



Contacts

Aurélien Jamoneau

aurelien.jamoneau@inrae.fr

Olivier Lepais

olivier.lepais@inrae.fr

Mots clés

Diversité génétique

Diversité taxonomique

Lac

Macrophytes

Gestion

Disciplines impliquées

Bioinformatique

Biologie moléculaire

Écologie des communautés

Génétique des populations

Taxonomie

Départements concernés

AQUA

ECODIV

Unités impliquées

UR EABX

UMR BIOGECO

Partenaires

Conservatoire Botanique National

Sud Atlantique

Syndicat de gestion SIAEBVELG :
gestion des lacs de Carcans-Hourtin
et Lacanau et animateur de sites
Natura 2000

Communauté de Commune des
Grands lacs : animateur de site
Natura 2000

Réserve naturelle nationale de
l'étang Noir : gestionnaire d'espace
protégé

Association Landes Nature :
animateur de site Natura 2000

Relations entre la diversité génétique et taxonomique des communautés végétales des lacs du littoral aquitain

Contexte et enjeux

Le rôle de la diversité génétique dans le maintien de la diversité des espèces et le fonctionnement des écosystèmes est maintenant bien reconnu. Elle est en effet une composante essentielle de la résilience des écosystèmes et de la capacité des espèces à s'adapter aux changements environnementaux. Ainsi la prise en compte de la diversité génétique au sein des espèces est essentielle pour assurer la pertinence des actions de gestion et de conservation.

La diversité génétique et la diversité taxonomique sont deux composantes de la biodiversité qui ont historiquement été étudiées séparément. Leur étude conjointe et notamment la corrélation entre diversité génétique d'une espèce et diversité taxonomique de sa communauté associée (SGDC 'species-genetic diversity correlations') a commencé à être étudiée récemment. La SGDC est généralement positive (action parallèle des processus écologiques sur ces deux dimensions de la diversité), mais des relations négatives voire unimodales ont également été observées. Ainsi, l'étude de la relation entre la diversité génétique et taxonomique est primordiale pour mieux comprendre le fonctionnement des populations et des communautés et pour leur conservation.

Les lacs et étangs du littoral aquitain, écosystèmes uniques à l'échelle européenne, hébergent une diversité biologique végétale importante aujourd'hui fortement menacée. Améliorer la connaissance génétique de ces communautés et le lien entre diversité génétique et taxonomique est important pour proposer une meilleure gestion de ces écosystèmes, en particulier pour ses espèces patrimoniales.



© INRAE - Aurélien Jamoneau

Objectifs

L'étude vise à comparer des patrons de diversité génétique d'espèces d'isoétides (i.e. à l'échelle des communautés) partageant le même écosystème lacustre, afin de mieux prendre en compte l'effet des caractéristiques biologiques des espèces (capacités de dispersion, d'adaptation) pour mieux estimer les effets de l'environnement et de l'histoire démographique. Un défi majeur sera notamment de définir, à l'échelle du site, un indice de diversité génétique de l'ensemble de la communauté ou d'arriver à comparer les patrons de diversité à différentes échelles organisationnelles et spatiales.

La relation entre diversité génétique et différenciation génétique intersites d'une part et la diversité taxonomique alpha et beta d'autre part sera aussi étudiée. Si la SGDC se révèle être fortement positive, la diversité taxonomique pourra être utilisée comme un proxy de la diversité génétique, simplifiant considérablement la prise en compte de la dimension génétique dans les opérations de gestion. Cette SGDC a généralement été étudiée d'un point de vue expérimental, mais a plus rarement été considérée d'un point de vue empirique, renforçant l'aspect innovant de ce volet de l'étude.

Démarches

La diversité génétique de ces espèces sera notamment étudiée aux échelles spatiales inter-lacs et intra-lacs. La diversité de 5 lacs et étangs, derniers habitats des communautés à isoétides, du littoral aquitain sera étudiée sur 9 espèces de plantes aquatiques (patrimoniales et plus communes, à caractéristiques fonctionnelles différentes).

Au sein de chaque lac, sur 6 stations de prélèvement, (i) 15 fragments d'individus de chaque espèce seront prélevés pour les analyses génétiques (ii) sur un linéaire de 100 m de rives, un inventaire taxonomique des espèces végétales sera effectué afin de mettre en lien la diversité génétique et taxonomique.

L'analyse génétique reposera sur le développement de marqueurs génétiques hautement polymorphes permettant de caractériser avec une précision suffisante la structure génétique à l'échelle des populations.

L'analyse statistique de la corrélation entre diversité génétique et spécifique sera ensuite réalisée.