

STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE
Rentrée 2021

Reproduction des plantes pérennes : le niveau de synchronie entre les individus est-il lié à leur proximité génétique ?

Lieu du stage /établissement : Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Lyon1

Problématique

Chez de nombreuses plantes pérennes, la production de fruits est extrêmement fluctuante d'une année à l'autre et synchronisée entre les arbres d'une même population (stratégie de reproduction appelée 'masting'). Les fortes fluctuations interannuelles permettent aux plantes de contrôler en partie la démographie de consommateurs de fruits¹ et ont de fortes conséquences sur la dynamique des écosystèmes forestiers tempérés. Alors que les mécanismes du masting sont encore largement débattus², notre méconnaissance des processus en jeu constitue un frein majeur pour proposer des scénarios robustes sur le devenir des écosystèmes forestiers dans le contexte du changement climatique. En particulier, on ne dispose que de très peu d'éléments sur la contribution de facteurs génétiques au masting^{3,4}, notamment dans la synchronisation entre les arbres de leurs dynamiques interannuelles de production fruitière, laquelle a une implication déterminante dans le succès reproducteur des arbres et la régénération forestière. Comprendre ce déterminisme génétique devrait fournir des éléments scientifiques de tout premier ordre pour améliorer la gestion de la régénération forestière dans les prochaines décennies.

Objectifs du stage

Le stage visera à tester chez le chêne sessile l'existence d'une corrélation entre niveau de synchronie de la reproduction et proximité génétique : on peut s'attendre à un niveau de synchronie entre deux arbres d'autant plus élevé que ces arbres sont proches génétiquement et spatialement. A partir de données individuelles collectées sur un large réseau de suivi de la reproduction des chênes sessiles (150 chênes suivis depuis 2012 sur 15 sites en France métropolitaine), le ou la candidat.e analysera des données moléculaires (microsatellites^{5,6}) pour caractériser la diversité génétique des chênes sessiles intra- et inter-sites, et la mettra en lien avec le niveau de synchronie mesuré entre ces arbres d'après la corrélation entre leurs dynamiques interannuelles de floraison et de fructification.

Durée : 6 mois

Encadrement : Bastien Boussau, Marie-Claude Venner (Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, LBBE) et Antoine Kremer (UMR-INRAE BioGeCo)

Contact : bastien.boussau@univ-lyon1.fr ; marie-claude.venner@univ-lyon1.fr

Références :

1. Bogdziewicz M. et al. 2020a. From theory to experiments for testing the proximate mechanisms of mast seeding: an agenda for an experimental ecology. *Ecol. Lett.* 23 : 210-220
 2. Pearse IS et al. 2016. Mechanisms of mast seeding: resources, weather, cues, and selection. *New Phytol* 212 : 546-62. doi: [10.1111/nph.14114](https://doi.org/10.1111/nph.14114)
 3. Bogdziewicz M et al. 2020b. Climate Change Strengthens Selection for Mast Seeding in European Beech, *Curr. Biol.* 30 (17): 3477-3483.e2. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2020.06.056>
 4. Caignard T et al. 2019. Heritability and genetic architecture of reproduction-related traits in a temperate oak species. *Tree Genetics & Genomes* 15, 1 <https://doi.org/10.1007/s11295-018-1309-2>
 5. Truffaut L et al. 2017. Fine-scale species distribution changes in a mixed oak stand over two successive generations. *New Phytol* 215: 126–139. doi: [10.1111/nph.14561](https://doi.org/10.1111/nph.14561)
- Lepais O et al. 2020. Fast sequence-based microsatellite genotyping development workflow. *PeerJ* 8:e9085. <http://doi.org/10.7717/peerj.9085>