

P10/05 Titre : Signatures génétiques de bottleneck : déclin démographique et perte de connectivité induisent le même signal.

Thomas Broquet - Sonia Angelone - Julie Jaquière - Pierre Joly - Jean-Paul Léna - Thierry Lengagne - Sandrine Plénet - Emilien Luquet

L'identification de populations en déclin démographique est une étape importante pour la conservation de la biodiversité. Cependant, selon les espèces considérées il peut être difficile d'observer ou de modéliser la trajectoire démographique de populations. L'utilisation de marqueurs génétiques est une alternative intéressante. En effet, la génétique des populations offre une palette d'outils pour l'identification de populations ayant subi un fort déclin démographique (bottleneck). Ces outils, aujourd'hui communément employés dans le contexte de l'écologie moléculaire et de la biologie de la conservation, ont naturellement leurs propres limites, liées notamment aux modèles démo-génétiques sur lesquels ils reposent. L'absence de flux de gènes passés ou présents (c'est-à-dire l'isolement strict de la population étudiée) est notamment une hypothèse fondamentale mais parfois imparfaitement prise en compte dans la détection génétique d'un déclin démographique. Plus spécifiquement, une signature génétique de bottleneck peut théoriquement être produite par l'isolement brutal d'une population historiquement connectée à ses voisines par des échanges d'individus (ou autres agents de transport de gènes), et ce en l'absence de tout déclin démographique. Nous avons étudié ce cas de figure à l'aide de simulations basées-individu et de données empiriques pour 6 paires de populations (isolées vs. connectées) de rainette verte (*Hyla arborea*) en Europe. Nos simulations et nos données empiriques montrent que la déconnection d'une population induit effectivement un déséquilibre génétique identique à celui qui est généralement interprété comme un signal de déclin démographique. Ces résultats soulignent l'importance de prendre en compte le rôle des flux de gènes afin de correctement identifier la cause du déséquilibre génétique observé (déclin démographique ou déconnection), et éventuellement d'engager une action de conservation appropriée. Ces résultats soulignent également l'importance de distinguer bottlenecks démographiques (réduction de l'effectif d'une population) et bottlenecks génétiques (réduction de la taille efficace d'une population) dans ce type d'études d'écologie moléculaire.

Thomas Broquet - CNRS & UPMC, UMR 7144, équipe Divco - Roscoff - thomas.broquet@sb-roscoff.fr

P10/06 Titre : Biologie de la conservation de *Sideroxylon majus*, espèce endémique de La Réunion

Stéphanie Dafreville - Guillaume Payet - Thierry Pailler - Laurence Humeau - Eric Riviere - Gérard Lebreton - Marie-Hélène Chevallier

L'île de la Réunion fait partie d'un des hotspots de la biodiversité mondiale qui caractérisent des territoires présentant un fort endémisme sujets à de fortes pressions anthropiques. Il s'agit d'une île où plusieurs approches peuvent être considérées pour mieux comprendre la mise en place de la biodiversité et ainsi développer des plans de conservation adaptés aux espèces en ayant une meilleure connaissance de leur écologie. Une première approche évolutive a été initiée pour retracer l'histoire de la colonisation du genre *Sideroxylon* qui s'est diversifié au sein de l'archipel des Mascareignes. On compte 8 espèces endémiques d'une des trois îles de l'archipel. Il s'agit d'un bon modèle pour comprendre les processus de diversification et de spéciation en milieu insulaire. Pour déterminer l'origine des *Sideroxylon* de la Réunion, une analyse des séquences de la région trnC-petN1r d'espèces provenant de la Réunion, de l'Océan Indien et d'Afrique montre une différenciation nette entre les espèces de *Sideroxylon* des Mascareignes et celles de Madagascar et d'Afrique. Parmi les espèces des Mascareignes, deux groupes apparaissent : le premier contient les espèces *S. majus* (Réunion), *S. sessiflorum* (Maurice) et *S. grandiflorum* (Maurice) et le second *S. borbonicum* (Réunion) et *S. puberulum* (Maurice). Ces deux groupes sont hétérogènes en termes d'origine géographique, les espèces d'une même île ne forme pas un groupe monophylétique. Il y a peut être eu plusieurs évènements de colonisation entre les deux îles. Ces résultats très encourageants permettent de discuter des processus d'évolution au sein de ce genre. Parmi ce genre, on retrouve le bois de fer *Sideroxylon majus* qui a subi de fortes pressions anthropiques : fragmentation des habitats, perte potentielle de ses disséminateurs et surexploitation pour son bois imputrescible. On peut donc se demander quel est l'impact de l'anthropisation sur la structure génétique de *Sideroxylon majus* ? En théorie, la fragmentation des habitats conduit à la perte de diversité génétique par la réduction des flux de gènes, la dérive, l'effet fondateur qui sont des processus dont les effets sont décuplés de part l'isolement et la taille réduite des populations. Pour vérifier cette hypothèse, la structure génétique spatiale de cette espèce a été déterminée à l'aide de marqueurs microsatellites nucléaires. Les résultats préliminaires soulèvent une forte diversité. Nous discuterons des processus potentiellement responsables cette diversité. Ces résultats sont indispensables pour identifier les hotspots de diversité génétique et ainsi permettre une gestion durable de la biodiversité.

Stéphanie Dafreville - UMR PVBMT (Université de la Réunion-CIRAD) - St-Pierre (île de la réunion) - stephanie.dafreville@cirad.fr