



PROJET
EXPLORATOIRE

2021-2023

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 Communes 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

De nouveaux marqueurs génétiques pour l'identification d'espèces végétales patrimoniales du littoral Aquitain

Pour contribuer à la conservation de 9 espèces végétales patrimoniales de lacs aquitains (Isoetes), ISO-SGDC a mis au point des marqueurs génétiques et un protocole pour les génotyper de façon très précise par séquençage haut-débit. La mise en routine de cette méthode permettra d'obtenir une caractérisation fine de la diversité génétique végétale.

ISO SGDC – Relations entre la diversité génétique et taxonomique des communautés végétales des lacs du littoral Aquitain

Le rôle de la diversité génétique dans le maintien de la diversité des espèces et le fonctionnement des écosystèmes est maintenant reconnu. Face aux changements environnementaux, cette diversité contribue largement à la résilience des écosystèmes comme aux capacités d'adaptation des espèces. Intégrer la diversité génétique au sein des espèces est par conséquent essentiel afin de déployer des actions de gestion et de conservation. Les lacs et étangs du littoral aquitain, écosystèmes uniques à l'échelle nationale et européenne, hébergent une diversité biologique végétale importante aujourd'hui fortement menacée.

Alors que la diversité taxonomique de ces communautés est bien connue, la connaissance de leur diversité génétique est pour l'instant inexistante. Améliorer cette connaissance et analyser les relations entre diversité génétique des espèces au sein d'une communauté et diversité taxonomique des communautés semblent indispensables pour une meilleure gestion de ces écosystèmes, en particulier pour ses espèces patrimoniales.



© INRAE - Aurélien Jamoneau

Démarches

Neuf espèces appartenant aux communautés à « isoétides » de cinq plans d'eau du littoral aquitain ont été échantillonnées : *Lobelia dortmanna*, *Littorella uniflora*, *Baldelia ranunculoides*, *Myriophyllum alterniflorum*, *Juncus bulbosus*, *Schoenoplectus pungens*, *Eleocharis multicaulis*, *Phragmites australis* et *Chara fragifera*. Au total, plus de 3 000 individus ont ainsi été prélevés sur l'ensemble des plans d'eau au cours du printemps 2022 et 2023. L'identification et le développement d'une centaine de marqueurs génétiques (microsatellites) pour chacune des espèces ont été réalisés.

Résultats

ISO-SGDC a permis la mise au point de marqueurs génétiques et d'un protocole permettant de les génotyper de façon très précise par séquençage haut débit. Un des défis a été de trouver des conditions expérimentales qui s'adaptent à la diversité des espèces végétales étudiées.

L'analyse de la structure génétique des différentes espèces a montré des diversités génétiques variables en fonction des espèces. Globalement, les espèces les plus communes possèdent une diversité génétique plus importante, alors que les espèces rares et menacées présentent une diversité plus faible. Une structuration régionale de la diversité a été mise en avant pour certaines espèces, avec une forte différenciation génétique malgré une proximité géographique. Un patron d'isolement par la distance est identifié pour toutes les espèces, mais d'intensité variable selon les taxons, reflétant des capacités de dispersion contrastées.

L'analyse des corrélations espèces-diversité génétique (SGDC) révèle une dépendance d'échelle marquée pour les huit espèces. Chez *B. ranunculoides* et *S. pungens*, la corrélation est entièrement liée aux facteurs environnementaux (surface lacustre, connectivité hydraulique, couvert naturel). Pour les autres espèces, les résultats suggèrent que processus démographiques locaux et contraintes de dispersion régionales structurent la biodiversité de manière découplée.

Ces résultats démontrent que les processus de limitation de dispersion et de filtrage environnemental agissent conjointement pour structurer la biodiversité des lacs côtiers aquitains. La conservation des habitats d'intérêt communautaire 3 110 nécessite une approche équilibrée combinant gestion locale de la qualité d'habitat et gestion régionale de la connectivité fonctionnelle).

Ce projet bénéficie d'une forte attente de la part des gestionnaires et en particulier du Conservatoire Botanique National Sud-Atlantique (CBNSA) dans le cadre de l'animation et de la mise en œuvre du plan national d'action sur ces espèces.

Ces travaux s'inscrivent dans la continuité du projet multi-partenarial Vigie-Lacs (<https://www.biodiversite-nouvelle-aquitaine.fr/connaître/enjeux-de-territoire/le-projet-vigie-lacs/>).

Une thèse soutenue par Biosefair a été associée à ce projet : ISOTÉIDES - Diversité génétique et taxonomique des communautés à isoétides des lacs et étangs du littoral aquitain – voir p76

Publication

Debailleul, E-M., Jamoneau, A., Lepais, O. (2026) Genetic diversity of aquatic macrophytes in Aquitaine lakes. *Conservation Genetics*, 27 (1), pp.20