

Jean-Jacques Sanglier

Société Mycologique du Haut-Rhin

Octobre 2022

## Variations génétiques chez les arbres

Dans le journal « L'Alsace » du 23 octobre 2022, est paru l'article « Crise climatique : la forêt de la Hardt à l'avant-garde » avec une rubrique « L'incroyable épopée des gènes des chênes. Ce document tente d'éclairer certains points de ce domaine complexe de recherche.

Les vieux arbres peuvent souvent accumuler une quantité surprenante de diversité génétique, en partant des racines jusqu'aux plus hautes aiguilles ou feuilles. Ainsi, exemple extrême, dans de vieux *Picea sitchensis* (U.S.A.), jusqu'à 100.000 différences génétiques ont été observées.

La plupart des mutations sont anodines ou ne s'expriment pas. Des mutations peuvent avoir lieu dans une partie et aucunement dans une autre, pouvant se propager durant la croissance de cet organe. Au cours de la vie d'un seul arbre, de rares mutations bénéfiques peuvent s'accumuler. Par exemple, une mutation dans une branche produit des aiguilles plus résistantes à un insecte nuisible. Ces aiguilles pourraient théoriquement recevoir moins de dommages que les autres aiguilles sur l'arbre.

Cette forme de sélection se produit pendant la durée de vie de cet arbre et peut même avoir des répercussions sur la progéniture de cet arbre, grâce à la façon dont les cellules reproductrices des arbres se développent. Les arbres n'ont pas de lignées germinales séparées, dans la très grande majorité des cas. Contrairement aux animaux dont les cellules reproductrices se développent à partir de lignées cellulaires distinctes de celles du reste de leur corps, les cellules reproductrices des arbres se développent à partir de cellules somatiques, qui sont les mêmes cellules qui forment les tiges, les feuilles et les branches. Cela signifie que si une mutation se produit sur la ligne germinale d'une branche qui finit par produire des cônes, ces mutations peuvent être transmises dans les graines de ces cônes.

D'autres études ont été menées sur *Quercus robur*, le chêne pédonculé. Une grande diversité génétique est observée dans les différentes parties d'un vieil individu, phénomène lié notamment à des mutations somatiques, avec des duplications de gènes. Ces duplications

ont amplifié les familles de gènes impliqués dans la défense contre les agents pathogènes (gènes R ou gènes de résistance). Restent aussi les variations dues aux croisements.

Quel est le lien entre les génomes et les caractéristiques des arbres à longue durée de vie ?

Dans la gestion forestière, il est impossible d'avoir un effet direct sur la régénération (c'est-à-dire le choix d'une graine spécifique pour devenir un arbre) par le biais de programmes de sélection. Des recherches récentes montrent que l'épigénétique pourrait être, d'une part, en partie responsable de la grande plasticité intraspécifique observée chez les plantes (en particulier chez les vieux arbres) et, d'autre part sur la régénération. Des conditions stressantes peuvent induire des réponses épigénétiques.

Encore faut-il que ces modifications se stabilisent dans le génome. Il faudra étudier, par exemple, si la descendance des arbres qui ont subi un stress de sécheresse pendant la formation des graines montrent une plus grande résistance à la sécheresse. Les gestionnaires pourraient développer des stratégies pour favoriser leur germination et le développement de cette variété.

En ce qui concerne les phénomènes d'adaptation, il ne faut pas négliger le rôle des endophytes et des mycorhizes.

Hanlon, V.C.T., Otto, S.P. and Aitken, S.N. (2019), Somatic mutations substantially increase the per-generation mutation rate in the conifer *Picea sitchensis*. *Evolution Letters*, 3: 348-358. <https://doi.org/10.1002/evl3.121>

<https://www.indefenseofplants.com/blog/2019/7/11/surprising-genetic-diversity-of-individual-trees>

Plomion, C., Aury, JM., Amselem, J. et al. (2018) Oak genome reveals facets of long lifespan. *Nature Plants* 4 : 440. <https://doi.org/10.1038/s41477-018-0172-3>

Tuskan Gerald A., Groover Andrew T., Schmutz Jeremy, DiFazio Stephen Paul, Myburg Alexander, Grattapaglia Dario, Smart Lawrence B., Yin Tongming, Aury Jean-Marc, Kremer Antoine, Leroy Thibault, Le Provost Gregoire, Plomion Christophe, Carlson John E., Randall Jennifer, Westbrook Jared, Grimwood Jane, Muchero Wellington, Jacobson Daniel, Michener Joshua K. (2018) Hardwood Tree Genomics: Unlocking Woody Plant Biology . *Frontiers in Plant Science* 9, <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2018.01799>