







# MICROFOREST

Mesurer l'influence de la gestion sur la diversité génétique et les effets sélectifs du micro-environnement dans la régénération naturelle des forêts

Responsables du projet : Benjamin Brachi et Myriam Heuertz

### CONTEXTE

- 1. Dépérissement et mortalités en lien avec le climat amènent un besoin accru de prédiction de l'évolution des populations d'arbres forestiers.
- 2. Les modèles visant à quantifier la mal-adaptation des arbres forestiers considèrent la variation génétique et climatique uniquement à l'échelle des aires de répartition des espèces.
- 3. Cependant des différentiations adaptatives existent sur des distances beaucoup plus courtes que les distances de dispersion des espèces forestières.
- 4. Ces observations suggèrent un tri de la diversité génétique par le micro-environnement forestier dès le stade semis.
- 5. Pour prédire l'évolution des populations forestières, Il faut donc quantifier les facteurs qui influencent la diversité génétique dans les cohortes de semis: leur taille, la diversité et contribution relative des parents et la sélection naturelle par le micro-environnement forestier.
- 6. L'échelle de la parcelle forestière est celle à laquelle la gestion peut influencer la diversité génétique et la sélection naturelle dans les peuplements sans mobiliser des ressources génétiques forestières issus d'autres peuplements.

## **OBJECTIFS**

- Décrire la distribution des contributions parentales aux cohortes de semis successives dans des peuplements en régénération naturelle.
- Estimer l'importance de la dérive génétique dans les cohortes de semis et l'intensité de la sélection naturelle par le micro-environnement forestier.
- Évaluer l'influence de la gestion forestière sur les contributions parentales, la taille des cohortes et la sélection par le micro-environnement.

Les résultats permettront d'affiner les prédictions du potentiel adaptatif des peuplements forestiers et d'évaluer l'influence de modalités de gestion locales.

Focalisation sur 4 espèces cibles d'importance socio-économique et écologique, représentant une gamme de climats et de pratiques de gestion :

#### (Dicorynia quianensis) phenotypes Realised seedling phenotypic space given the parents reproduction Selective filter (or peak in the Before the project During the project "Back in time" sample: all seedlings Monitoring of are harvested along transects seedling survival every year will allow Expected precise monitoring cohort size in of seedling sample demography. Mass mortality of seedlings is expected the first Expected relative Random mortality impact on genetic Differentia contribution of parents diversity Genetic diversity in seedlings is likely lower than among Difference in adults because adaptive allele only a subset of frequency adults contribute to between microreproduction environments 3+ If selection is strong during the summer, cohort size and If selection acts on genetic variation in seedlings in a consistent genetic diversity are expected to decrease. The response may way over a few years, than patterns of adaptive differentiation be different between management modalities (black and blue between micro-environments should be stronger in older

#### **ORGANISATION**

WPO - Coordination (Benjamin Brachi & Myriam Heuertz)

# WP1 – Interaction avec la gestion forestière

(Caroline Bedeau & Yves Rousselle)

- Identification des sites d'études et des modalités de gestion à contraster pour le WP2
- Prioriser les scénarios de gestion forestière à modéliser pour le WP3
- Maintenir le contact au cours du projet avec les gestionnaires
- Communiquer les résultats de MICROFOREST aux porteurs d'enjeux par l'organisation de formations et la production de vidéos
- Synthétiser les résultats des modèles dans un atlas destiné aux gestionnaires et décideurs politiques

### WP2 – Démographie, diversité génétique et sélection naturelle dans les cohortes de semis (Benjamin Brachi & Niklas Tysklind)

- Suivis individuels de la survie de semis in situ
- Caractérisation de la diversité génétique grâce à un génotypage de plus de 3000 individus (adultes et plantules) par espèce (PGTB, Olivier Lepais).
- Estimer l'impact relatif des processus stochastiques et sélectifs sur la diversité génétique parmi les semis en lien avec les modèles « neutres » du WP3

### WP3 – Modélisation de la structure génétique des cohortes de semis (Marta Benito-Garzón & Ivan Scotti)

- Modéliser la contribution hétérogène des parents aux cohortes de semis
- Créer des modèles forestiers d'évolution neutre pour tester l'effet de la sélection naturelle
- Enrichir les modèles d'adaptation des populations à des échelles régionales avec les processus évolutifs à l'échelle intra-populations étudiés dans MICROFOREST

# RÉSULTATS ATTENDUS

- Mieux comprendre les mécanismes évolutifs façonnant la diversité génétique à une échelle fine dans la régénération forestière au sein peuplements
- Mesurer l'influence de la gestion sur la diversité génétique et le potentiel évolutif des populations d'arbres forestiers
- Informer les décisions de gestion tel que le passage à la plantation, l'implémentation de flux de gènes assistés, ou ajuster le niveau de dynamisme de la sylviculture et l'intensité d'exploitation









benjamin.brachi@inrae.fr myriam.heuertz@inrae.fr