

Diversité génétique et aménagement : utilité d'une modélisation intégrée

Mathieu LOURMAS

Cirad-forêt, TA 10/D

Laboratoire de génétique forestière

34398 Montpellier Cedex 5

France



L'exploitation en forêt naturelle se concentre encore aujourd'hui sur les plus gros diamètres... Souche de sapelli à Ndama, Cameroun, 2002.
Photo M. Lourmas.

Les ressources forestières, notamment les essences tropicales, sont des ressources génétiques à gérer durablement et à protéger en priorité. Il est important, en particulier dans le cadre d'une transformation accélérée de nombreux écosystèmes, de s'intéresser au potentiel adaptatif des peuplements forestiers d'origine naturelle. L'un des meilleurs indicateurs de ce potentiel est le niveau de diversité génétique neutre des essences forestières¹ et son organisation dans l'espace et le temps.

Nouvelles fonctionnalités difficiles à mettre en œuvre

Les différentes pratiques sylvicoles (coupes, reboisements ou régénérations naturelles) et leurs modalités (modes d'exploitation, critères de sélection des arbres) peuvent avoir un impact fort et rapide sur l'évolution de la diversité génétique intraspécifique des arbres forestiers. Concrètement, une des premières conséquences de l'exploitation est la suppression d'une partie des arbres reproducteurs. Elle entraîne une réduction de la taille du pool génique, donc une diminution immédiate du niveau de diversité génétique de la population d'arbres adultes et, à plus longue échéance, une augmentation de la consanguinité chez leurs descendants.

La conservation du patrimoine génétique fait, donc, désormais partie intégrante des nouvelles fonctionnalités de la forêt dont doivent tenir compte les bons gestionnaires. Cependant, à quelques exceptions près (peuplements classés...) qui font l'objet d'une gestion raisonnée, la prise en compte de la diversité génétique dans les plans d'aménagement forestiers reste aujourd'hui problématique. Les raisons concrètes sont généralement liées à l'absence d'outils pratiques d'aide à la décision qui intègrent cette composante.

Il n'existe aucun guide de gestion des ressources forestières qui propose de gérer la diversité génétique, sauf de façon empirique (par exemple à travers la conservation des meilleurs adultes lors des régénérations naturelles). Ceci est dû notamment à une méconnaissance des interactions existant entre la dynamique démographique d'un peuplement et sa dynamique génétique. Les deux types d'approche appartiennent à des champs disciplinaires relativement éloignés et qui se sont longtemps ignorés.

¹ Le niveau de diversité génétique désigne le taux de polymorphisme allélique d'un ou plusieurs locus. Les locus sont considérés comme neutres quand ils ne sont pas sélectionnés, c'est-à-dire que leur évolution est indépendante du milieu.

La démarche modélisatrice

L'étude de la dynamique forestière nécessite souvent des analyses sur une échelle de temps supérieure à celle qu'il est possible d'observer sur le terrain. L'approche privilégiée dans ce contexte est celle de la modélisation informatique des écosystèmes forestiers, calibrée puis validée par des mesures effectuées lors d'expérimentations de terrain.

Les plus gros diamètres constituent potentiellement les principaux arbres reproducteurs. Sapelli, Ndama, Cameroun, 2002. Photo M. Lourmas.



Plusieurs logiciels de simulation ont ainsi été créés par la communauté scientifique pour reproduire et comprendre la dynamique démographique des peuplements². Certains permettent de tester l'impact sur le moyen ou le long terme de différents scénarios de gestion sylvicole : ils peuvent être utilisés en collaboration avec les gestionnaires pour dresser des plans d'aménagement ou servir à l'établissement de règles générales de gestion. Il existe, par ailleurs, des modèles informatiques qui permettent de tester l'évolution de la diversité génétique sous la contrainte de différents paramètres : taille de la population, niveau de diversité initiale, taux de mutation, etc. Destinés à approfondir les connaissances fondamentales de génétique des populations, ils intègrent rarement la possibilité d'une intervention humaine et leur intérêt pratique pour le gestionnaire est limité.

L'intégration des deux approches est pourtant indispensable à une meilleure compréhension de la dynamique globale d'un peuplement forestier. Une forêt n'est pas qu'une collection d'arbres : il est nécessaire d'avoir accès à l'ensemble des arbres d'un peuplement pour prédire avec justesse l'évolution d'un arbre particulier et, par conséquent, celle du peuplement. Si l'arbre constitue l'unité génétique de base (le génotype), c'est à travers ses interactions diverses avec les autres arbres que se dessine le niveau de diversité génétique de la population.

Seule l'intégration informatique de l'ensemble des composantes génétiques et démographiques peut fournir un outil qui permette de caractériser ces interactions, préalable incontournable pour proposer des éléments de réponse aux gestionnaires. La recherche forestière française a récemment marqué sa volonté de développer cette approche intégrative, notamment à l'aide de la plate-forme informatique de simulation d'écosystèmes forestiers Capsis (COURBAUD *et al.*, 2001), encouragée par un financement du Bureau français des ressources génétiques. Comment peut-elle s'appliquer au cas des forêts tropicales naturelles ?

Le cas des forêts tropicales

Les forêts tropicales sont le plus souvent des forêts hétérogènes : un mélange dans l'espace à la fois d'espèces, de structures, d'âges, de tailles ou de toute autre variable de description locale. Il est particulièrement difficile de les décrire à travers des valeurs moyennes de variables individuelles car la variabilité entre ces valeurs est généralement forte. De fait, leur dynamique est particulièrement complexe à décrire. Certains processus essentiels de celle-ci permettent de la simplifier dans l'objectif de la modéliser. La démographie du peuplement peut être synthétisée par les processus de recrutement, croissance et mortalité. Le renouvellement de la diversité génétique est lié à la phénologie, au mode de dispersion des graines et du pollen (flux géniques) et au mode de reproduction.

Deux caractéristiques majeures des arbres en peuplement permettent de moduler ces processus dans un modèle.

² Modèle de peuplement, de peuplement avec distribution, modèle individuel (in)dépendant de la distance, etc. FRANC *et al.*, 2000.

En premier lieu, le positionnement des arbres dans l'espace les uns par rapport aux autres joue, d'une part, sur la compétition pour les ressources (trophiques ou lumineuses) donc sur le recrutement des semis et les contraintes de croissance des arbres et, d'autre part, sur les limites physiques des flux de gènes à travers les distances moyennes de pollinisation et de dispersion des graines.

En second lieu, l'âge est un indicateur du passage au stade mature et renseigne sur les risques de mortalité des individus. Selon les espèces, le diamètre peut être plus facile à estimer que l'âge dans les forêts tropicales et il constitue un indicateur équivalent. Il est d'autant plus intéressant à utiliser que, dans une perspective plus large, le diamètre minimal d'exploitabilité est le principal critère de sélection des individus lors des coupes en forêt tropicale.

Les modèles réalistes s'attachent, en général, à reproduire les cycles naturels – cycle de reproduction annuel et dynamique des trouées – de l'écosystème. Un modèle peut être calibré pour une essence en particulier si l'influence globale du milieu forestier, notamment en termes de pression de compétition, est mesurable.

Répondre aux attentes des aménagistes

Développer des outils destinés aux gestionnaires requiert de s'intéresser aux échelles d'espace auxquelles ces gestionnaires sont confrontés. Les concessions forestières portent souvent sur des superficies d'une, voire de plusieurs centaines de milliers d'hectares. L'exploitation est liée à un diamètre minimal d'exploitabilité et, accessoirement, à des durées minimales de rotation. À cette échelle géographique, la localisation des peuplements les uns par rapport aux autres va avoir des conséquences non négligeables sur leurs niveaux de diversité génétique.

En Amazonie ou en Afrique de l'Ouest, par exemple, la déforestation entraîne une très forte fragmentation du couvert forestier. Les peuplements, de la parcelle au massif forestier, peuvent rapidement se retrouver isolés les uns des autres. Cela peut entraîner une diminution rapide des possibilités d'interfécondations et, par conséquent, une augmentation de la consanguinité globale au sein des peuplements.

Au contraire, en Afrique centrale, un couvert forestier tropical continu se maintient malgré l'exploitation : les croisements ne sont pas directement limités par la distance mais davantage par la suppression d'un grand nombre de reproducteurs potentiels, qui sont généralement situés au-dessus du diamètre minimal d'exploitabilité.

La réalisation d'un outil de gestion de la diversité génétique passe également par une démarche de simplification : pour des raisons de coût, un gestionnaire ne réalisera pas d'étude de terrain pour caractériser au préalable le niveau de diversité génétique moyen des peuplements qui sont sous sa responsabilité. L'objectif est plutôt d'appliquer dans chaque cas particulier des règles établies pour quelques cas représentatifs que l'on aura généralisé.

Ainsi, un certain nombre d'essences – le plus souvent des essences d'intérêt économique – sont choisies pour un ou plusieurs trait(s) caractéristique(s) d'un type de comportement en peuplement, en particulier leur mode de répartition dans l'espace. Les autres essences forestières peuvent être rattachées à un cas précis parce qu'elles présentent un comportement similaire en peuplement.

Au Cirad-forêt, le choix s'est porté sur le sapelli (*Entandrophragma cylindricum*) pour le bassin du Congo, modèle biologique pour lequel de nombreuses données avaient déjà été acquises.

Pour cette espèce, les études réalisées sur le plan génétique portent sur deux sites camerounais présentant des degrés de perturbation différents. Les analyses réalisées jusqu'à présent ont permis de caractériser la diversité génétique des arbres adultes (GARCIA *et al.*, 2001). Les travaux actuels tendent à caractériser celle de leurs descendants. Le comportement démographique du sapelli a été suivi sur plusieurs années sur le dispositif expérimental de M'Baïki (LAHOREAU *et al.*, 2002) localisé en République centrafricaine. L'intégration de ces connaissances servira à bâtir un modèle « démo-génétique » de la dynamique d'une essence forestière tropicale. Après validation, ce modèle permettra de simuler différents scénarios d'exploitation et de mesurer leurs conséquences respectives, à court et moyen terme, sur l'évolution du niveau de diversité génétique d'un peuplement de sapellis. C'est une étape indispensable vers la production d'outils d'aménagement raisonnés pour cette espèce.

Les différents modèles construits pourront, ensuite, être adaptés au contexte local (essence, mode de gestion, etc.) et fournir des réponses spécifiques, en fonction des besoins exprimés.

Bibliographie

COURBAUD B., GOREAUD F. *et al.*, 2001. Evaluating thinning strategies using a tree distance dependent growth model : some examples based on the CAPSIS software « uneven-aged spruce forests » module. *Forest Ecology and Management*, 145 (1-2) : 15-28.

FRANC A., GOURLET-FLEURY S., PICARD N., 2000. Une introduction à la modélisation des forêts hétérogènes. Nancy, France, Engref, 312 p.

GARCIA F., MOYNOT G. *et al.*, 2001. Gestion *in situ* des ressources génétiques du sapelli (*Entandrophragma cylindricum* [Sprague] Sprague) au sud-est du Cameroun. *Bois et Forêts des Tropiques*, 269 : 77-81.

LAHOREAU G., PICARD N., GOURLET-FLEURY S., 2002. Grouping species to model forest dynamics : a case study of a forest in the Central African Republic. *Bois et Forêts des Tropiques*, 271 : 89-100.