

# Diversité génétique et adaptation au milieu

Dynamique de la diversité neutre et adaptative au niveau de la communauté: étude du complexe d'espèces *Eperua* en Guyane française

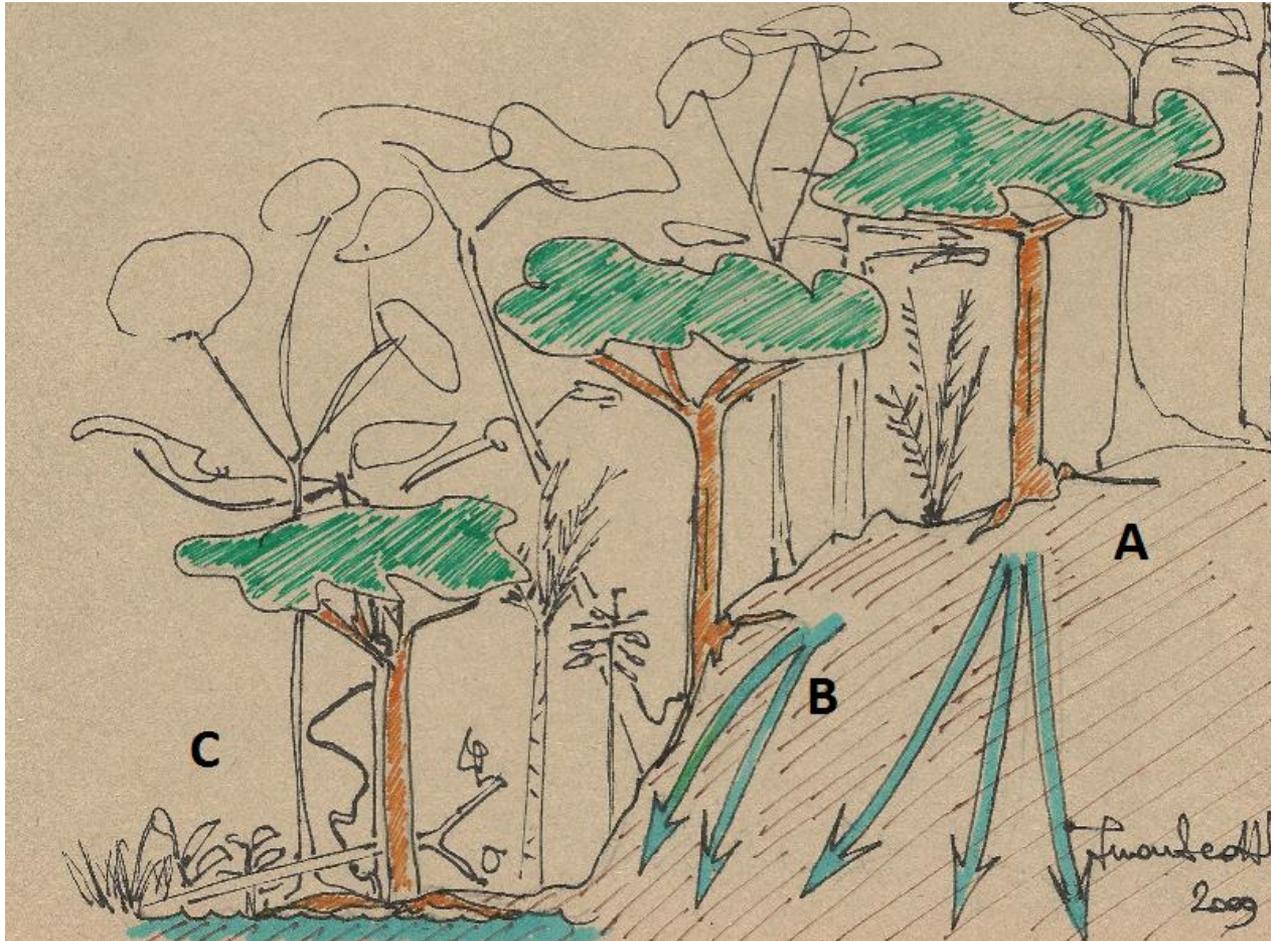
Ivan Scotti



# partenariat

- UMR EcoFoG: Ivan SCOTTI, Damien BONAL, Lilian BLANC, Caroline SCOTTI-SAINTAGNE, Delphine AUDIGEOS, Louise BROUSSEAU, Jean WEIGEL, Jocelyn CAZAL, Valérie TROISPOUX, Pierre SIRE
- UMR BIOGECO: Pauline GARNIER-GERE, Grégoire LE PROVOST

# Environnement et gènes



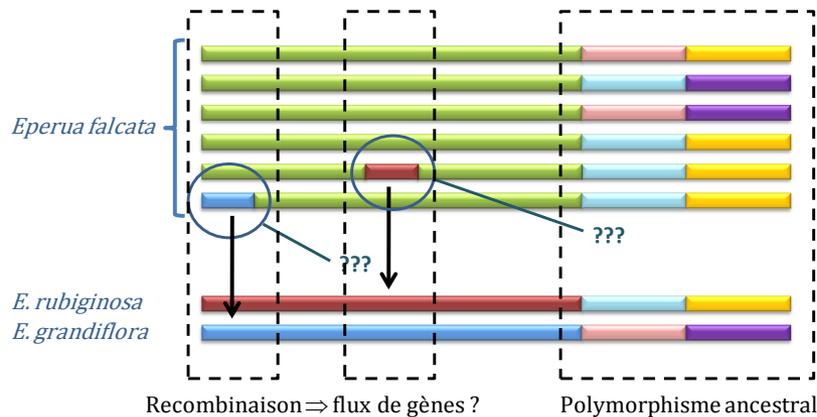
Adaptation locale, malgré les flux de gènes entre sous-peuplements?

# *Eperua* spp. (Fabaceae)

Distribution régionale (plateau des Guyanes)

Trois espèces avec des caractéristiques écologiques contrastées

Flux de gènes entre espèces -> complexe d'espèces?

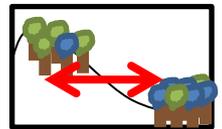
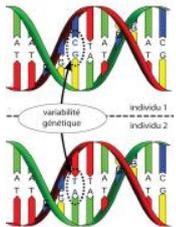


Zoom sur *E. falcata* (comportement écologique plastique)



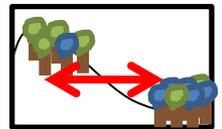
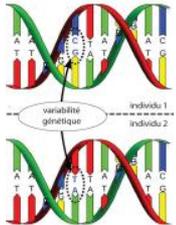
# Objectifs du programme

- Estimer la quantité de diversité génétique (quantitative) associée aux caractères physiologiques et de croissance
- Estimer la quantité de diversité génétique (moléculaire) associée à la diversité des milieux
- Rechercher un lien mécaniste entre diversité des milieux et différenciation génétique (-> divergence écologique)

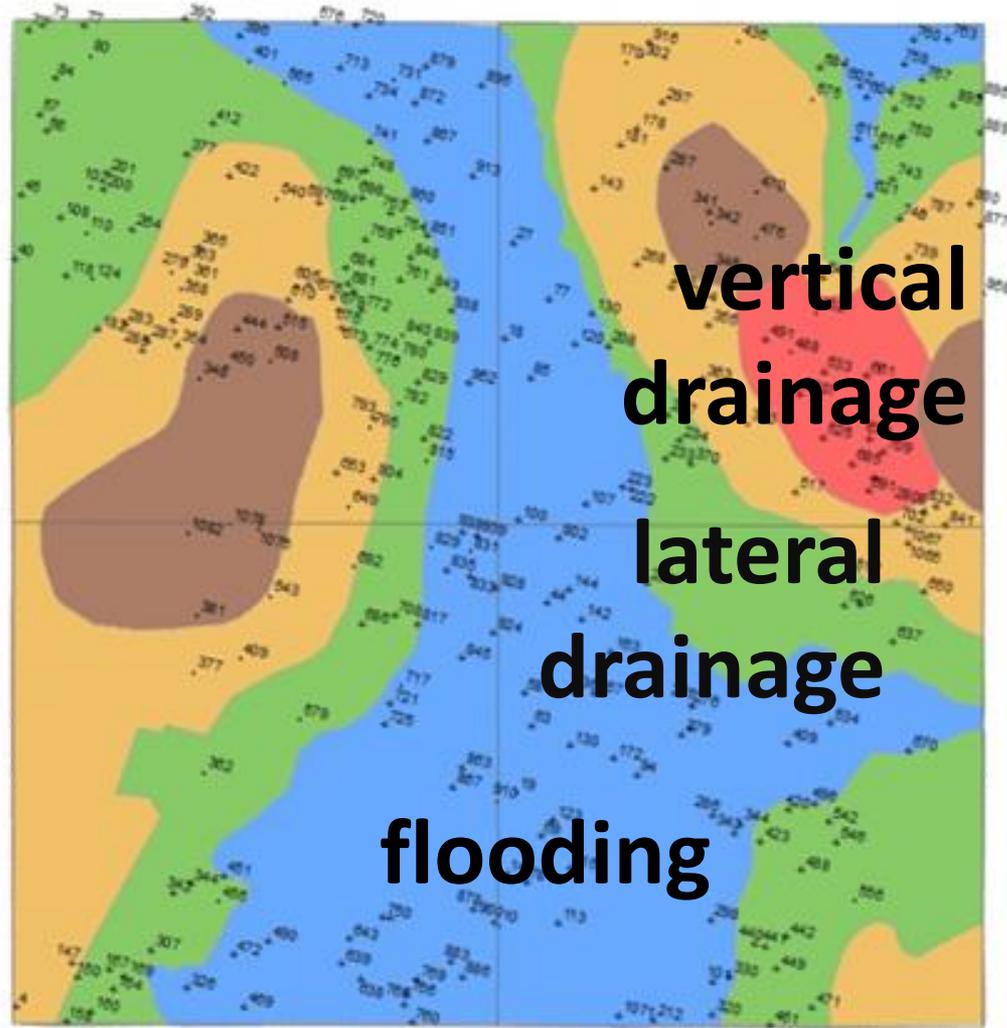


# Résultats du programme

- Identification de familles génétiques ayant des différences héritables de valeur des caractères et estimation des effets génétiques
- Identification de gènes potentiellement associés à la sélection opérée par le milieu
- Mise en évidence de l'existence d'un fort niveau de divergence génétique entre populations de milieux divergents



# The study area (Paracou, French Guiana)



100 m

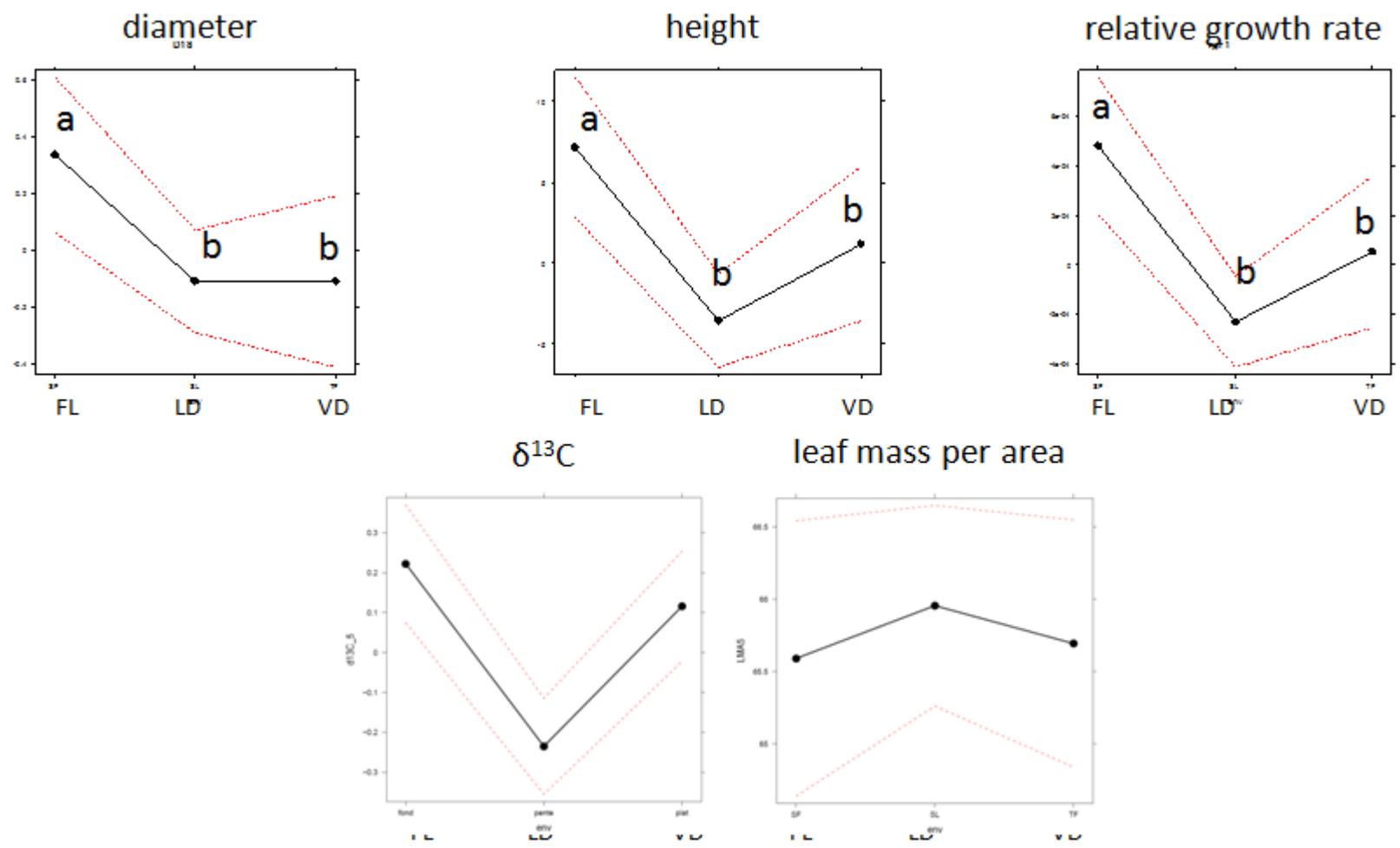


- Characterisation of >1200 seedlings from 18 open-pollinated families for quantitative traits in shadehouse



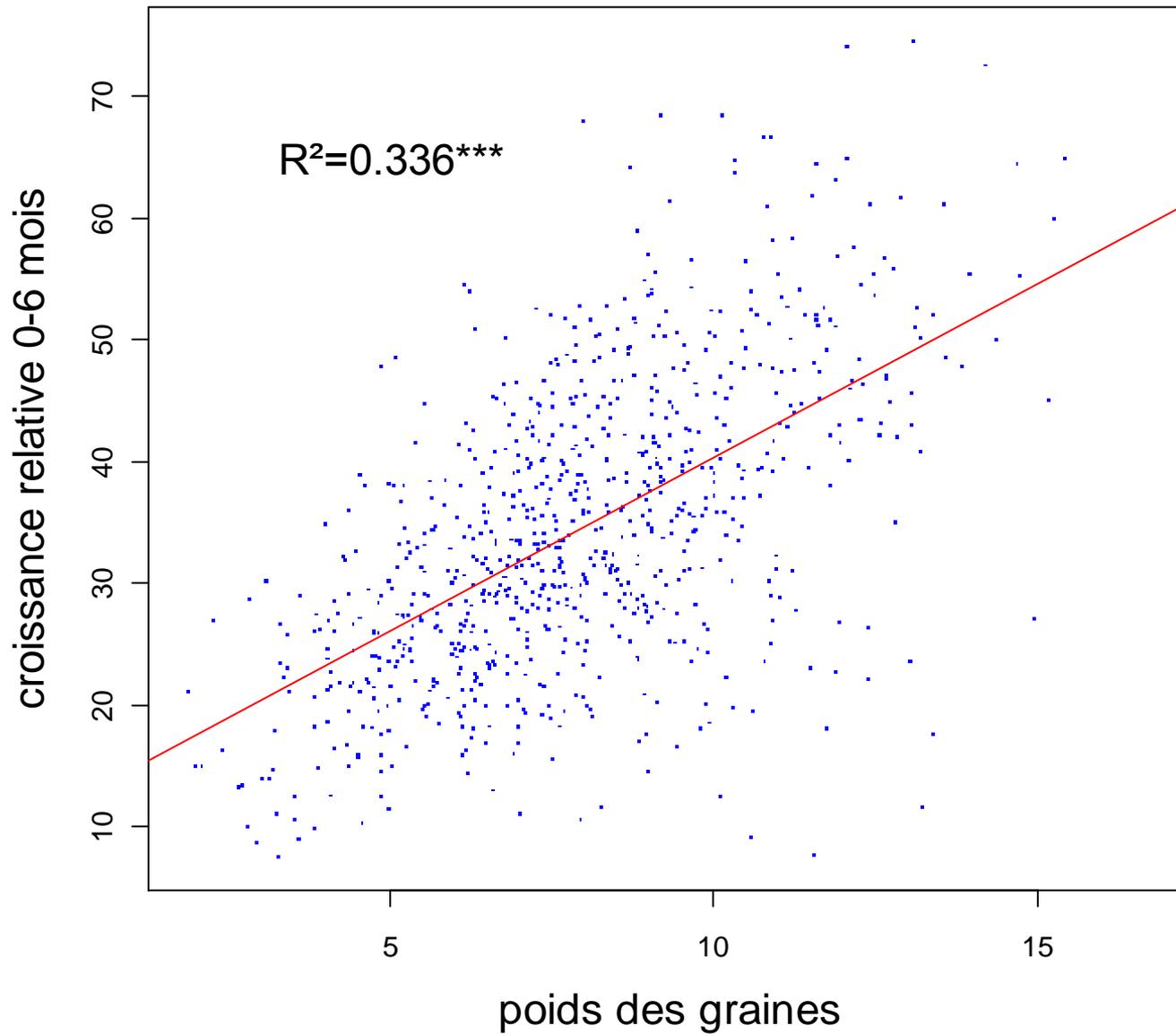


# Habitat-of-origin effects on quantitative traits (not environmental)



**Variable impact of maternal habitat**

Figure 2. Relation entre poids frais des graines et croissance relative initiale



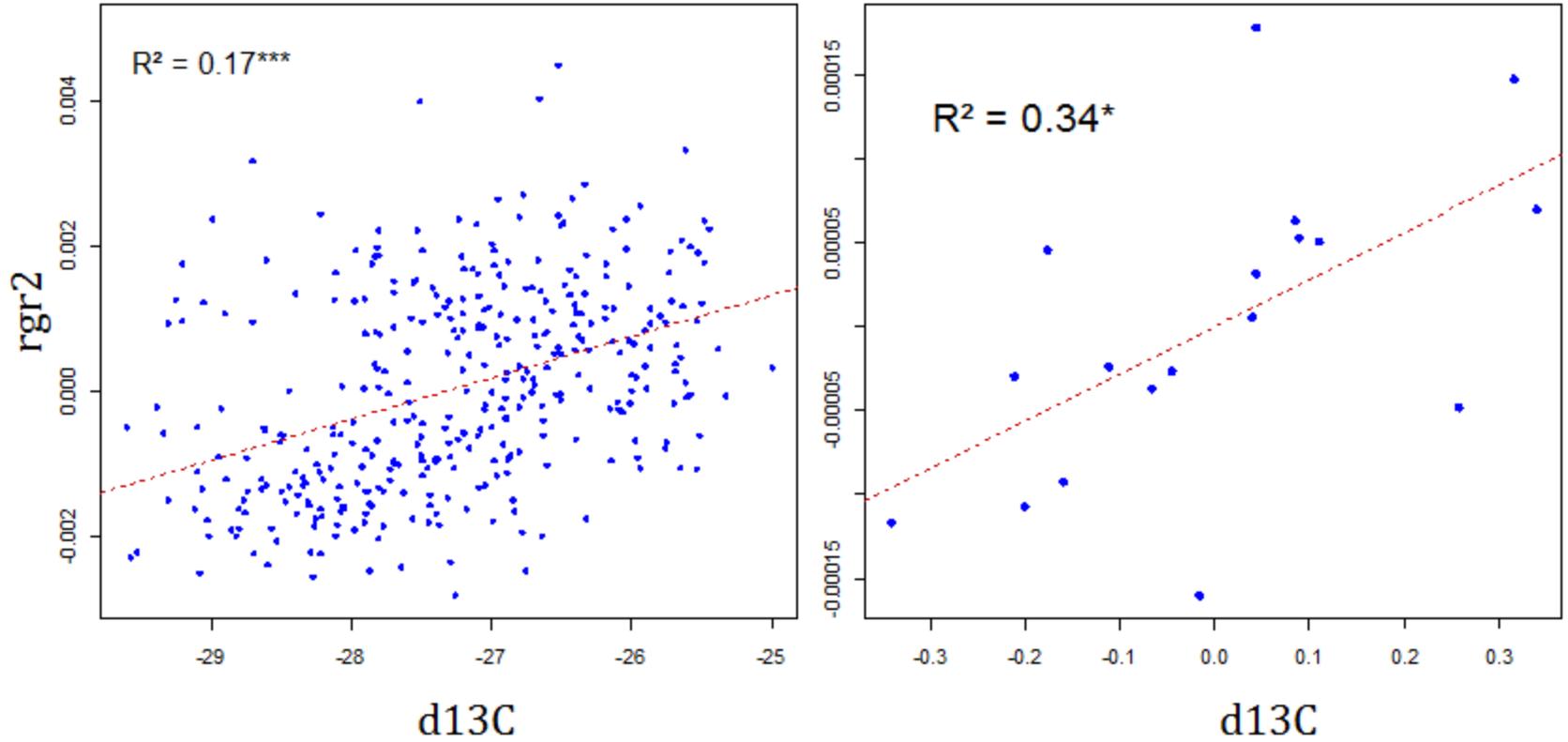
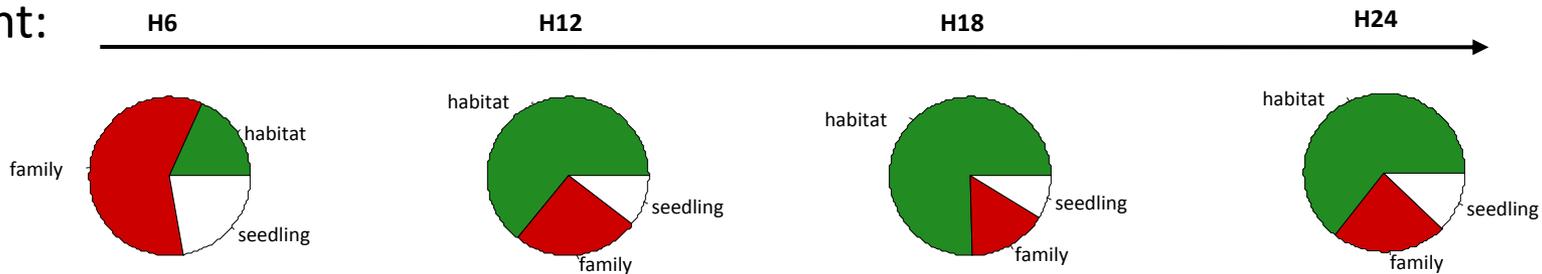


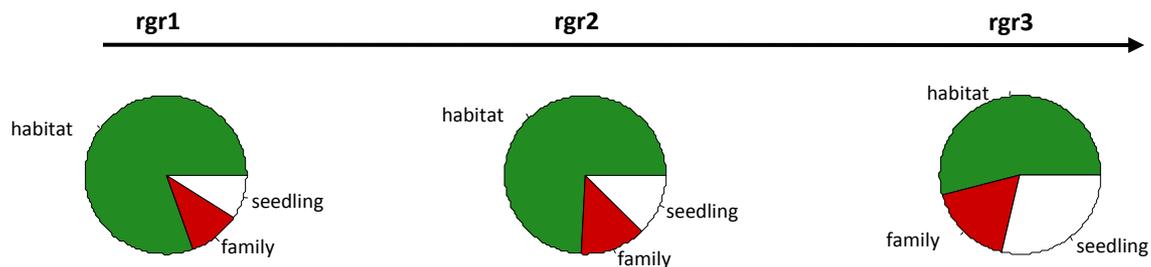
Figure 6. Corrélation phénotypique (gauche) et génétique (droite) entre discrimination isotopique du carbone (d13C) et croissance relative à 12 mois (rgr2)

# Variance components

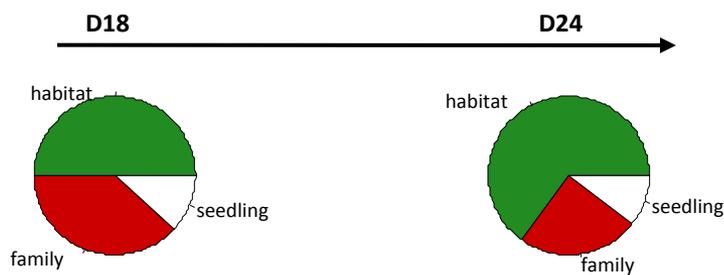
height:



relative growth rate:



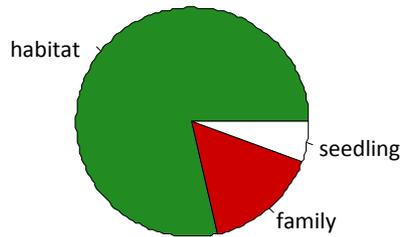
diameter:



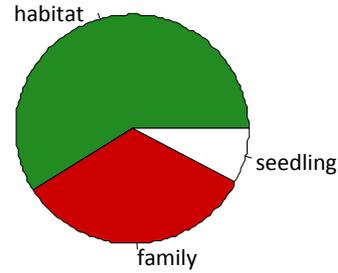
**traits vary (in time) in variance partition**

# Variance components

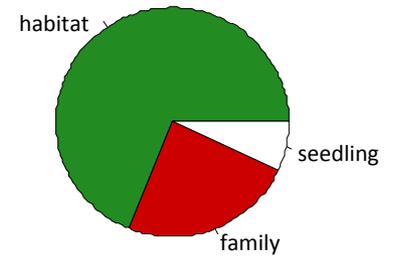
$\delta^{13}\text{C}$



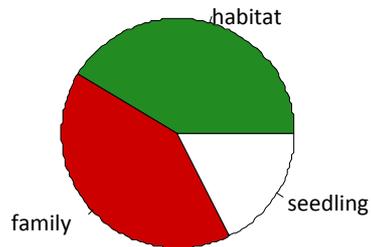
%C



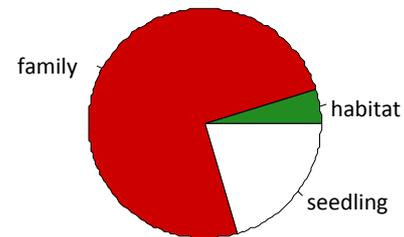
%N



$A_{\text{max}}$



LMA

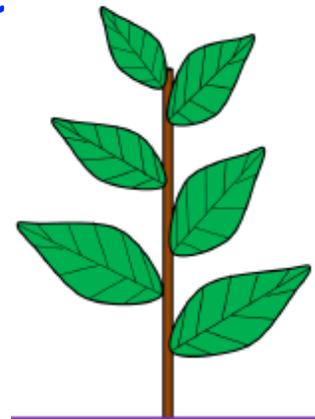


**traits vary in variance partition**



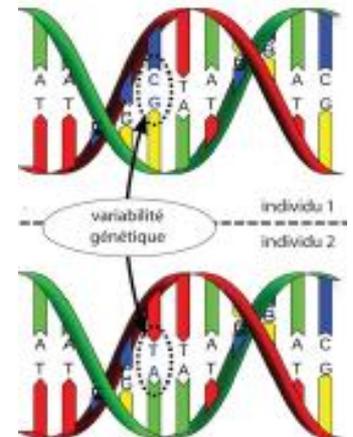
# Variabilité des caractères physiologiques et de croissance

- Forte composante génétique
- Divergence génétique entre familles et entre milieux d'origine
- Analyse en cours des données post-traitement de stress (thèse de Louise BROUSSEAU, CJS INRA-RP2E 2010)



Thèse Delphine AUDIGEOS 2007-2010

# GÈNES SOUMIS À SÉLECTION?



# Gènes étudiés

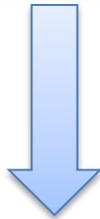
Uniformité du type de marqueurs

**Gènes candidats (GC)**

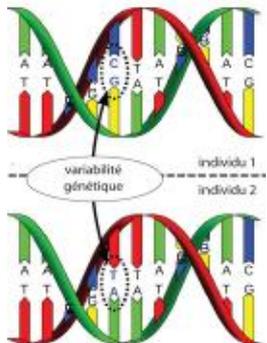
Catalase (CAT)  
Farnésyltransférase (FTase)  
PIP1.1  
PIP1.2

**Gènes de référence empirique (GR)**

HYP1  
HYP5  
UNK7  
UNK14  
Legumin-like (LEG)

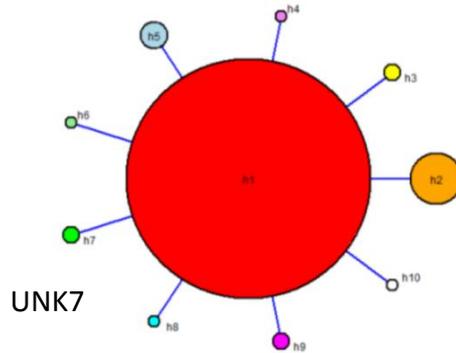


**Stress hydrique et anoxique**

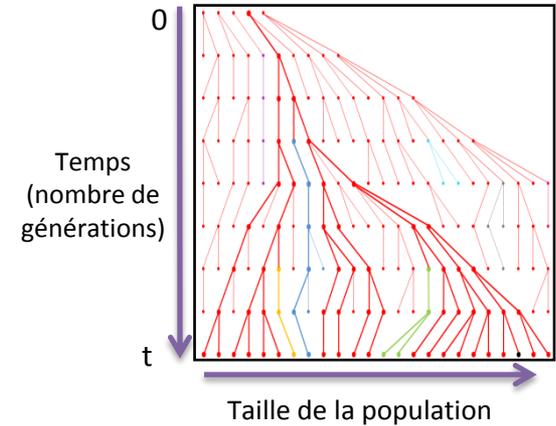


# Description du polymorphisme

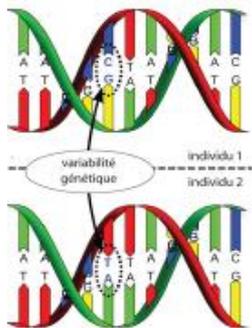
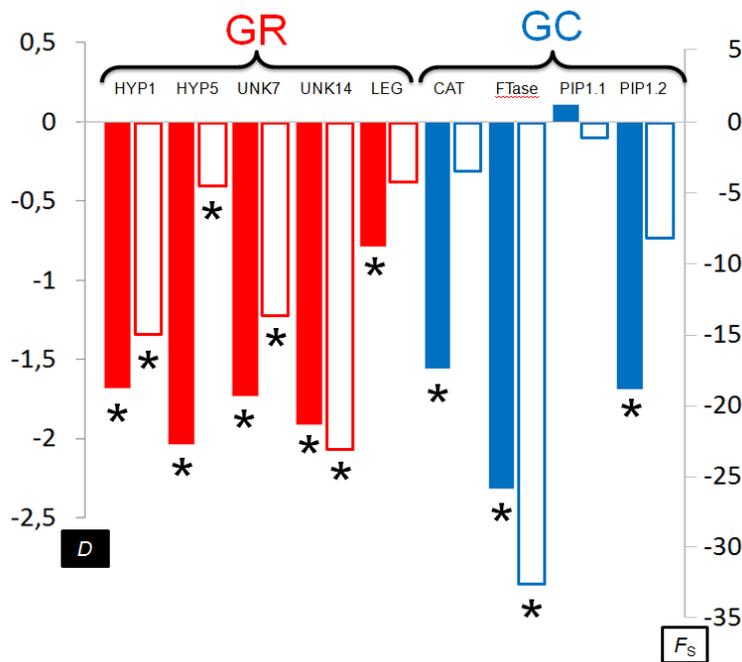
## ❖ Réseaux d'haplotypes en étoile



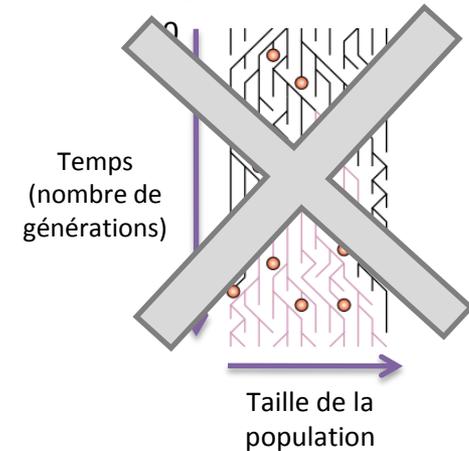
## Expansion



## ❖ $D$ et $F_s$ négatifs et significatifs

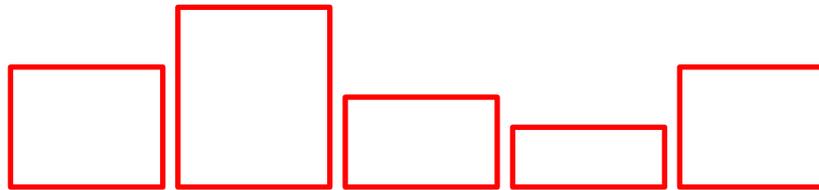


## Sélection purificatrice

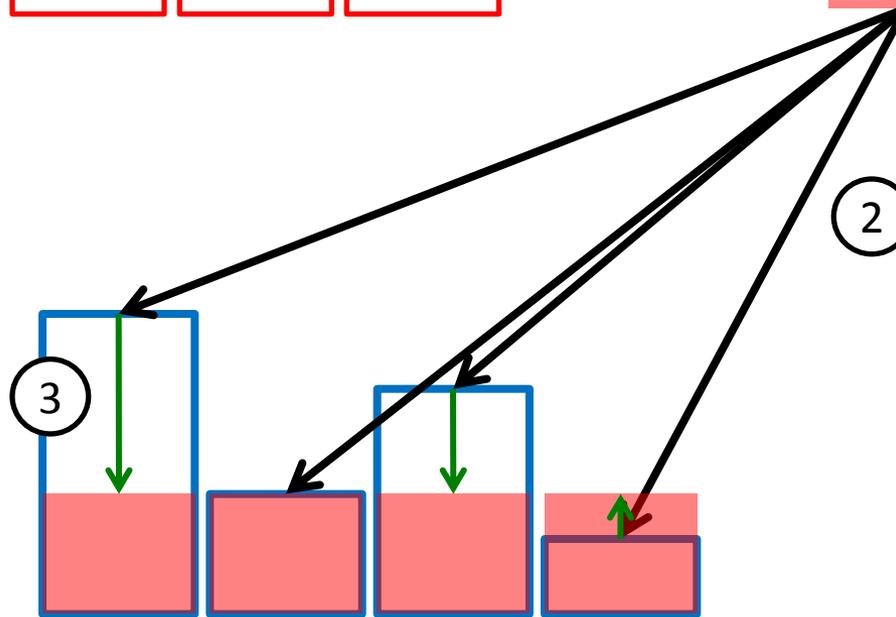
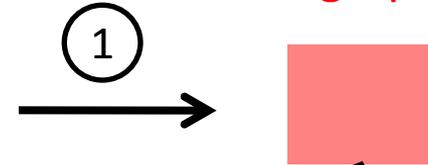


# Expansion de population

Écarts à l'équilibre neutre des GR

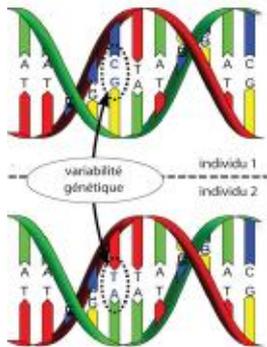


Paramètres démographiques

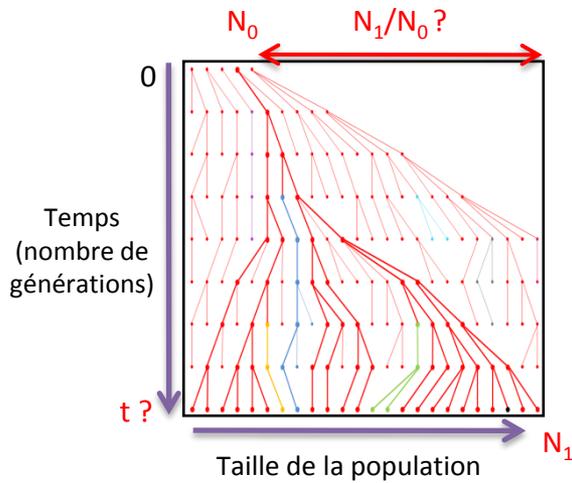
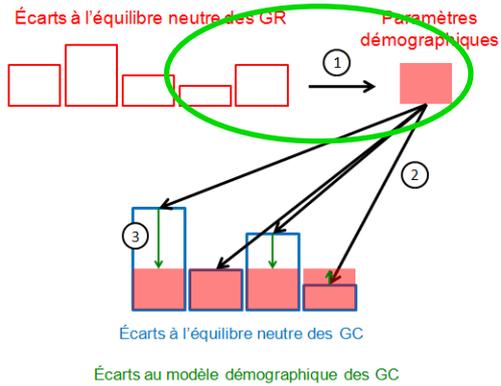


Écarts à l'équilibre neutre des GC

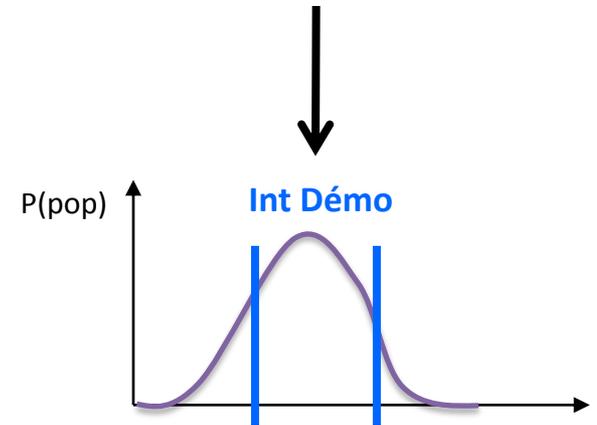
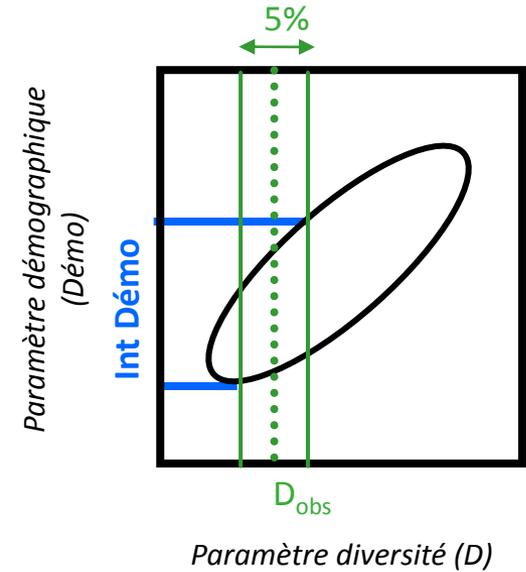
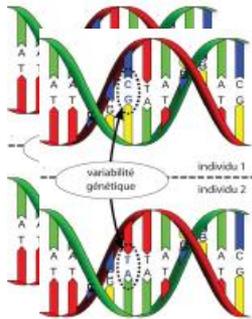
Écarts au modèle démographique des GC



# Expansion de population

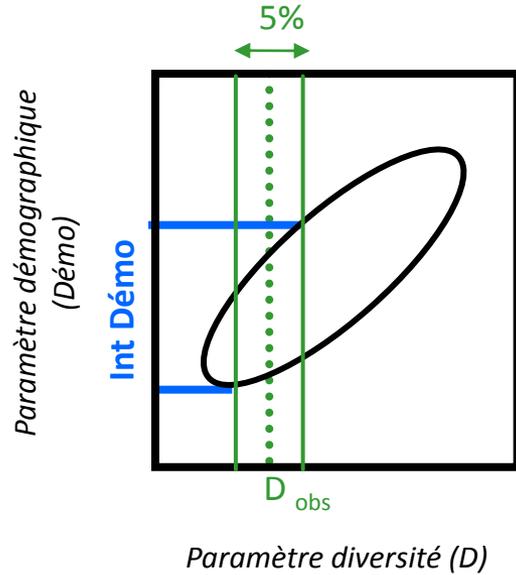
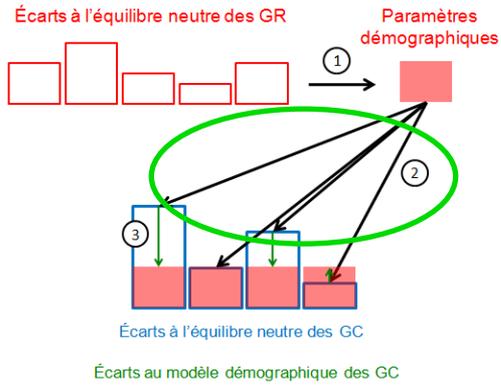


10000 Simulations populations

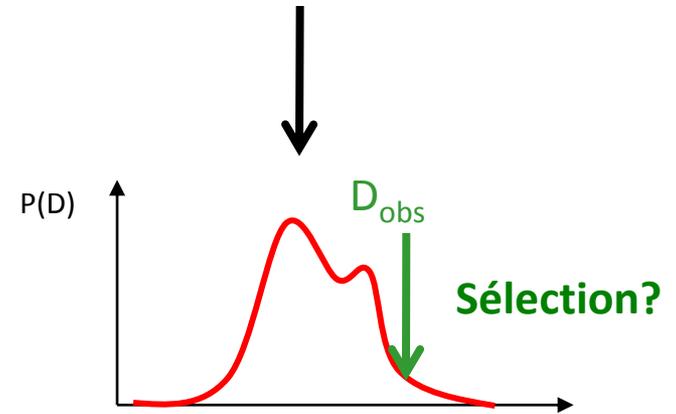
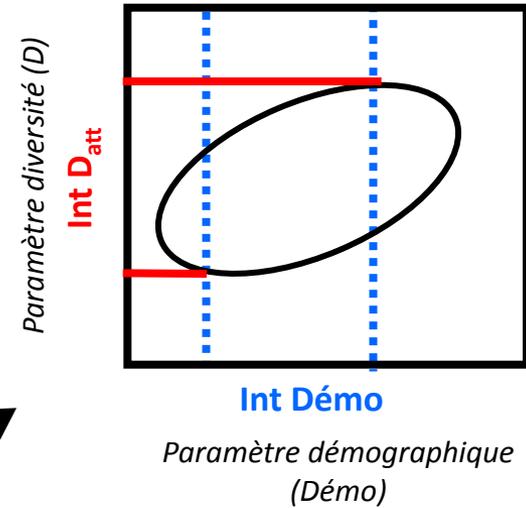


Distribution de densité de Dém

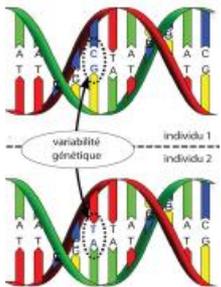
# Expansion de population



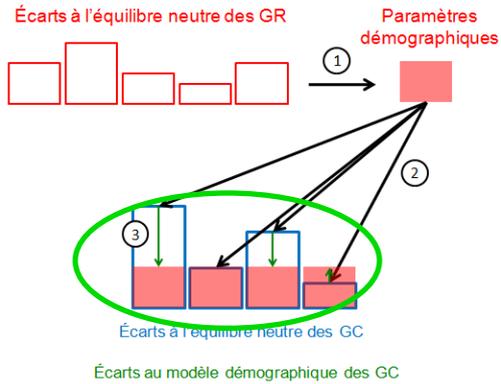
2000 Simulations populations (Int Démo)



Distribution de densité de Int  $D_{att}$

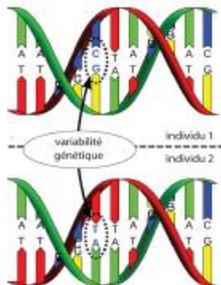
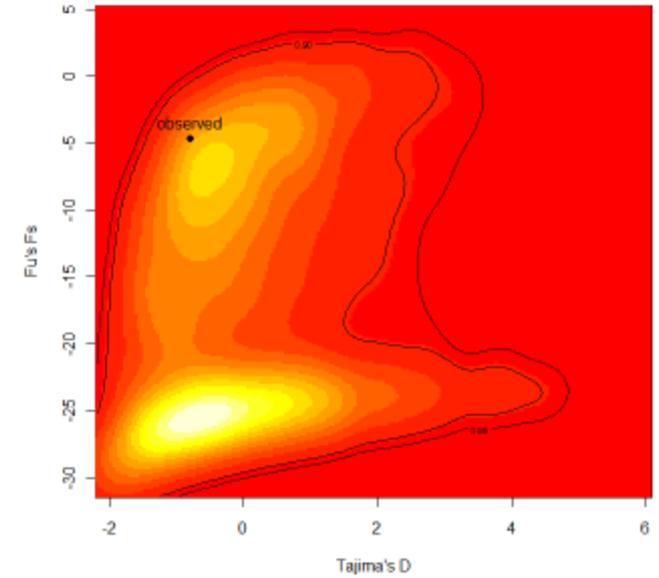
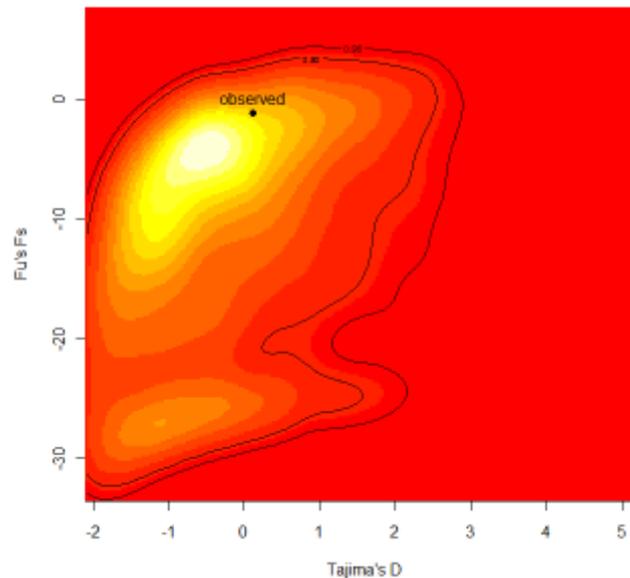


# Expansion de population



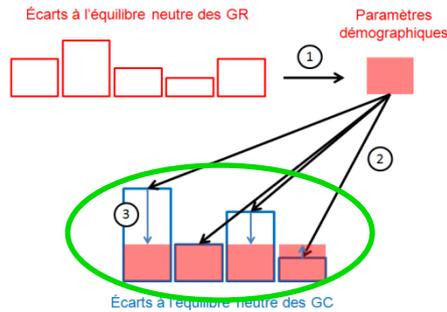
PIP1.1

PIP1.2



Les valeurs de  $D$  et  $F_S$  suivent celles du modèle d'expansion démographique

# Expansion de population

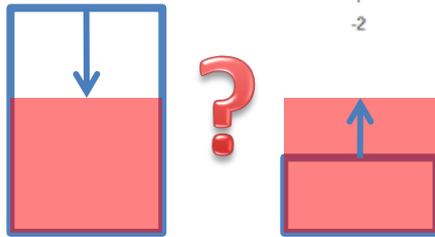
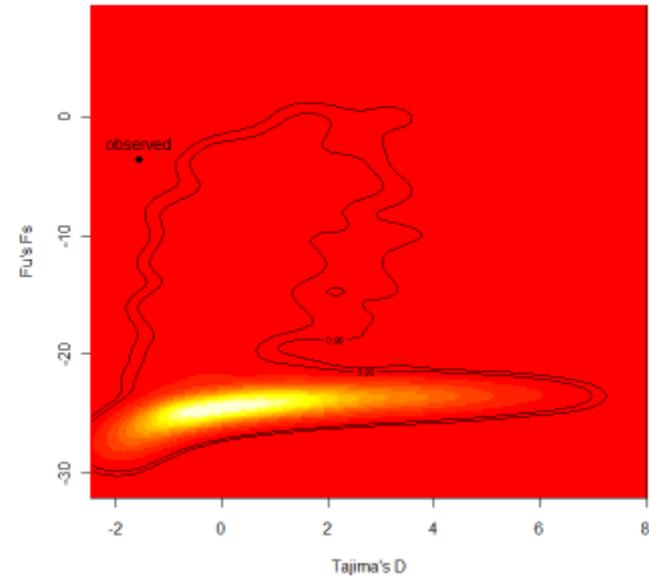
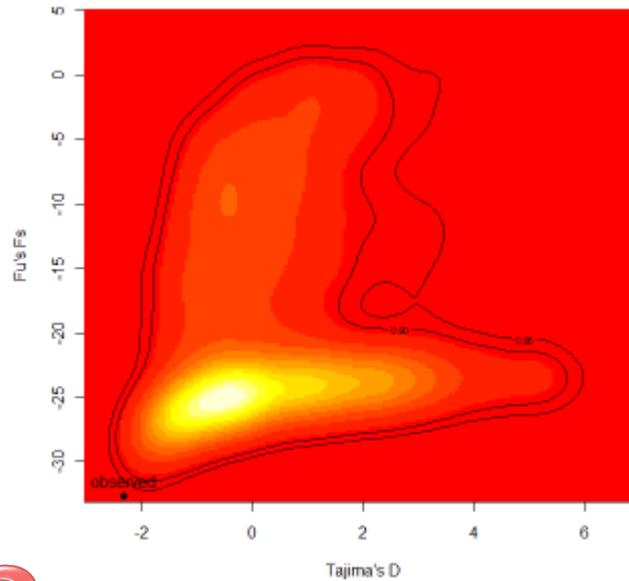


Purificatrice

FTase

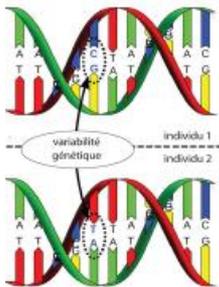
?

CAT



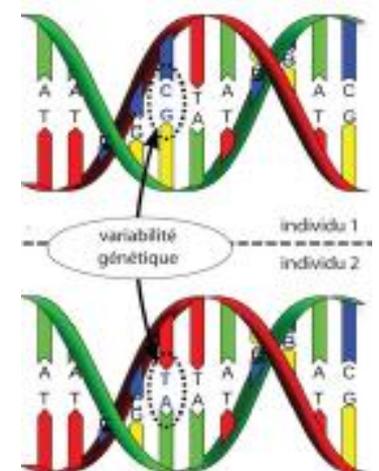
Les valeurs de  $D$  et  $F_s$  s'écartent du modèle d'expansion démographique

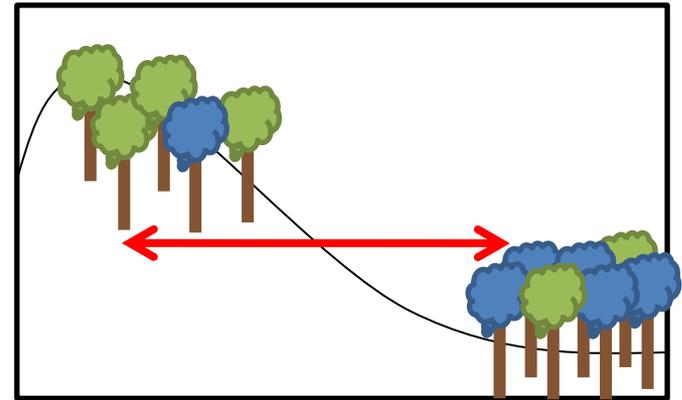
Action de la sélection sur ces gènes



# Sélection et démographie

- Effets combinés de sélection et démographie sur la diversité des gènes
- Quelle forme de sélection ? Peut-on la relier aux différences environnementales à l'échelle du peuplement ?

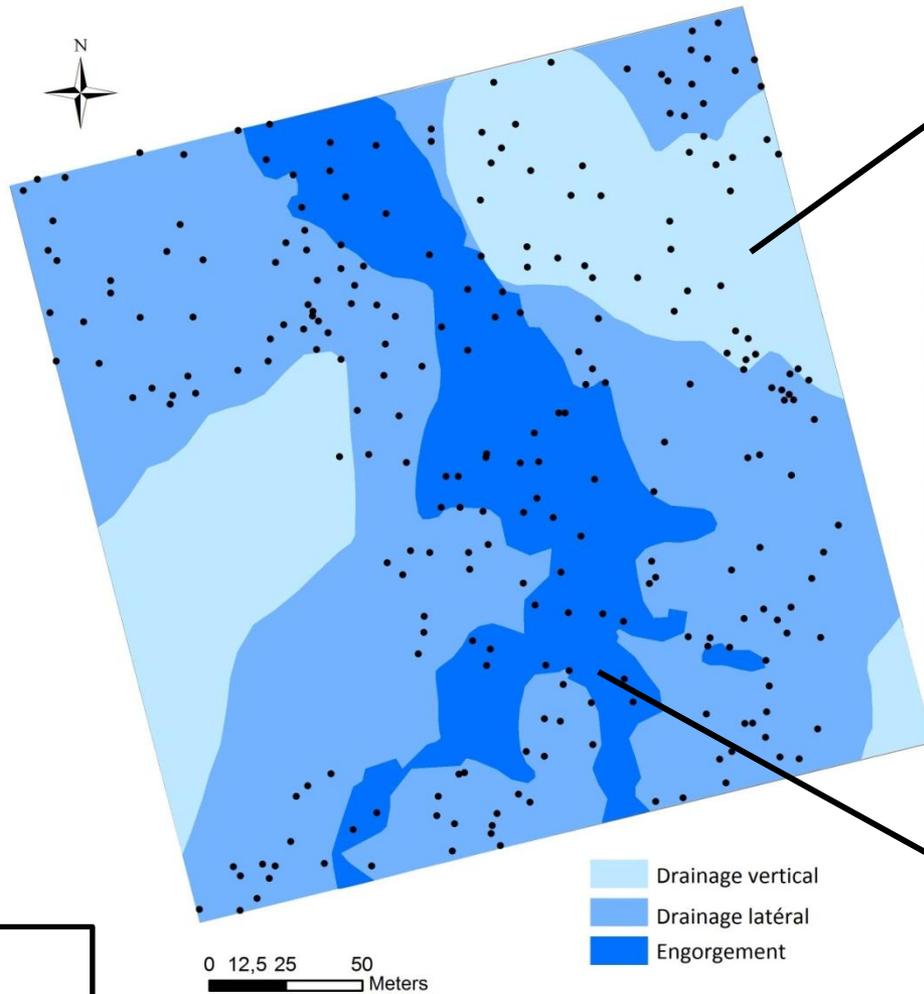




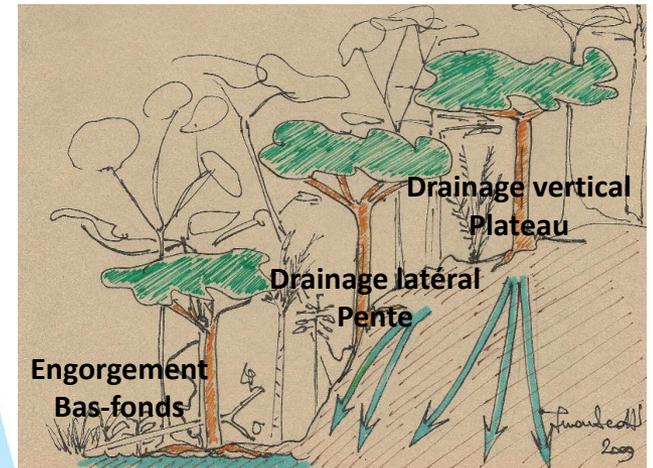
Thèse Delphine AUDIGEOS (2007-2010)

# **SÉLECTION DIVERGENTE À L'ÉCHELLE DU PEUPLEMENT**

# Distribution locale d'*Eperua falcata*

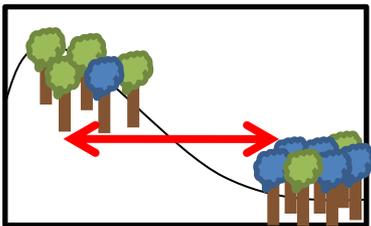


Sécheresse – Plateaux  
(saison sèche)



Hypoxie – Bas-fonds  
(saison des pluies)

Colonisation de tous les types de milieu

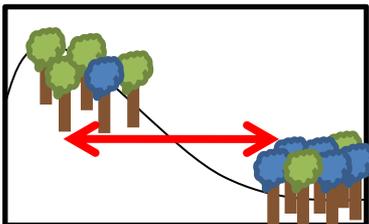


# Objectifs

❖ Peut-on mettre en évidence de la divergence à l'échelle du **peuplement?**

Parcelle

- Distribution spatiale de la diversité
- Adaptation locale aux contraintes édaphiques

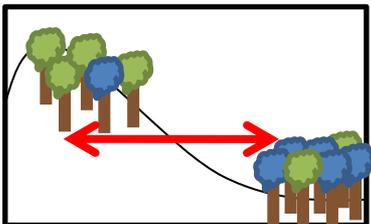


# Distribution spatiale de la diversité

- Distribution des géotypes entre eux

→ Distribution **non aléatoire** sur Paracou jusqu'à 53 m

→ Distribution **anisotrope** sur Paracou jusqu'à 53 m

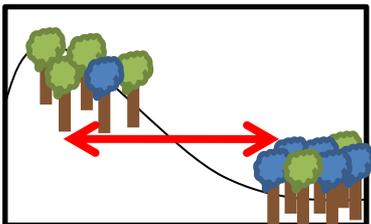
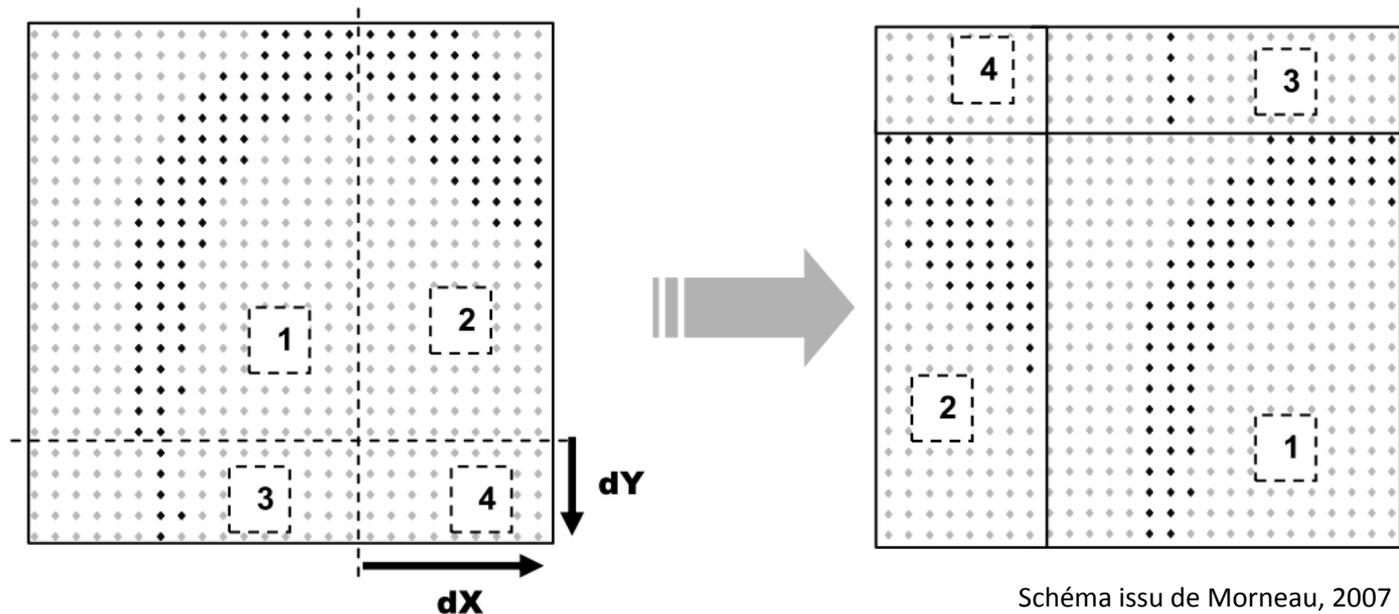


Il existe autre chose que la dispersion

# Distribution spatiale de la diversité

- **Distribution des génotypes vis-à-vis du milieu**

Simulations de cartes d'habitats par translations toroïdales



Tests d'associations allèles – environnements

# Distribution spatiale de la diversité

Peu d'associations mais quelques cas intéressants ...

Paracou

Bas-fond



FTase\_h1



Pente

Nouragues

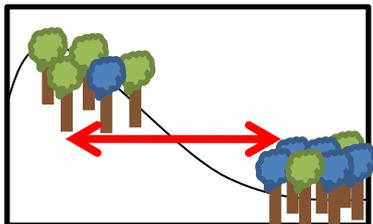
Bas-fond



FTase\_s36  
FTase\_s269



Pente

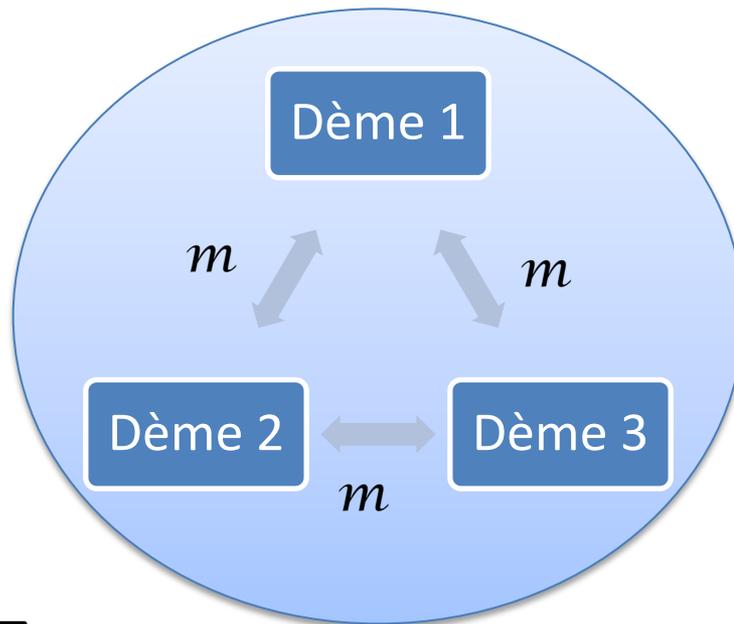


Associations différentielles entre milieux

# Le modèle neutre

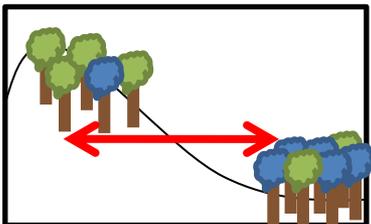
## Équilibre migration – dérive

Modèle démographique en île (Wright, 1931)



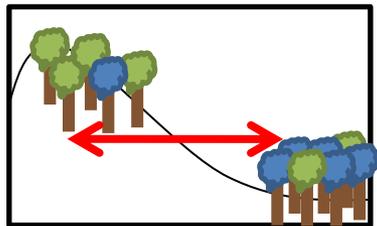
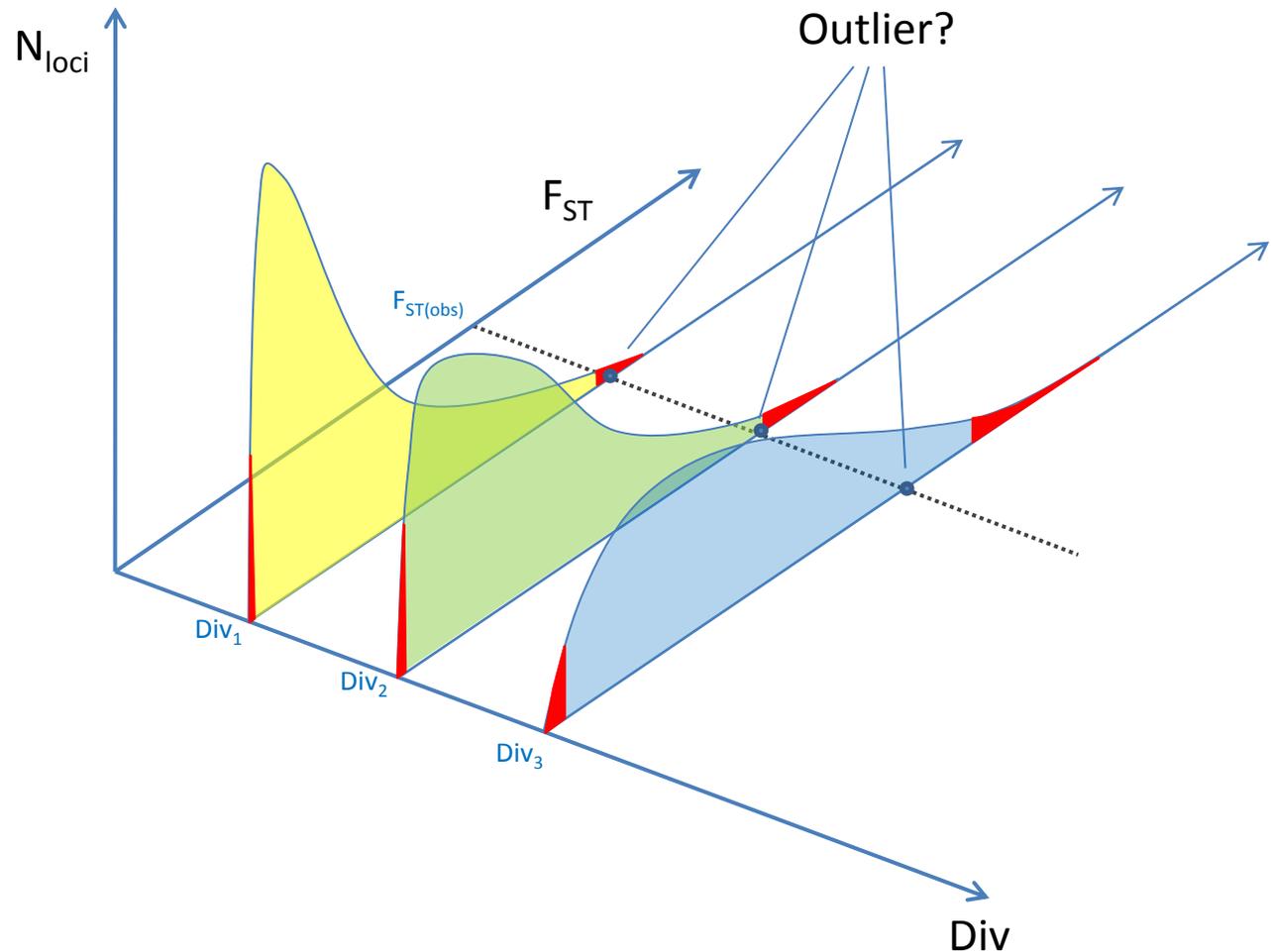
À l'équilibre

$$F_{ST} = \frac{1}{1+4Nm}$$



$F_{ST}$  identique pour tous les loci

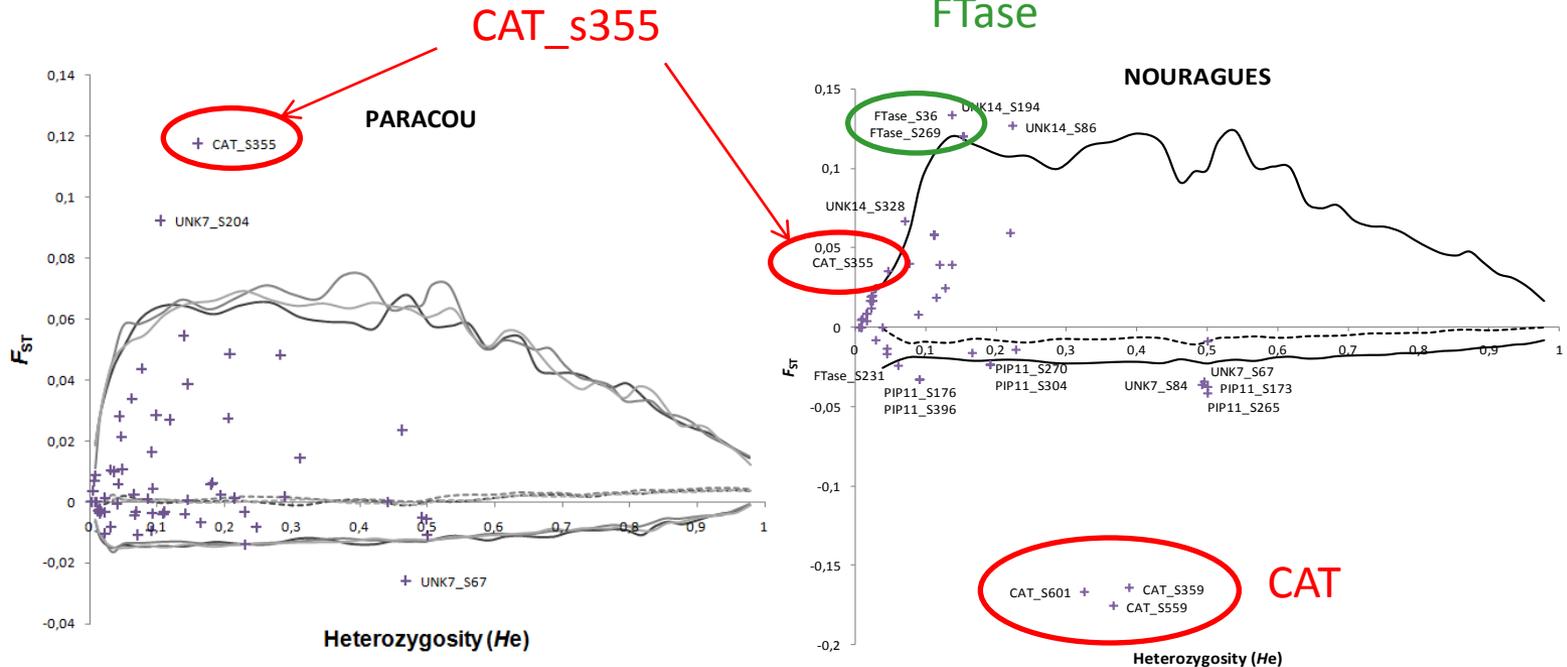
# Détection de loci « outliers »



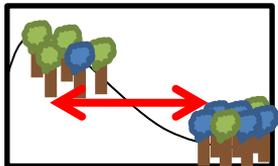
- ❖ Méthode **fréquentiste** (Beaumont & Nichols, 1996)
- ❖ Méthode **bayésienne** (Beaumont & Balding, 2004)

# Détection de loci « outliers »

## ❖ Méthode fréquentiste



Quelques loci semblent être soumis à **sélection divergente** ( $F_{ST}$  fort) ou **balancée** ( $F_{ST}$  faible)

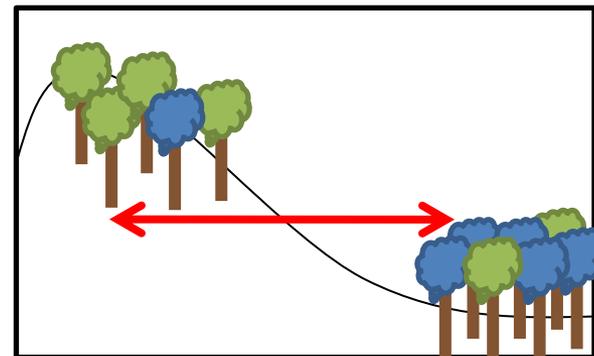


## ❖ Méthode bayésienne

Aucun résultat significatif mais la **même tendance** est observée

# Divergence à l'intérieur du peuplement

- Certains gènes - les mêmes qui montrent une signature moléculaire de sélection – montrent une forte divergence entre sous-peuplements
- En parallèle, les caractères quantitatifs montrent également un niveau marqué de divergence génétique entre milieux



# CONCLUSION

- Les peuplements d'*E. falcata* montrent un niveau important de diversité génétique ayant très probablement une signification adaptative
- Il est nécessaire d'identifier plus précisément les bases génétiques des traits
- L'existence de diversité héritable permet d'envisager la prise en compte de la diversité génétique dans les pratiques de gestion et exploitation
- la génétique de l'adaptation d'autres espèces (d'importance commerciale plus marquée) reste à étudier, mais cet exemple est prometteur.