

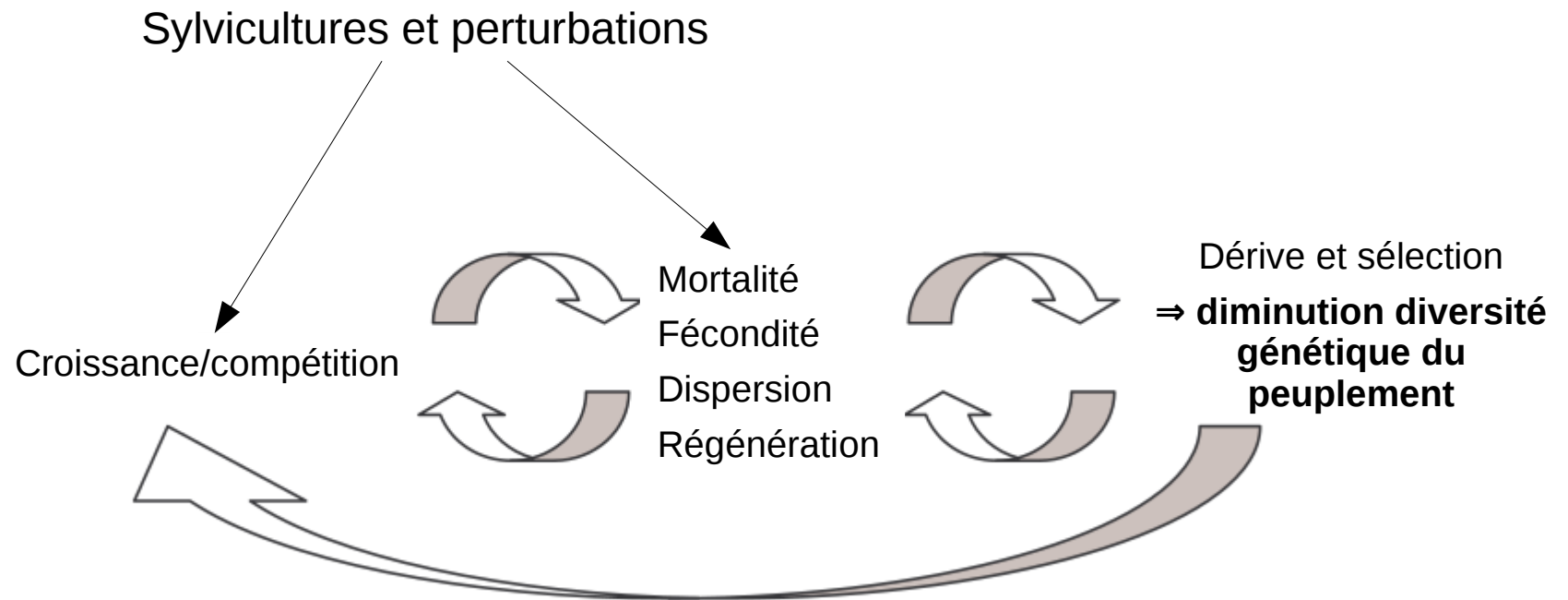
# Introduction de la génétique dans un modèle de croissance des arbres sous CAPSIS : méthode, implémentation et outil

Projet RMT-IGS

Réunion CAQSSIS – 27 au 29 mars 2018

Claire Godineau, Nicolas Beudez, François de Coligny, Leopoldo Sanchez Rodriguez, Christine Deleuze, François Courbet, Sylvie Oddou-Muratorio, Christian Pichot, François Lefèvre

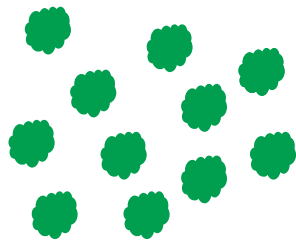
# Enjeux



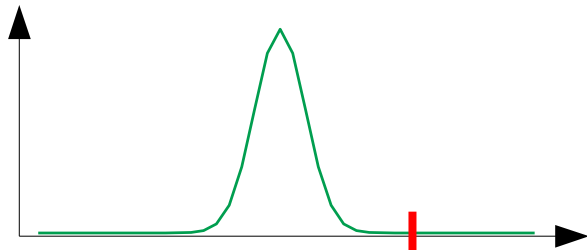
D'après Dreyfus et al.

# Enjeux

Population 1



Effectif



Valeur du caractère

**Faible diversité génétique**



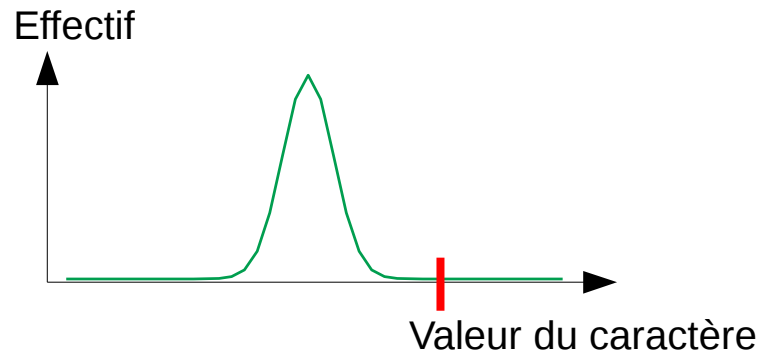
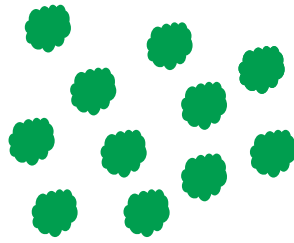
Forte sécheresse



Pas de survivants

# Enjeux

Population 1

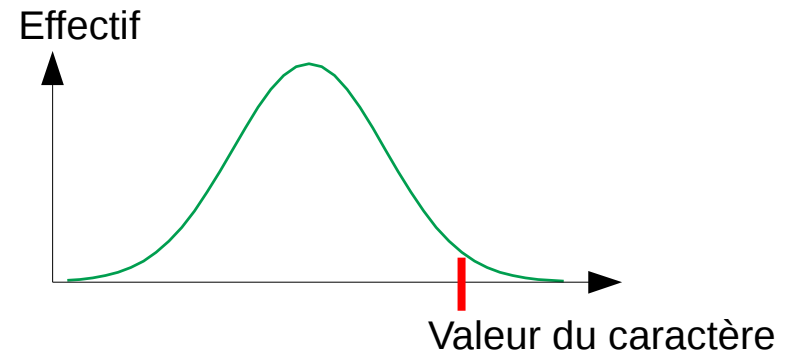
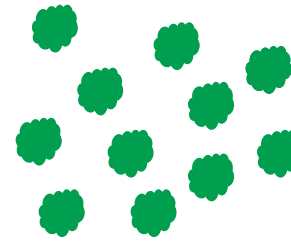


**Faible diversité génétique**

Forte sécheresse

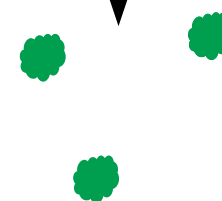
Pas de survivants

Population 2



**Forte diversité génétique**

Forte sécheresse



**Potentiel évolutif**

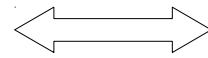
# Enjeux

- A quelles perturbations les peuplements feront-ils face ?
- Les différents types de perturbations ne sélectionnent pas les mêmes caractères

⇒ Conserver la diversité génétique

# Enjeux

Productivité



Rusticité



Compromis bénéfiques actuels et risques futurs



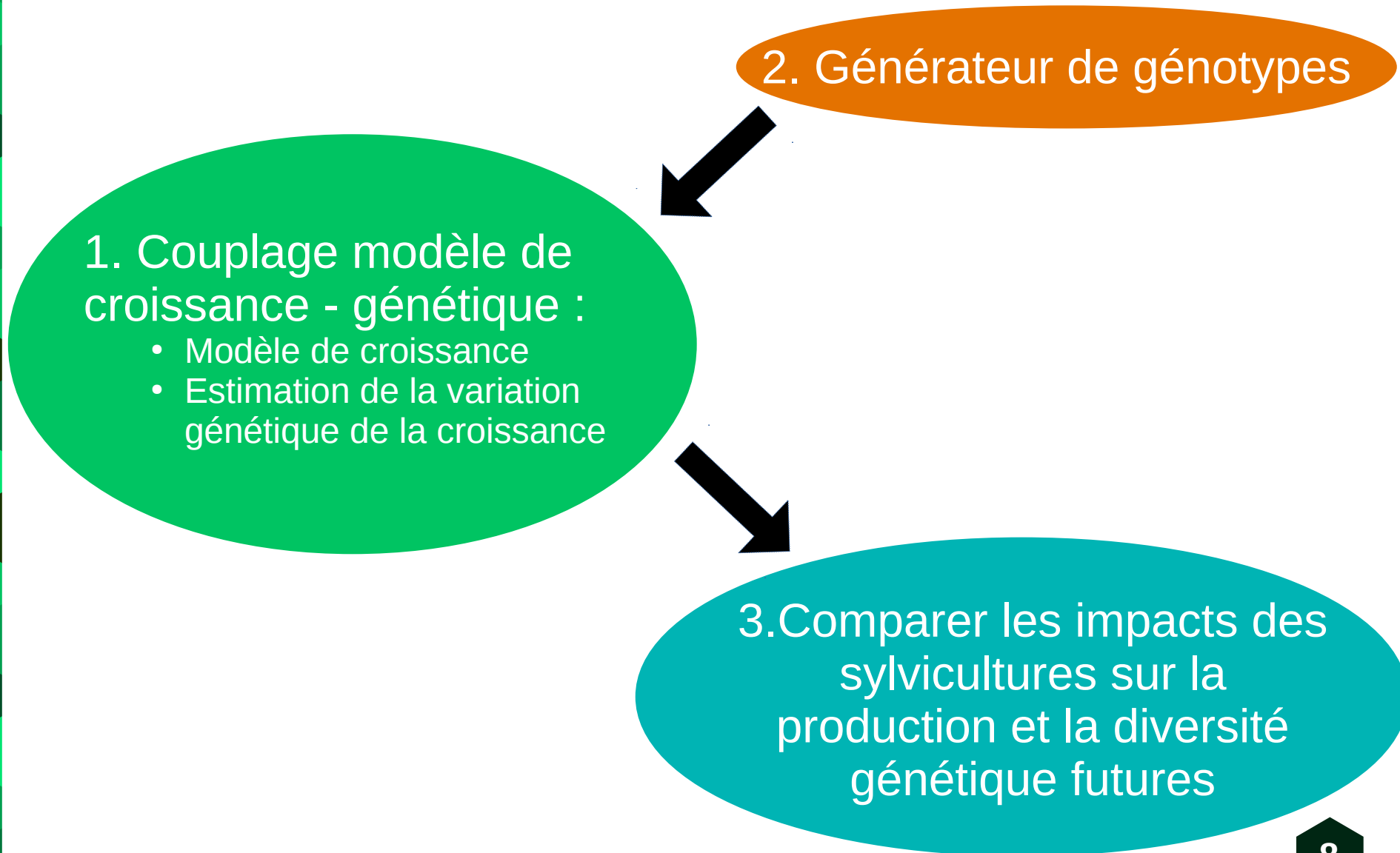
Modéliser l'évolution de la diversité génétique sous différentes sylvicultures et perturbations

# Questions

- Quels sont les impacts génétiques comparés de différentes dynamiques sylvicoles en peuplement régulier ?
- Quels sont les divers impacts génétiques de la gestion d'un mélange de provenances dans un peuplement ?
- Quels sont les divers impacts génétiques de la conservation d'arbres très vieux ?

...

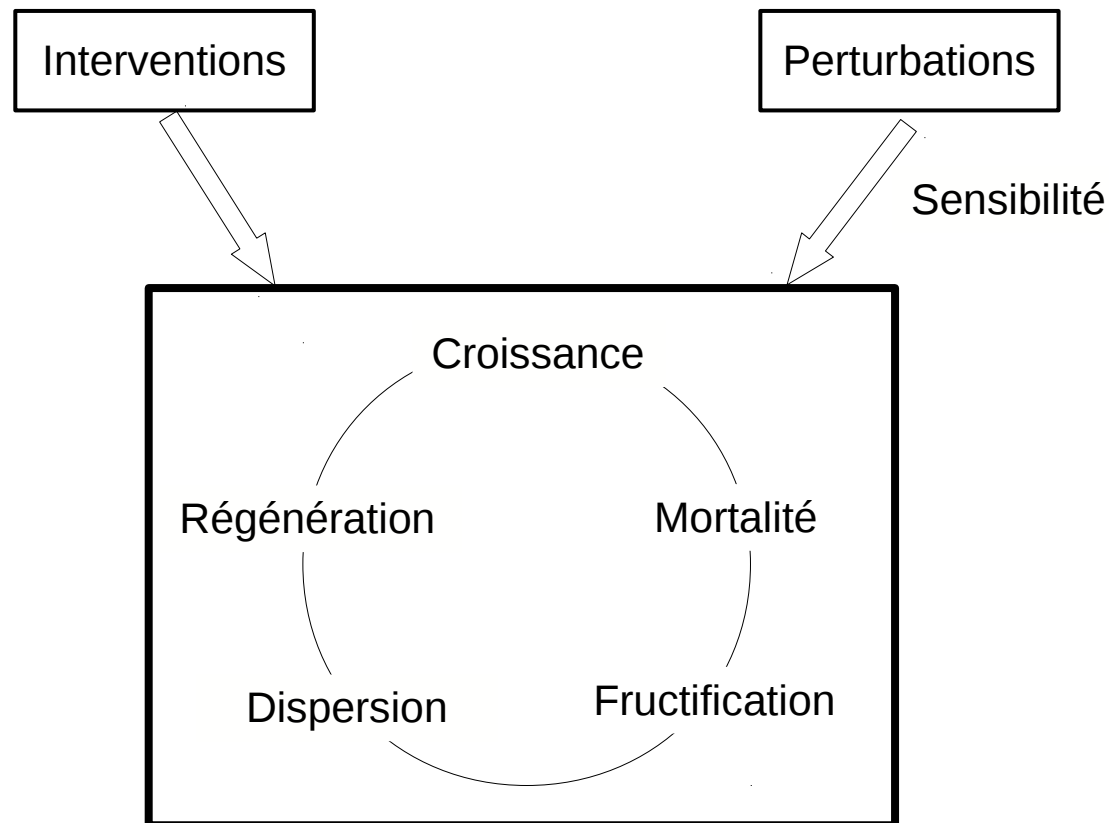
# Plan





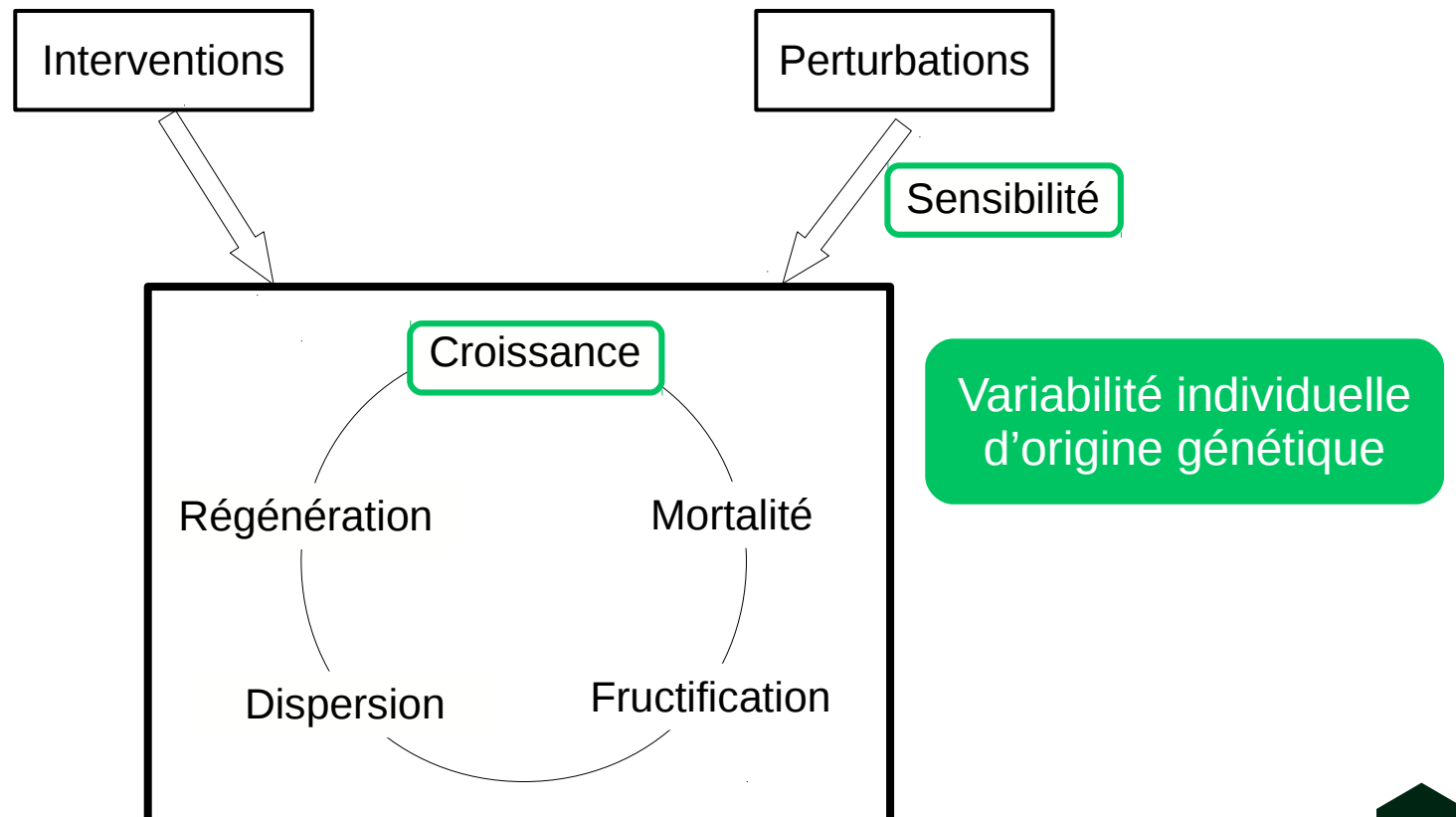
# Modèle générique

Peuplement régulier  
Modèle de croissance de la famille Fagacées  
Arbres individualisés et spatialisés



# Modèle générique

Peuplement régulier  
Modèle de croissance de la famille Fagacées  
Arbres individualisés et spatialisés

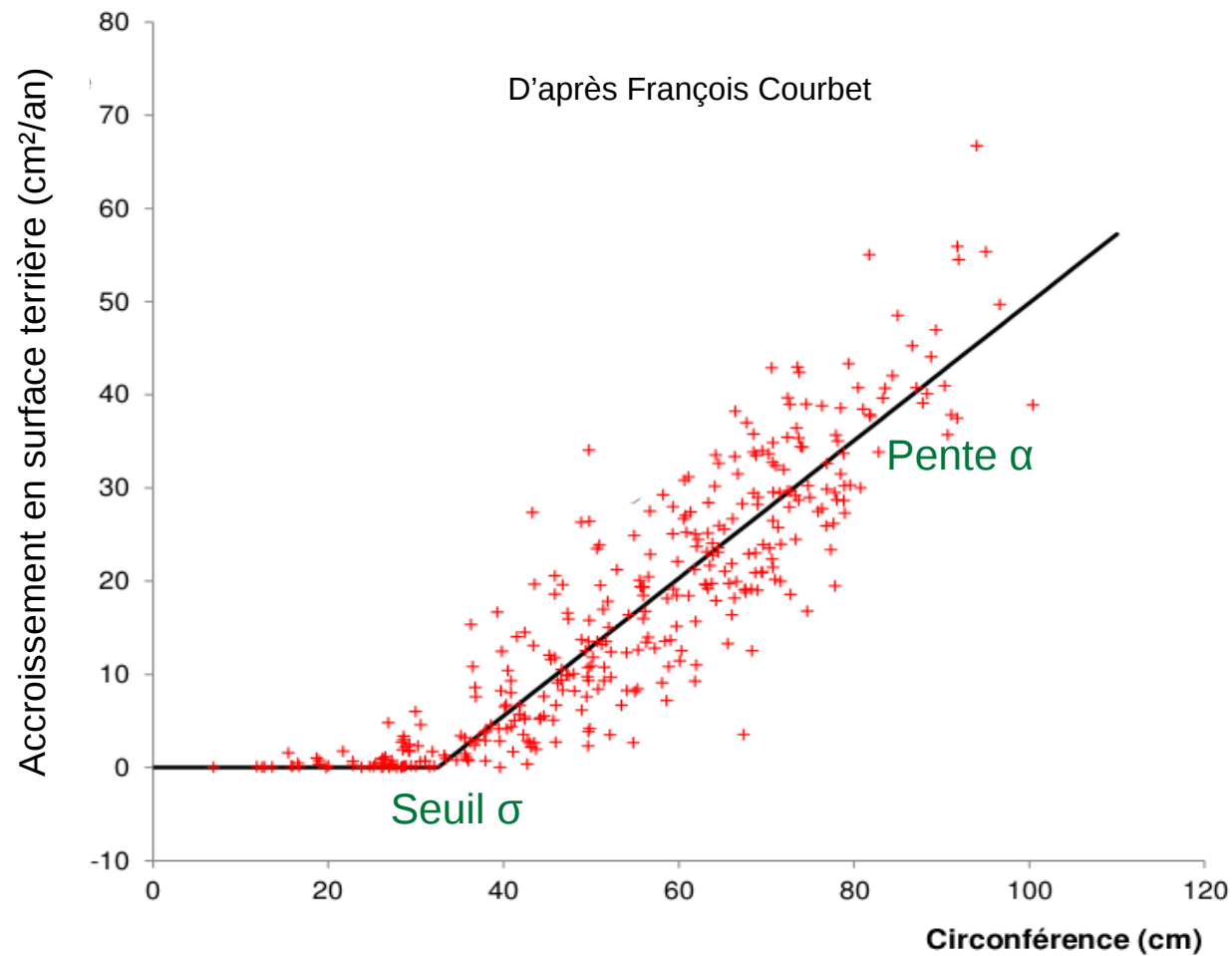




# 1. Couplage croissance-génétique

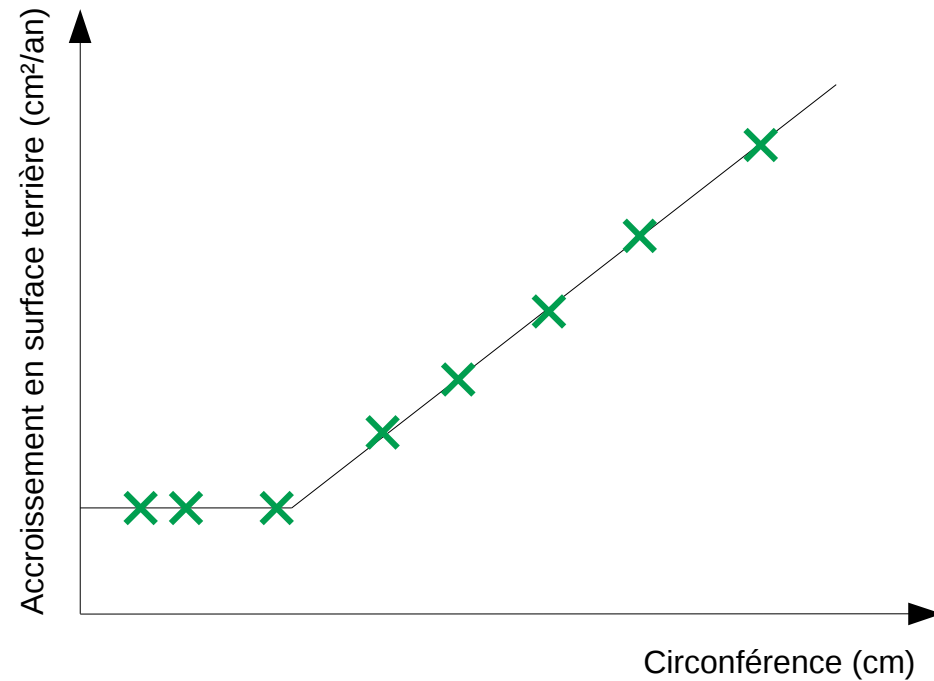
# Modèle de croissance chez le Cèdre

$$\Delta g = \alpha (\text{circonférence} - \sigma)$$



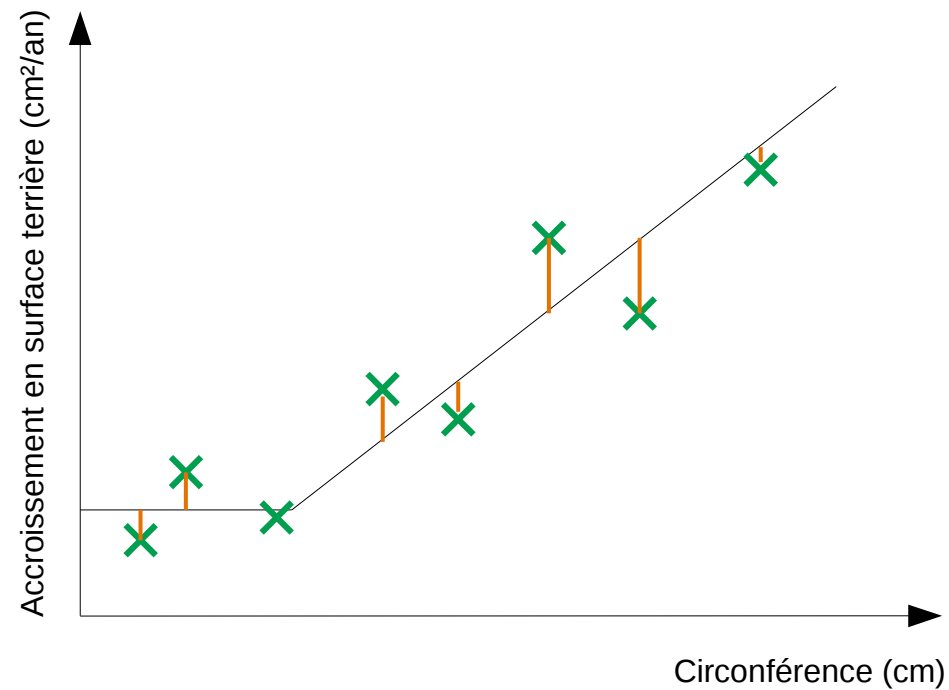
# Couplage croissance-génétique chez le Cèdre

$$\Delta g = \alpha (\text{circonférence} - \sigma)$$



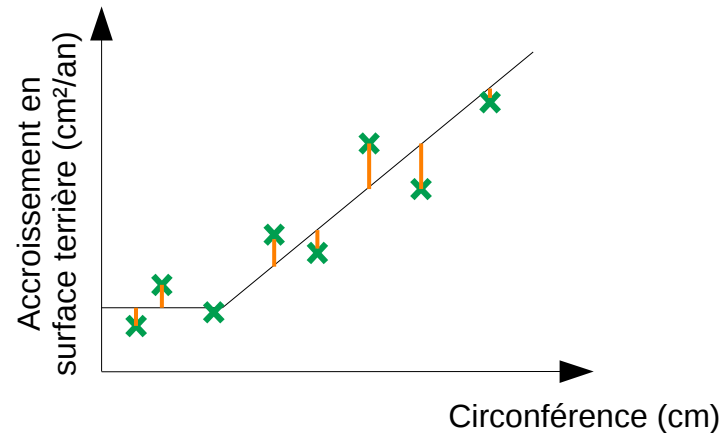
# Couplage croissance-génétique chez le Cèdre

$$\Delta g = \alpha (\text{circonférence} - \sigma) \pm \text{effet aléatoire individuel}$$



# Estimation des variations de croissance propres aux individus

1) Ajuster un modèle d'accroissement



2) Estimer la variabilité propre aux individus :

$$\varepsilon \sim \underset{\substack{\downarrow \\ \text{densité}}}{\text{placette}} + \underset{\substack{\downarrow \\ \text{climat}}}{\text{année}} + \underset{\substack{\downarrow \\ \text{sylviculture}}}{\text{placette:année}} + \text{1|arbre}$$

$h^2=0,3$

3) Attribuer une part de cette variabilité à la génétique



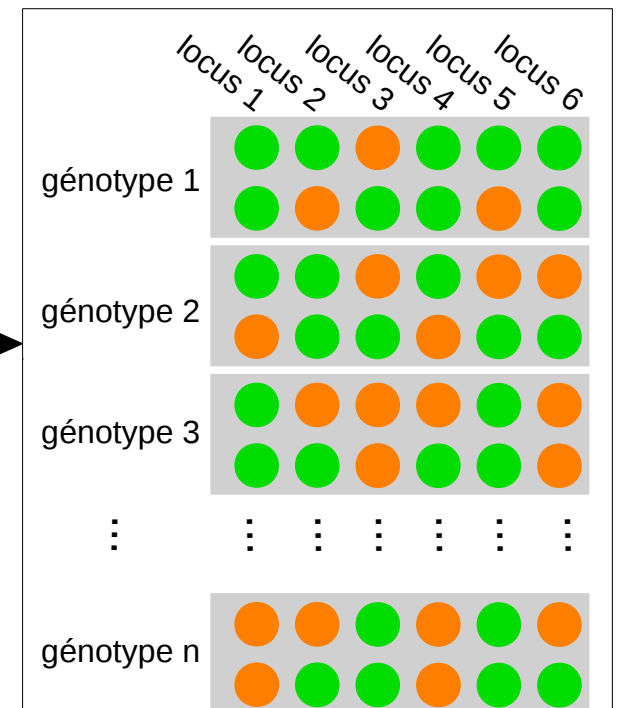
## 2. Le générateur de génotypes



# Le générateur de génotypes

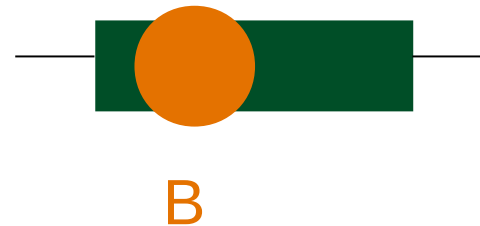
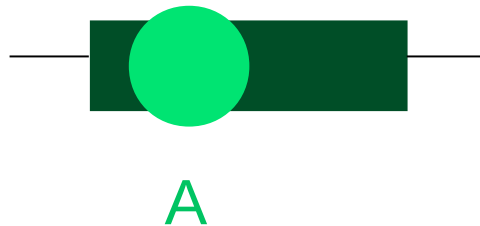
- Traduire  $h^2$  en génotypes
- Générer une population structurée

Générateur de génotypes



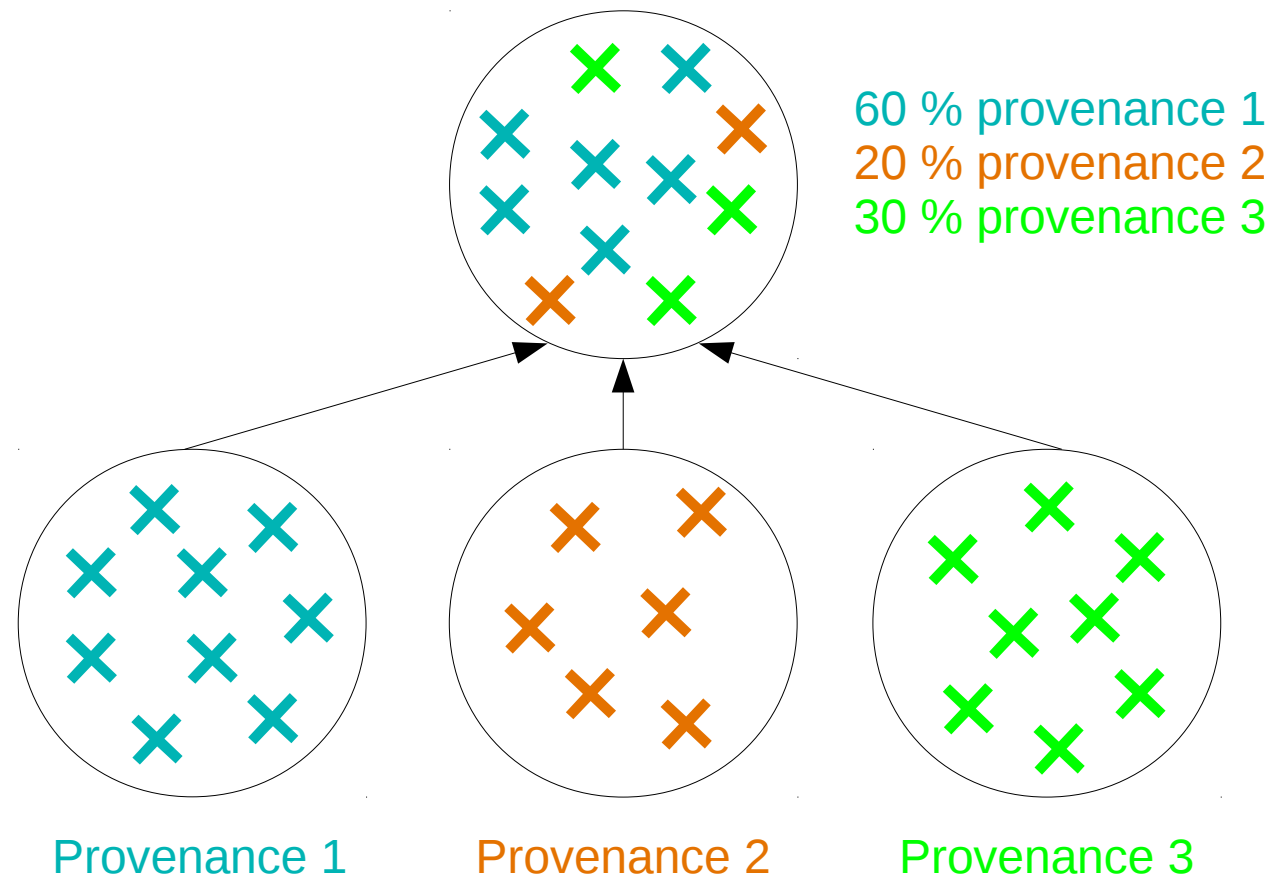
# Paramètres contraints

- 2 caractères maximum :
  - Croissance
  - Sensibilité aux perturbations
  
- 2 allèles par locus



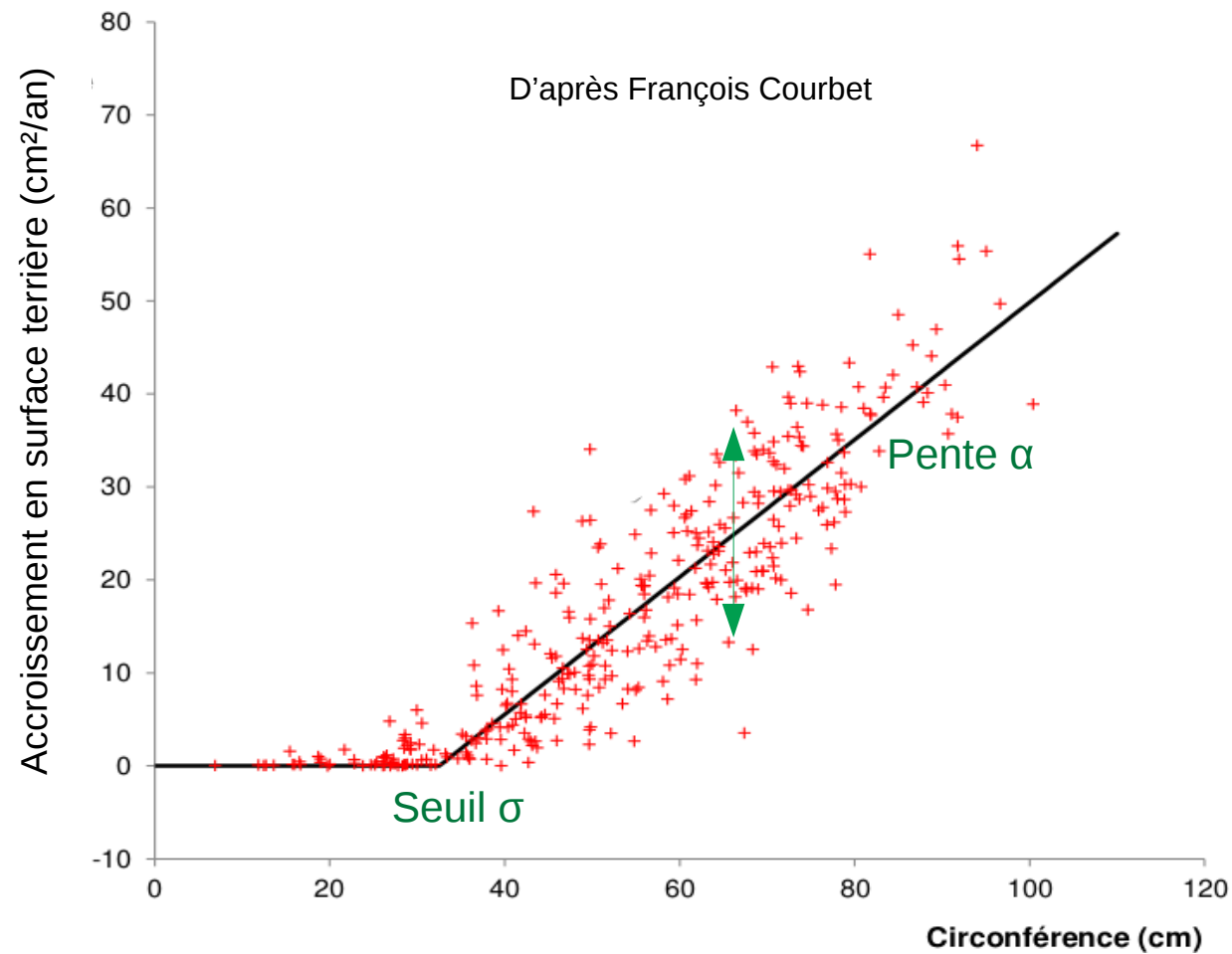
# Options

- Nombre de populations et nombre d'individus par population  
→ structuration génétique



# Options

- Nombre de populations et nombre d'individus par population
- Moyenne et variance du (des) caractère(s)

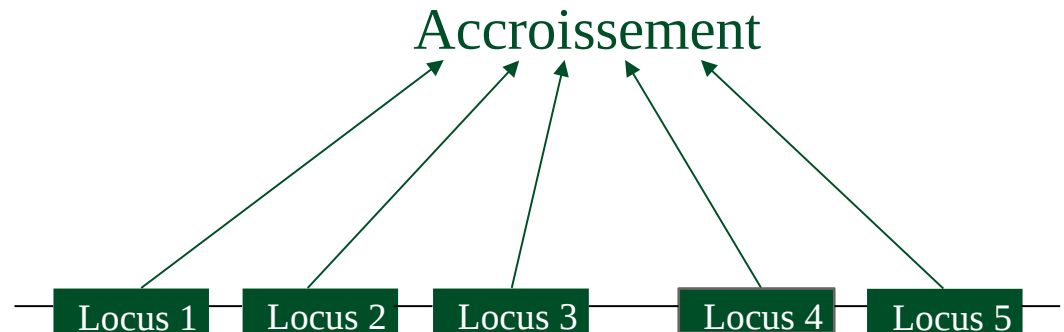
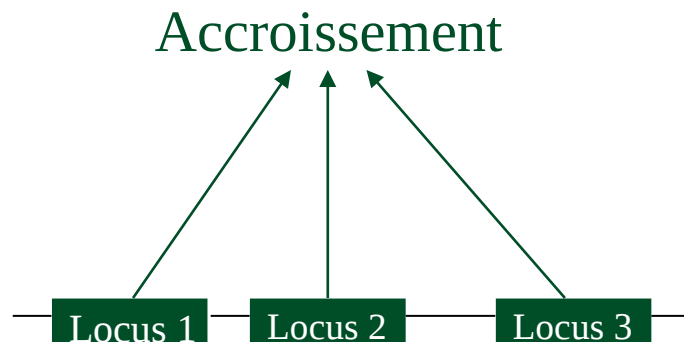


# Options

- Nombre de populations et nombre d'individus par population
- Moyenne et variance du (des) caractère(s)
- Nombre de loci

A variances génétiques égales :

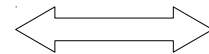
- Perte moins grave
- Adaptation moins rapide



# Options

- Nombre de populations et nombre d'individus par population
- Moyenne et variance du (des) caractère(s)
- Nombre de loci
- Corrélacion entre caractères

Productivité

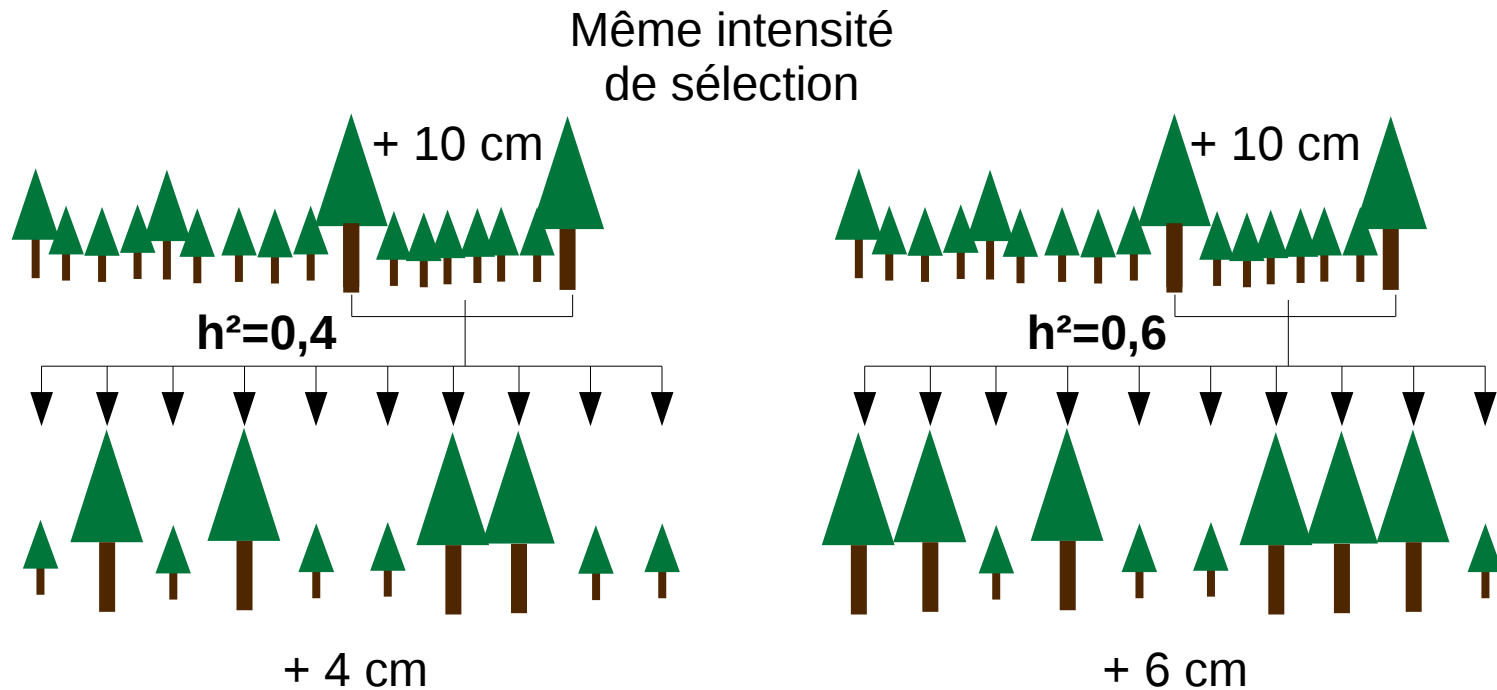


Rusticité



# Options

- Nombre de populations et nombre d'individus par population
- Moyenne et variance du (des) caractère(s)
- Nombre de loci
- Corrélation entre caractères
- Héritabilité





3. Comparer les impacts des sylvicultures sur la production et la diversité génétique futures



# Exemple de simulation

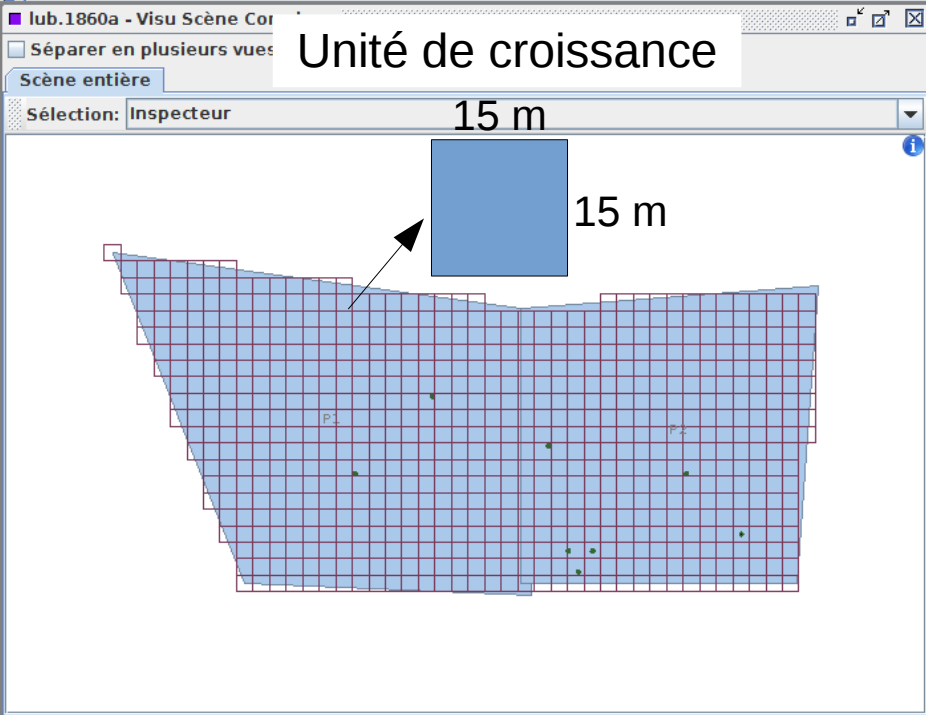
Capsis 4.2.4 - [lub.1870a]

Projet Etape Editer Afficher Outils Aide

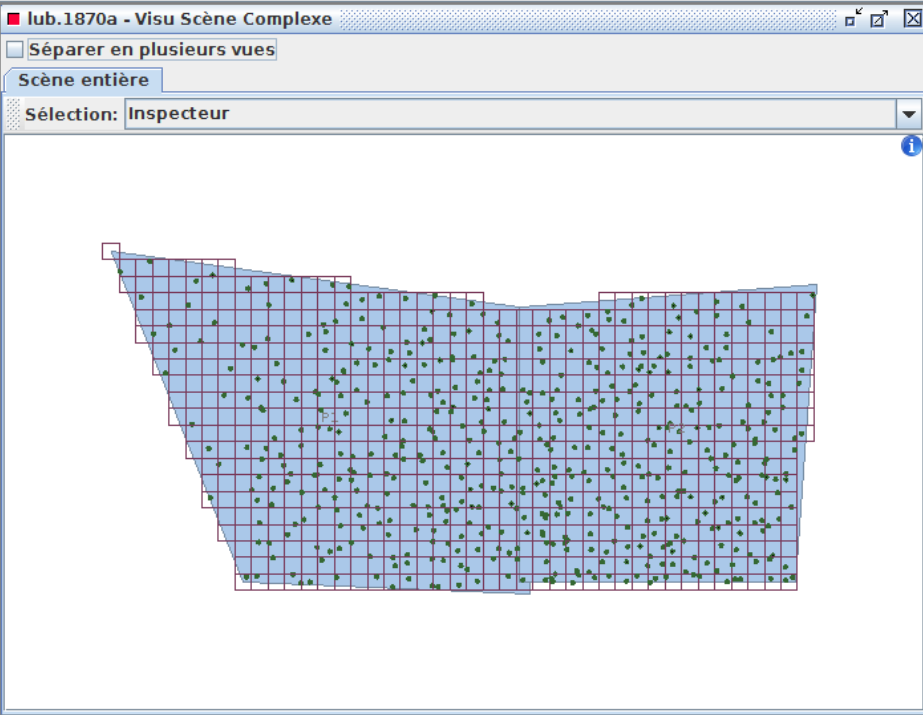
Visu Scène (StandView)  
Explorateur  
Inspecteur  
Visu MAID  
Visu Scène Complexe  
Visu Simple  
Visu Texte

**lub.1860a - Visu Scène Cor**  
 Séparer en plusieurs vues  
Scène entière  
Sélection: Inspecteur

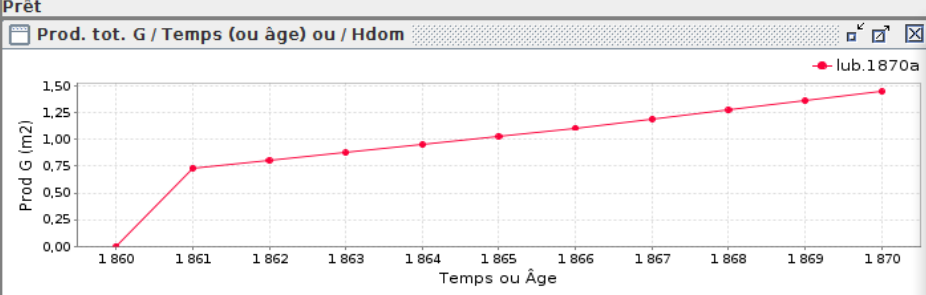
Unité de croissance  
15 m  
15 m



**lub.1870a - Visu Scène Complexe**  
 Séparer en plusieurs vues  
Scène entière  
Sélection: Inspecteur



**Prêt**  
 Prod. tot. G / Temps (ou âge) ou / Hdom  
Lub.1870a



Année	Prod. G (m2)
1860	0.00
1861	0.75
1862	0.80
1863	0.85
1864	0.90
1865	0.95
1866	1.00
1867	1.05
1868	1.10
1869	1.15
1870	1.20

**Prêt**  
Inspecteur  
Lub2GeneticTree: 172

Propriété	Valeur
age	5
ageOfDeath	-1
alleleParameters	
causeOfDeath	-1
cell	
class	class luberon2.model.Lub2GeneticTree
consanguinity	
creationDate	1865
crownBaseHeight	0.0
dateOfDeath	-1

Ddom & Dg / Temps

# Quels impacts ?

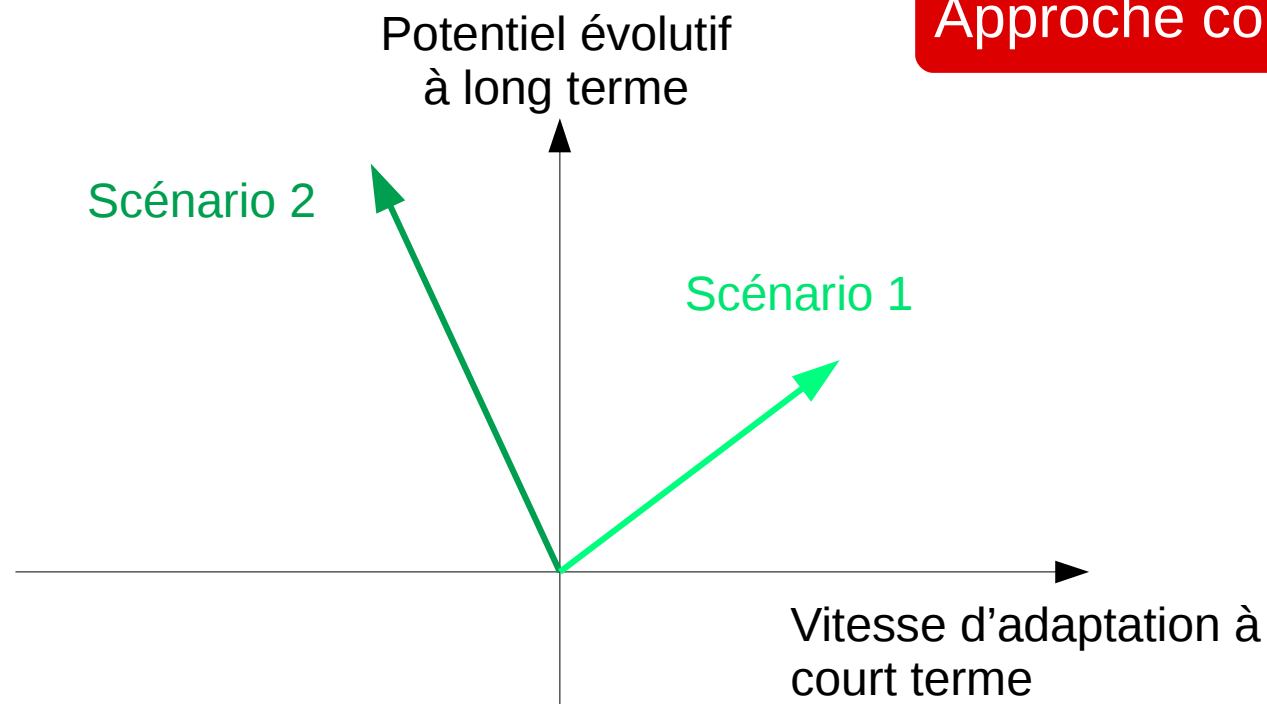
- **A court terme :**
  - sur les performances démographiques et dendrométriques
- **A long terme :**
  - sur la diversité génétique
  - sur le potentiel évolutif
  - sur les processus de dérive, migration et sélection

⇒ 14 paramètres

# Synthétiser les paramètres

Défi : synthétiser les paramètres en indicateurs

- Vitesse d'adaptation à court terme
- Potentiel évolutif à long terme



Approche comparative

# A retenir

Objectif : fournir aux utilisateurs des indicateurs du potentiel évolutif des forêts selon les sylvicultures et régimes de perturbations

Processus d'introduction de la génétique dans un module de croissance :

- ✓ coupler la génétique au modèle de croissance
- ✓ estimer la variance génétique
- ✓ implémenter les simulations → outil : le générateur de génotypes
- ✓ synthétiser les paramètres en indicateurs



**Merci de votre attention**