

Organisation spatiale de la diversité génétique de deux mousses: *Tetraphis pellucida* et *Dicranum fuscescens* en forêt boréale québécoise



Nahla Sellami, Francine Tremblay et Nicole Fenton
Institut de recherche sur les forêts, Université de Québec en Abitibi-Témiscamingue
445 boul. de l'Université, Rouyn-Noranda, QC, J9X 5E4, Canada
email: nahla.sellami@uqat.ca

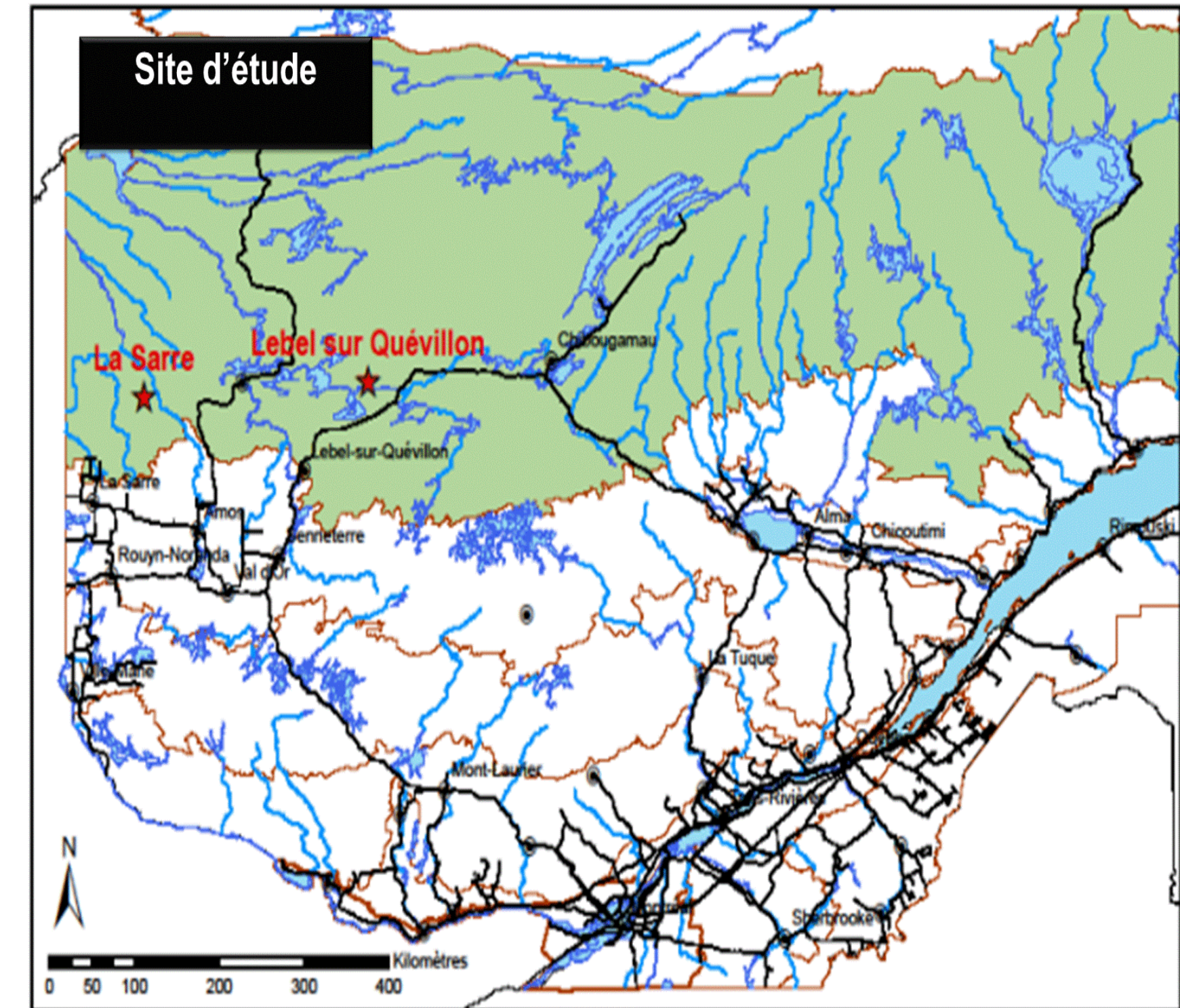


Introduction

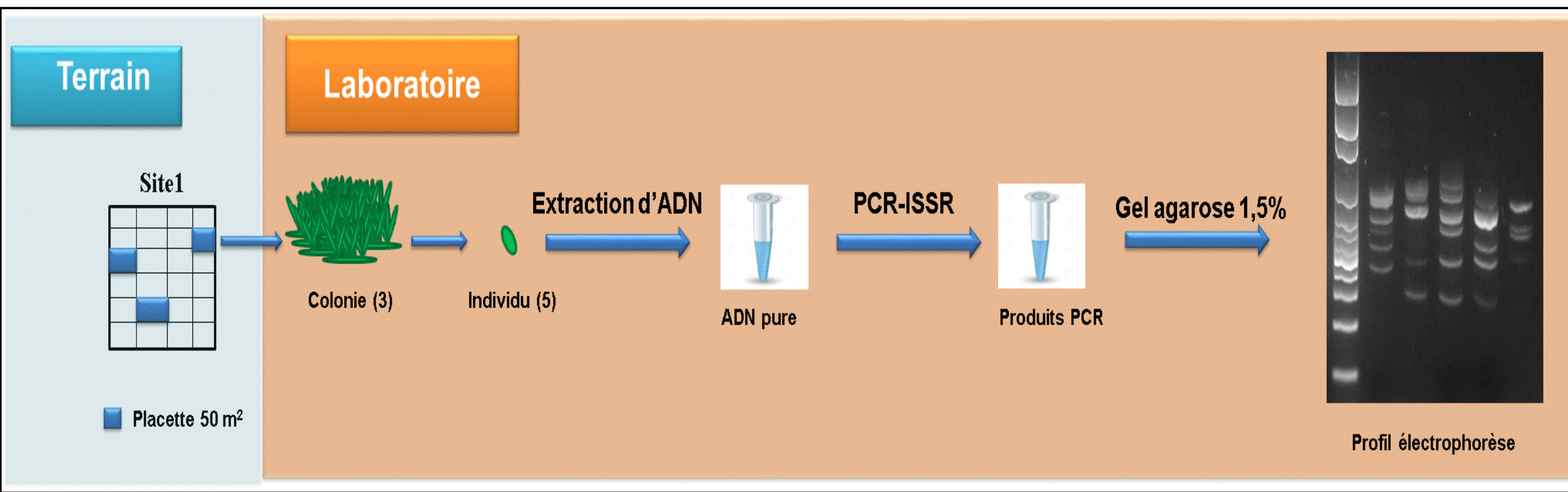
L'habitat des mousses est discontinu à l'échelle spatio-temporelle et caractérisé par la présence de micro-îlots connectés ou non entre eux. Lorsque les populations localement indépendantes sont interconnectées, elles forment une métapopulation. Le maintien de celle-ci est assuré par deux facteurs : la dynamique de la population (mode de reproduction et de dispersion) et les conditions de micro-habitat (la disponibilité, la durée de vie et la taille de substrat). Ces facteurs définissent l'organisation spatiale de la métapopulation. Les deux modes de reproduction, asexuée et sexuée, sont présents chez les mousses. La reproduction asexuée engendre des individus génétiquement identiques à proximité de la colonie mère. La reproduction sexuée donne des individus génétiquement différents qui peuvent se disperser à plus grandes distances. L'objectif du projet vise à élucider l'organisation de la diversité génétique de deux mousses : une espèce à reproduction mixte, *Tetraphis pellucida* et une espèce à dominance sexuée, *Dicranum fuscescens*.

Matériels et Méthodes

Du matériel biologique a été récolté en 2009 dans des forêts du Nord-du-Québec, dans trois sites (site 1 et 3, Lebel-sur-Quévillon, site2, La Sarre). Après l'identification microscopique, des individus de deux espèces *T. pellucida* et *D. fuscescens* ont été prélevés pour les analyses génétiques. L'ADN a été extrait à l'aide du DNeasy Plant Mini Kit (QIAGEN, Germany). L'amplification a été effectuée avec sept amorces ISSR. Les produits PCR ont été visualisés sur gel d'agarose à 1,5%. La lecture de gel a donné une matrice de données codée suivant la présence et l'absence de l'allèle (1/0). Les analyses génétiques ont été effectuées à l'aide du logiciel GenAlEx 6.501. Les données descriptives (nombre d'allèles, haplotypes et nombre de clones, taux de polymorphisme) et les données inférencielles (variabilité, distance et différenciation génétique) ont été étudiées.



Carte géographique de site de collecte de *D. fuscescens* dans les vieilles pessières de l'UAF 85-51 (Nord de la Sarre) et de l'UAF 87-63 (Nord de Lebel-sur-Quévillon) (L'étage bioclimatique : zone boréale, sous-zone de la forêt boréale continue et domaine de la pessière à mousse (en vert))



D. fuscescens est une mousse à dominance sexuée, de grande taille allant jusqu'à 10 cm. *T. pellucida* est une mousse à reproduction mixte, de petite taille allant jusqu'à 1,5 cm.



Résultats

La diversité génétique (diversité des haplotypes) est similaire chez les deux espèces et varie entre 0,1 et 0,3. Le taux de polymorphisme des loci ISSR est relativement élevé et se situe entre 45,57% et 92,41% (moyenne = 71,94%). Les résultats démontrent que la propagation végétative est limitée chez les deux espèces. Des individus génétiquement identiques (ou clones) ont été détectés dans un des sites et sont représentés respectivement par sept et dix clones pour *T. pellucida* et pour *D. fuscescens* formés chacun de 2 à 5 individus (Tableau 1). L'analyse de variance moléculaire (AMOVA) révèle que la majorité de la variance génétique se situe à l'intérieur des sites (77% pour *T. pellucida* et 78% pour *D. fuscescens*) et la différenciation entre les sites est estimée à 23% et 22% respectivement pour *T. pellucida* et *D. fuscescens* (Tableau 2). Pour les deux espèces, les colonies de sites 1 et 3 se chevauchent génétiquement entre elles, seules les colonies de site 2 se trouvent distinctes génétiquement (Figure 1). Des corrélations positives faibles mais significatives entre la distance génétique et la distance géographique ont été montrées par le test de Mantel ($r=0,2$ et $P=0,01$ pour *T. pellucida* et $r=0,3$ et $P=0,01$ pour *D. fuscescens*).

Tableau 1 : Fréquence et diversité allélique *T. pellucida* et chez *D. fuscescens*

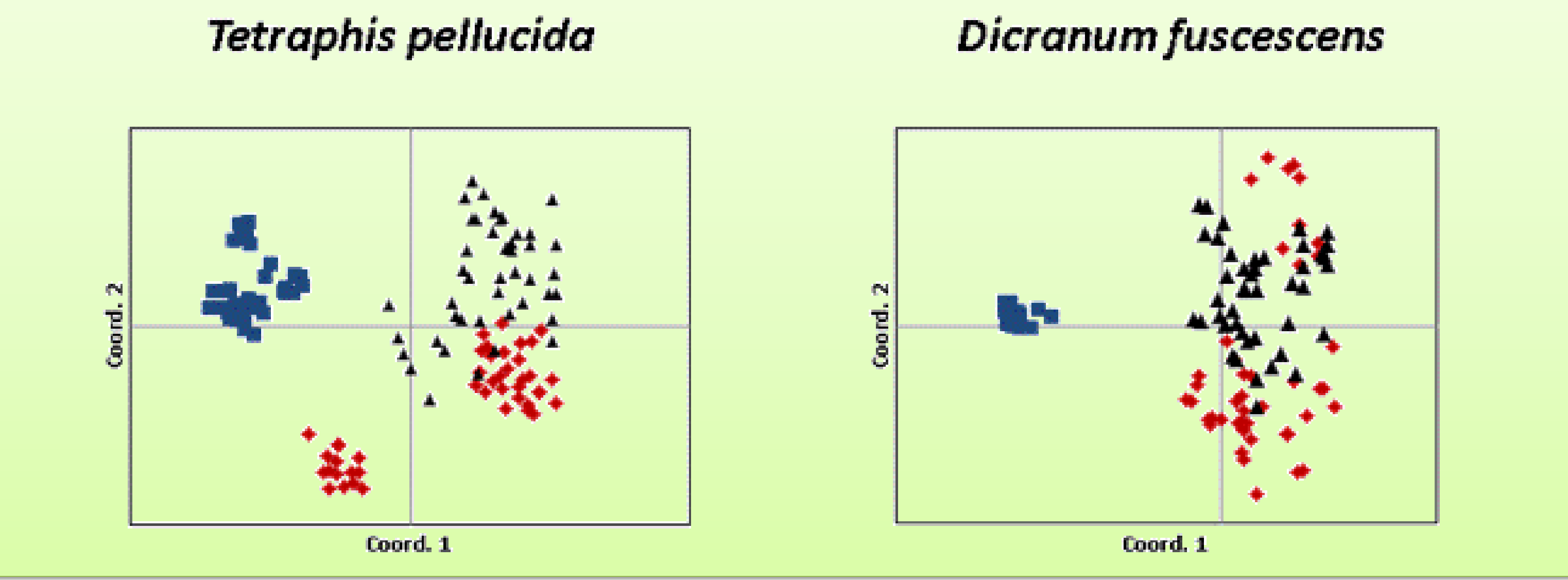
	N	Na	Ne	I	h	No. Clones	% P
<i>T. pellucida</i>							
Site 1	44	1,41±0,1	1,50±0,04	0,41±0,03	0,28±0,02	1	70,89
Site 2	35	0,91±0,1	1,26±0,04	0,23±0,03	0,15±0,02	6	45,57
Site 3	45	1,59±0,09	1,58±0,04	0,47±0,02	0,32±0,02	0	79,75
<i>D. fuscescens</i>							
Site 1	45	1,84±0,06	1,59±0,04	0,49±0,02	0,33±0,01	0	92,41
Site 2	18	1,29±0,1	1,24±0,03	0,24±0,02	0,15±0,01	10	64,56
Site 3	45	1,56±0,09	1,52±0,03	0,44±0,02	0,30±0,02	0	78,48

N nombre d'individus, Na nombre des allèles, Ne nombre des allèles efficaces, I indice d'information de Shannon, h diversité, No. Clones nombre des clones, %P pourcentage de polymorphisme

Tableau 2: Variance et différenciation génétique de *T. pellucida* et *D. fuscescens*

Source	df	SS	MS	Est. Var.	%	PhiPT
<i>T. pellucida</i>						
Inter-sites	2	282,893	141,447	3,212	23%	0,230***
Intra-site	120	1285,009	10,708	10,708	77%	
Total	122	1567,902		13,921	100%	
<i>D. fuscescens</i>						
Inter-sites	2	254,735	127,368	3,424	22%	0,224***
Intra-site	105	1241,367	11,823	11,823	78%	
Total	107	1496,102		15,246	100%	

Figure 1: Illustration de la distance génétique chez *T. pellucida* et *D. Fuscescens* à l'aide d'une analyse en coordonnées principales (rouge : Site 1, bleu : Site 2 noire : Site3)



Conclusion

L'étude de la diversité génétique, chez deux mousses: *T. pellucida* et *D. fuscescens* qui diffèrent par leur mode de reproduction, a montré que les événements de reproduction sexuée, même à faible fréquence, suffisent pour maintenir la diversité génétique des populations. Cette diversité génétique assure la continuité de l'espèce au fil des générations. Les rapprochements génétiques entre les sites reflètent les rapprochement géographiquement, la proximité génétique entre les sites reflète leur proximité géographique. Nos résultats pourront être utiles pour les enjeux de conservation de la diversité génétique des ces espèces spécialement lors de l'élaboration de plans d'aménagement forestier durable.