) 800-876

TUBEVAC 25-01 E + MI

Les étapes de la recherche en analyse pollinique

1 - Explosion de la discipline dans les années 1960

2 - Réseau européen de paléoécologues (1980 : IGCP158b)

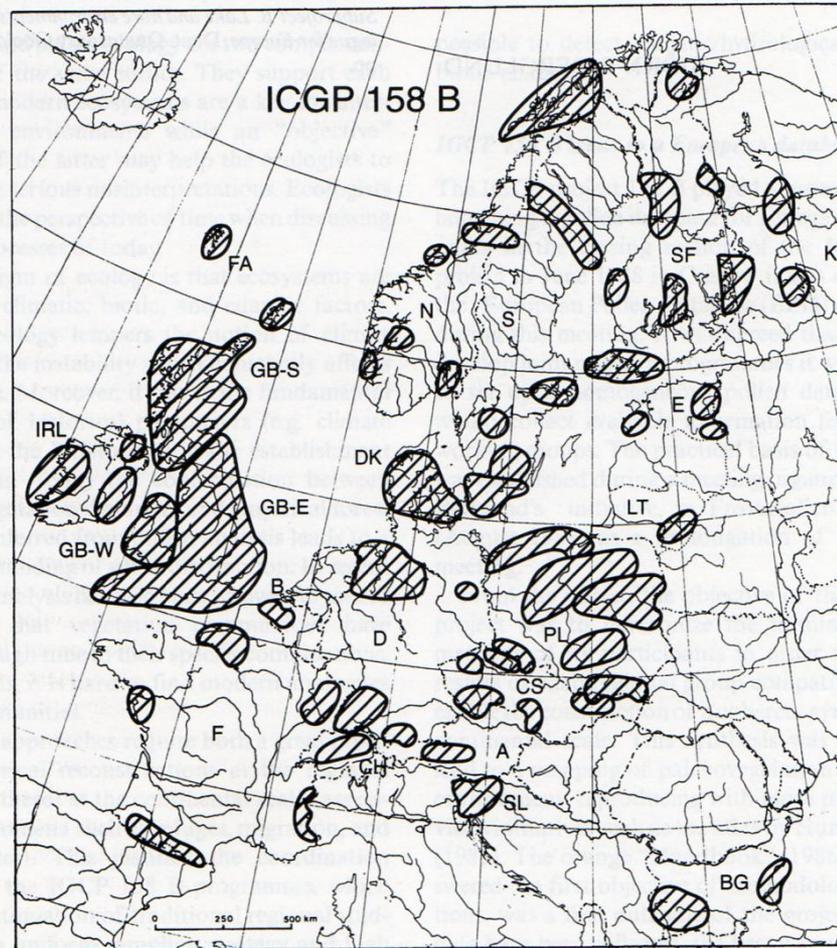


PALAEOECOLOGICAL EVENTS DURING THE LAST 15 000 YEARS

*Regional Syntheses of
Palaeoecological Studies of
Lakes and Mires in Europe*

*Edited by
B. E. Berglund, H. J. B. Birks
M. Ralska-Jasiewiczowa
and H. E. Wright*

 WILEY



1 Map showing geographical areas covered by type-region syntheses described in this book

L'étape suivante a été constituée par une tentative de synthèse à l'échelle de l'Europe exprimée dans ce gros livre de 764 pages

Un outil de synthèse à l'échelle de notre continent: la banque européenne de données polliniques

1 - Explosion de la discipline dans les années 1960

2 - Réseau européen de paléoécologues (1980 : IGCP158b)

3 - Création de l' European Pollen Database (1990):

cette base de donnée va permettre des reconstructions spatialisées des dynamiques postglaciaires de végétation

Ses objectifs initiaux: reconstructions climatiques, validation de modèles dynamiques de végétation (confrontations données/modèles).

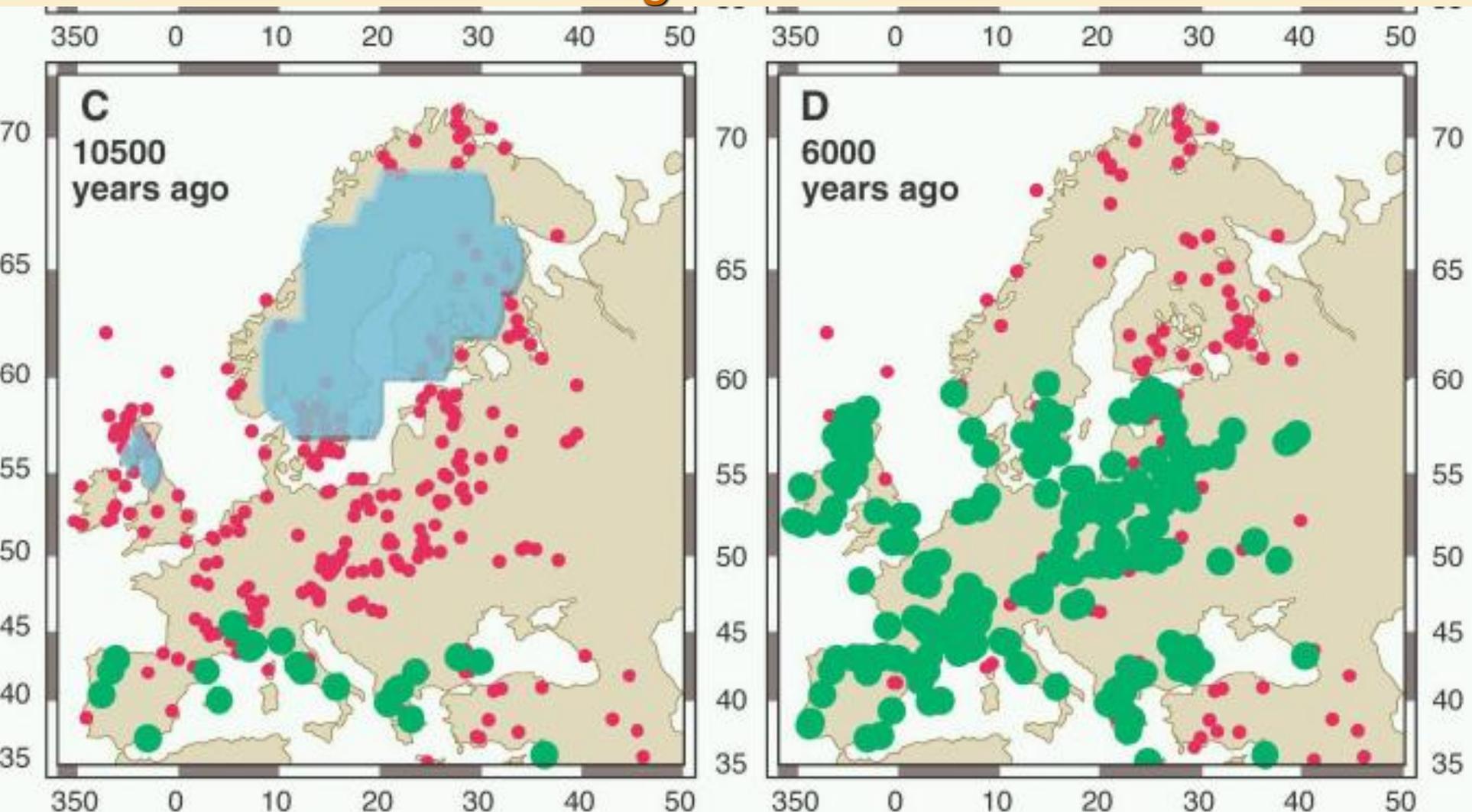
Gestion à l'IMEP (R. Cheddadi, puis M. Leydet, serveur du CEREGE) sous le contrôle d'un comité international)



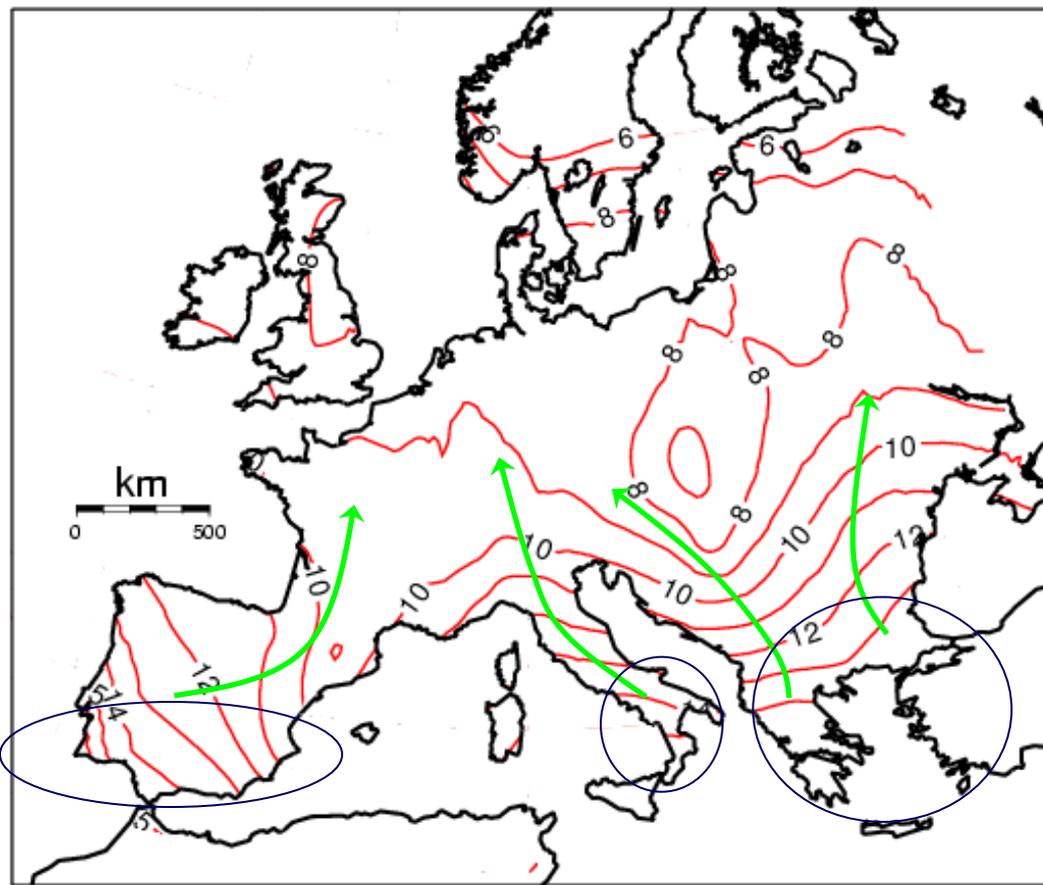
European pollen Database : <http://www.europeanpollendatabase.net/>

Base de données polliniques européenne

Reconstitution des dynamiques postglaciaires de végétation



Ce qu'on sait faire avec l'European Pollen Database: Reconstituer les processus migratoires postglaciaires

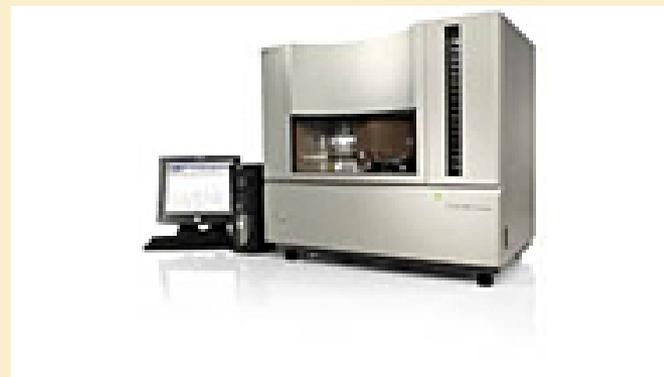
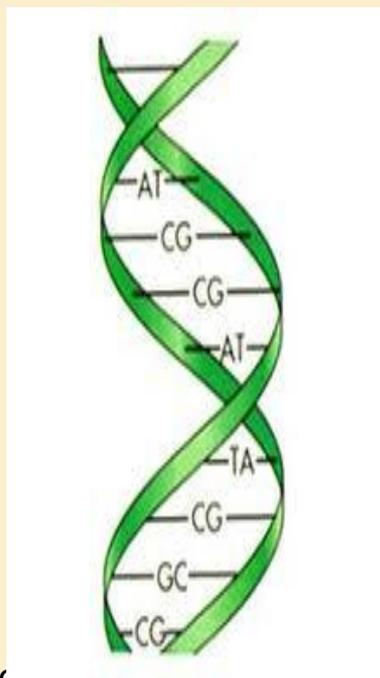


(d'après Brewer et al., 2002)

A. Exemple des Chênes décidus

Recolonisation postglaciaire par les chênes décidus reconstituée à partir de l'EPD (S. Brewer et al. 2002). Les chiffres sur les isolignes sont des âges en milliers d'années. Et indiquent la date à partir de laquelle le seuil de 2% a été dépassé dans les diagrammes polliniques. Ces courbes confirment la présence de refuges dans toutes les péninsules méridionale et une rapide expansion vers le nord.

Partie II. La génétique des populations et la phylogéographie.



Les génomes des êtres vivants

Localisation des génomes chez les êtres vivants :

- Nucléaire
- Cytoplasmique : mitochondrial et chloroplastique (végétaux)

Hérédité des génomes chez les êtres vivants :

Nucléaire : biparental

Mitochondrial : maternel essentiellement, paternel (cupressacées)

Chloroplastique : maternel (angiospermes), paternel (conifères)

Types de génomes chez les êtres vivants :

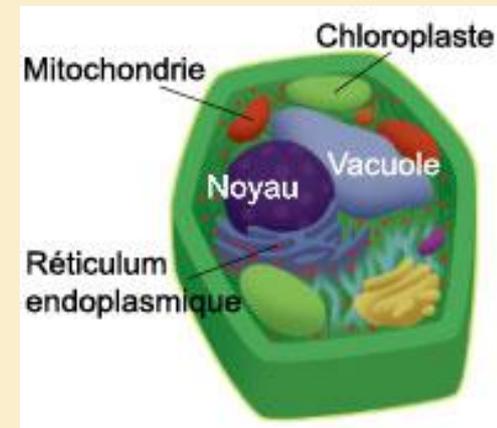
Codant : régions fonctionnelles, promotrices et régulatrices

Non-codant : sans fonction connue

Types de gènes chez les êtres vivants :

Neutre : sans effet adaptatif, non soumis à la sélection

Quantitatif : soumis à la sélection



Taux de mutation selon les génomes

Caractéristique	ADNn animal	ADNn plantet	ADNcp plante	ADNmt animal	ADNmt plante
Hérédité	bi-parentale	bi- parentale	angiospermes -> maternel conifères -> paternel	maternel (parfois bi-parental)	maternel (parfois paternel ex : taxodiacées, cupressacées)
Structure	linéaire	linéaire	circulaire	circulaire	variable
Taille en kb	5 x 10 ⁴ – 7 x 10 ⁸	5 x 10 ⁴ – 3 x 10 ⁸	71 – 214	15 – 20	200 - 2400
Taux de substitution T (par site et par année) x 10 ⁻⁹	3,5	4,1 – 5,7	0,86 – 1,2	56	0,36 – 0,5
T /t à ADNmt plante	8,1	11,4	2,4	130,2	1,0

Phylogéographie (Avisé 1987)

= répartition spatiale des généalogies
(biogéographie moléculaire)

= lien entre biogéographie historique,
systématique et génétique des populations

= lien entre microévolution et macroévolution

= comprendre l'histoire des taxons

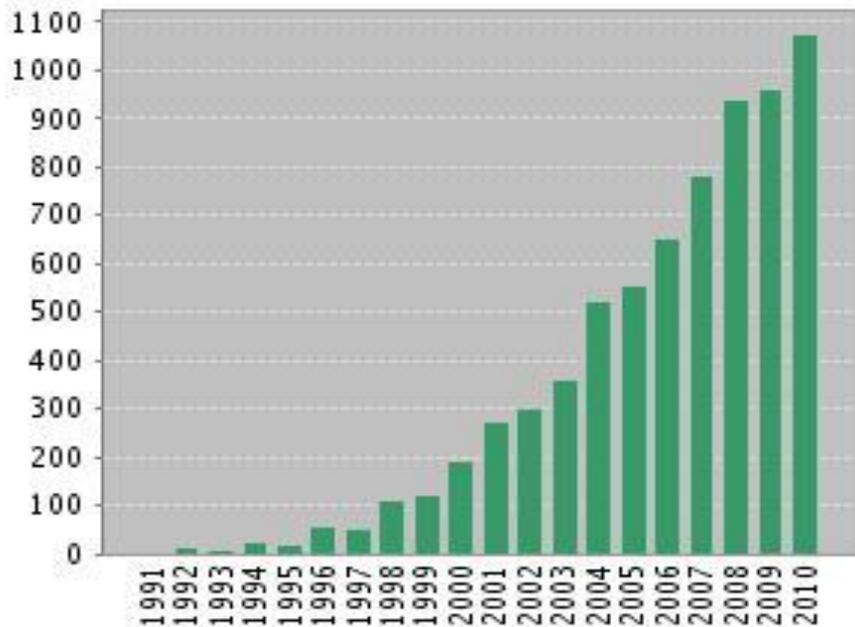
Phylogéographie

Plus de 7000 publications depuis 1987

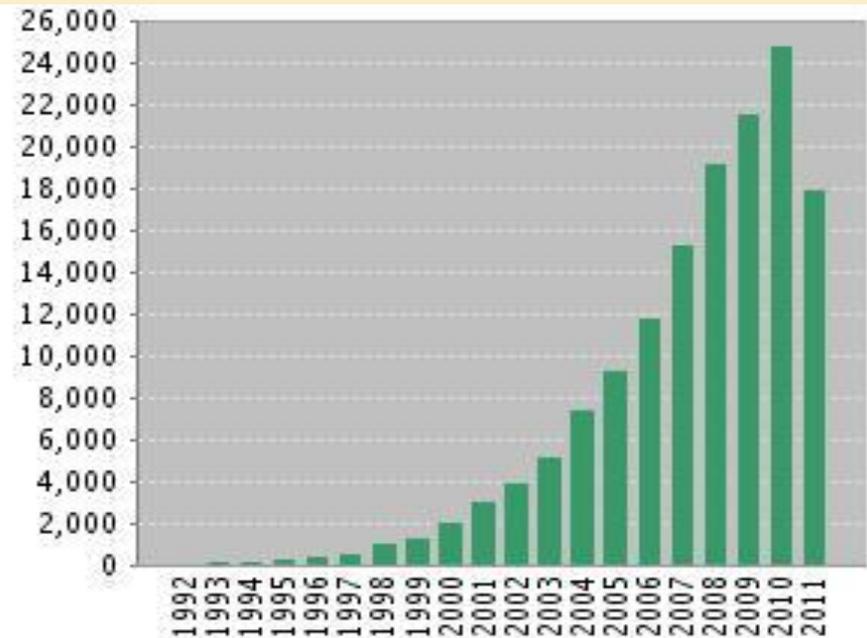
Revue majeure : Molecular Ecology (1/6)

Auteurs clefs : Avise (USA), Hewitt (GB), Taberlet (F),
Templeton (USA), Petit (F), Moritz (Aus), ...

Nombre de publications (ISI) par an

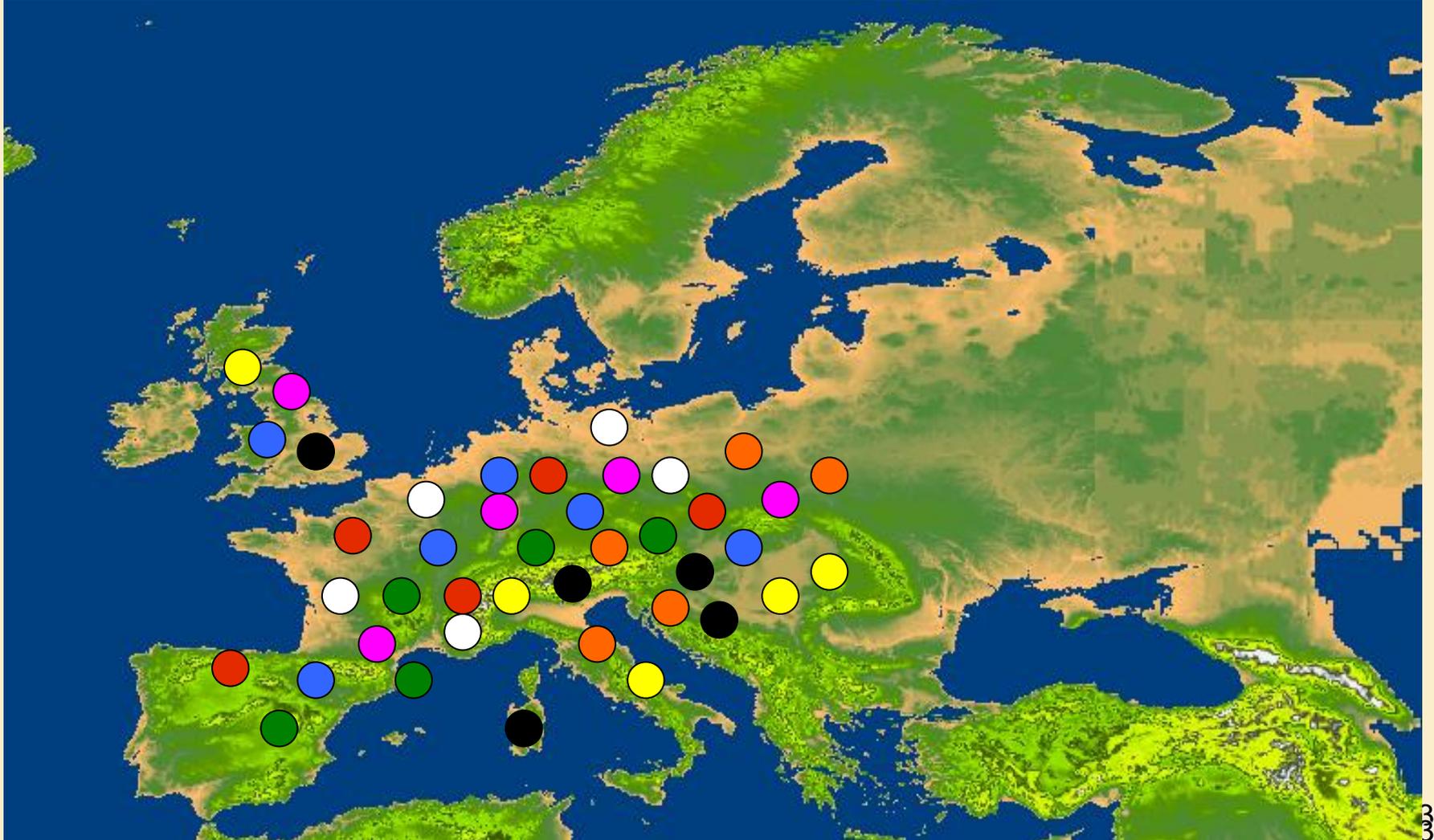


Nombre de citations (ISI) par an

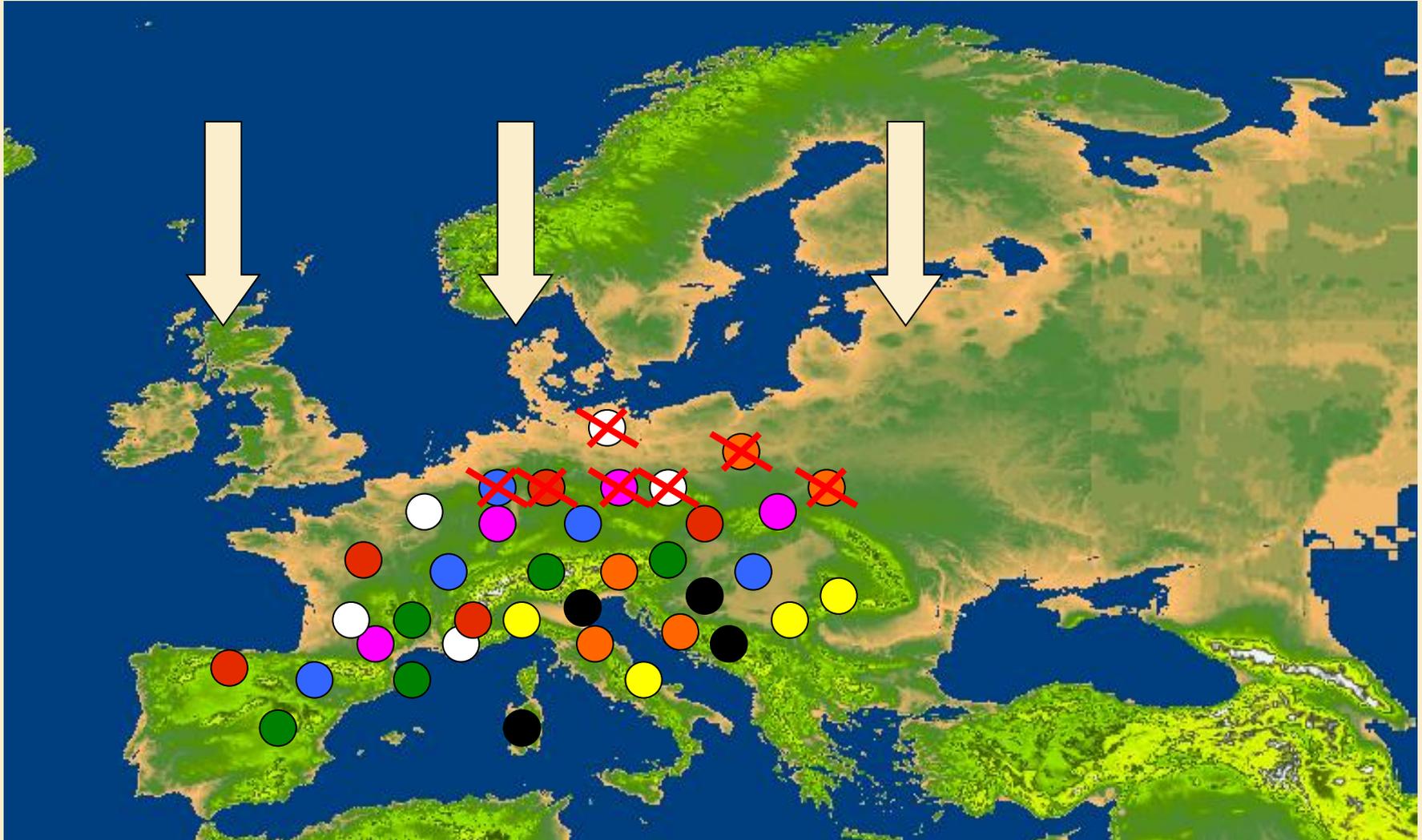


Les généalogies dans l'espace.

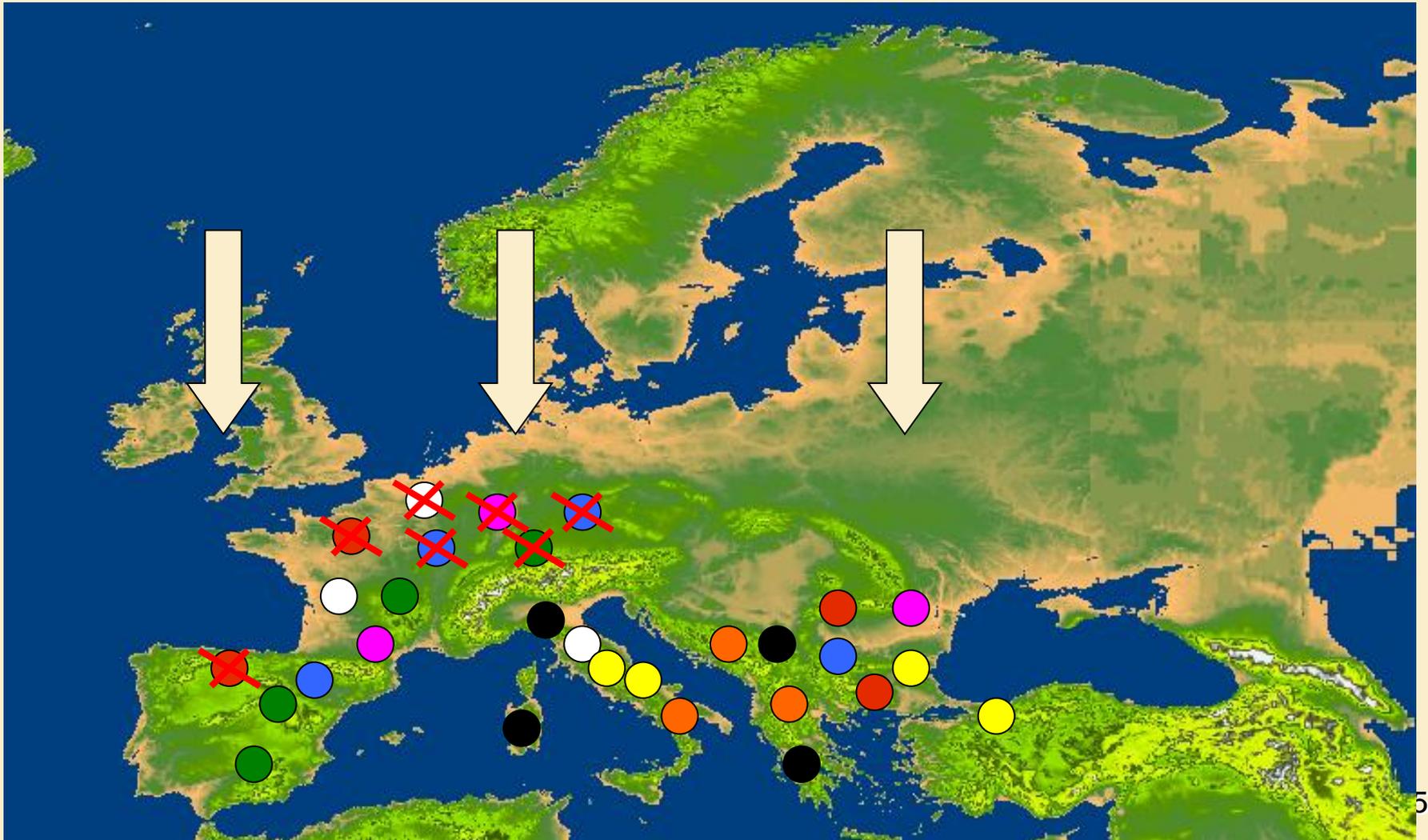
Cas théorique : 1 grande population en équilibre, 8 haplotypes équi-fréquents, répartis au hasard



Un évènement climatique majeur : refroidissement planétaire du pôle vers l'équateur



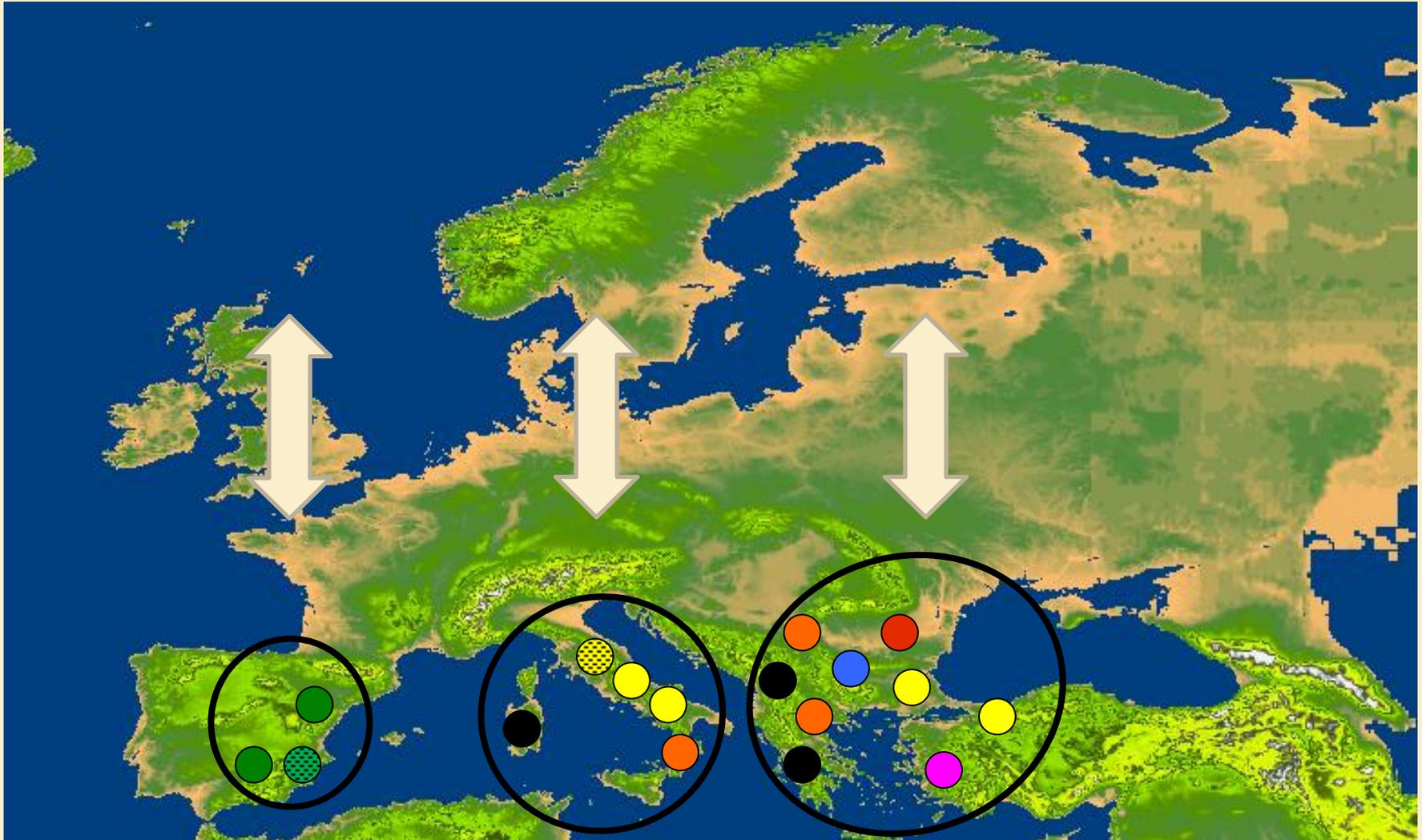
Un évènement climatique majeur : refroidissement planétaire et effets génétiques



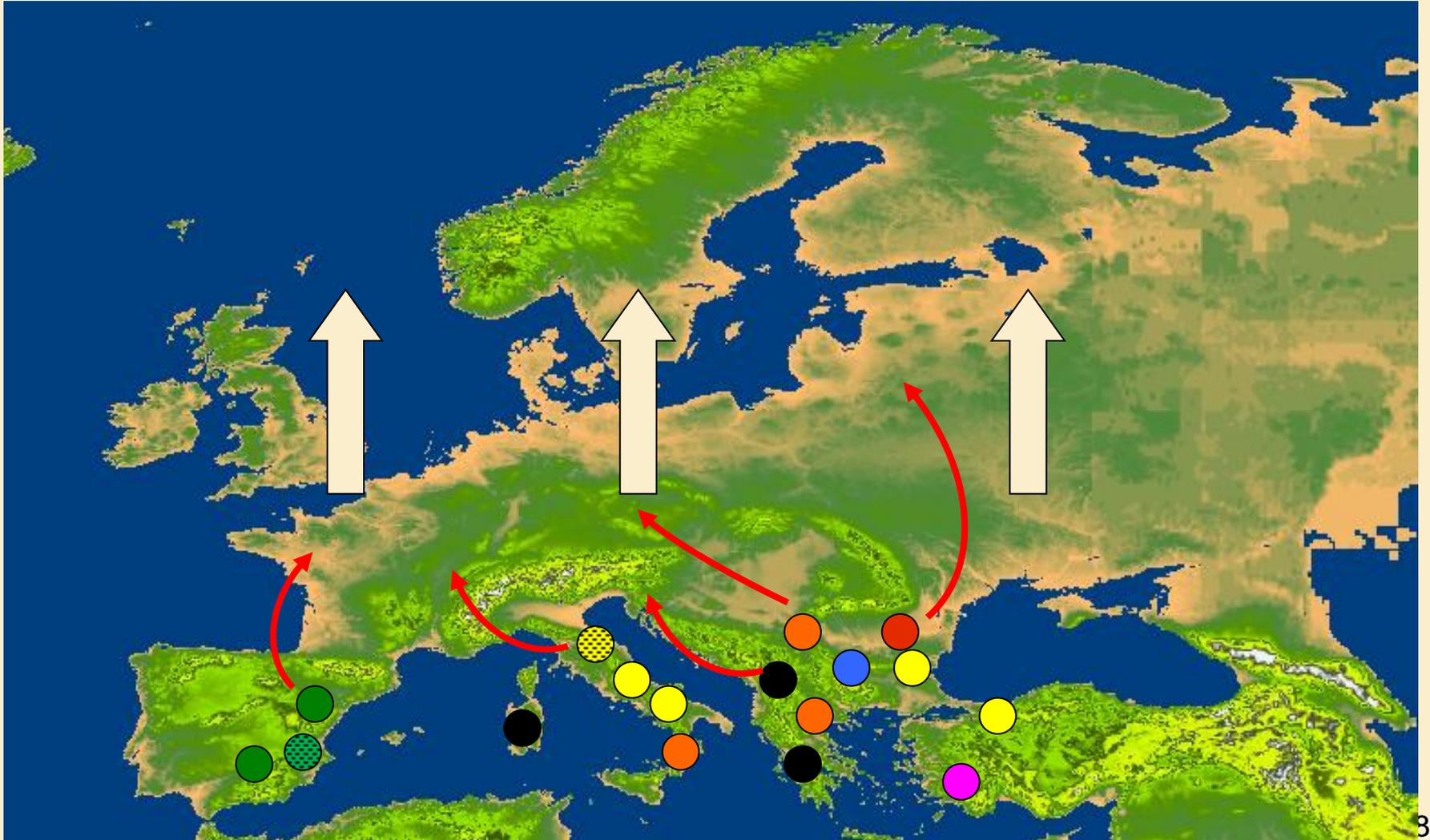
Un évènement climatique majeur : refroidissement planétaire et effets génétiques (perte de diversité et migration)



Fin de cycle glaciaire – stabilité climatique.
Toujours 8 haplotypes (mais 2 nouveaux), mais
différentiation en 3 sous-populations refuges

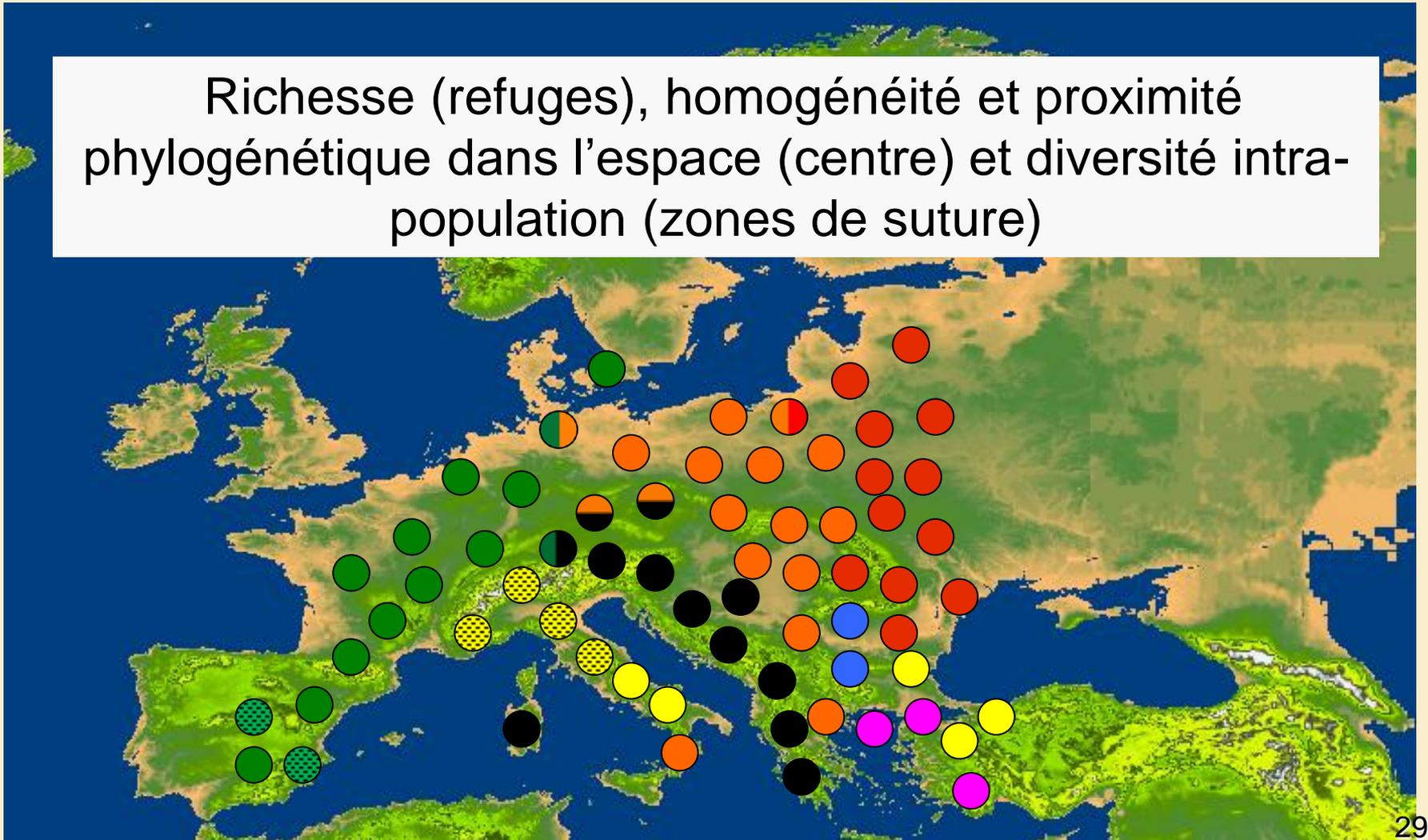


Un évènement climatique majeur : réchauffement global et effets génétiques (recolonisation)



Nouvel équilibre climatique (8 haplotypes en fréquence variable et structure géographique)

Richesse (refuges), homogénéité et proximité phylogénétique dans l'espace (centre) et diversité intra-population (zones de suture)



L'histoire quaternaire du sapin pectiné (*Abies alba*) en Europe

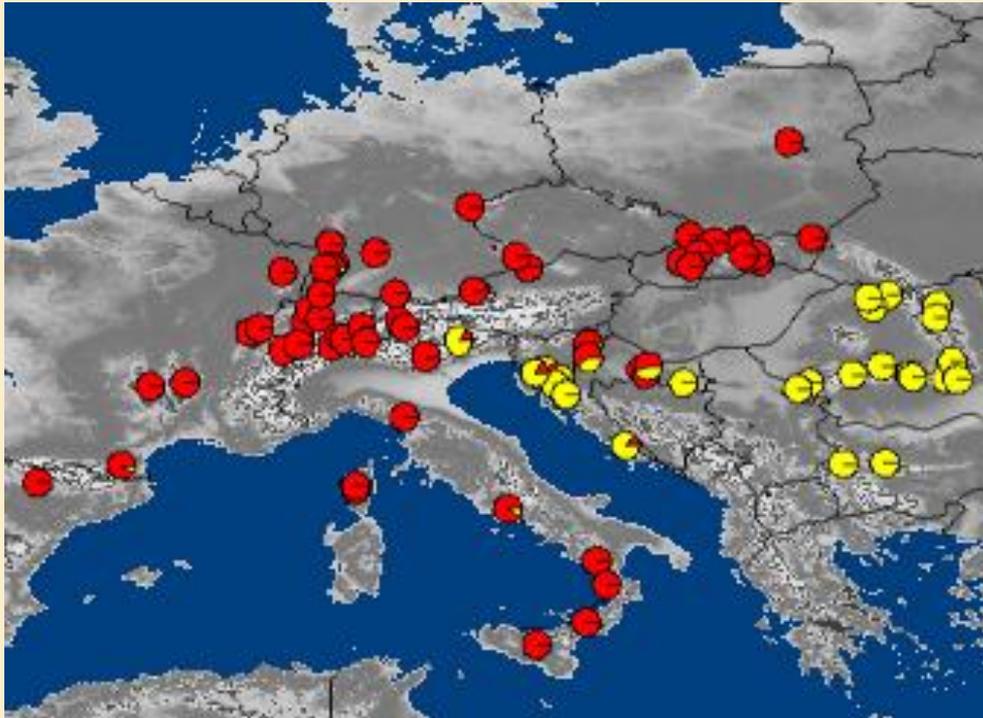
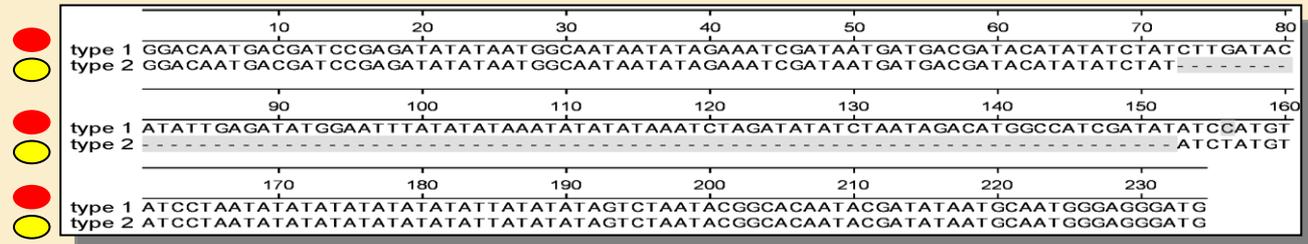


Abies alba



This distribution map was compiled by members of the EUFORGEN Noble Hardwoods Network and was published in:
Wolf, H. 2003. EUFORGEN Technical Guidelines for genetic conservation and use for silver fir (*Abies alba*). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy. 6 pages.

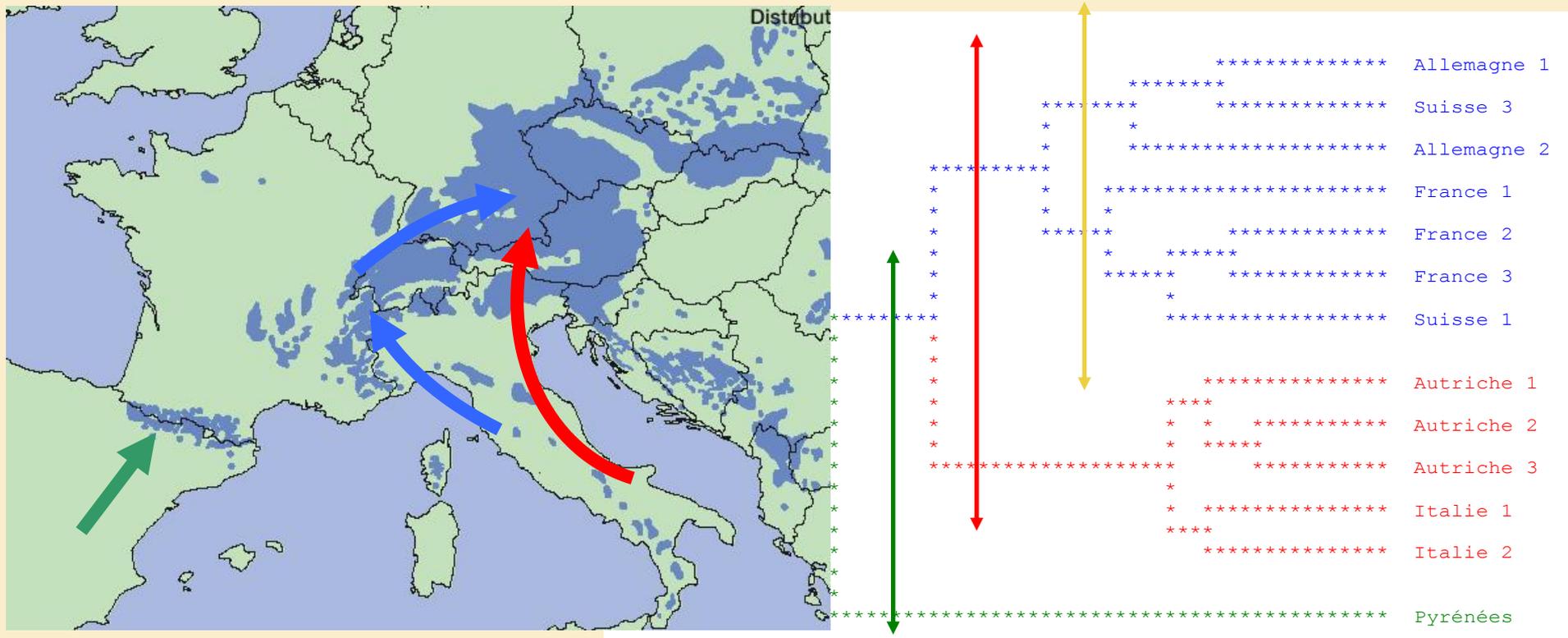
L'histoire quaternaire du sapin pectiné (*Abies alba*) en Europe



ADNmt (locus nad5-4) :
au moins 2 origines anciennes
(Pliocène ? Pleistocène ?)
différentes.

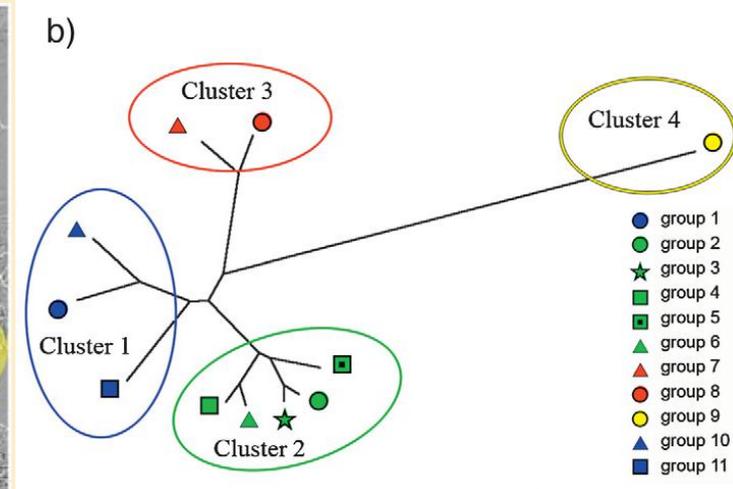
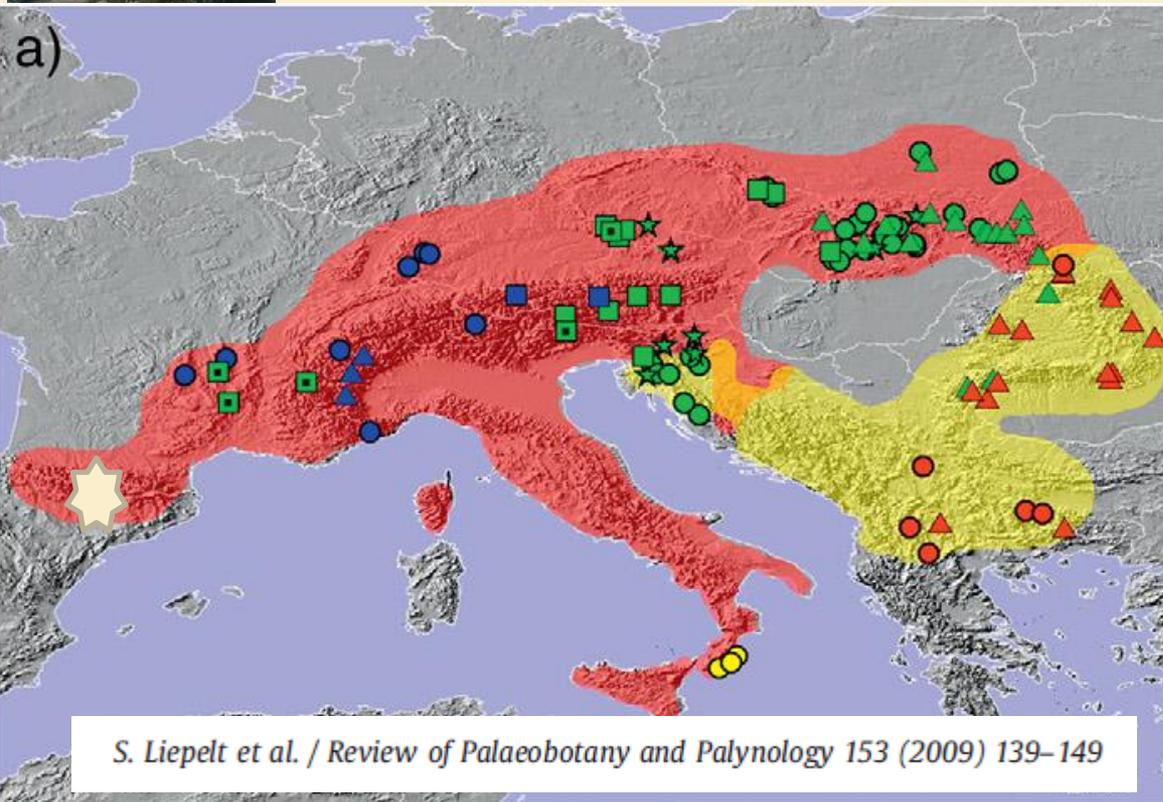


L'histoire quaternaire du sapin pectiné (Abies alba) en Europe



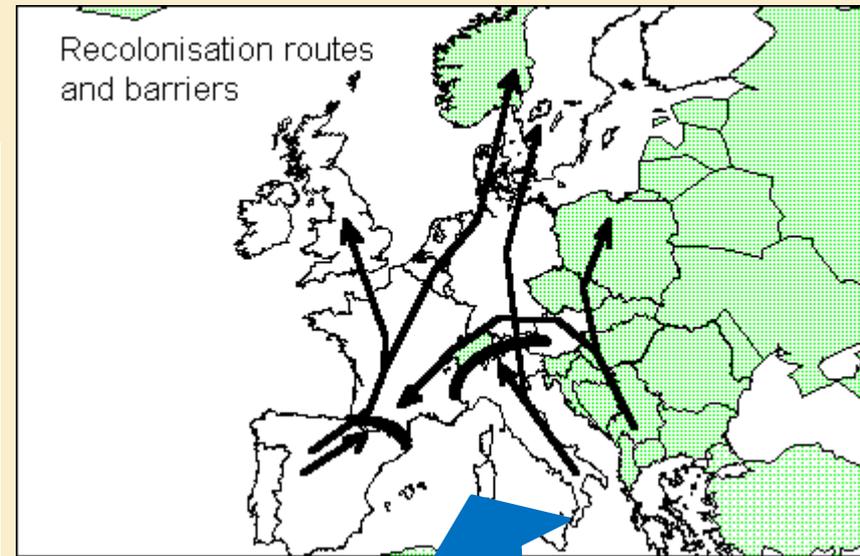
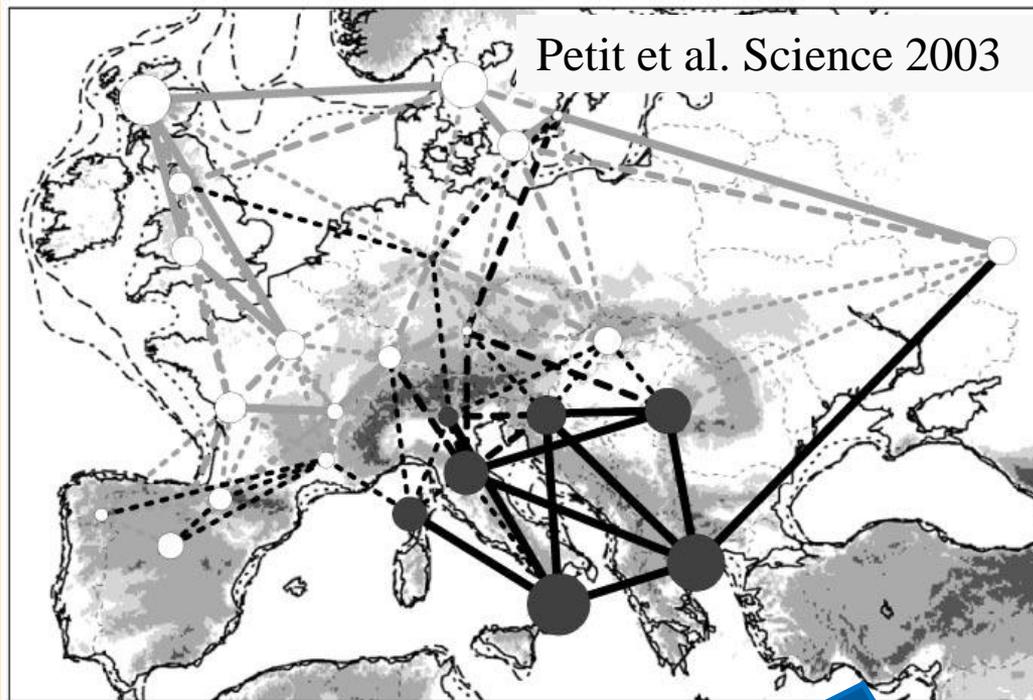
ADNn : au moins 3 origines quaternaires (glaciaire et Holocène) différentes : 2 dans les Alpes, 1 dans les Pyrénées

L'histoire quaternaire du sapin pectiné (*Abies alba*) en Europe



ADNn et ADNmt : au moins 3 zones refuges quaternaires (glaciaire et Holocène) différentes dans les Alpes (et Apennins = refuge passif), 1 dans les Pyrénées et 1 dans les Balkans.

La phylogéographie a besoin des sciences historiques (géologie, paléoécologie) pour enraciner l'histoire évolutive des taxons dans le temps

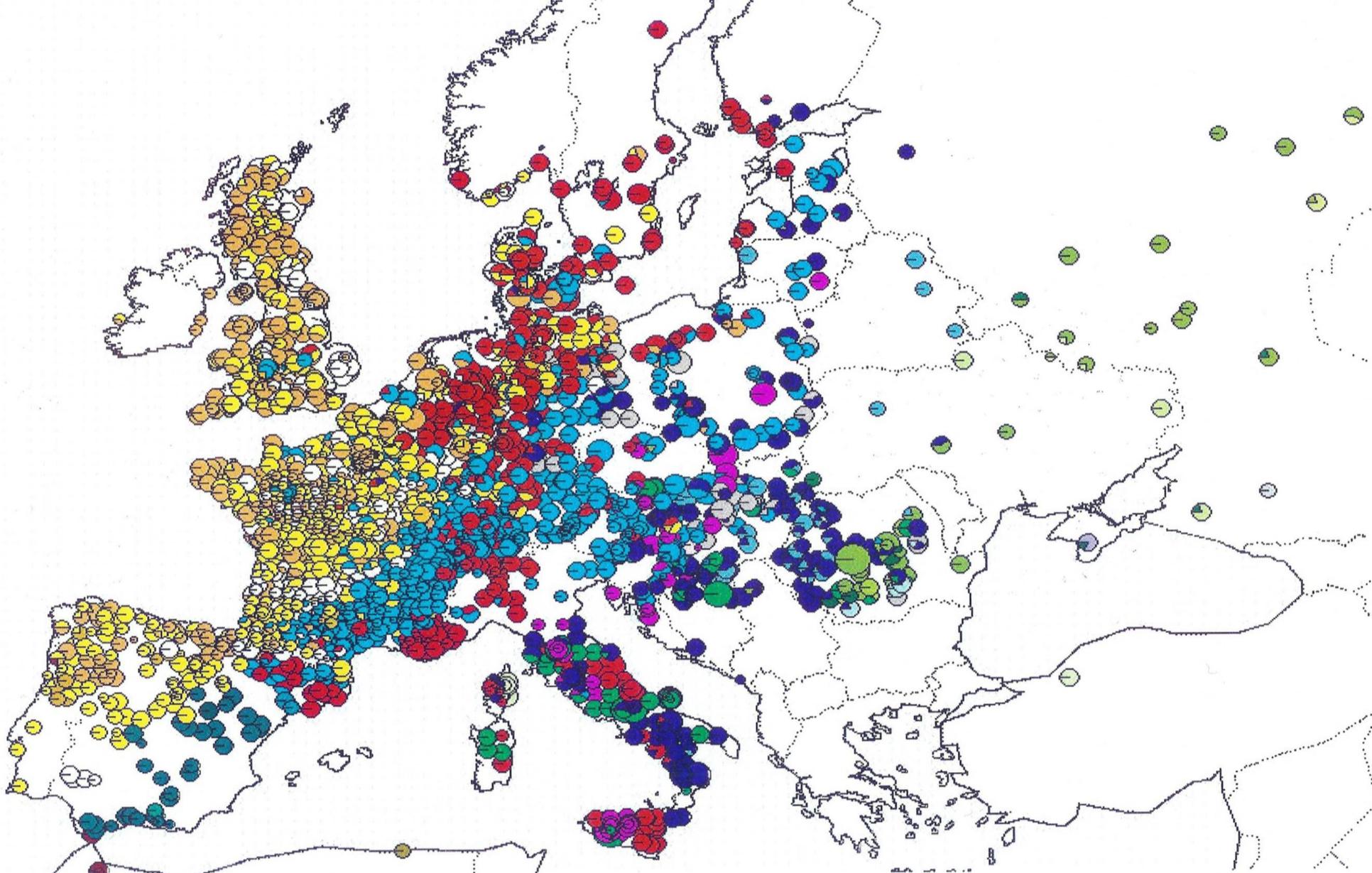


Partie III. Rencontre paléobotanique/phylogéographie

- Les phylogéographes savent décrire la répartition actuelle des lignées d'arbres forestiers, témoignage d'une mise en place passée dont ils sont mal en mesure de déterminer l'origine et la chronologie.
- De son côté l'approche paléobotanique ne possède qu'un faible pouvoir de résolution taxonomique (identification à l'espèce souvent impossible) et ne peut appréhender les flux migratoires que dans leur globalité.
- Lorsque l'on croise les deux approches, il devient possible de proposer pour chaque lignée sa zone refuge, son itinéraire et sa vitesse de migration postglaciaire.
- Collaboration amorcée avec R. Petit (INRA Bordeaux) dans le cadre des programmes Fairoak, cytofor Fossilva et réseau EVOLTREE

L'exemple des chênes à feuillage caduc

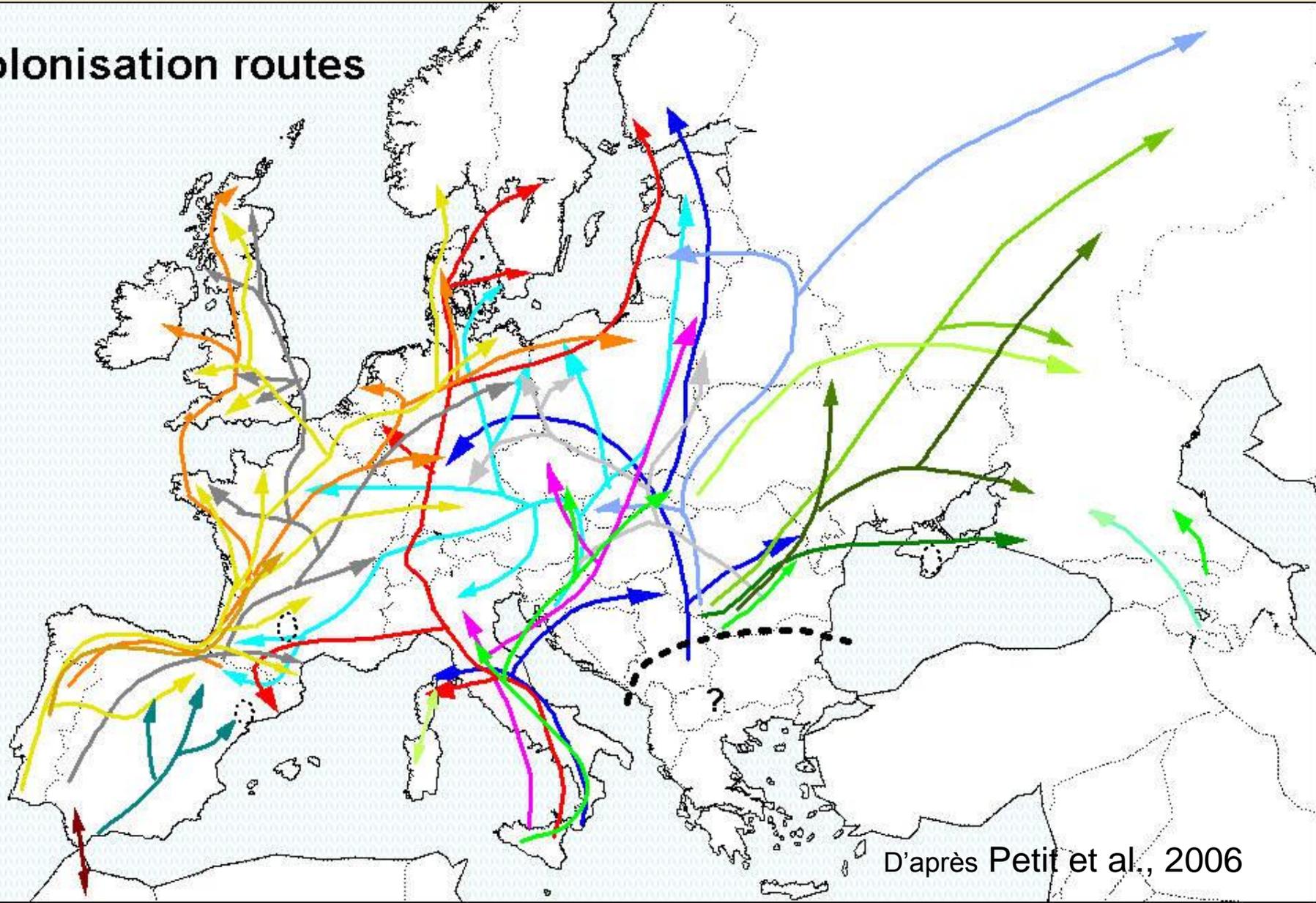




Diversité génétique chez les chênes blanc (CpDNA) (Petit et al., 2002)

FAIROAK project, : chaque couleur correspond à un haplotype. Les routes migratoires sont établies par couplage avec les données palynologiques.

Colonisation routes



D'après Petit et al., 2006

L'exemple du Hêtre



L'exemple du hêtre

d'après Magri et al., 2006 : A new scenario for Quaternary history of European beech populations: palaeobotanical evidence and genetic consequences) in New Phytol.

- Dans le cadre de Fossilva, une nouvelle génération de reconstructions de paléovégétations intégrant données polliniques et macrorestes végétaux sub-fossiles.
- Exploitation simultanée de plusieurs marqueurs (chloroplastiques et nucléaires)

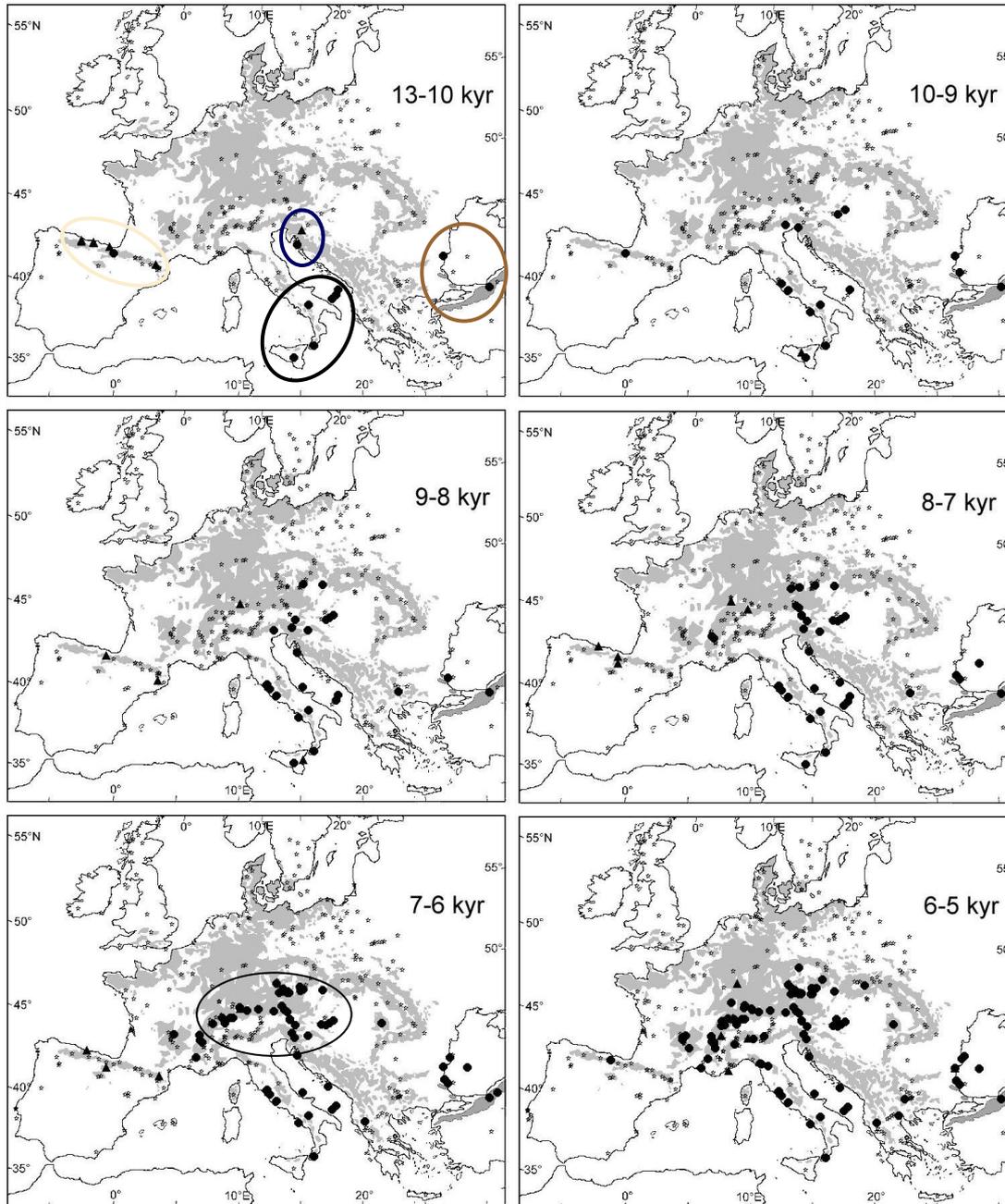
paléobotanique

Expansion postglaciaire des hêtres

Ici ce sont une série de cartes qui montrent la localisation des populations pour différentes tranches de temps.

La répartition au Tardiglaciaire indique des refuges dans les Pyrénées, le sud de l'Italie, la Croatie et les bords de la mer noire. On assiste ensuite (9–7 Kyr) à une expansion en Europe centrale, puis à une occupation des Alpes et enfin une pénétration dans le massif central (entre 7 et 5 Kyr)

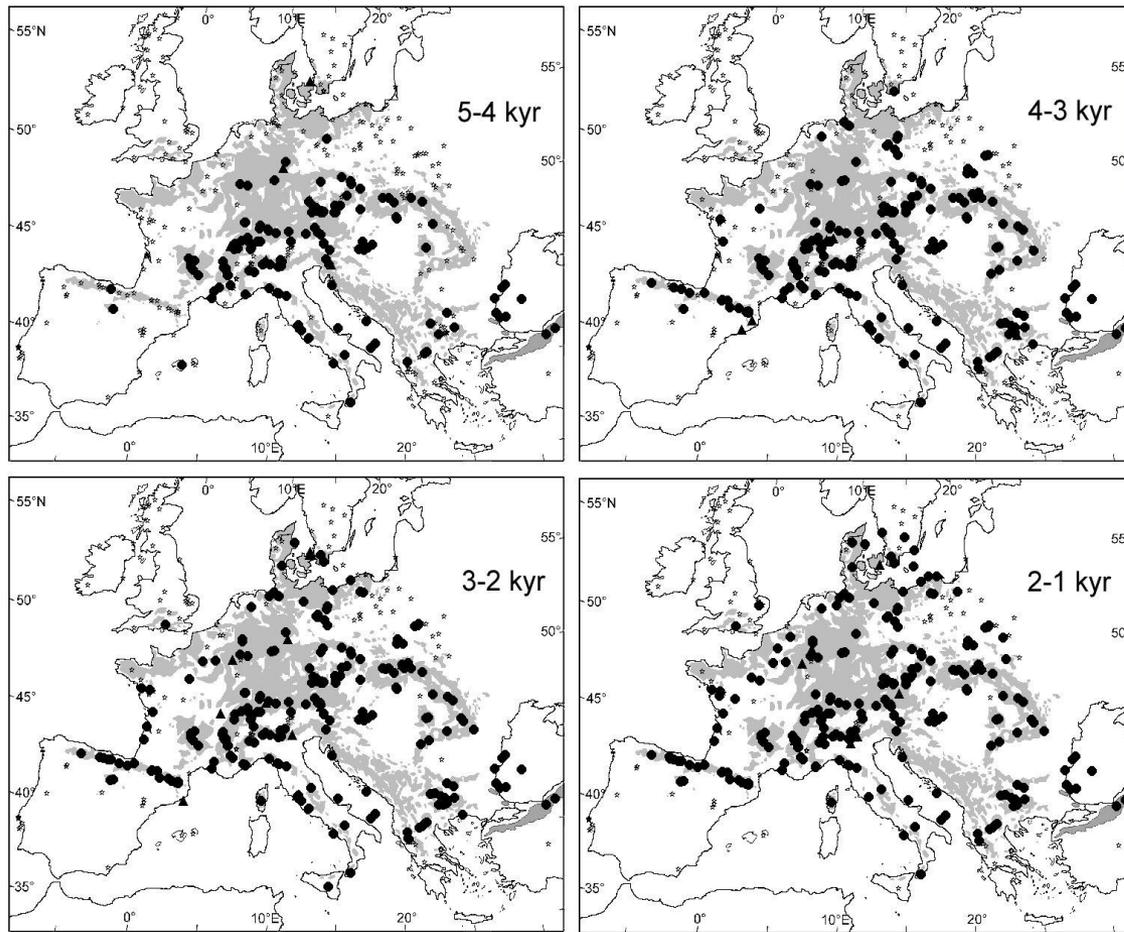
On voit que la migration du Hêtre est considérablement plus lente que celle des chênes



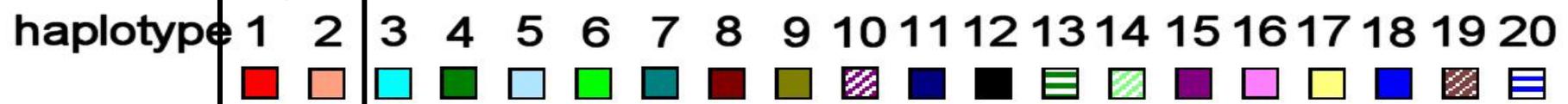
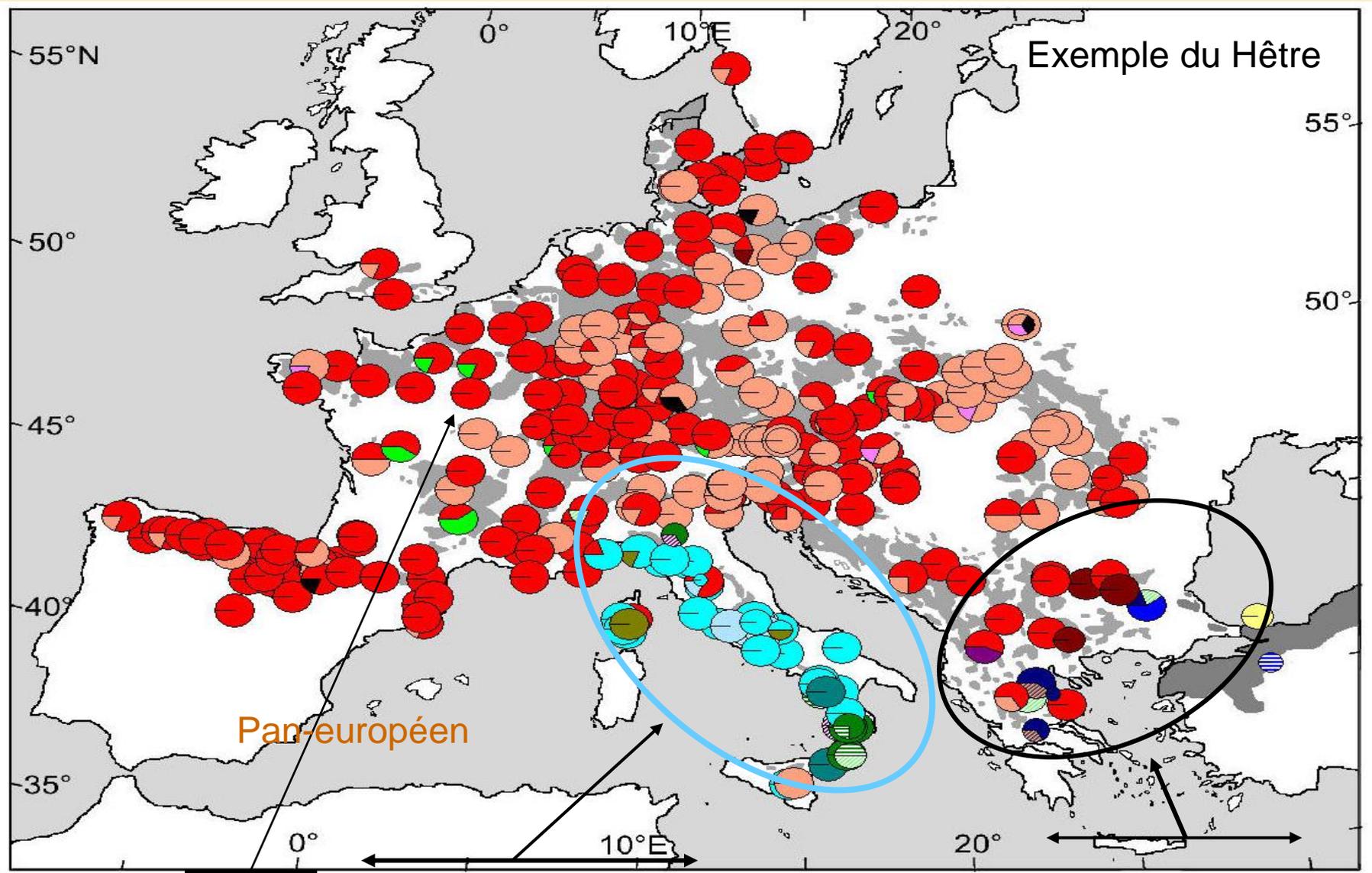
Exemple des Hêtres (suite)

A partir de – 5000 ans on assiste à une forte extension des hêtraies vers l'ouest et le nord-ouest de l'Europe.

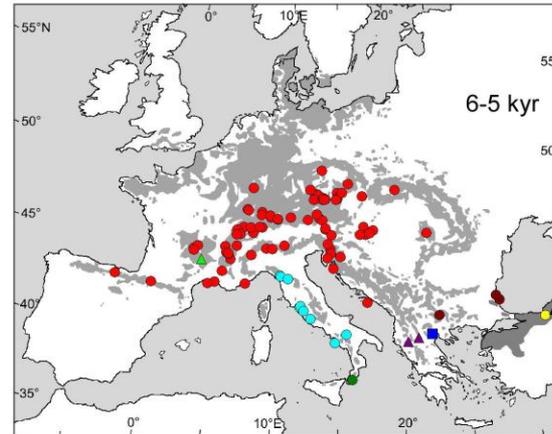
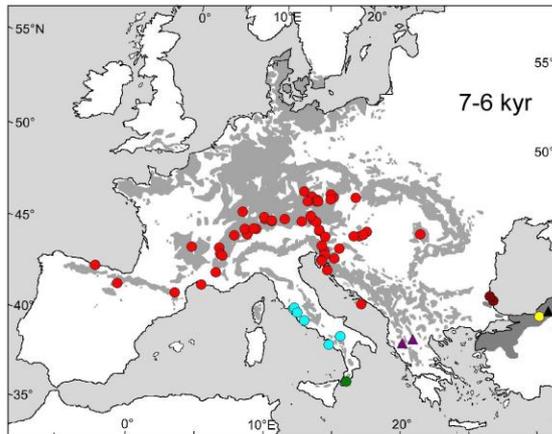
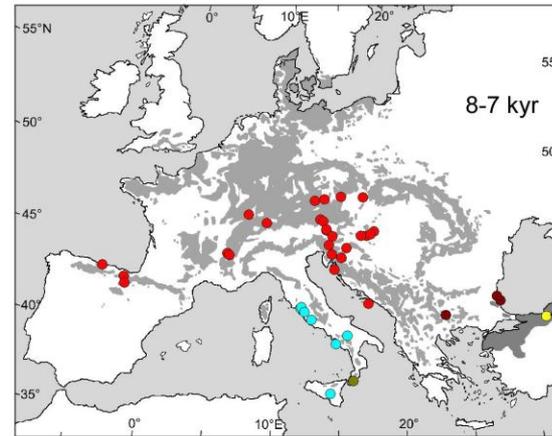
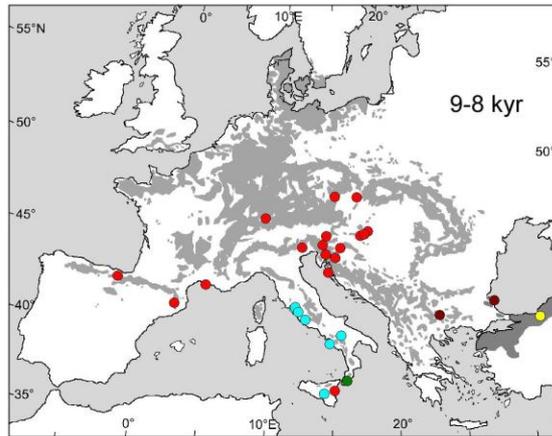
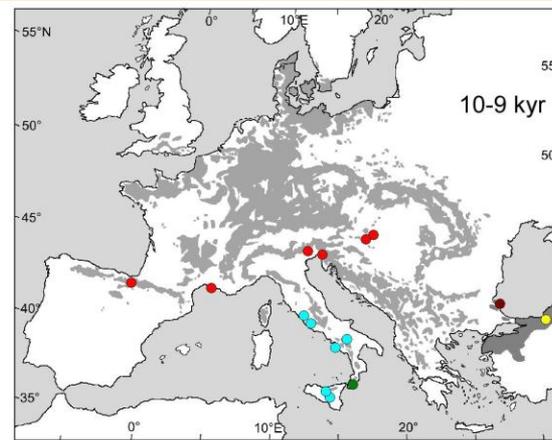
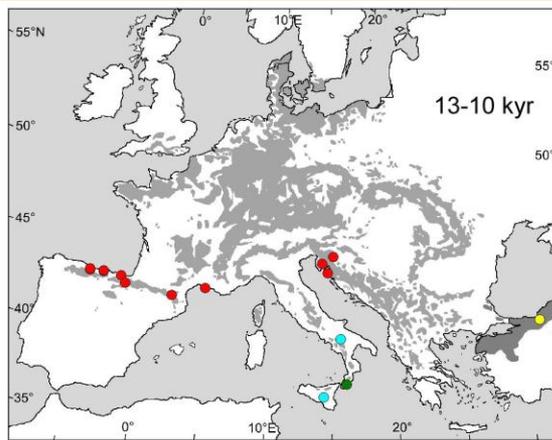
L'origine de succès assez tardif est expliquée par une flexure climatique et/ou l'ouverture des chênaies préexistantes par les premiers agriculteurs néolithiques.



Fagus: Distribution des haplotypes chloroplastiques détectés en utilisant la PCR/RFLP (premiers 20 plus fréquents haplotypes). (d'après Magri et al. 2006)



Ancêtres possibles des cp-haplotypes entre 13 et 5kyr BP



Les couleurs des cp-haplotypes identifiés sur la diapo précédente a été affectée à la succession des enregistrements tardi- et postglaciaires de *Fagus*. (leur nombre a été ramené à 13)

Cette superposition n'implique pas à coup sûr un lien de descendance, mais permet de proposer des hypothèses raisonnables (que seule l'extraction d'ADN de restes fossile pourrait démontrer).

Cp-haplotypes: ● 1 ● 2 ● 3 ■ 4 ▲ 5 ● 6 ▲ 7 ● 10 ▲ 13

4 : Éléments de conclusions.

- 1. Le travail conduit sur *Fagus* montre que les migrations postglaciaires sont loin d'expliquer toute la variabilité génétique des populations actuelles.
- 2. L'ultime validation des propositions est à chercher dans l'ADN fossile, mais beaucoup de chemin à faire.
- 4. Le couplage entre les tracés migratoires et les variations du climat postglaciaire devrait permettre d'identifier quels paramètres climatiques ont favorisé tel ou tel génotype, ceci évidemment dans une perspective de sélection face au réchauffement planétaire.
- 5. La systématique cladistique et moléculaire a pensé pouvoir s'affranchir de l'apport des enregistrements fossiles. On peut espérer que les expériences telles que celles présentées ici ont contribué à monter l'intérêt du dialogue.
- 6. En tout cas, les années de collaborations amorcées entre palynologues et généticiens forestiers ont constitué pour nos équipes de paléobotanistes une belle ouverture et une expérience des plus exaltantes.
- 7. La quête des données continue