

Ivan Scotti

Chargé de Recherches INRA
Unité mixte de recherche
« Ecologie des Forêts de Guyane »

Les ressources génétiques forestières de Guyane : état des lieux, état de l'art

Février 2012



Sommaire

Préambule	3
Estimation de la diversité génétique des espèces forestières guyanaises.....	6
Diversité génétique moléculaire	6
Diversité génétique moléculaire à l’échelle du massif forestier.....	6
Diversité génétique moléculaire à l’échelle régionale.....	8
Diversité génétique moléculaire à l’échelle phylogéographique	11
Diversité génétique quantitative.....	12
Génomique	13
Barcoding.....	15
Les centres de ressources biologiques (CRB) et les collections de provenances.	15
Conclusion	17
Remerciements	19
Références	20
Annexes	21

Préambule

L'estimation de la diversité des populations génétiques forestières en Guyane est une entreprise de longue haleine, qui a été menée successivement par plusieurs équipes de l'INRA et du CIRAD : localement, dans le cadre du GIS Silvolab d'abord, et ensuite dans le contexte de l'Unité Mixte de Recherche « Ecologie des Forêts de Guyane », et en métropole, tout particulièrement par les équipes de génétique forestière de l'INRA Aquitaine et du CIRAD de Montpellier. Les analyses et synthèses présentées ici sont donc une instantanée des fruits d'un travail qui a commencé il y a deux décennies, et qui continue aujourd'hui.

La forêt guyanaise représente un réservoir de diversité biologique et génétique encore largement intact, qui connaît un très faible taux d'exploitation et un degré de préservation élevé vis-à-vis de la déforestation et de la secondarisation. Ces conditions particulièrement favorables au maintien des ressources génétiques forestières sont le résultat de plusieurs facteurs, parmi lesquels il faut citer la faible densité du peuplement de la région, l'inaccessibilité de la vaste majorité du territoire, la politique rigoureuse de gestion des ressources forestières de la part de l'Office National des Forêts, la dimension encore faible de la filière bois et la volonté forte des collectivités aux différents niveaux de préserver les milieux naturels, avec l'institution du Parc Naturel Régional de Guyane et du Parc Amazonien de Guyane. C'est dans ce contexte, présentant de façon quasiment exclusive des forêts naturelles primaires, qu'opèrent les équipes ayant vocation à mesurer la diversité des ressources génétiques forestières en Guyane et à en décrypter la dynamique.

Les objectifs de la recherche sur la diversité génétique des peuplements forestiers de Guyane ont rapidement évolué au fil des années. Si les premiers pas de ces investigations ont eu pour objectif la description des niveaux de diversité d'un certain nombre d'espèces, l'attention des chercheurs s'est rapidement tournée vers la compréhension des processus génétiques et écologiques sous-jacents les patrons de diversité observés. Les raisons de ces évolutions sont multiples. Premièrement, les questionnements propres à la génétique en tant que discipline changent, grâce aux avancées

expérimentales et théoriques qui ont été permises par l'étude d'un certain nombre d'espèces modèles : si la génétique avait depuis longtemps promis de s'attaquer à des questions à la fois fondamentales et d'utilité immédiate - telles que la recherche des facteurs génétiques responsables de l'adaptation des organismes à leur milieu et aux changements de ce dernier - aujourd'hui elle est en mesure de tenir ses promesses. La recherche en génétique des arbres forestiers tropicaux, menée en Guyane, a pour vocation de se mettre au pas de ces avancées, pour aborder la question des liens entre biodiversité et conditions environnementales ; on ne saurait trop souligner l'importance d'un tel sujet dans le contexte des changements globaux et de la déforestation. Deuxièmement, la réflexion sur les caractéristiques écologiques des peuplements forestiers a avancé, elle aussi, rapidement, permettant ainsi de formuler des hypothèses précises sur les mécanismes génétiques régissant les caractères fonctionnels et les relations biotiques et abiotiques des organismes à leur milieu. Troisièmement, l'énorme diversité en espèces de la forêt tropicale humide empêche aujourd'hui une caractérisation génétique satisfaisante de l'ensemble de la communauté (tout en n'excluant la possibilité d'utiliser des marqueurs de *barcoding* pour identifier ces espèces). Ce constat indique qu'il y a une limite expérimentale à la science descriptive, et qu'il est plus efficace de concentrer les ressources disponibles sur l'étude approfondie d'un nombre restreint de cas exemplaires du comportement écologique des espèces forestières, afin de comprendre les facteurs qui déterminent la distribution et le niveau de la diversité génétique, pour ensuite généraliser ces résultats à l'ensemble des espèces.

Ce rapport se compose de quatre parties : la première est une compilation de tous les résultats des études concernant l'estimation de la diversité génétique moléculaire et quantitative chez les arbres forestiers de Guyane ; la deuxième présente les premiers résultats concernant la caractérisation du génome - par séquençage de nouvelle génération - d'un petit nombre de ces espèces ; la troisième présente les résultats concernant les activités de *barcoding* menées sur les communautés forestières guyanaises ; la quatrième décrit les quelques collections de ressources biologiques disponibles. Les résultats originaux sont présentés sous forme de tableaux et graphiques, et les articles déjà publiés dans des revues à comité de lecture sont cités et présentés en

annexes. Une conclusion clôt le rapport et indique les tendances actuelles de la recherche sur les ressources génétiques forestières en Guyane française.



Estimation de la diversité génétique des espèces forestières guyanaises

Au fil des années, plusieurs méthodes de marquage moléculaire ont été utilisées pour étudier la diversité des ressources génétiques forestières guyanaise. Ainsi, des données ont été réunies qui ont permis d'estimer la diversité à l'aide de marqueurs neutres (AFLP, microsattellites) et de marqueurs potentiellement soumis à sélection (EST). La distribution de la diversité génétique a été étudiée à plusieurs échelles spatiales, de la parcelle au massif forestier jusqu'à l'échelle régionale et éventuellement continentale pour les espèces ayant une aire de distribution plus vaste. Dans plusieurs cas, la caractérisation de la diversité des peuplements de Guyane et du plateau des Guyanes a contribué à brosser un plus vaste tableau de la diversité génétique à l'échelle phylogéographique. Ces études plus amples ont été le fruit de collaborations stables entre les chercheurs français et plusieurs partenaires en Amérique du Sud, en Amérique du Nord et en Europe. Les résultats obtenus ont permis de tester des hypothèses concernant les mécanismes et les distances de dispersion et pollinisation, l'histoire biogéographique des espèces et, plu récemment, la pression de sélection qui s'opère sur le génome. Dans un nombre plus limité de cas, l'évaluation de la diversité génétique des caractères fonctionnels et de leur héritabilité a également été abordée.

Diversité génétique moléculaire

Diversité génétique moléculaire à l'échelle du massif forestier

Onze espèces ont fait l'objet de l'étude de la diversité à l'échelle du massif forestier, plus particulièrement sur le site expérimental de Paracou, installé par le CIRAD en 1983 (1). Ces recherches (2-8) ont permis d'évaluer la distribution de la diversité à l'échelle du peuplement et de déterminer la structure génétique spatiale de ces espèces, et d'établir des liens entre les propriétés écologiques des espèces et leurs caractéristiques génétiques. Plus récemment, une partie de ces peuplements a été étudiée plus en détail afin d'appréhender d'un côté, les relations entre variations spatiales du milieu et distribution de la diversité génétique adaptative (9) et de l'autre côté, l'effet des perturbations forestières sur les niveaux et la structure spatiale de la

diversité (10). Ces études plus récentes ont mis en évidence une forte structuration de la diversité génétique en fonction du milieu, qui permet de formuler l'hypothèse d'une forte pression de sélection divergente à l'intérieur même d'un peuplement, capable de contrer les effets d'homogénéisation génétique entraînés par les flux de gènes (Figure 1) et un impact marqué des perturbations liées à l'exploitation forestière sur la structuration génétique, dans le sens d'une augmentation à la fois du niveau de diversité (Figure 2) et de l'intensité des structures spatiales (Figure 3).

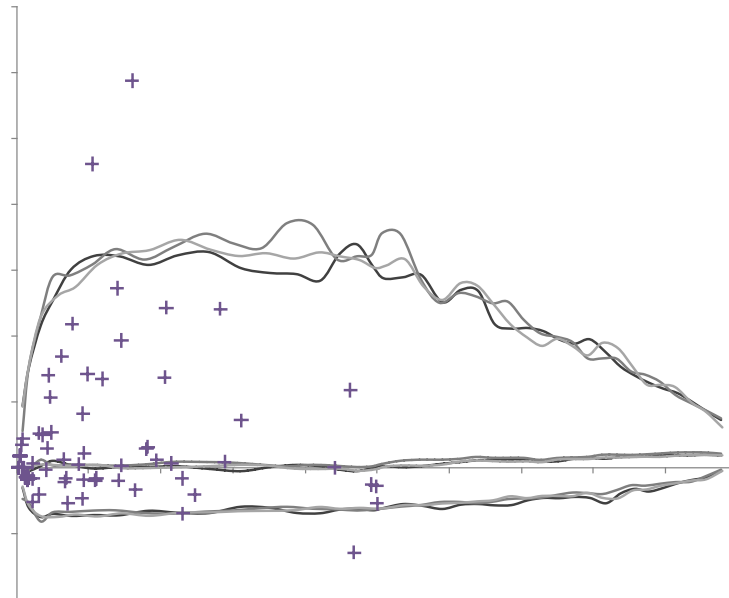


Figure 1. Détection de locus SNP ayant un niveau de divergence entre sous-peuplements excédant le niveau moyen sur l'ensemble du génome. Étude effectuée sur deux sous-peuplements proches d'*Eperua falcata* installés dans deux milieux contrastés à Paracou et sur 63 marqueurs tirés d'une librairie d'EST. Deux locus présentent un niveau de divergence compatible avec l'action de la sélection divergente (9).

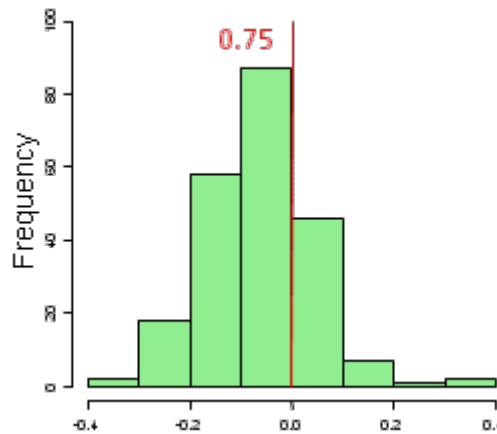


Figure 2. Mesure de l'écart entre estimations de la diversité génétique, pour 229 marqueurs AFLP, pour un peuplement non perturbé et un peuplement perturbé de *Virola michelii*. Pour 75% des locus, la diversité est plus faible dans le peuplement non perturbé (10).

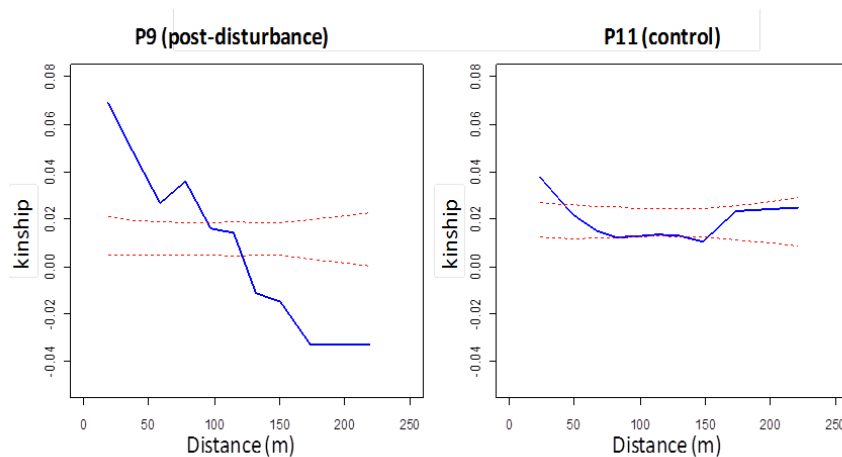


Figure 3. Comparaison de la structure génétique spatiale par autocorrélation spatiale entre un peuplement perturbé (gauche) et non perturbé (droite) de *Virola michelii* dans deux parcelles similaires du site de Paracou. La structuration spatiale est renforcée après la perturbation (10).

Diversité génétique moléculaire à l'échelle régionale.

La diversité à l'échelle régionale a été estimée pour quatorze espèces (Table 1) à l'aide de cinq systèmes de marquage génétique (l'évaluation des ressources génétiques du bois de rose, *Aniba rosaeodora*, a été également menée par le CIRAD mais le rapport concernant cette espèce, non publié, n'a pas été rendu disponible par ses auteurs). Les différentes espèces montrent, globalement, un niveau élevé de diversité, bien que des comparaisons exhaustives soient rendues difficiles par l'hétérogénéité des jeux de données. Deux exceptions sont constituées par les très faibles niveaux de diversité

chloroplastique (cpDNA, Table 1) de *Carapa guianensis* et *Jacaranda copaia*. Toutefois, cette réduction de diversité chloroplastique n'est pas accompagnée par une réduction équivalente de la diversité pour les marqueurs tirés du génome nucléaire (SSR, EST et PROM).

La distribution de la diversité génétique n'est pas uniforme à l'échelle régionale. Pour plusieurs espèces on observe une structuration en sous-groupes génétiques (11, 12), souvent séparés par une ligne de démarcation divisant la région en deux parties selon un axe nord-est / sud-ouest (13), possible vestige d'anciens bouleversement climatiques ayant entraîné la disparition de la forêt de vastes zones du plateau des Guyanes et la séparation des peuplements forestiers en plusieurs populations sans contact de flux de gènes. Ainsi, la diversité serait structurée à l'échelle régionale par des évènements phylogéographiques déterminés par les cycles glaciaires. Malgré la structuration en sous-populations, on ne détecte pas de variations marquées dans les niveaux de diversité génétique entre sites d'échantillonnage, indiquant que les populations n'ont pas été appauvries génétiquement par les phénomènes climatologiques passés (Figure 4).



Table 1. Estimations de la diversité génétique à l'échelle régionale pour treize espèces. Les références citées sont indiquées entre parenthèses dans la colonne « espèce ». cpSEQ : séquences de régions intergéniques du génome chloroplastique ; SSR : marqueurs microsatellites ; AFLP : marqueurs AFLP ; EST : séquences génomiques de régions codantes et de leurs introns ; PROM : séquences promotrices. Pour chaque type de marqueur sont indiqués : N, le nombre d'individus utilisés ; m, le nombre de locus ; H, l'estimation de la diversité génétique de Nei (14).

Espèce	cpSEQ			SSR			AFLP			EST			PROM		
	N	m	H	N	m	H	N	m	H	N	m	H	N	m	H
<i>Carapa guianensis</i> (13)	26	2	0	130	7	0.67	-	-	-	20	2	0.54	56	2	0.49
<i>Carapa surinamensis</i> (13)	27	2	0.78	240	7	0.52	-	-	-	26	2	0.39	72	2	0.74
<i>Dicorynia guianensis</i> ¹	-	-	-	192	6	0.71	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Eperua falcata</i> (9, 15)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	126	9	0.41	-	-	-
<i>Eperua grandiflora</i> (9, 15)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	194	1	0.23	-	-	-
<i>Jacaranda copaia</i> ²	151	2	0.065	94	9	0.85	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Symphonia globulifera</i> ³	-	-	-	-	-	-	29	353	0.28	-	-	-	-	-	-
<i>Symphonia sp1</i> ³	-	-	-	-	-	-	109	353	0.27	-	-	-	-	-	-
<i>Simarouba amara</i> ²	78	2	0.38	178	4	0.48	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Theobroma cacao</i> (16)	-	-	-	189	15	0.368	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Virola kwatae</i> (10)	29	2	0.25	45	10	0.80	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Virola michelii</i> (10)	32	2	0.24	46	10	0.74	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Virola surinamensis</i> (10)	32	2	0.27	46	10	0.87	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Youacapoua americana</i> (11, 12)	139	6 ⁴	0.75	402	9	0.51	-	-	-	-	-	-	-	-	-

¹ thèse de Stéphanie Barthe, en cours

² Caroline Scotti-Saintagne et al. en préparation

³ thèse de Maxime Casalis, manuscrit en préparation

⁴ Marqueurs PCR-RFLP

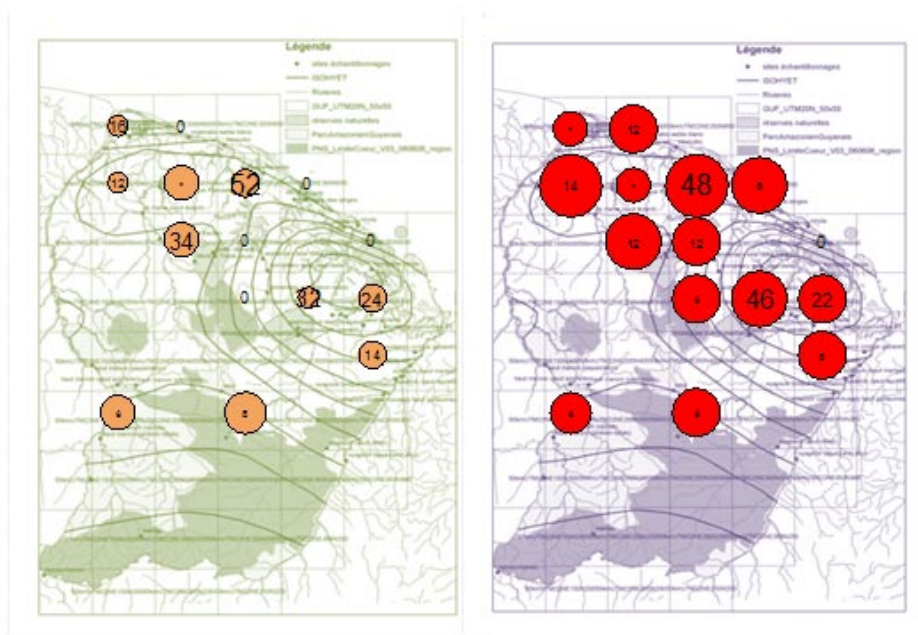


Figure 4. Estimation de la diversité génétique de Nei (14) pour deux EST d'*Eperua falcata* (Catalase, gauche, et Aquaporine PIP1.1, droite) et plusieurs sites d'échantillonnage. L'aire de chaque cercle indique la valeur de la diversité, et le nombre inscrit indique le nombre d'échantillons utilisés.

Diversité génétique moléculaire à l'échelle phylogéographique

Les études à l'échelle phylogéographique basées sur un échantillonnage couvrant la Guyane française sont citées ici pour situer les recherches sur les ressources génétiques guyanaises dans un contexte international. Ces études concernent la diversité génétique de *Symphonia globulifera* (17, 18), *Ceiba pentandra* (19), *Carapa guianensis* et *C. surinamensis* (20), *Simarouba amara* (21), *Hymenaea courbaril* (22), *Theobroma cacao* (23), *Pterocarpus officinalis* (24), *Protium suberratum* et *P. alvarezianum* (25). D'autres études en cours de publication traitent le même sujet chez *Jacaranda copaia*. L'ensemble de ces résultats montre que les patrons de divergence à l'échelle phylogéographique ne sont pas aussi facilement généralisables dans les Néotropiques qu'ils le sont pour d'autres cas bien connus comme ceux d'Europe, d'Amérique du Nord et d'Afrique de l'Ouest. L'Amazonie centrale et occidentale apparaissent souvent comme des centres de diversité principaux, avec le plateau des Guyanes comme centre secondaire de diversification. Ces tendances reflètent probablement l'histoire géologique et climatique de ces deux régions. Le plateau des Guyanes joue le rôle, du point de vue génétique, d'une sous-région de l'espace amazonien, avec ses spécificités propres. Cette

situation n'est pas sans rappeler celle que l'on retrouve à l'échelle de la composition de la flore.

Diversité génétique quantitative

Les études sur la diversité génétique quantitative chez les arbres guyanais sont décidément rares, et pour l'essentiel menées par le laboratoire dirigé par l'auteur de ce rapport. Une publication sur *Sextonia rubra* (26) a permis d'évaluer l'héritabilité de plusieurs traits de croissance et écophysologiques, situant cette espèce dans la moyenne des arbres forestiers en général. D'autres études, en cours de publication, concernent la distribution de la diversité des traits quantitatifs entre sous-populations établies dans des milieux contrastés (*Eperua falcata*, *Eperua grandiflora*), ainsi qu'entre sous-espèces (*Symphonia globulifera* / *Symphonia* sp1) et entre espèces appartenant à des complexes d'espèces (*Carapa guianensis* / *C. surinamensis*), et s'appuient sur des expériences de transplantations réciproques qui ont pour but de déterminer non seulement la valeur génétique des populations mais également l'importance des interactions génotype × environnement. Pour *Eperua falcata*, conformément aux résultats obtenus au niveau moléculaire (Figure 1), il a été observé que la distribution de la valeur génétique individuelle est influencée par l'habitat d'origine des arbres, indiquant ainsi possiblement une forte structuration de la diversité génétique quantitative par la sélection et l'adaptation au milieu (figure 5).

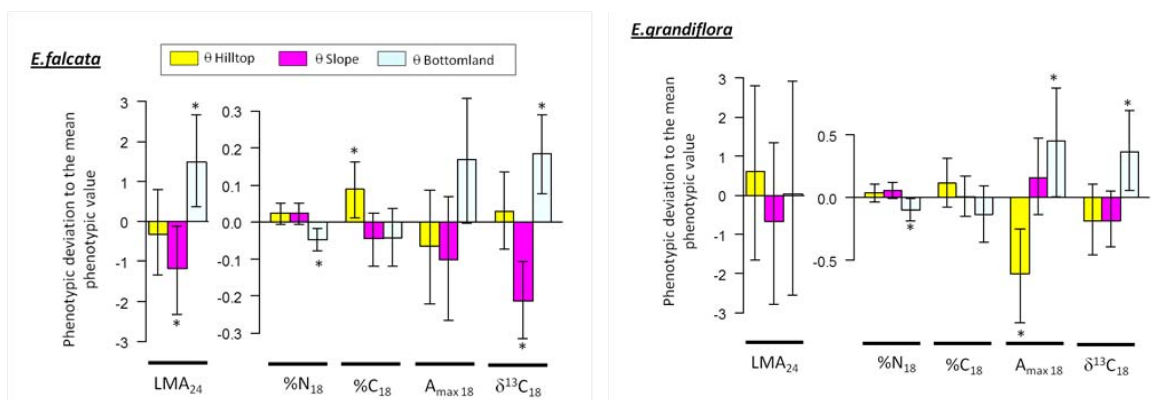


Figure 5. Distribution des valeurs génétiques des pieds mères de sous-peuplements du genre *Eperua* installés dans des habitats contrastés, pour des traits foliaires et physiologiques. Les astérisques indiquent des traits pour lesquels une différence statistiquement significative a été observée entre groupes (thèse de Louise Brousseau, en cours).

Pour *Carapa* et *Symphonia*, les résultats préliminaires montrent également une structuration de la diversité génétique quantitative orientée par le milieu, associée à de fortes interactions génotype \times environnement. En particulier, nous avons pu constater la une différence marquée pour le taux d'attaque de la part des herbivores entre espèces de *Carapa*, en fonction de leur région d'origine et de plantation : la figure 6 (gauche) montre que chaque espèce est plus attaquée dans son propre milieu d'origine. Cela indique que, en quelque sorte, les cohortes d'herbivores sont en mesure de distinguer chimiquement ces des espèces morphologiquement très proches ; à son tour, cela indique probablement des différences chimiques génétiquement déterminées entre les deux espèces. Pour le couple *Symphonia globulifera* / *Symphonia* sp1, plusieurs différences ont été observées ; en particulier (figure 6, droite) on peut constater que, pour la première espèce, les taux de croissance ne varient pas en fonction du milieu de plantation, alors que la croissance est nettement inférieure, pour la seconde, dans son milieu d'origine que dans le milieu d'origine de la première. La signification de ce comportement reste à élucider.

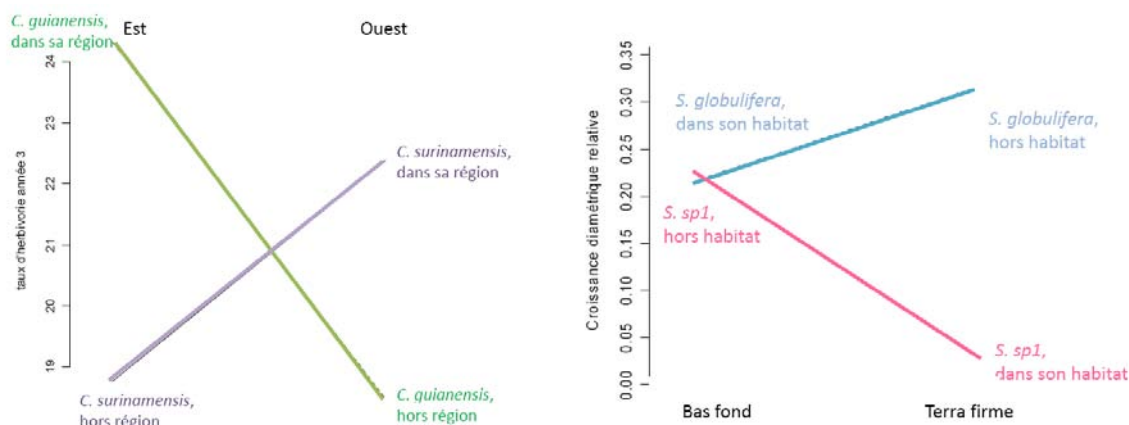


Figure 6. Valeurs du taux d'herbivorie sur *Carapa guianensis* et *C. surinamensis* (gauche) et du taux de croissance pour *Symphonia globulifera* et *Symphonia* sp1 (droite), en fonction du site de transplantation

Génomique

Le développement des méthodes de séquençage à haut débit a ouvert le chemin vers la caractérisation des génomes des espèces non modèles. Cette révolution technologique offre donc l'opportunité de resserrer l'écart entre les

vitesse d'accumulation des connaissances sur les espèces classiquement étudiées par la génétique et celles jusqu'aujourd'hui n'ayant pas fait l'objet d'investissements importants en génomique. Tel est le cas des arbres forestiers guyanais, pour lesquels plusieurs programmes sont en cours dans le but d'obtenir des informations de séquençage, en particulier en ce qui concerne le transcriptome. Pour cinq de ces espèces (*Spirotropis longifolia* (27), *Eperua falcata*, *Carapa guianensis*, *Virola surinamensis*, *Symphonia globulifera*) la première vague de séquençage est achevée, et les résultats seront publiés sous peu. Le séquençage de quatre autres espèces d'intérêt commercial (trois palmiers : *Euterpe oleracea*, *Ænecarpus batawa*, *Ænecarpus bacaba*; et le bois de rose, *Aniba rosaeodora*) est en cours. Un autre programme, mené par l'Unité Mixte de Recherche EDB de Toulouse, vise le séquençage du transcriptome de quelques dizaines d'espèces dans la famille des Chrysobalanacées. Le but premier de l'ensemble de ces projets est de fournir les données à partir desquelles il sera possible de développer des marqueurs génétiques à utiliser pour étudier plus finement la distribution et les caractéristiques de la diversité génétique des arbres guyanais. Les résultats prometteurs en termes de polymorphisme de séquences déjà obtenus par des approches classiques par Audigeos et al. (15) et Chevolut et al. (28) semblent être confirmés par la détection de SNP dans les bases de données de séquençage à haut débit (Figure 7).

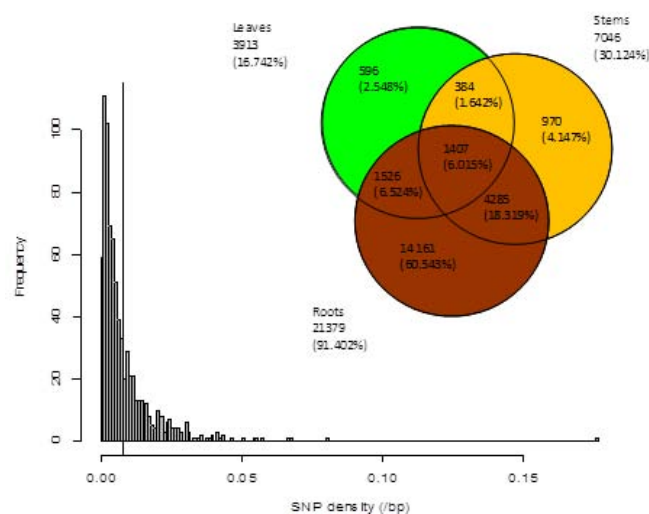


Figure 7. Nombre de *contigs* obtenues pour chaque organe à partir de trois plantules d'*Eperua falcata* (cercles), avec la proportion de contigs en communs par paires d'organes et pour les trois organes ; densité de polymorphismes (histogramme) en SNP par base dans la même base de données (thèse de Louise Brousseau, en cours).

Barcoding

Une dernière activité importante dans le domaine de la caractérisation génétique des essences forestières guyanaises concerne la mise au point de marqueurs de barcoding permettant l'identification botanique rapide de spécimens végétaux. Bien que, *sensu stricto*, cette activité n'ait pas pour but de caractériser les ressources génétiques (par définition intraspécifiques), il est toutefois important de souligner que, vue la grande diversité spécifique des forêts guyanaises, ces outils sont essentiels pour identifier correctement les groupes génétiques dont on souhaite étudier la diversité. Une étude a déjà été publiée (29) sur l'utilisation des codes barres génétiques pour l'identification des espèces. Cette étude a démontré la puissance de cette méthode d'identification mais en même temps mis en évidence que pour environ un tiers des genres il est impossible de discriminer la totalité des espèces. La caractérisation des délimitations génétiques entre espèces et la résolution des phylogénies particulièrement récalcitrantes à l'utilisation directe des codes barres se poursuit afin de rendre cet outil entièrement satisfaisant.

Les centres de ressources biologiques (CRB) et les collections de provenances.

Les collections de clones et provenances concernant des arbres forestiers, et qui contiennent des ressources guyanaises, sont peu nombreuses en Guyane (les collections ne contenant que des ressources internationales, comme par exemple la collection d'*Hevea brasiliensis*, ne seront pas traitées ici). La seule collection ayant le label CRB est le parc à clones de cacaoyers de Pointe Combi, établi et géré par le CIRAD⁵, qui réunit une collection de clones commerciaux et de clones sauvages, récoltés sur le Plateau des Guyanes (et en particulier en Guyane française) et inclus dans les analyses de diversité à l'échelle régionale et phylogéographique (16, 23). L'ONF a établi deux plantations de provenances d'*Aniba rosaeodora*, comprenant environ 5000 plants représentant toutes les provenances de Guyane. Une partie de ces

⁵ http://antilles-guyane.cirad.fr/recherche_en_partenariat/centres_de_ressources_biologicals/crb_plantes_perennes_en_guyane/collection_cacaoyers

provenances a été caractérisée génétiquement, mais le rapport n'a pas été rendu disponible par le CIRAD (voir plus haut, chapitre « Diversité génétique moléculaire à l'échelle régionale »). La mise en place d'une nouvelle collection de ressources génétiques d'*Aniba rosaeodora* est en cours, dans le cadre du projet PO-FEDER ANIBAROSA, mené par l'Unité Mixte de Recherche « Ecologie des Forêts de Guyane ».



Conclusion

La caractérisation génétique des espèces forestières guyanaises représente un véritable travail d'explorateurs. Le dynamisme des équipes qui mènent ces recherches, ainsi que leur volonté d'apporter des réponses aux questions fondamentales sur la biodiversité forestière et de fournir des outils pour la gestion de ses richesses, permettent de prévoir que les ressources génétiques de la forêt tropicale humide seront caractérisées de mieux en mieux au fil des années. Le chemin parcouru jusqu'ici, comme décrit dans ce rapport, permet déjà de conclure que la diversité génétique des arbres guyanais est importante, et qu'elle présente une forte signification adaptative. Cela ouvre la voie à la possibilité de comprendre d'abord, puis de maîtriser, gérer, et finalement exploiter ces ressources de manière à préserver l'environnement tout en permettant à la société dans son ensemble d'en partager les avantages.

Pour transformer cette possibilité en réalité, la communauté scientifique devra continuer à travailler intensément, en profitant des opportunités créées par les nouvelles technologies et par l'accumulation de données dans les domaines de l'écologie et de la génomique. La tendance qui se dégage actuellement montre que la recherche en génétique forestière en Guyane s'oriente vers une approche de génomique des populations et écologique : les outils de la génomique et de la biologie de l'évolution sont mis au service de la compréhension des mécanismes qui régissent la distribution des génotypes et des espèces par rapport à leur milieu biotique et abiotique, leurs interactions et leur histoire biogéographique.

Des programmes de recherche structurants ont au fur et à mesure émergé, qui ont pour centre de gravité la communauté scientifique guyanaise. Un exemple parmi tous est constitué par le Laboratoire d'Excellence « Centre d'Etude de la Biodiversité Amazonienne » (CEBA), dans lequel les thématiques de génomique des populations, écologique et de l'évolution tiennent un rôle central. On ne peut que souhaiter que cette dynamique, qui repose autant sur l'originalité des recherches menées en Guyane que sur des solides collaborations au niveau international et à l'international, continue de s'accélérer. Les ressources génétiques forestières guyanaises sont un trésor qui n'est pas encore apprécié à la mesure de sa valeur ; les changements

globaux qui pourraient investir à court terme cette région de la planète nous imposent l'obligation d'en comprendre le fonctionnement afin de le préserver, mais aussi de le rendre durablement disponible pour les générations futures. La recherche sur les ressources génétiques forestières tropicales doit, au même titre que les autres domaines de la recherche, répondre à cette urgence. Cet état des lieux et de l'art témoigne son engagement à relever ce défi.



Remerciements

Les articles en Annexes décrivent les sources de financement qui ont permis d'obtenir les résultats qui y sont décrits. Pour les résultats en cours de publication, issus des recherches en génétique de l'Unité mixte de Recherche « Ecologie des Forêts de Guyane », il est important de remercier : le PO-FEDER, qui a financé le programme ENERGIRAVI ; le 5ème PCRD, qui a financé le programme SEEDSOURCE ; le programme « Ecosystèmes Tropicaux » (2004-2008) du MEEDM, qui a financé le programme DYNADAPT.

Les travaux résumés ici n'auraient pas été possibles sans la compétence et l'obstination des équipes techniques des différents établissements de recherche impliqués dans la recherche en génétique forestière en Guyane. En ce qui concerne les résultats non publiés produits par l'Unité mixte de Recherche « Ecologie des Forêts de Guyane », et décrits ici, il est indispensable de rappeler la contribution de Valérie Troispoux, Saint-Omer Cazal, Jean Weigel, Caroline Duret, Jérémy Cigna et Saintano Dufort.



Références

1. S. Gourlet-Fleury, J.-M. Guehl, O. Laroussinie, Eds., *Ecology & management of a neotropical rainforest. Lessons drawn from Paracou, a long-term experimental research site in French Guiana*, (Elsevier, Paris, 2004).
2. V. Veron, H. Caron, B. Degen, *Silvae genetica* **54**, 275 (2005).
3. O. J. Hardy *et al.*, *Mol Ecol* **15**, 559 (2006).
4. B. Degen, E. Bandou, H. Caron, *Heredity* **93**, 585 (2004).
5. C. Latouche-Hallé, A. Ramboer, E. Bandou, H. Caron, A. Kremer, *Mol Ecol* **13**, 1055 (2004).
6. C. Latouche-Hallé, A. Ramboer, E. Bandou, H. Caron, A. Kremer, *Heredity* **91**, 181 (2003).
7. H. Caron *et al.*, *Mol Ecol* **9**, 1089 (2000).
8. C. Dutech, J. Seiter, P. Petronelli, H. I. Joly, P. Jarne, *Mol Ecol* **11**, 725 (2002).
9. D. Audigeos, Ph. D. thesis, University of French West Indies and French Guiana (2010).
10. W. Montaigne, Ph. D. thesis, University of French West Indies and French Guiana (2011).
11. C. Dutech, H. I. Joly, P. Jarne, *Heredity* **92**, 69 (2004).
12. C. Dutech, L. Maggia, C. Tardy, H. I. Joly, P. Jarne, *Evolution* **57**, 2753 (2003).
13. J. Duminil, H. Caron, I. Scotti, S.-O. Casal, R. J. Petit, *Mol Ecol* **15**, 3505 (2006).
14. M. Nei, *PNAS* **70**, 3321 (1973).
15. D. Audigeos *et al.*, *BMC Evolutionary Biology* **10**, 202 (2010).
16. P. Lachenaud, D. Zhang, *Ann For Sci* **65**, (2008).
17. C. W. Dick, M. Heuertz, *Evolution* **62**, 2760 (2008).
18. Christopher W. Dick, K. Abdulah Salim, E. Bermingham, *The American Naturalist* **162**, 691 (2003).
19. C. W. Dick, E. Bermingham, M. R. Lemes, R. Gribel, *Mol Ecol* **16**, 3039 (2007).
20. C. Scotti-Saintagne *et al.*, *Journal of Biogeography* **Accepted**, (2011).
21. B. Hardesty *et al.*, *Tropical Plant Biology* **3**, 28 (2010).
22. A. Buonamici, S. Cavers, G. G. Vendramin, *Molecular Ecology Resources* **8**, 1020 (2008).
23. J. C. Motamayor *et al.*, *PLOS One* **3**, e3311 (2008).
24. F. Muller, M. Voccia, A. Bâ, J. Bouvet, *Genetica* **135**, 185 (2009).
25. P. V. A. Fine *et al.*, *Journal of Biogeography*, no (2012).
26. I. Scotti *et al.*, *Tree Genetics & Genomes* **6**, 319 (2010).
27. É. Fonty, Ph. D. thesis, Université de Montpellier II (2011).
28. M. Chevolut *et al.*, *Tree Genetics & Genomes* **7**, 655 (2011).
29. M. A. Gonzalez *et al.*, *PLOS One* **4**, e7483 (2009).