

Note de la rédaction

Des thèses, des mémoires de fin d'études sont soutenus chaque année dans le domaine de la forêt et du bois. Il nous est apparu intéressant de faire connaître certains d'entre eux à nos lecteurs, dans cette rubrique intitulée "En résumé".

Variabilité génétique et plasticité de l'efficacité d'utilisation des ressources (eau et azote) chez les Salicacées cultivées en taillis à courte et très courte rotations

par Julien TOILLON

Thèse soutenue publiquement le 11 juillet 2013 à Vandœuvre-lès-Nancy

Directeurs de thèse : M. Franck Brignolas (université d'Orléans), M. Nicolas Marron (INRA – Centre de Nancy-Lorraine)

Cette thèse visait à caractériser l'impact de la densité de plantation et des conditions pédoclimatiques sur la physiologie des peupliers et des saules dédiés à la production de biomasse, à évaluer la variabilité génétique de caractères liés à la productivité, l'efficacité d'utilisation de l'eau (EUE) et l'efficacité d'utilisation de l'azote (EUN) dans une perspective appliquée de sélection variétale, et à juger des relations entre ces caractères. Quatre dispositifs expérimentaux ont été installés dans le nord de la France. L'EUE a été estimée indirectement à l'échelle foliaire *via* la discrimination isotopique vis-à-vis du carbone 13 et l'EUN a été estimée à l'échelle de la plante entière *via* le rapport entre la biomasse aérienne et la quantité d'azote présente dans les tiges. Nos résultats montrent clairement que l'effet d'une augmentation de la densité de plantation affecte la production de biomasse et l'EUE de façon dépendante du site. Lorsque les conditions environnementales étaient favorables à la croissance, une augmentation de la densité de plantation impliquait une augmentation de la hauteur des arbres et une diminution de leur circonférence et de leur EUE, ce qui reflétait une compétition accentuée pour la lumière. En revanche, lorsque les conditions environnementales étaient moins favorables à la croissance en termes de disponibilité en eau et de fertilité du sol, une augmentation de la densité de plantation se traduisait notablement par une augmentation de l'EUE et par une diminution de la circonférence des arbres, ce qui reflétait une compétition accentuée pour l'acquisition de la ressource hydrique. Une relation positive entre production de biomasse et EUE a été détectée pour les saules et les peupliers uniquement dans les conditions environnementales où toute source de compétition était réduite. Une canopée plus développée est inévitablement associée à des pertes en eau par transpiration potentiellement plus importantes. Ces pertes en eau plus importantes à l'échelle de l'arbre pourraient alors être compensées à l'échelle de la feuille par une meilleure régulation stomatique. Les interactions génotype x site indiquent qu'il est difficile d'envisager l'identification de génotypes performants sur une large gamme de conditions pédoclimatiques. La sélection des génotypes devrait donc être réalisée de façon dépendante du site. Enfin, l'absence d'antagonisme entre EUE, EUN et production de biomasse suggère la possibilité de sélectionner des génotypes sur les trois caractères indépendamment.

Diversité et composition des communautés de champignons et d'oomycètes de hêtraies, en relation avec des facteurs climatiques et édaphiques : de la parcelle au continent

par Aurore COINCE

Thèse soutenue publiquement le 3 octobre 2013 à Vandœuvre-lès-Nancy

Directeur de thèse : M. Benoît Marçais (INRA – Centre de Nancy-Lorraine) ; co-directeur de thèse : M. Marc Buée (INRA – Centre de Nancy-Lorraine)

Les sols forestiers sont des habitats hétérogènes, véritables réservoirs de microorganismes. Parmi ces microorganismes, les eucaryotes filamenteux (champignons et Pythiacées) sont très divers et jouent un rôle important dans le fonctionnement et la durabilité des écosystèmes forestiers. Leur diversité et leur répartition spatiale à différentes échelles sont encore peu connues et les facteurs qui sous-tendent cette dispersion sont encore peu étudiés.

Aussi les objectifs étaient 1^o d'exploiter le séquençage de l'ADN à haut débit pour des études d'écologie microbienne à large échelle et valider son application aux communautés de Pythiacées en milieu forestier, 2^o de décrire ces communautés microbiennes, en termes de diversité et de structure, à différentes échelles spatiales (locale, régionale et continentale), 3^o de caractériser les variables biotiques et abiotiques structurant ces communautés et 4^o d'évaluer la réponse éventuelle des communautés aux variations climatiques.

Une première étude pilote à l'échelle de la parcelle a été suivie de deux études à grande échelle spatiale le long de gradients environnementaux. Des gradients d'altitude et un gradient latitudinal, à l'échelle continentale, ont été utilisés comme gradient climatique. L'étude préliminaire a donc validé l'utilisation du pyroséquençage pour les communautés fongiques, et en particulier pour les espèces ectomycorhiziennes, et apporté des éléments pour établir une méthodologie d'échantillonnage couplée à cette technique. L'application de ces outils moléculaires à l'étude des communautés de Pythiacées reste à optimiser.

Les résultats obtenus sur les communautés fongiques telluriques suggèrent que, dans l'hypothèse d'un réchauffement climatique, la richesse fongique ne serait pas directement affectée mais que la composition des communautés le serait. La composition des communautés fongiques est également fortement liée au pH du sol. Ces résultats sont à affiner en étudiant plus en détails divers groupes taxonomiques et écologiques en lien avec des variables climatiques plus précises. Par ailleurs, de nombreuses perspectives sont envisageables pour améliorer la détection des Pythiacées dans les sols forestiers, qui reste un défi en écologie microbienne.

Diversité et évolution d'arbres de forêt tropicale humide : Exemple du Wapa (*Eperua falcata*) en Guyane

par Louise BROUSSEAU

Thèse soutenue publiquement le 10 décembre 2013 à Vandœuvre-lès-Nancy

Directeurs de thèse : M. Ivan Scotti (INRA Kourou), M. Erwin Dreyer (INRA – Centre de Nancy-Lorraine)

En forêt tropicale humide, les facteurs gouvernant l'évolution des espèces d'arbres restent à ce jour largement méconnus, et l'influence relative des processus neutres et adaptatifs est continuellement débattue. L'existence de mosaïques d'habitats attire beaucoup d'attention. Alors que les bas-fonds sont constitués de sols hydromorphes soumis à des engorgements permanents ou saisonniers, les terres fermes subissent de forts drainages verticaux et latéraux conduisant à des conditions de sécheresse édaphique. Ces variations environnementales sont associées à des modifications de

structure et de composition des communautés végétales entre microhabitats, et certaines espèces d'arbres appartenant au même genre présentent des distributions contrastées vis-à-vis de l'habitat local. Ainsi, les variations environnementales associées à la topographie sont fréquemment évoquées comme moteur de radiations adaptatives responsables de spéciation sympatriques. Cependant, l'hypothèse de l'adaptation locale n'a jamais été abordée au niveau intraspécifique chez les arbres tropicaux. D'autre part, beaucoup d'espèces d'arbres de forêt tropicale humide présentent une structuration génétique à échelle locale du fait de processus neutres.

Dans cette thèse, j'étudie la structuration génétique d'un arbre de la Guyane : le Wapa (*Eperua falcata*). Je me suis attachée à répondre à trois questions, en combinant approches moléculaires et phénotypiques :

- Comment se structure la diversité génétique d'*Eperua falcata* dans les paysages forestiers de Guyane française ?
- Quelles forces évolutives sont responsables de la structuration observée ?
- Est-ce que l'adaptation locale contribue à structurer la diversité génétique au sein de populations continues ?

Dans une première partie, j'ai analysé les patrons de structure génétique à une échelle géographique locale et j'ai testé l'hypothèse de l'adaptation locale grâce à des approches « gènes candidats » et « *genome scan* ». Je présente aussi un exemple d'application des technologies de séquençage à haut débit et de leur utilisation dans l'étude de l'évolution de populations naturelles.

Dans une seconde partie, j'ai analysé la structuration de traits phénotypiques entre microhabitats par des tests de provenance en « jardin commun » et une expérimentation de transplantations réciproques.

Les résultats obtenus suggèrent que la diversité génétique est communément structurée à une échelle spatiale très locale chez *Eperua falcata* (de l'ordre de quelques centaines de mètres) du fait d'une combinaison de processus neutres et adaptatifs.