

Génomique de la spéciation et cohésion des espèces de Tillandsioideae (Bromeliaceae) présentes dans les montagnes néotropicales

Autor(en): **La Harpe, Marylaure de**

Objektyp: **Article**

Zeitschrift: **Actes de la Société jurassienne d'émulation**

Band (Jahr): **118 (2015)**

PDF erstellt am: **25.09.2024**

Persistenter Link: <https://doi.org/10.5169/seals-654519>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.

Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.

Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

Génomique de la spéciation et cohésion des espèces de *Tillandsioideae* (*Bromeliaceae*) présentes dans les montagnes néotropicales

Marylaure de La Harpe
et consortium Sinergia

Ce projet de recherche fait partie d'un consortium¹ composé de trois universités suisses principales ayant chacune une discipline spécifique de recherche (Lausanne: Prof. Nicolas Salamin, phylogénétique; Fribourg: Prof. Christian Lexer, génétique des populations; Zurich: Prof. Michael Kessler, écologie), quatre doctorantes et trois post-doctorants. L'équipe de recherche travaille en étroite collaboration avec les universités et jardins botaniques européens et sud-américains qui sont leurs principaux partenaires. Le financement du projet provient du Fonds national suisse de la recherche scientifique (F.N.S.).

La radiation adaptative des Broméliacées est l'une des plus diversifiées et des plus énigmatiques du Néotropique. La sous-famille des Tillandsioïdées représente un système pertinent pour étudier les stratégies d'adaptation et de diversification des plantes. En effet, le nombre extraordinaire d'espèces au sein des 9 genres de Tillandsioïdées, leur diversité tant écologique que morphologique et la taille relativement petite et constante du génome permettent une étude moléculaire prometteuse sur les mécanismes de spéciation. Nos buts principaux de recherche sont d'éclaircir les mécanismes génétiques qui favorisent et contraignent l'adaptation et l'évolution des différents clades distribués dans les montagnes néotropicales. Ainsi, nous utilisons l'échelle de temps microévolutionnaire pour élucider les causes de divergence et la structure génétique des populations qui composent les complexes d'espèces et mieux comprendre les mécanismes de cohésion et de spéciation des espèces. Pour cela, nous utilisons différentes approches moléculaires qui visent d'une part à décrire les mécanismes de divergence des populations et



Fig. 1 : *Vriesea heterostachys*, Serra dos Orgaos, Brésil. @MdLH2015

d'autre part à identifier les gènes responsables des traits adaptatifs chez les Tillandsioïdées.

Différentes espèces de Tillandsioïdées ont été récoltées durant un intense travail de terrain en 2014 et en 2015 dans différentes régions d'Amérique centrale (Mexique et Costa Rica) et d'Amérique du Sud (Colombie, Brésil, Équateur et Pérou; fig. 1-3). Les populations de Tillandsioïdées ont été échantillonnées suivant un protocole divisant la zone de récolte en carrés distribués le long d'un transect altitudinal (fig. 4). Cette méthode donne en particulier la possibilité d'identifier les espèces communes (réplicats géographiques) et les espèces endémiques (réplicats phylogénétiques). Ces taxons permettront de tester les mécanismes de spéciation et d'évolution parallèle des espèces dans leur habitat naturel. Nous avons choisi préférentiellement les réplicats géographiques pour tester les mécanismes génétiques de spéciation responsables de la cohésion entre les espèces. Nous utilisons notamment une approche d'analyse génomique qui combine le séquençage massif d'A.D.N. et le séquençage ciblé du génome afin d'identifier les régions génétiques qui sont sous l'influence de la sélection naturelle. Les



Fig. 2 : *Vriesea triligulata*, Serra dos Orgaos, Brésil. @MdlH2015



Fig. 3 : *Tillandsia imperialis*, Aztalan, Mexique. @MdlH2015

méthodes génétiques employées servent spécialement à caractériser le flux de gènes entre les populations et les mécanismes neutres et non neutres de sélection naturelle. Afin d'identifier les gènes responsables de l'évolution des groupes, nous sélectionnons des couples d'espèces parentes et nous



Fig. 4 : Travail de terrain au Mexique: installation des carrés d'étude le long d'un transect *altitudinal*. @MdLH2015

études l'évolution d'un trait adaptatif. Le trait adaptatif sur lequel nous nous penchons actuellement est la photosynthèse. En effet, les couples d'espèces sélectionnés ont non seulement un temps de divergence similaire, mais ils démontrent également un changement du mécanisme photosynthétique: dans le couple d'espèces parentes, l'une est de type C3 et l'autre de type CAM.

Sans le matériel à disposition dans les collections vivantes des différents jardins botaniques d'Europe (Vienne, Genève, Heidelberg, Porrentruy) et d'Amérique du Sud (Rio de Janeiro), nous ne pourrions pas mener à bien notre analyse. En effet, ceux-ci donnent un accès rapide et fiable au matériel. Il va sans dire que c'est également une alternative économique et écologique pour répondre à des questions scientifiques de toute première importance en faveur de la conservation de la biodiversité. En particulier, les taxons du Jardin botanique de Jurassica à Porrentruy ont conduit à la constitution d'une large banque de données d'espèces de *Tillandsia*. Celle-ci permettra l'analyse ciblée des gènes intéressants dans la problématique de spéciation (fig. 5).



Fig. 5: *Tillandsia secunda*, spécimen provenant de la vallée d'Ona en Équateur et conservé au Jardin botanique de Jurassica à Porrentruy. @Gaël Comment 2015.

Marylaure de La Harpe, biologiste diplômée des universités de Neuchâtel et de Lausanne, est actuellement doctorante au sein du groupe de recherche du Prof. Christian Lexer de l'université de Fribourg et de l'université de Vienne. Son travail de recherche, qui fait partie du consortium Sinergia, se penche sur des questions fondamentales liées à la génétique des populations et aux modes de spéciation dans deux genres néotropicaux : Geonoma (Arecaceae) et Tillandsioideae (Bromeliaceae).

NOTE

¹ Sinergia, projet POPCORN: *Using Population Genomics, Phylogenetics and Community Ecology to understand Radiations in Neotropical mountains.*