

## Signal phylogéographique détecté via les marqueurs microsatellites nucléaires entre les structures génétiques spatiales des populations de Moabi situées de part et d'autre de l'équateur (Gabon-Cameroun)

Ndiade-Bourobou D.<sup>1,2</sup>, Favreau B.<sup>2</sup>, Delicat L.<sup>3</sup>, Niangadouma R.<sup>1</sup>,  
Doumenge C.<sup>4</sup>, Hardy O.<sup>5</sup>, Mignot A.<sup>6</sup> & Bouvet J.-M.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> CENAREST, IRAF, BP 842, Libreville, Gabon

<sup>2</sup> CIRAD, Research Unit "genetic diversity and breeding of forest tree species", International Campus of Baillarguet, TA-A-39/C, F-34398 Montpellier cedex 5, France

<sup>3</sup> Université d'Orléans, Faculté des Sciences, Château de la Source, Avenue du Parc Floral, F-45100 Orléans, France

<sup>4</sup> CIRAD, UR B&SEF, International Campus of Baillarguet, TA-C-105/D, F-34398 Montpellier cedex 5, France

<sup>5</sup> Service Evolution Biologique et Ecologie, CP160/12, Faculté des Sciences, Université Libre de Bruxelles, 50 av. F. Roosevelt, 1050 Brussels, Belgium

<sup>6</sup> UM2, Université of Sciences of Montpellier, UFR Sciences, 22 Place Eugène Bataillon, F-34095 Montpellier cedex 05, France.

e-mail pour correspondance : [dndiade@yahoo.com](mailto:dndiade@yahoo.com) ; [ndiade-bourobou@cirad.fr](mailto:ndiade-bourobou@cirad.fr)

**Mots-clefs** : Moabi, microsatellites, phylogéographie, structuration génétique spatiale

**Résumé** : Les patrons de structuration génétique spatiale et les forces abiotiques expliquant la formation de ces structures ont été très peu étudiés sur de larges échelles géographiques climatiquement contrastées chez les populations d'arbres. Notre étude présente des éléments de réponse sur la dynamique génétique spatiale du Moabi (*Baillonella toxisperma* Pierre, Sapotaceae), une espèce endémique du bassin guinéo-congolais, représentée à très faibles densités (5-7 adultes/km<sup>2</sup>). Quinze marqueurs microsatellites nucléaires ont été utilisés pour géotyper 530 individus issus de différentes régions du Cameroun et du Gabon. A l'aide de modèles bayésiens nous avons détecté trois grandes structures génétiques spatiales : un groupe situé au Cameroun (Cluster 1) et deux groupes situés au Gabon, dont l'un continental (Cluster 2) et l'autre le long de la côte atlantique (Cluster 3). Les paramètres de diversité génétique variaient de façon modérée d'un groupe à l'autre ( $H_{e_{nuc}} = 0,49-0,58$  ;  $R_{nuc} = 6,9-8,9$ ). Les indices de différenciation génétique étaient essentiellement élevés entre le groupe du Cameroun et ceux du Gabon (respectivement [Cluster1 vs Cluster 2 :  $F_{st_{nuc}} = 0.207^{***}$  ;  $R_{st_{nuc}} = 0.223^*$ ] et [Cluster 1 vs Cluster 3 :  $F_{st_{nuc}} = 0.113^{***}$  ;  $R_{st_{nuc}} = 0.278^{***}$ ]), mettant ainsi en évidence un signal phylogéographique fort. Les premières pistes d'explications de ce signal phylogéographique pourraient être : (i) l'effet de l'inversion des saisons due au fait que le Gabon et le Cameroun se trouvent de part et d'autre de l'équateur climatique - fait qui serait susceptible d'affecter la synchronisation de la floraison entre les arbres en fleurs - ou (ii) différents scénarios historiques de patrons de colonisation ou de recolonisation des forêts du bassin guinéo-congolais.