

Introduction

La dynamique des peuplements de *P. tremuloides* résulte de l'histoire de l'espèce (recul et recolonisation) et de l'effet de facteurs naturels (feux, insectes) et climatiques. Des niveaux de diversité élevés (génétique/génotypique) augmenteraient la résilience et la stabilité de nombreux

écosystèmes. Dans ce contexte, ce projet vise à comprendre comment les facteurs historiques et environnementaux modulent la diversité génétique et l'importance de celle-ci dans la réponse de croissance. Cette étude sera effectuée à trois différentes échelles: du continent à la parcelle.

Objectifs

I- **Phylogéographie**: comment s'est faite la recolonisation du nord-ouest du continent américain par le Tremble?

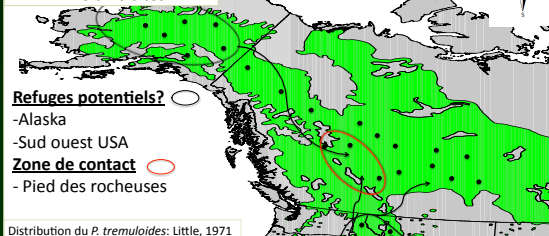
II- **Perturbations**: Les régimes de perturbations régulent-ils la structure génétique et clonale du tremble au Canada?

III- **Croissance**: La variabilité génétique influence-t-elle la croissance radiale du tremble?



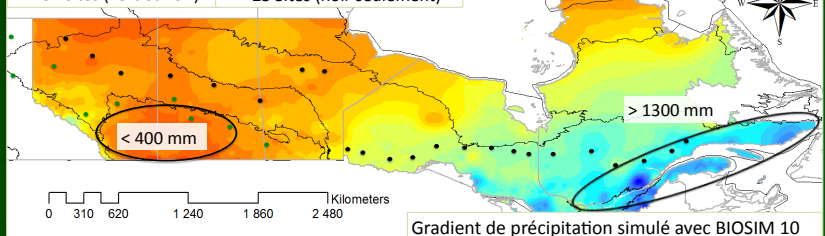
Zones d'étude

I – Phylogéographie:
- 20 à 40 sites



II – Perturbations:
- 32 sites (vert et noir)

III – Croissance:
- 23 Sites (noir seulement)



Hypothèses, matériels et méthodes

I – Phylogéographie:

Hypothèses:

- Colonisation à partir de deux refuges glaciaires
- Lignées d'origines différentes dans les zones de contact

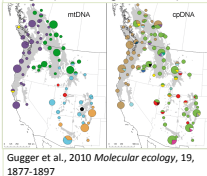
Échantillonnage:

- 20 à 40 sites (en cours)
- Dispersé et aléatoire
- 30 à 50 arbres par sites
- Prélèvements de racines et de feuilles

Analyses:

- Extraction ADN et séquençage de 12 microsatellites
- Identification et cartographie des lignées de distinctes (voir exemple ci-contre du Douglas)

Exemple de la phylogéographie du Douglas (*Pseudotsuga menziesii*)



II – Perturbations

Hypothèses:

- Structure clonale et génétique dépendent des régimes de perturbations
- Diversité génotypique et hétérozygotie plus forte dans l'est

Analyses:

- Extraction ADN et séquençage de microsatellites et SNP's
- Calcul d'indices génétiques:
 - R, He, Ho, Fis, ...
- Données de feux, climat, et insectes

Échantillonnage:

- 32 placettes (r=50m)
- Aléatoire
- 50 arbres par placette
- Prélèvements de racines
- Mesures dendrométriques
- Positionnement des arbres dans la placette

Photo d'un prélèvement racinaire



III – Croissance:

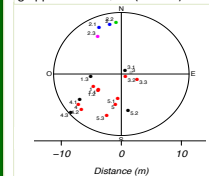
Hypothèses:

- Hétérozygotie positivement corrélée avec la croissance radiale
- Variation de croissance interannuelle positivement corrélée avec la diversité observée

Échantillonnage:

- 23 placettes (r=11.28)
- 5 grappes de 4 arbres
- Prélèvements de racines et carottes (2 par arbre)
- Mesures dendrométriques
- Positionnement des arbres dans la placette

Identité génotypiques des tiges des grappes du site QC68 (R= 0.32)



Analyses:

- Extraction et séquençage de 12 microsatellites
- Dendrochronologie sur les 2 carottes par arbre
- Calcul d'indices génétiques:
 - R, He, Ho, Fis, ...
- Croisement des données:
 - ACP, ANOVA, tests de corrélation

Résultats attendus

I- **Phylogéographie** => Détermination de l'évolution de la diversité génétique au cours du temps et dans l'espace

II- **Perturbations** => Compréhension de l'importance des perturbations naturelles (feux, insectes) et climatiques sur la structure clonale et génétique des peuplements

III- **Croissance** => Quantification du rôle de la variabilité génétique dans la réponse de croissance

