



HAL
open science

Gestion de la diversité génétique des peuplements forestiers et adaptation au changements climatiques - Notions de génétique évolutive et leurs applications

Yves Rousselle

► **To cite this version:**

Yves Rousselle. Gestion de la diversité génétique des peuplements forestiers et adaptation au changements climatiques - Notions de génétique évolutive et leurs applications. Master. France. 2021. hal-03653493

HAL Id: hal-03653493

<https://hal.inrae.fr/hal-03653493>

Submitted on 27 Apr 2022

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.

Gestion de la diversité génétique des peuplements forestiers et adaptation au changements climatiques

Notions de génétique évolutive et leurs applications

Yves Rousselle – UMR ONF/INRAE BIOFORA – Dép. RDI ONF – yves.rousselle@onf.fr

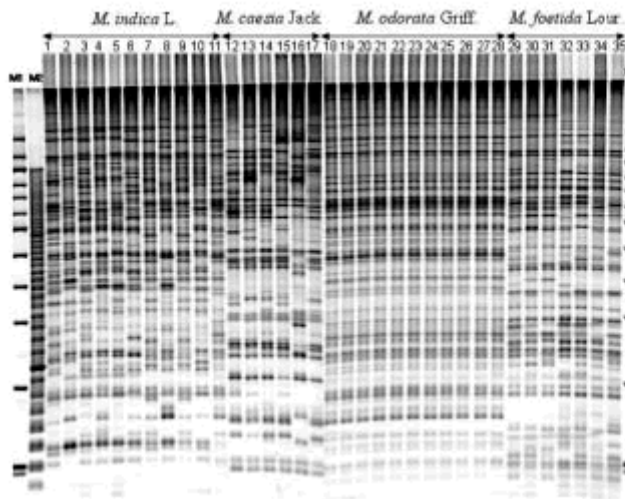
M2 Forêt – 2021



Diversité génétique ?

Une des composantes de la biodiversité :

- La diversité écosystémique
- La diversité spécifique
- La diversité génétique



Diversité génétique ou Variabilité génétique ?

Deux termes très proches et dont la différence est plus une question d'habitude.

« **diversité** » est plutôt employé quand on parle de la partie neutre du génome, des marqueurs moléculaires par exemple

« **variabilité** » est plutôt employé quand on parle de caractères quantitatifs

Les 2 sont évidemment liées : la variabilité des caractères est, en partie, due à la diversité des gènes !

Caractères et phénotypes

Le phénotype, c'est ce qu'on voit (phéno) :

- Couleur des yeux, de la peau
- Dimensions (hauteur, taille du bras, grosseur de branche..)
- Métabolisme (groupes sanguins, composés du bois...)

On peut distinguer 2 types de caractères :

- Les caractères quantitatifs (hauteur, circonférences, nombres de graines produites...)
- Les caractères qualitatifs (résistances aux maladies*, groupes sanguins...)

Marqueurs moléculaires et génotypes

ADN = suite de A, T, C et G

Marquage moléculaire : méthodes biochimiques qui permettent de révéler les polymorphismes de cette suite entre individus.

Les marqueurs correspondent à des locus dans le génome

RFLP, AFLP, SSR / microsatellites, SNP...

On accède à l'information de base de la génétique, au point de départ.

Relation phénotype/génotype

La base simple(iste?) : un gène donne une protéine qui participe à l'élaboration du phénotype.

Le modèle de la génétique quantitative : un caractère quantitatif est le produit de plusieurs gènes et de l'environnement :

- $P = G + E + G \times E$
 - P = phénotype, G = composante génétique, E = composante environnementale et $G \times E$ = interaction
- $G = A + D + \dots$
 - A = composante additive, c'est-à-dire l'addition de tous les petits effets des gènes qui interviennent dans le caractère
 - D = composante de dominance, c'est à dire les effets d'interactions entre 2 allèles d'un locus.
 - ... épistasie

Génétique quantitative

La génétique quantitative n'a pas besoin de connaître, de localiser les gènes qui interviennent dans le caractère étudié pour travailler.

Il lui suffit de faire l'hypothèse qu'ils sont nombreux et de modéliser la façon dont ils forment le phénotype (additivité, dominance...).

Ces hypothèses, ces modèles permettent de mettre en place des dispositifs expérimentaux et des analyses pour estimer des paramètres (héritabilité, variance additive...), comprendre les mécanismes et les utiliser comme en amélioration des plantes par exemple.

Apports de la génomique

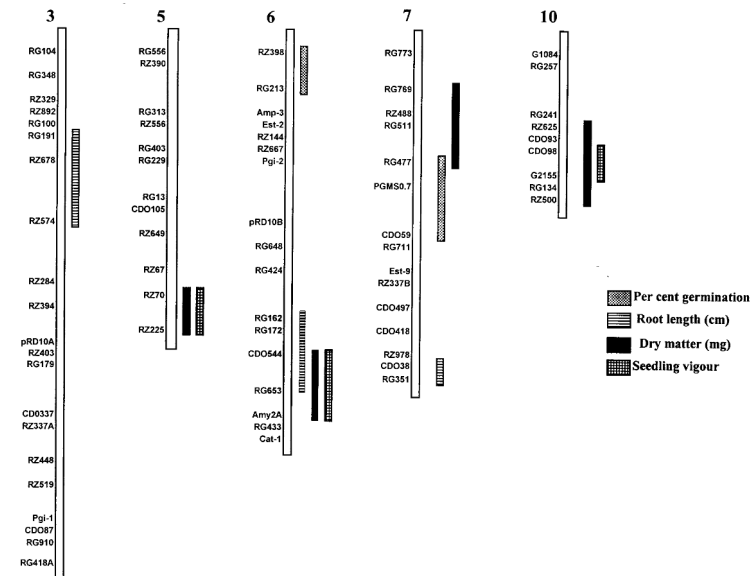
Amélioration des méthodes de biologie moléculaire

- Augmentation de la densité des marqueurs
- Augmentation de la facilité d'utilisation et baisse des coûts

Permet de dresser des cartes du génome et de localiser les gènes impliqués dans les caractères étudiés (*Quantitative Trait Loci*)

Les marqueurs peuvent alors permettre d'aider la sélection :

- Sélection assistée par marqueurs
- Sélection génomique



Pourquoi s'y intéresser quand on est forestier ?

Les peuplements forestiers sont des populations *presque* comme les autres :

- Leur diversité génétique est liée à leur variabilité génétique, pour les caractères de production et d'adaptation par exemple
- Ils évoluent selon les mêmes forces évolutives que les autres espèces

Mais ils sont fortement anthropisés* :

- l'Homme a besoin de ces peuplements, il les exploite d'une manière ou d'une autre
- Par ses actions, il a un impact sur la diversité génétique de ces peuplements

Prise de conscience de l'intérêt de ces thématiques

Depuis les premières observations sur le terrain des variations morphologiques des arbres, les forestiers ont conscience de la grande variabilité des espèces d'arbres :

- Évaluation du matériel
- Programmes d'amélioration génétique

La prise de conscience de la nécessité de connaître et préserver la diversité génétique se situe dans les années 1990 :

- 1992 : Commission des Ressources Génétiques Forestières
- 1994 : EUropean FOrest GENetics
- 1995 : CGAF

Génétique et changement climatique

La génétique est un des leviers d'adaptation des forêts aux changements climatiques :

- Introduction de nouvelles espèces
- Introduction de nouvelles provenances ou de matériel amélioré
- Adaptation génétique de la ressource en place et migration assistée

Il est important de connaître les différentes notions de génétique évolutive si l'on souhaite utiliser ces approches.

Les 4 forces évolutives

Les 4 forces évolutives sont les suivantes :

- Mutation
- Dérive
- Migration
- Sélection

Elles vont modifier les fréquences des allèles dans les populations au fur et à mesure des générations successives.

La **recombinaison** n'est pas considérée comme une force évolutive :

- Elle ne modifie pas les fréquences des allèles
- Mais la façon dont les allèles sont associés entre eux
- Elle a son importance malgré tout !

La mutation

Lors de la réplication de l'ADN, des erreurs peuvent survenir et la suite des bases n'est pas reproduite à l'identique : c'est une mutation.

C'est l'unique source de nouvelle diversité. *Du moins à l'échelle de l'espèce, en effet, la migration peut apporter des nouveaux allèles dans une population.*

Le taux de mutations est assez bas en général et le taux de mutations **détectables** encore plus, il est de l'ordre de 10^{-5} ou 10^{-6} par gène et par génération.

La mutation est une force neutre : elle affecte l'ensemble du génome de manière aléatoire. Cependant, on considère souvent* que la plupart des mutations non silencieuses sont délétères puisqu'elles modifie un état d'équilibre supposé le plus adapté.

La dérive génétique

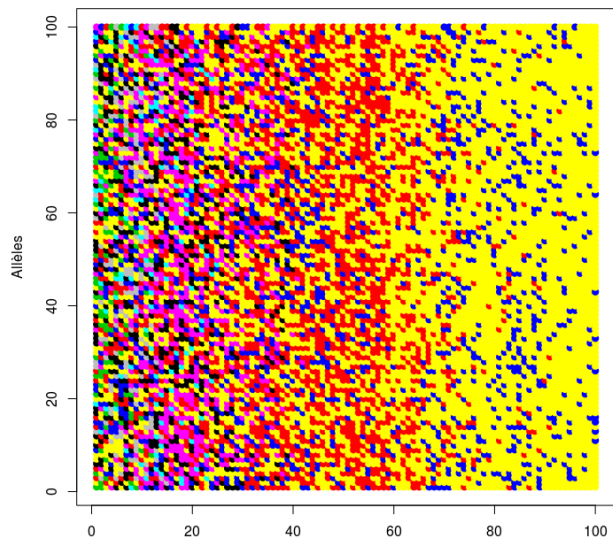
A chaque génération, les individus reproducteurs produisent des gamètes, ceux-ci se fécondent et donnent naissance à la génération suivante.

Le nombre de gamètes produits et donc de descendants possibles différents génétiquement, est dépendant du nombre d'allèles présents, mais il est largement plus grand que le nombre d'individus que la population peut contenir, **les populations sont de tailles limitées.**

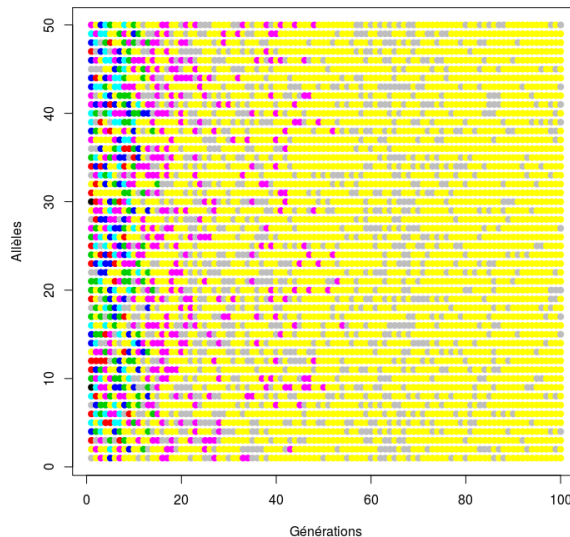
L'ensemble des allèles subit donc un échantillonnage aléatoire à chaque génération et cet échantillonnage peut éliminer des allèles en fréquence faible.

La dérive génétique

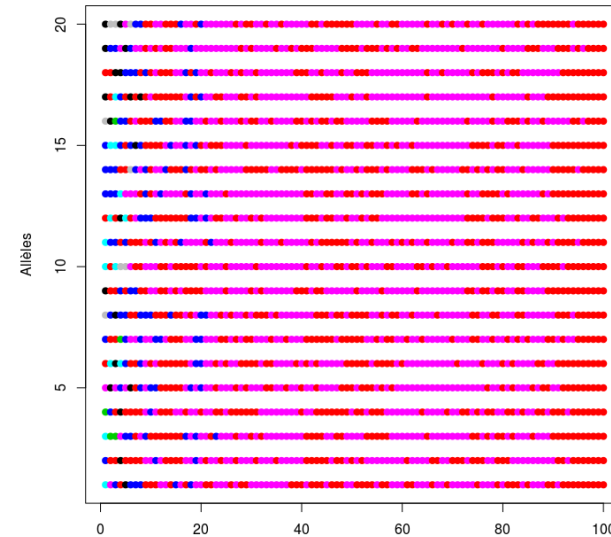
Taille de population : 100



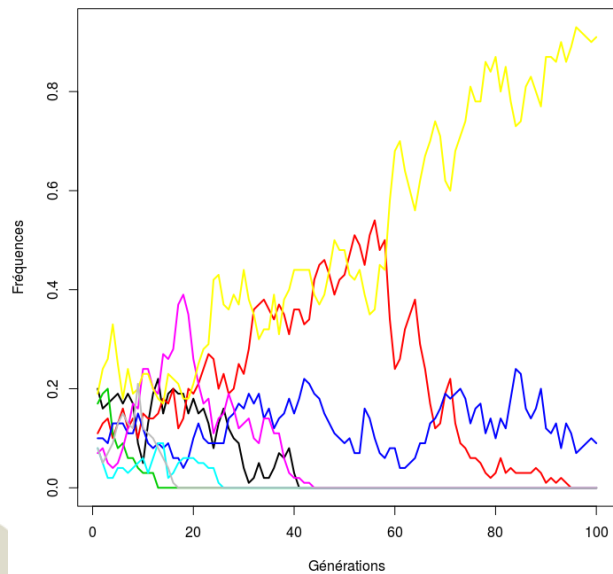
Taille de population : 50



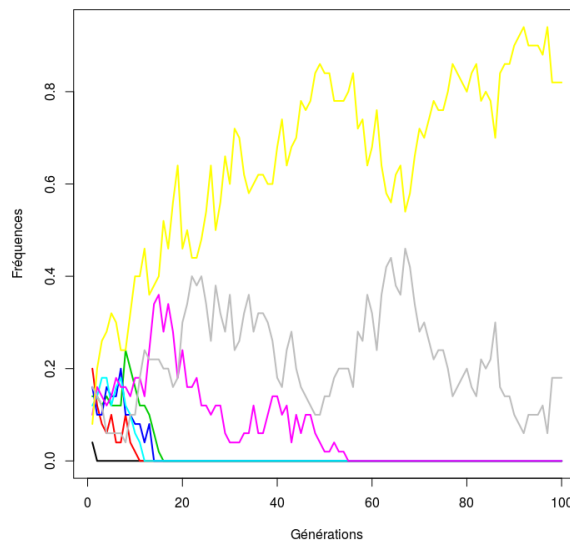
Taille de population : 20



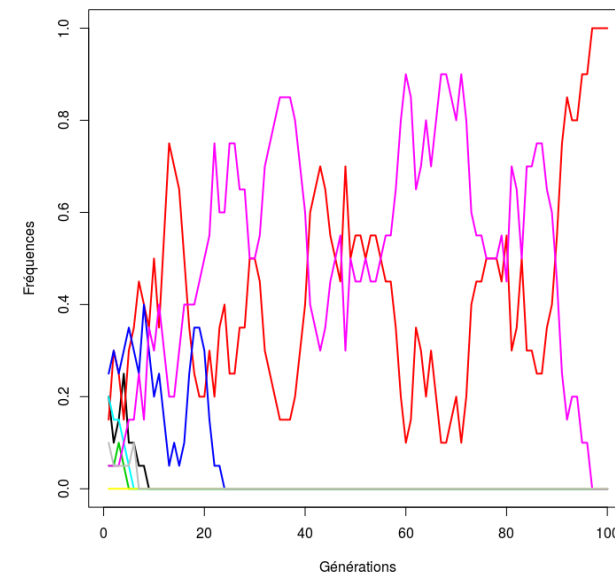
Taille de population : 100



Taille de population : 50



Taille de population : 20



La dérive génétique

La dérive est donc d'autant plus forte que la taille de population est faible.

Au delà de la taille démographique de la population, c'est bien le **nombre d'individus qui participent à la reproduction** qui rentre en jeu.

La **taille efficace** N_e sert à estimer les effets de dérive.

Si un allèle est en faible fréquence, il a plus de probabilité de disparaître par dérive.

La dérive affecte tous les locus de la même façon : c'est une force neutre.

La migration

La migration ou flux de gènes est le transfert d'allèles d'une population à une autre par l'intermédiaire de gamètes (pollen) ou de zygotes (graines uniquement chez les arbres de façon naturelle).

La migration apporte donc, potentiellement, de la **diversité nouvelle** dans la population d'arrivée. Cependant, si les populations sont de tailles très différentes, les **flux de gènes peuvent être asymétriques** et la diversité de la population de petite taille peut être perdue au profit de celle de la population de grande taille.

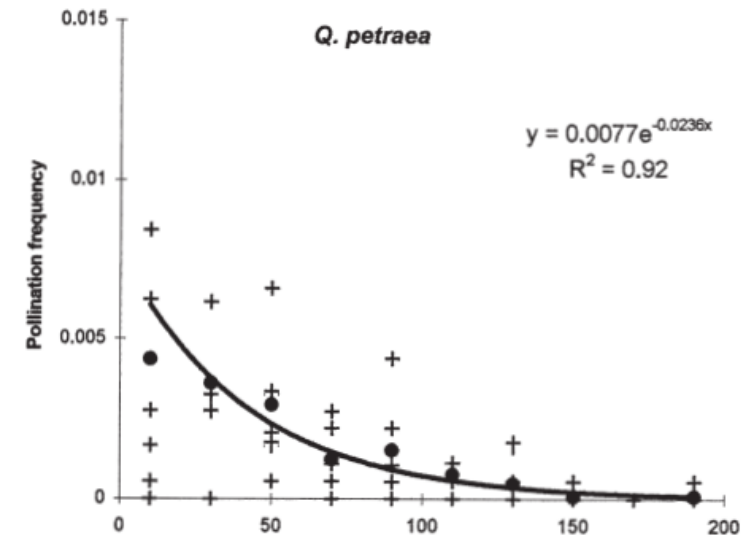


Photo : Jean-Pierre Moussus

La migration

La neutralité de la migration est une question difficile :

- La capacité à migrer peut être déterminée en partie génétiquement et donc la migration peut concerner principalement une partie des individus de façon non-aléatoire.
- Selon comment elle est modélisée ou mesurée, la migration peut ne prendre en compte que le stade de la migration lui-même sans considérer le devenir des migrants. Or, les flux de gènes n'auront un impact sur la population que si les migrants participent à la génération suivante. **L'efficacité de la migration passe donc par une phase de sélection.**

Au delà de la question théorique de la neutralité, ces deux aspects illustrent la difficulté de mesurer, prévoir et donc gérer ce mécanisme dans les populations.

La sélection

C'est LA force évolutive qui est responsable de l'adaptation des populations à leur environnement.

Le mécanisme de la sélection repose sur 3 principes :

- Le nombre de descendants produits est plus important que le nombre que le milieu permet de maintenir.
- Les individus varient pour leur capacité à survivre et à se reproduire et une partie de cette variation est déterminée génétiquement et transmissible à la descendance.
- Les individus qui survivent mieux et qui se reproduisent plus produisent plus de descendants que les autres.

Cela conduit à une augmentation de la fréquence des allèles favorables dans la population.

La sélection - *fitness*

« Les individus varient pour leur capacité à survivre et à se reproduire » (diapo précédente)

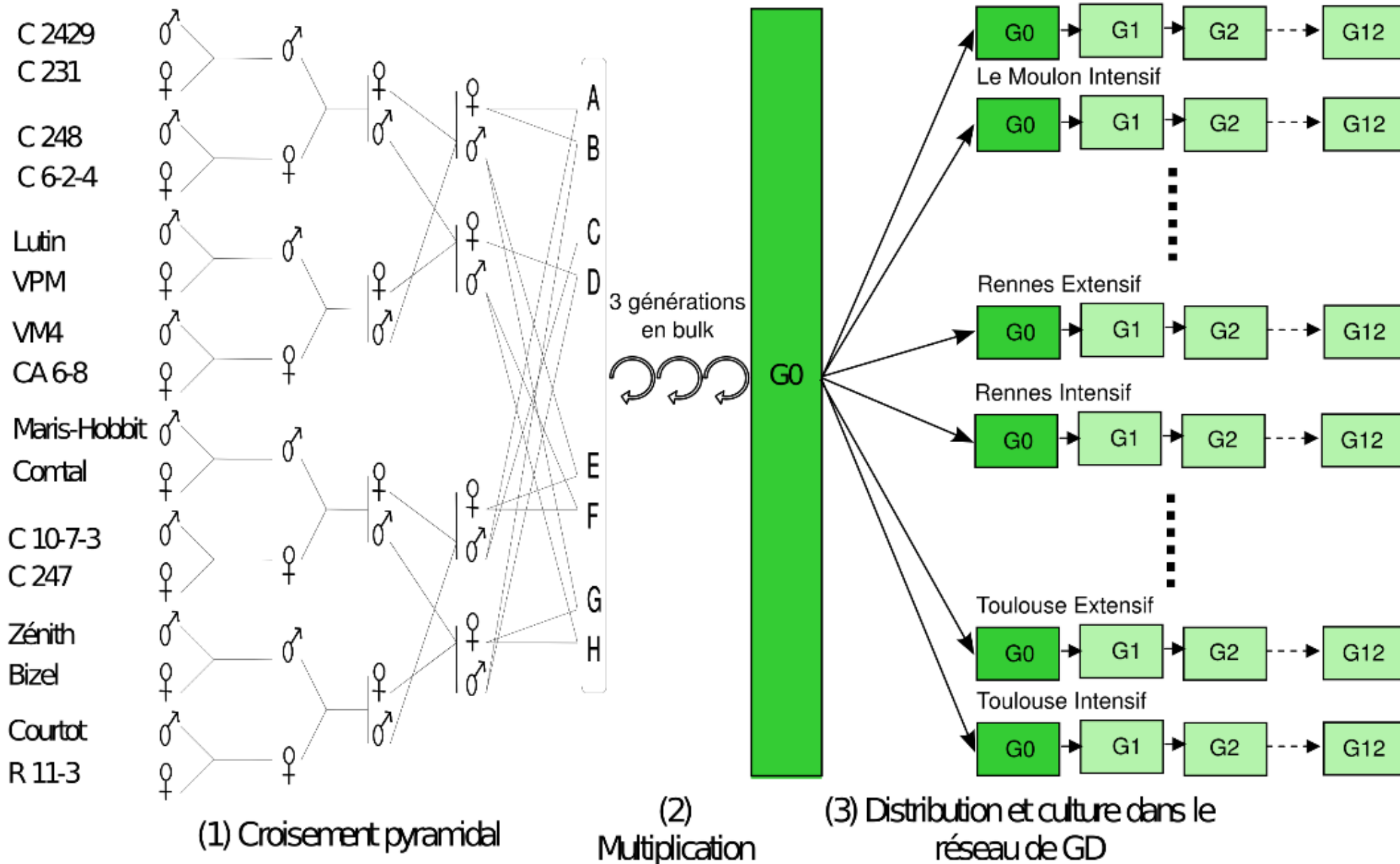
→ C'est la notion de *fitness* ou de valeur sélective d'un individu. C'est une notion centrale en génétique évolutive.

Mais très difficile à estimer, à mesurer expérimentalement !

- Caractère intégrateur : germination, croissance, résistance aux aléas, capacité à produire des gamètes, à les disperser, à produire des graines de qualité...
- Caractère dynamique : les caractères adaptatifs dans un environnement ne le sont pas forcément dans un autre (croissance en hauteur), ou pas dans le même sens (phénologie)

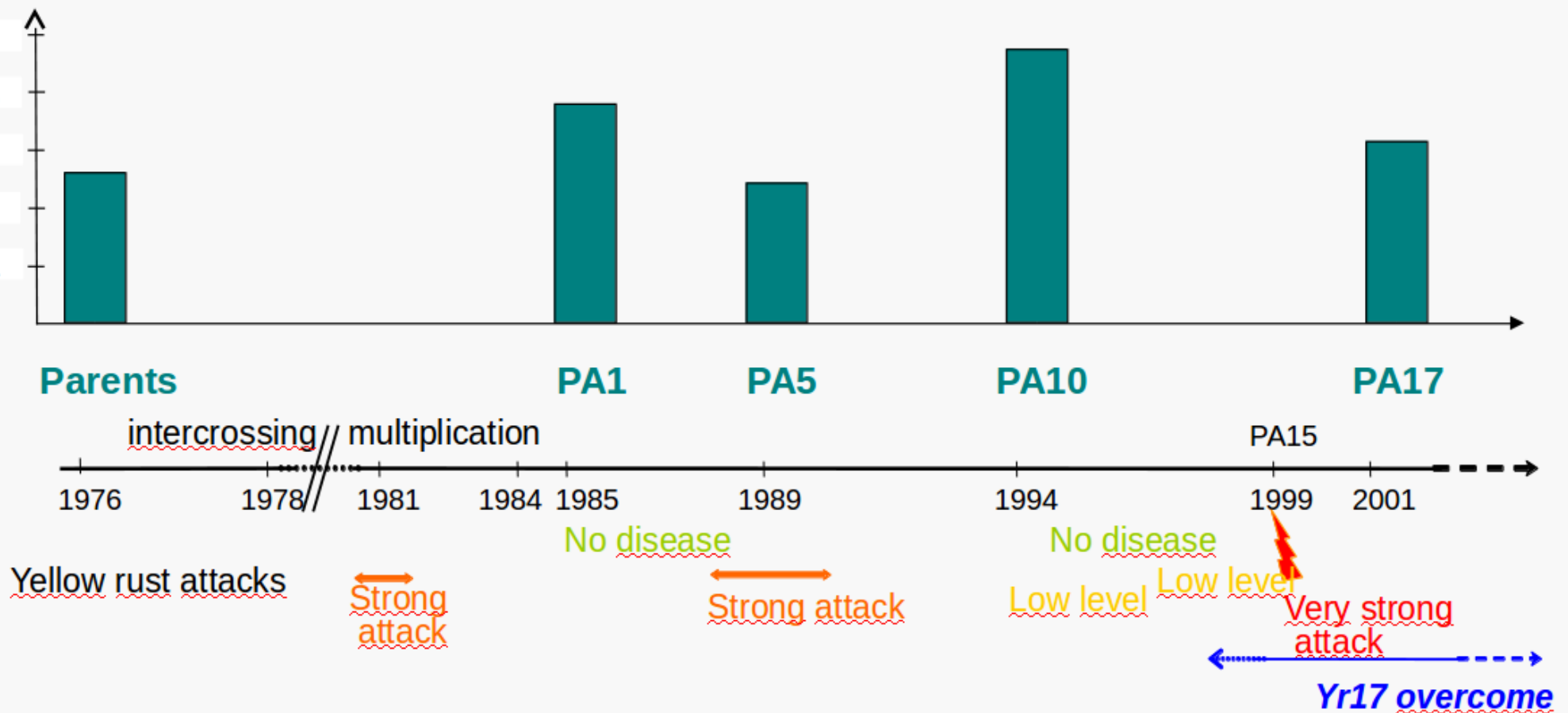
Expérience d'évolution expérimentale chez le blé

INRA Le Moulon – Isabelle Goldringer



La sélection

Evolution d'un gène majeur de résistance à la rouille (*Yr17*) en relation avec les attaques de la maladie



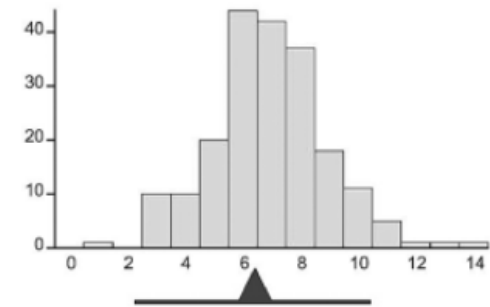
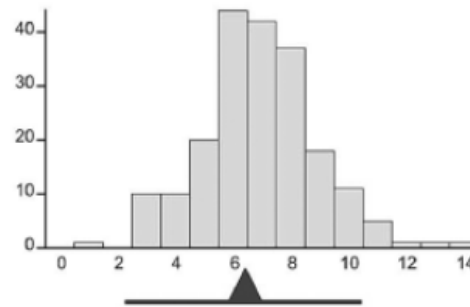
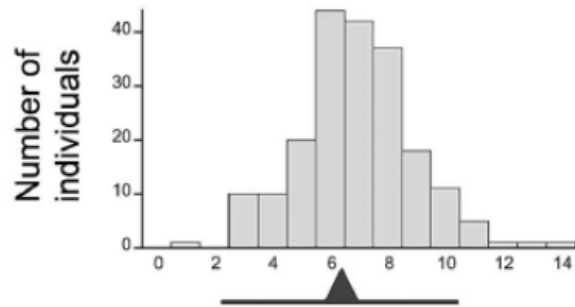
INRA Le Moulon – Isabelle Goldringer

Directional selection

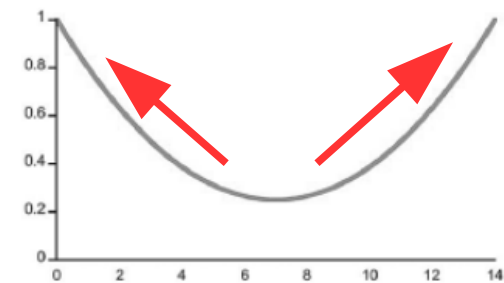
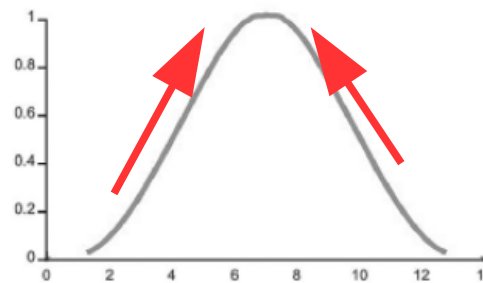
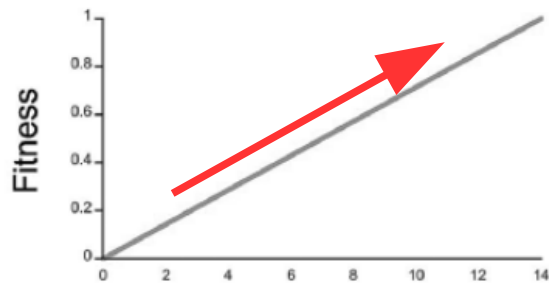
Stabilizing selection

Disruptive selection

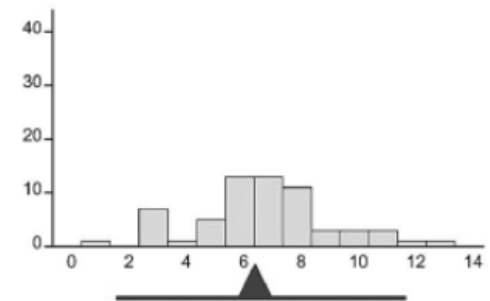
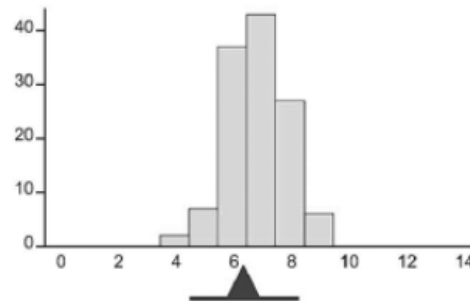
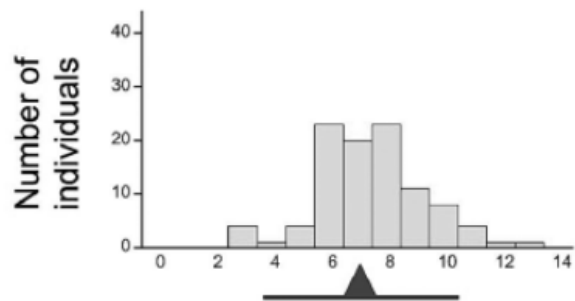
Before selection



During selection



After selection



Phenotype under selection

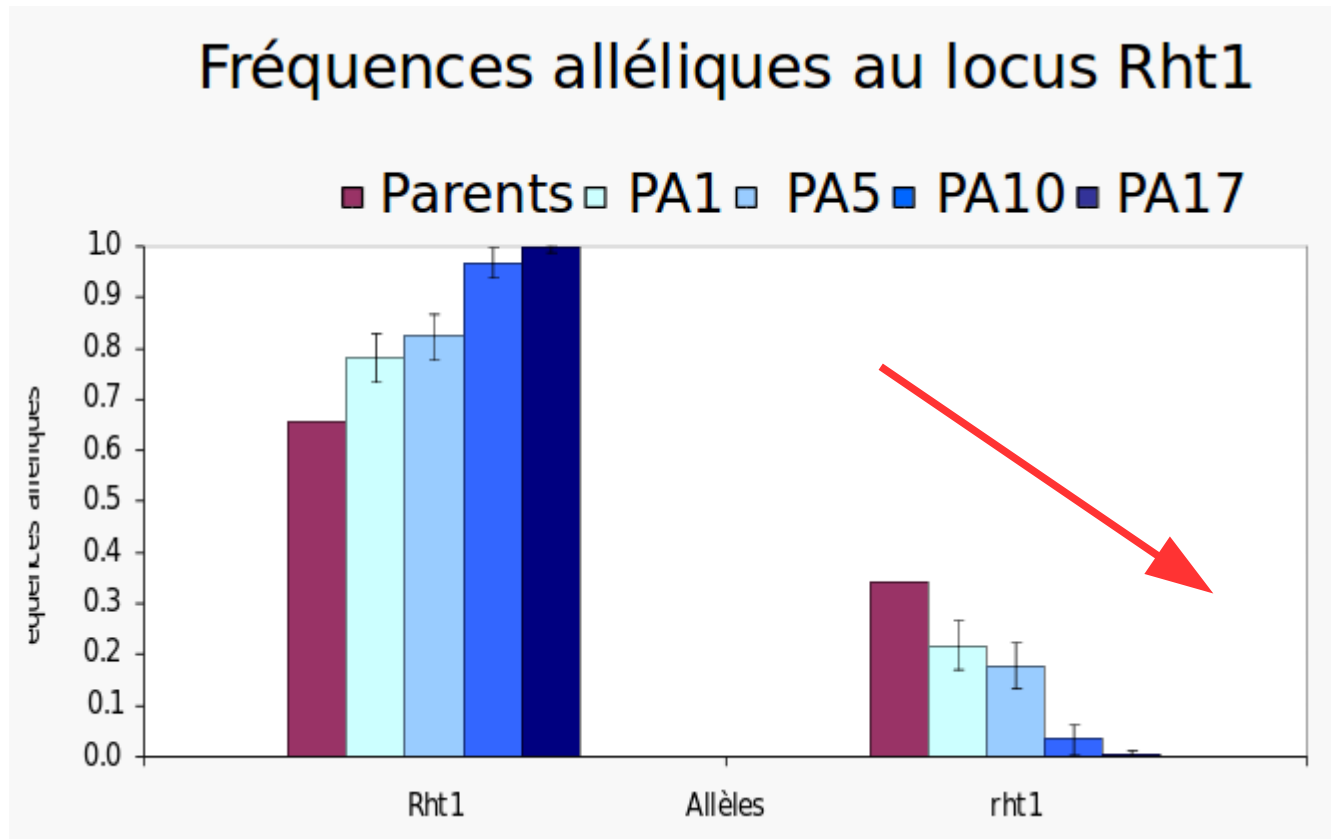
Kingsolver et al, 2007

La sélection

Sélection positive pour la hauteur due à la compétition entre individus dans les populations expérimentales de blé tendre :

- G1 : 109 cm → G10 : 120 cm

Disparition d'un gène majeur de nanisme en 17 générations



INRA Le Moulon – Isabelle Goldringer

Les modes de reproduction

La production de nouveaux individus peut se faire :

- Par voie sexuée : la fécondation d'un ovule par un grain de pollen produit une graine.
- Par voie asexuée : bouturage, greffage...

Les conséquences sont différentes en termes de génétique :

- La voie sexuée fait intervenir le triptyque méiose/recombinaison/fécondation (cf. la suite)
- La voie asexuée reproduit l'unique parent à l'identique (à la mutation près). Le parent et le descendant forment un clone.

La méiose et la recombinaison

Lors de la méiose, les chromosomes homologues s'apparient entre eux et recombinent.

Un seul chromosome de chaque paire est transmis au gamète : les gamètes sont haploïdes.

C'est la fécondation, l'union de 2 gamètes qui redonne un zygote diploïde (*pour les espèces diploïdes ou se comportant de cette façon!*).

Cette étape de recombinaison et de fécondation ne modifie pas les fréquences alléliques mais elle crée de nouvelles associations entre les allèles :

- Sur le même locus
- Entre locus

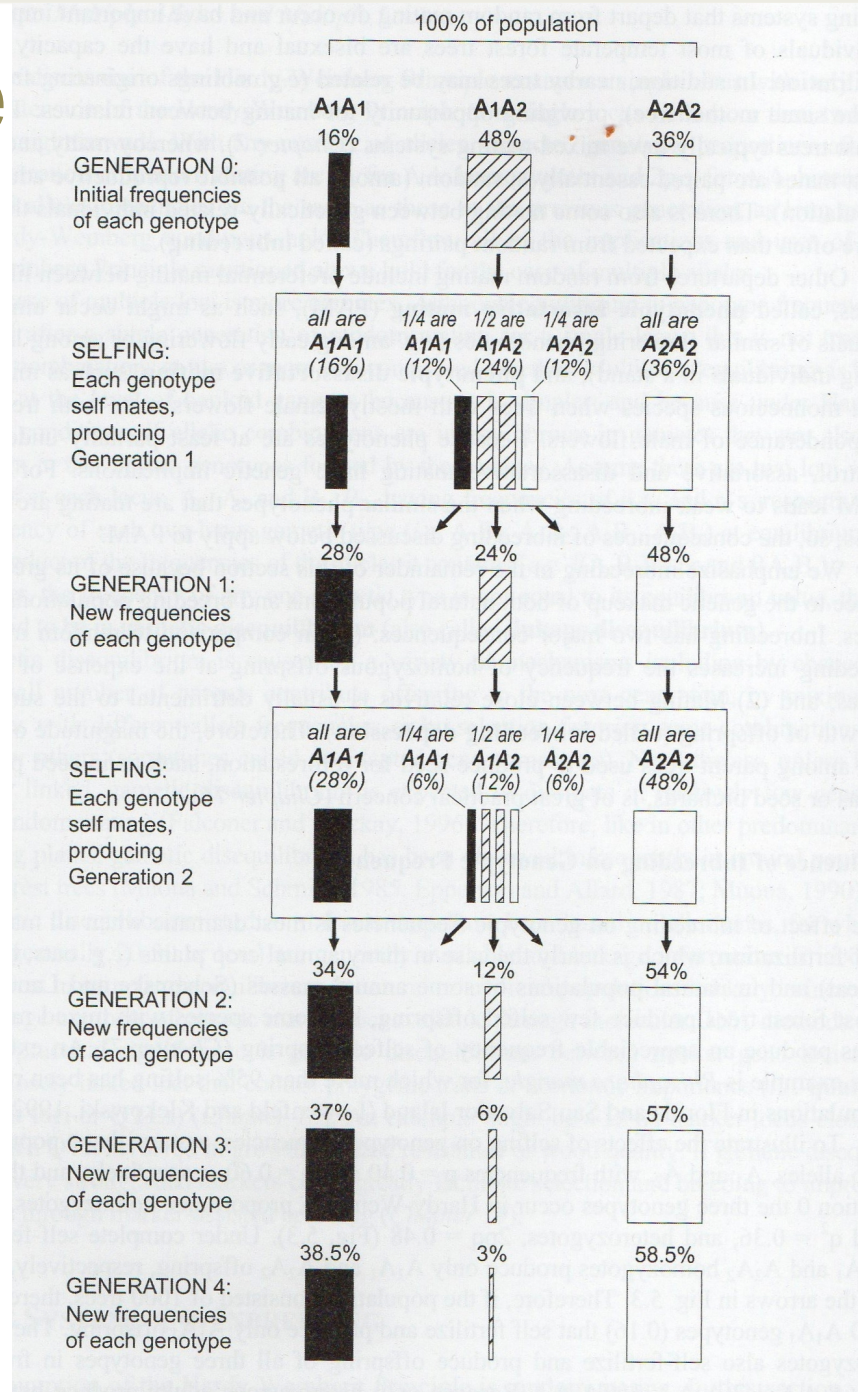
Le régime de reproduction

Le régime de reproduction est la manière dont les individus d'une population ou d'une espèce se reproduisent par voie sexuée. Deux grands régimes de reproduction existent :

- **Allogamie** : les fécondations se font principalement voire exclusivement entre individus différents
- **Autogamie** : les fécondations se font entre gamètes d'un même individu, ce sont des autofécondations

Toute la gamme entre ces 2 extrêmes est possible et le régime de reproduction peut aussi être modifié en fonction de l'environnement (densité de reproducteurs par exemple).

Autogamie



Le régime de reproduction

Le régime de reproduction n'influence pas les fréquences des allèles mais les fréquences génotypiques par l'arrangement des allèles entre eux :

- l'allogamie a tendance à augmenter le taux de locus hétérozygotes
- l'autogamie a tendance à augmenter le taux de locus homozygotes

Comme la migration, ce mécanisme « neutre » peut avoir, par le filtre de la sélection, des conséquences évolutives importantes.

Impact du changement climatique !

Tous ces mécanismes interagissent

Les différents mécanismes n'ont pas les mêmes conséquences sur la diversité génétique donc leurs effets peuvent se contre-carrer.

La sélection peut être vue comme un filtre à ajouter à l'effet des autres forces évolutives.

Mais la sélection n'est pas totipotente, les autres forces comme la dérive ou la migration peuvent en limiter l'impact.

Nous allons voir différents exemples d'interactions entre les différents mécanismes.

Sélection vs. mutation

La mutation est une force neutre, les mutations surviennent aléatoirement.

Les mutations silencieuses sont des mutations qui n'ont pas d'impact sur le phénotype : elles ne s'expriment pas.

Les autres mutations vont changer le phénotype et donc subir le filtre de la sélection :

- Elles peuvent avoir un impact positif et être sélectionnées
- Ou délétères et contre-sélectionnées

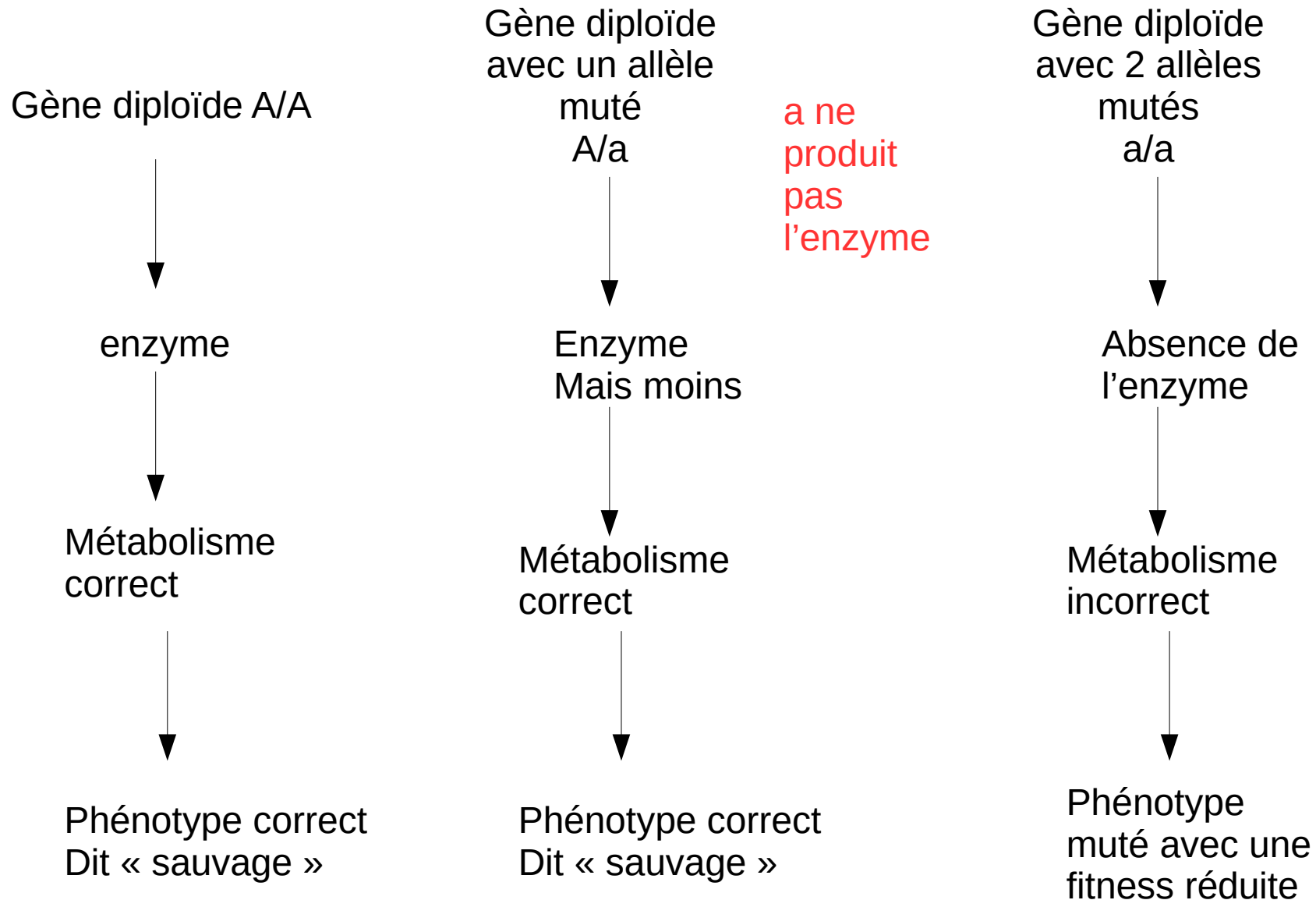
Sélection, mutation et dominance

Si on considère que la sélection est totipotente, pour qu'une nouvelle mutation délétère soit contre-sélectionnée, il faut qu'elle s'exprime, qu'elle ait un impact sur le phénotype.

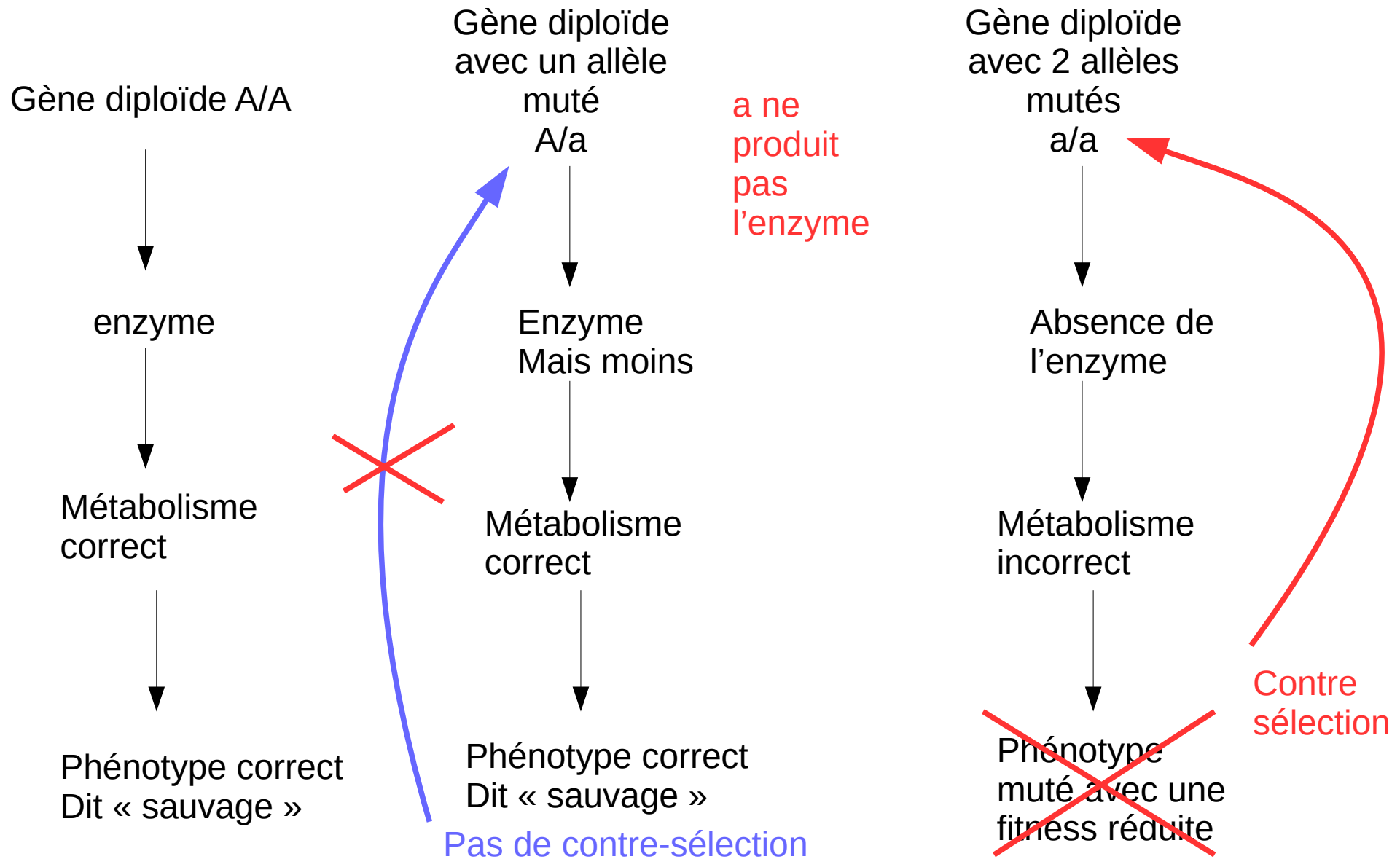
Ici, on retrouve les notions d'interaction des allèles à un locus, les notions de **dominance**. Un allèle peut être :

- Dominant : son impact sur le phénotype efface l'effet de l'autre allèle
- Récessif : son impact sur le phénotype est effacé par l'autre allèle
- Co-dominant : les deux allèles ont un impact égal sur le phénotype

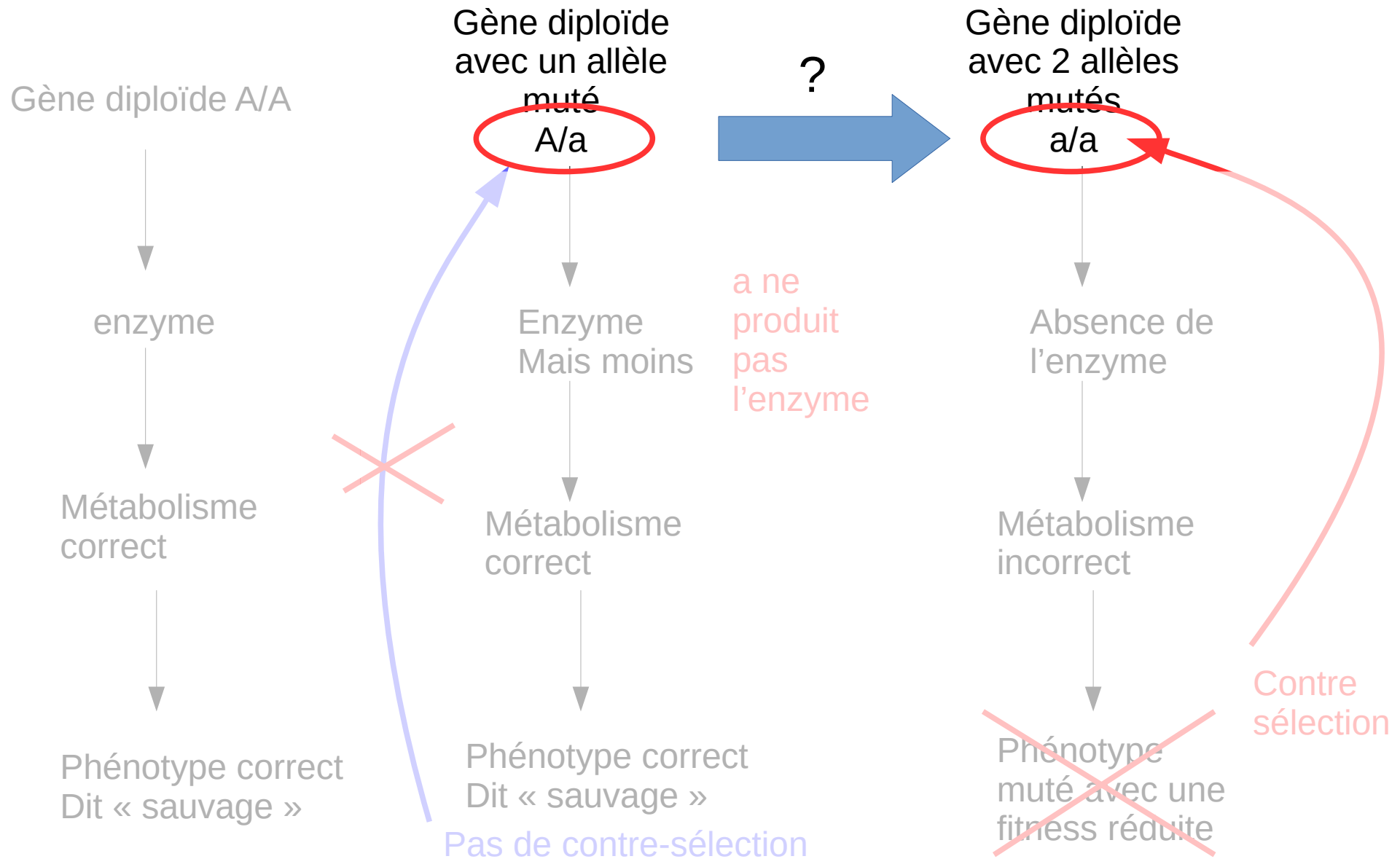
Mutation récessive



Mutation récessive

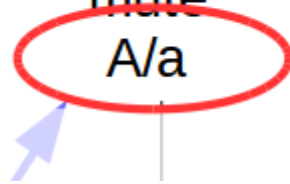


Mutation récessive

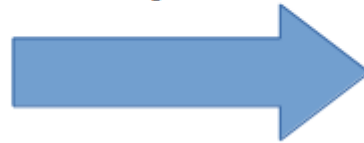


Sélection, mutation, dominance et...

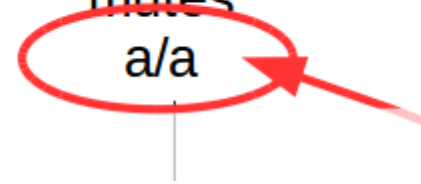
Gène diploïde
avec un allèle
muté



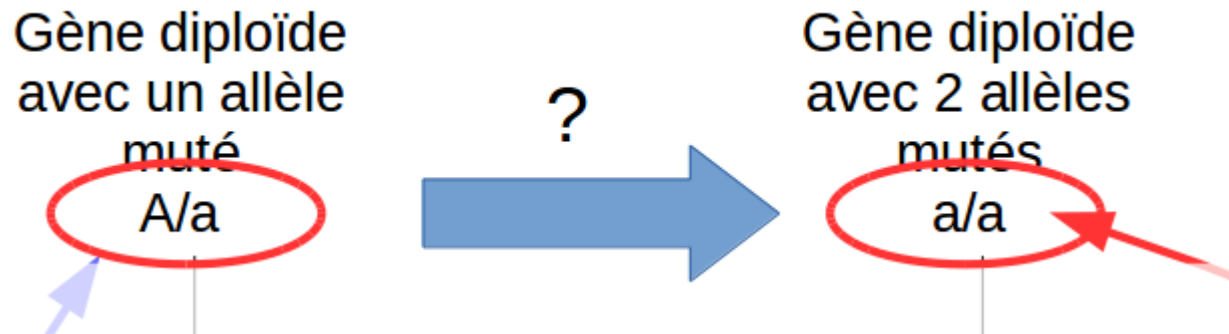
?



Gène diploïde
avec 2 allèles
mutés



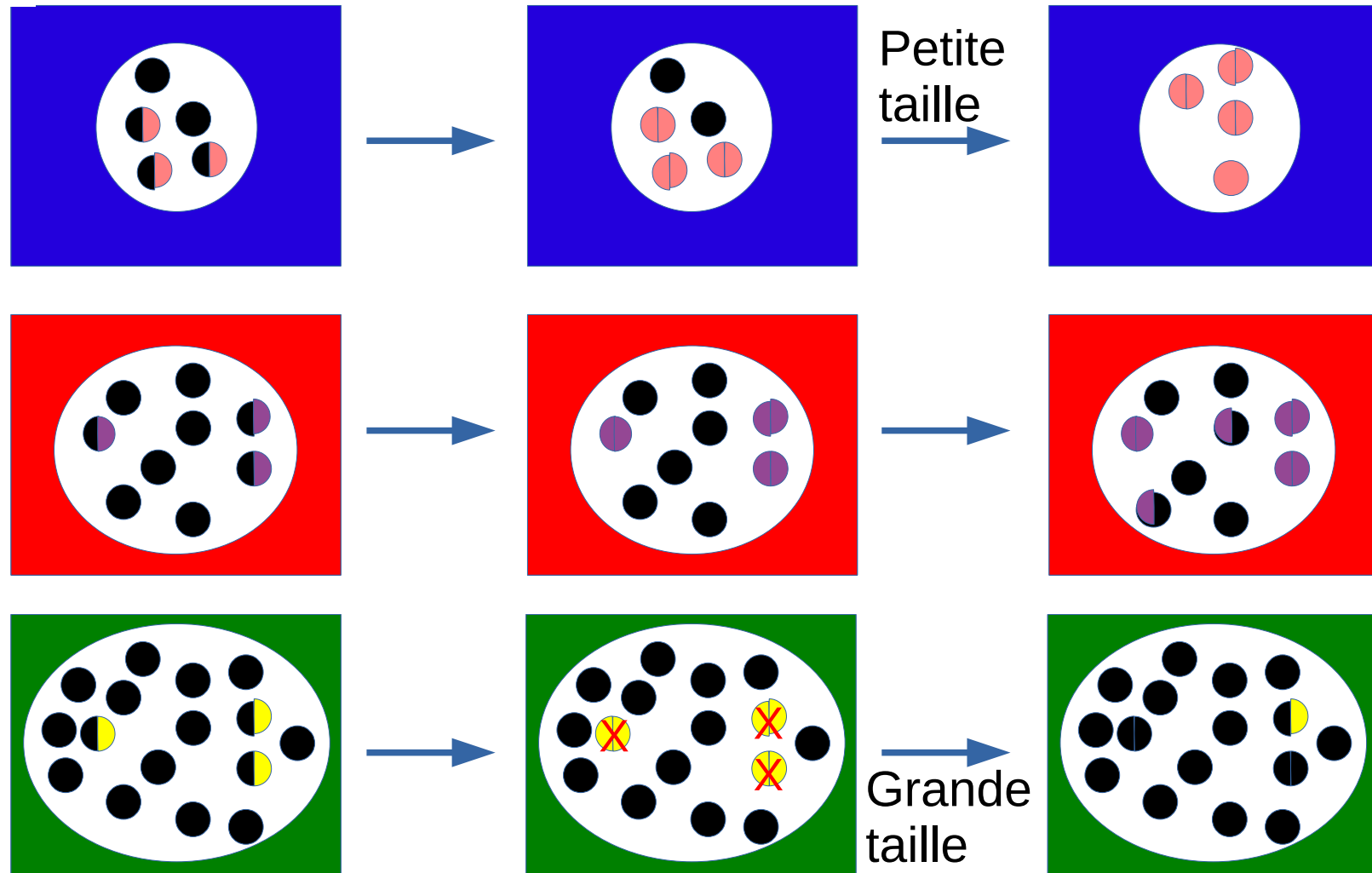
Sélection, mutation, dominance et...



Le taux d'homozygotes peut augmenter par

- Autogamie ou croisement entre apparentés (individus proches génétiquement)
- Manque de diversité dans la population :
 - Il y a beaucoup de « a »
 - Tout le monde est apparenté

Sélection, mutation, dominance et dérive



- dépression de consanguinité dans la population rouge
- fardeau génétique dans la population bleue

Sélection, mutation, et dominance, dérive et régime de reproduction

Ces interactions qui impactent la contre-sélection des mutations délétères ont aussi un effet sur la sélection d'allèles favorables :

- Les petites populations sont supposées avoir plus de difficultés à s'adapter à cause de la dérive
- L'impact du régime de reproduction sur l'efficacité de la sélection est un sujet de recherche.

Les populations d'arbres sont assez grandes en général mais ces mécanismes peuvent toucher des populations marginales ou avec un faible nombre de reproducteurs.

Migration et sélection

Nous l'avons déjà évoqué : la migration est le transfert d'allèles d'une population à une autre mais pour qu'elle ait un impact sur la génération suivante, il faut que les allèles passent le crible de la sélection.

Or, les populations peuvent être adaptées localement à leur environnement. Les individus qui arrivent dans un nouvel environnement présentent des risques de maladaptation.

Ex : transfert de provenances du sud vers le nord pour adapter les populations au CC en incorporant des caractères de résistance à la sécheresse. Les populations du sud peuvent être plus précoces et donc sensibles aux gels tardifs de printemps.

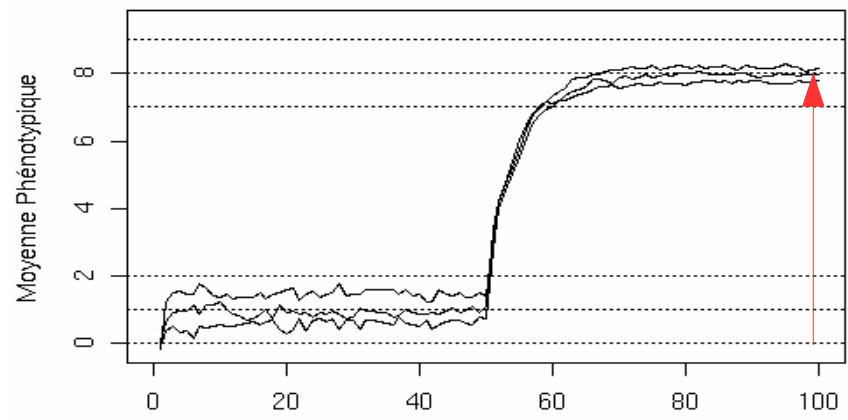
Sélection et migration

L'action de la sélection peut-être contre-carrée par la dérive et le régime de reproduction mais aussi par la migration.

En effet la migration peut apporter des allèles non adaptés localement et, si les flux de gènes sont trop importants ou s'ils viennent de populations trop éloignées, ils peuvent limiter l'adaptation locale.

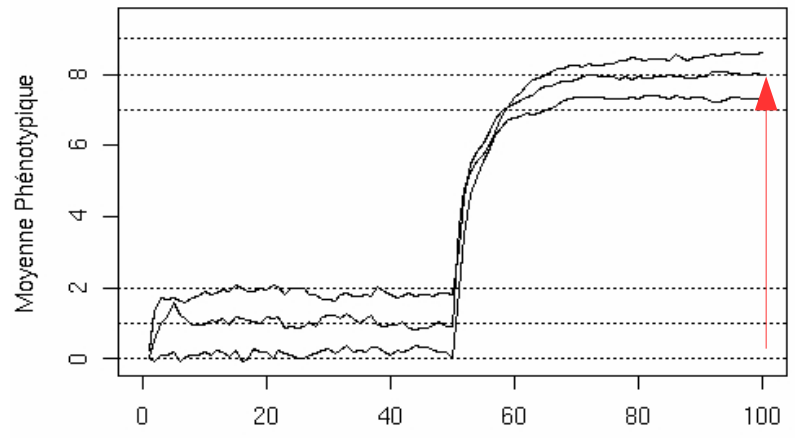
Sélection et migration

Résultats de simulations



Modification de l'optimum locale à cause du changement climatique par exemple

migration trop importante

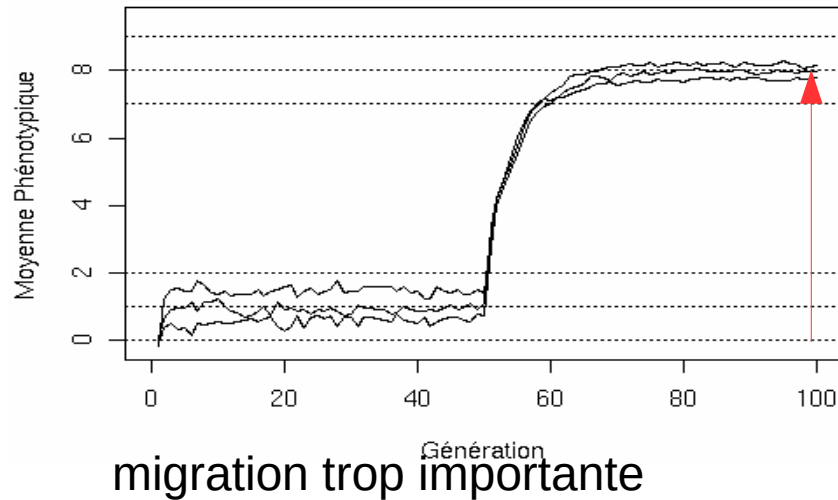


migration "optimale"

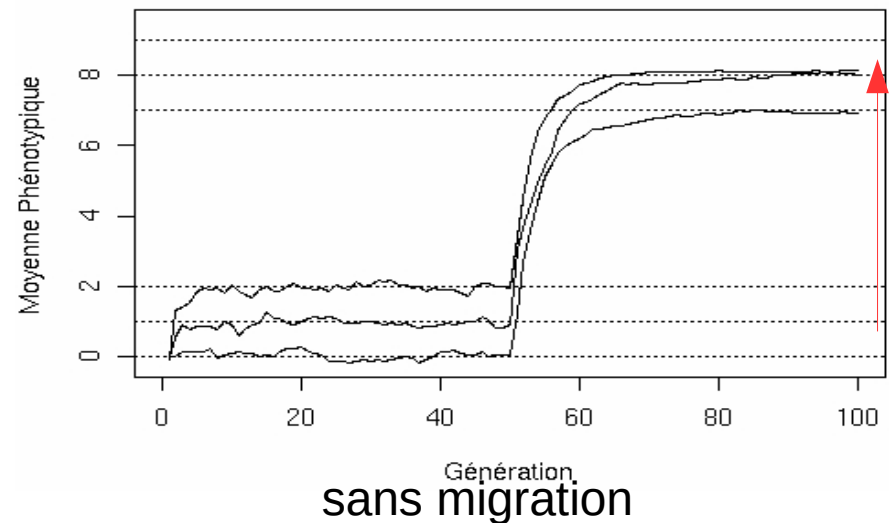
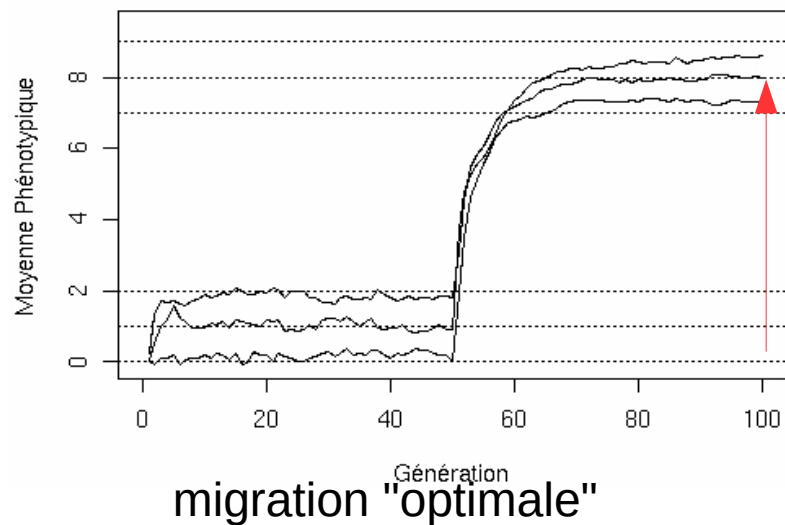
sans migration ?

Sélection et migration

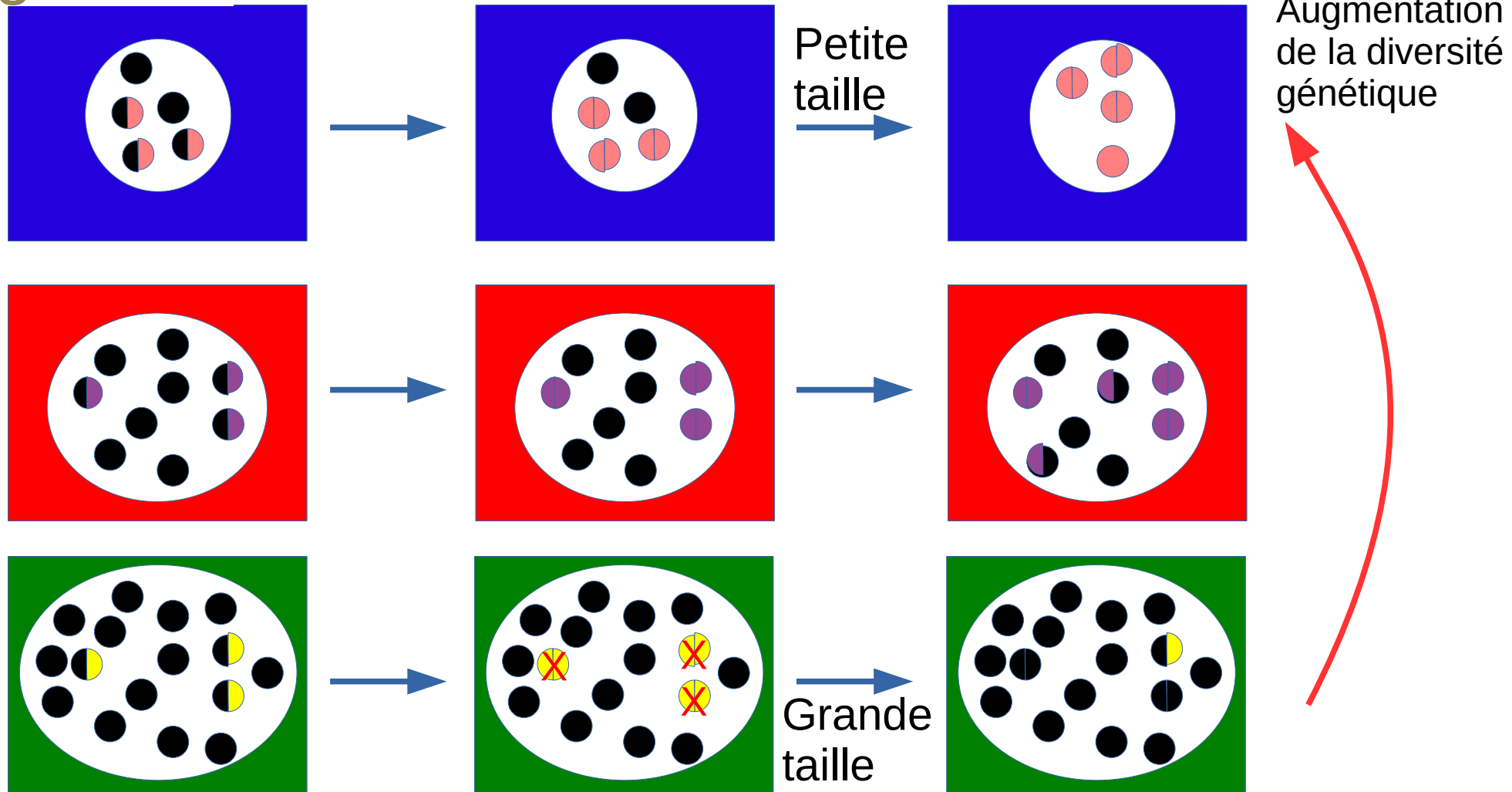
Résultats de simulations



Modification de l'optimum locale à cause du changement climatique par exemple



Mutation, dominance, dérive et migration !



- dépression de consanguinité dans la population rouge
- fardeau génétique dans la population bleue

Sélection et ...contraintes génétiques

D'autres contraintes pour la sélection sont liées au fait qu'un caractère, un gène ou les gènes déterminants un caractère ne sont pas indépendants des autres caractères, des autres gènes :

- Covariation fonctionnelle
- Liaison génétique (physique ou statistique)

Conclusions ?

L'adaptation des populations par sélection naturelle, même « aidée » par l'Homme :

- n'est pas sans limites
- peut être longue
- est contrainte
- va modifier les ressources en places !
- peut/doit être une partie de la solution

La gestion forestière doit continuer à préserver la diversité génétique des peuplements et leur « bon fonctionnement » génétique.

Exercices



NOTE

DE SERVICE

N° NDS-10-T-320

le 16/12/2010

Diffusion interne : T
Diffusion externe : 1 – FNCOFOR
Service rédacteur : DTCB
Plan de classement : 5.90- 6.50

Direction Générale
2, av. de Saint-Mandé
75570 Paris Cedex 12

Objet : Gestion des ressources génétiques dans les forêts publiques

Mots-clés : Diversité-génétique, ressource-génétique, politique-environnementale, aménagement-forestier, régénération-artificielle, régénération-naturelle, sylviculture, matériel-forestier-de-distribution, S.I.G

Processus de rattachement : Mettre en œuvre les aménagements (SAM)

Autres (sous-)processus concernés : Assurer un support technique(TEC),
Elaborer les aménagements (EAM), Réaliser des travaux (TRA)

Références :

Plan d'action Forêts de la Stratégie Nationale pour la Biodiversité.

Instruction INS-09-T-71 du 29 octobre 2009 relative à la conservation de la biodiversité dans la gestion courante des forêts publiques.

Instruction INS-09-T-66 du 3 mars 2009 relative à l'adaptation de la gestion forestière au changement climatique.

Exercices

Principales consignes pour une diversité génétique optimale lors d'une régénération naturelle

- 1 - ne pas régénérer naturellement les peuplements phénotypiquement médiocres eu égard aux potentialités du milieu ou lorsque la mauvaise qualité des bois (rectitude, branchaison, fourches) est due à l'origine génétique du peuplement ;
- 2 - ne régénérer naturellement les peuplements isolés (> 300 m) du point de vue de l'espèce ou d'origine inconnue et de faible taille (< 3 ha) que si leur base génétique est reconnue suffisamment large ([redacted] nécessaire) ;
- 3 - maintenir, à la coupe d'ensemencement, au moins 30 semenciers / ha de l'essence objectif et susceptibles de fleurir et fructifier;
- 4 - en futaie mélangée, s'assurer que les bouquets monospécifiques ne sont pas trop isolés ; favoriser les croisements entre bouquets en maintenant une continuité génétique par des arbres-relais et en rendant perméable des rideaux d'arbres pouvant faire obstacle à la pollinisation ;
- 5 - pour maximiser les contributions des semenciers, veiller à ce que la coupe définitive n'intervienne pas moins de 5 ans après l'ensemencement, sauf apparition massive de semis avant ce délai lors d'années à très forte fructification ;
- 6 - veiller à ce que la densité de semis naturels soit au minimum égale à celle prescrite dans les guides de sylviculture, pour permettre à [redacted] de s'exercer efficacement.

Exercice

Q1 – En utilisant les notions abordées dans le cours, expliquer brièvement les mécanismes génétiques en jeu derrière les recommandations 1 à 4 de cette note de service.

Q2 – Pour la recommandation 2, proposer des méthodes pour évaluer la diversité génétique d'un peuplement en place.

Q3 – Sachant que les capacités de reproduction d'un individu peuvent varier selon les années, expliquer la recommandation 5.

Q4 – Identifier la force évolutive en jeu dans la recommandation 6.

Exercices

AFORCE

RMT Adaptation des forêts
au changement climatique

Un Réseau pour l'Adaptation des forêts au Changement Climatique

Accueil
Le réseau et ses actions
Projets et réalisations
Manifestations
Espace Partenaires
Espace personnel

Recherchez

Vous êtes ici: Accueil > Le réseau et ses actions > Actions du réseau > Appels à projets

Actions du réseau

- Appels à projets
 - Présentation
 - Appels à projets en cours
 - Cahier des charges
 - Procédure de sélection
 - Projets validés
- Manifestations
- Groupes de travail

Projets validés

Projets de l'appel à projets 2016

Intitulé du projet	Coordinateur(s)
MACCLIF - Prise en compte des Mesures d'Adaptation au Changement CLlimatique par les gestionnaires Forestiers	Annabelle AMM GIP ECOFOR
Évaluation des impacts génétiques de pratiques sylvicoles pour l'adaptation	François LEFEVRE INRA Avignon



Exercices

AFORCE

RMT Adaptation des forêts
au changement climatique



Un Réseau pour l'Adaptation des forêts au Changement Climatique

Accueil
Le réseau et ses actions
Projets et réalisations
Manifestations
Espace Partenaires
Espace personnel

RMT Impacts Génétiques des Sylvicultures (IGS)

CR réunion du 15/11/2016 Paris

- Appels a projets en cours
- Cahier des charges
- Procédure de sélection
- Projets validés
- Manifestations
- Groupes de travail

Intitulé du projet	Coordinateur(s)	
MACCLIF - Prise en compte des Mesures d'Adaptation au Changement CLImatique par les gestionnaires Forestiers	Annabelle AMM GIP ECOFOR	
Évaluation des impacts génétiques de pratiques sylvicoles pour l'adaptation	François LEFEVRE INRA Avignon	

Exercices

Questions liées à la conduite du peuplement

5. Quels sont les impacts génétiques comparés de différentes dynamiques sylvicoles en peuplement régulier : densité initiale (dépressage ou plantation), fréquences et intensité des éclaircies ?

Q5 – Sachant qu’une des solutions envisagée pour réduire la sensibilité des peuplements au stress hydrique est de réduire la densité, quels sont les impacts génétiques auxquels on peut s’attendre ?

8. Dans un peuplement fortement hétérogène, avec des zones moins fertiles (stress local), peut-on valoriser ces zones pour adapter le peuplement à plus de perturbations, et si oui comment ?

Q6 – Quel est le processus évolutif impliqué implicitement dans cette question ? Essayer d’apporter des pistes de réponses à cette question 8.

Exercices



NOTE DE SERVICE

N° NDS-10-G-1684

Diffusion interne : G
Diffusion externe : 1 - FNCOFOR
Service rédacteur : DTCB
Plan de classement : 5.90- 6.50

le 20/12/2010

Objet : Réseaux nationaux de conservation *in situ* des ressources génétiques forestières

Mots-clés : Diversité-génétique, ressource-génétique, aménagement-forestier, régénération-artificielle, régénération-naturelle, sylviculture, sommie-de-la forêt, S.I.G

Processus de rattachement : Mettre en œuvre les aménagements (SAM)

Autres processus concernés : Assurer un support technique (TEC), Elaborer les aménagements (EAM), Gérer les évolutions du système d'information (MOI)

Exercices

2- Objectifs et caractéristiques des réseaux de conservation *in situ* :

Pour une espèce donnée, un réseau de conservation *in situ* des ressources génétiques constitue **un échantillon de populations naturelles représentant l'essentiel de la variabilité génétique de cette espèce identifiée sur le territoire national.**

Q7 – Pour quelle raison un tel réseau est mis en place ?

Exercices

Le choix des unités conservatoires (UC) répond aux critères suivants :

- a) **Composition et isolement** : L'UC est composée de deux parties distinctes : **en son centre, un noyau de conservation et, à sa périphérie, une zone tampon**. L'UC doit être d'une surface suffisamment grande et de forme aussi compacte que possible pour que le noyau de conservation soit protégé par sa zone tampon de la contamination pollinique à partir de populations voisines non indigènes ou apparentées et susceptibles de l'hybrider.
- b) **Origine** : L'UC **doit être composée d'individus autochtones**. L'origine autochtone des arbres (absence de plantation par l'homme, absence de contamination par des sources différentes de graines ou de pollen) doit être recherchée par des éléments historiques probants

Q8 – Sachant qu'une des solutions envisagées pour adapter les peuplements au CC est l'introduction de nouvelles provenances et espèces, décrivez les questions que cela peut poser pour les Unités Conservatoires.



Merci de votre attention et pour vos questions.

