

Fiche résultat

WOODIV

Origine et congruence des patrons de diversité taxonomique, phylogénétique, fonctionnelle et paléoécologique : la biodiversité des arbres en Méditerranée européenne

Porteur du projet : Agathe LERICHE, UMA IMBE, Aix-Marseille Université (FR)

Postdoctorant : Aggeliki DOXA, UMA IMBE, Aix-Marseille Université (FR)

Début et fin du projet : 2016-2019

Co-financeur du projet : OT-Med



Comment mieux protéger la biodiversité des arbres en Méditerranée, espèces clés des écosystèmes forestier, dans une région écologiquement riche, mais menacée ? Cette question cruciale nécessite de comprendre comment cette biodiversité s'est mise en place dans le temps et comment elle évolue dans un contexte global et dynamique.

Contexte et objectifs

Le bassin méditerranéen offre une diversité unique d'habitats, au sein desquels une succession d'événements de colonisation a façonné une grande diversité d'espèces végétales. Les arbres sont des espèces clés des écosystèmes terrestres de la région et sont un proxy pertinent de la biodiversité globale. La richesse et l'endémisme des

plantes en Méditerranée se concentrent dans environ 50 zones refuges, dont 25 % sont aujourd'hui situées dans des secteurs où la densité humaine est très élevée. **Afin d'anticiper les dynamiques et les besoins actuels et futurs en termes de conservation, il est d'une importance cruciale d'identifier comment la biodiversité a été façonnée et comment elle évoluera dans un contexte environnemental et sociétal global et dynamique, dans lequel différents paramètres sont entremêlés.** Woodiv vise à fournir des réponses sur les forces écologiques et évolutives qui régissent les composantes de la biodiversité des arbres, en identifiant les principaux facteurs qui peuvent expliquer la congruence (ou l'absence de congruence), entre les patrons spatiaux de biodiversité taxonomique, phylogénétique et fonctionnelle des arbres du nord de la Méditerranée. Pour cela, des données fiables sur l'occurrence, les traits fonctionnels et la phylogénie des espèces d'arbres sont cruciales, mais elles sont encore rares, peu disponibles et leurs résolutions spatiale et taxonomique sont variables. Woodiv vise à générer une base de données rassemblant des données écophylogénétiques et paléoécologiques fiables pour les 210 arbres indigènes de Méditerranée européenne. Les analyses spatiales des 3 composantes de la biodiversité (taxonomique, phylogénétique, fonctionnelle) et leur réponse aux gradients environnementaux permettra d'offrir une aide à la gestion de la biodiversité méditerranéenne.

Méthode et approches utilisées pour le projet

Le groupe de chercheurs du projet Woodiv a rassemblé l'ensemble des données taxonomiques, évolutives et fonctionnelles pour 210 arbres dans une unique base de données accessible au public. **L'analyse spatiale de ces données a permis de définir la structure spatiale de ces trois composantes de la biodiversité et d'analyser leur degré de congruence.** Des méta-analyses ont ensuite permis d'identifier la part respective des facteurs à l'origine des patrons observés, en intégrant à la fois des variables environnementales et les modes d'usage des terres. Enfin, les zones à protéger en priorité ont été identifiées, permettant de faire des recommandations pour des stratégies de conservation efficaces qui n'incluront pas uniquement la diversité taxonomique.

Principales conclusions

La région méditerranéenne européenne comprend un nombre insoupçonné de taxons d'arbres, près de 200 taxons d'arbres de plus que dans la région d'Europe centrale. Cette diversité d'arbres n'est pas répartie de manière uniforme et culmine dans la partie centre-est de la région méditerranéenne, alors que certaines grandes îles tyrrhéniennes abritent plusieurs taxons d'arbres endémiques étroits. Peu de taxons sont reconnus comme menacés dans la liste rouge de l'UICN, et la vulnérabilité de ces espèces est probablement sous-estimée.

Pendant la durée du projet, le consortium Woodiv a dressé la liste des espèces d'arbres présentes dans la région méditerranéenne européenne. Il a identifié 210 espèces d'arbres pour lesquelles il a compilé, homogénéisé et vérifié des ensembles de données sur les occurrences spatiales, quatre caractéristiques fonctionnelles (hauteur de la plante, masse des graines, densité du bois et surface spécifique des feuilles), et des séquences de trois régions d'ADN (*rbcL*, *matK* et *trnH-psbA*).

Une première analyse des séquences des régions d'ADN a été effectuée au niveau général. Woodiv a produit la première phylogénie de l'ensemble des 64 genres d'arbres indigènes présents sur la rive européenne du bassin méditerranéen. Cette phylogénie est basée sur 3 séquences d'ADN (*rbcL*, *matK* et *trnH-psbA*), 4 dates de fossiles reconnues et 10 calibrations secondaires. Les quatre genres strictement endémiques du bassin méditerranéen (*Chamaerops*, *Phillyrea*, *Spartium* et *Tetraclinis*) ont tous montré des dates d'émergence (11-72 Ma) bien avant le début

du climat méditerranéen. Ils ont également montré que la présence d'espèces menacées d'extinction potentielle au sein d'un genre donné était répartie de manière aléatoire le long de l'arbre phylogénétique. L'analyse de Woodiv comble des lacunes dans ce domaine scientifique et fournit une base précieuse pour l'étude des processus biogéographiques et écologiques qui ont généré la flore arboricole méditerranéenne. Elle peut également éclairer des stratégies de conservation qui visent à élargir les perspectives traditionnelles axées sur la taxonomie, avec des composantes de l'histoire de l'évolution et de la singularité phylogénétique.

Impact pour la science et la société, la décision publique et privée

Les travaux menés par le projet Woodiv ont permis de produire, pour la première fois, un arbre phylogénétique des différents genres d'arbres en Méditerranée européenne. Ils ont ensuite comparé cet arbre phylogénétique avec un autre, basé cette fois sur les caractéristiques biologiques, aussi appelées traits fonctionnels. Ces deux méthodes de classification des êtres vivants ont fourni des résultats différents, montrant que la diversité fonctionnelle n'est pas prédictible par la diversité phylogénétique ou taxonomique, et *vice versa*.

Les chercheurs de Woodiv ont aussi évalué la variabilité spatiale des arbres indigènes de Méditerranée et montrent que le sud de l'Espagne, Chypre et certaines îles de la mer Égée contiennent des zones d'une diversité phylogénétique disproportionnellement grande et identifient ces zones comme des cibles prioritaires pour la conservation des arbres forestiers européens (voir Figure).

Globalement, Woodiv a permis de produire, outre la base de données en elle-même :

- des cartes des *hotspots* (ou "point chaud de biodiversité", i.e. zone biogéographique possédant une grande richesse de biodiversité) et *coldspots* actuels de la diversité taxonomique, phylogénétique, et fonctionnelle des espèces ;
- des cartes de zones de conservation à privilégier ;
- de nouvelles mesures pour la biodiversité, utilisables dans une approche plus pro-active de la conservation ;
- des indicateurs de l'efficacité des politiques de conservation actuelles et des propositions de nouvelles stratégies de conservation.

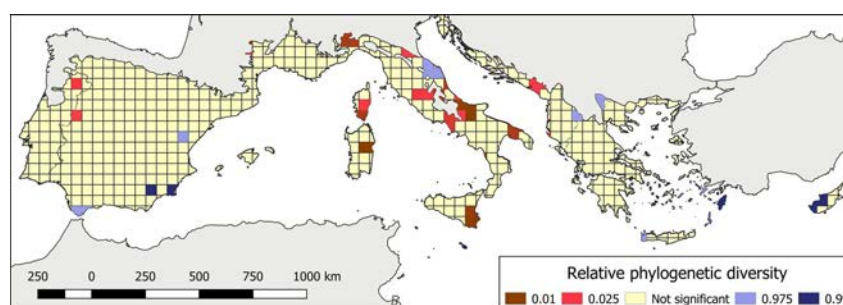


Figure : Carte de diversité génétique relative. Les zones bleues claires et surtout foncées, indiquent une diversité phylogénétique des genres euro-méditerranéen significativement plus forte qu'attendue. A l'inverse, les zones rouges et surtout marrons, indiquent une diversité phylogénétique des genres euro-méditerranéens significativement plus faibles qu'attendue.

PARTICIPANTS :

M. ALBASSATNEH CKEIKH, University Pierre et Marie Curie (FR) / C. ALBERT, IMBE, CNRS (FR) / J. ARROYO, University of Seville (ES) / G. BACCHETTA, University of Cagliari (IT) / F. BAGNOLI, CNR Institute Biosciences Bioresources (IT) / A. BAUMEL, IMBE, University Aix-Marseille (FR) / V. DEVICTOR, CNRS ISEM (FR) / P. DIMOPOULOS, University of Patras (GR) / M. A. ESCUDERO, University of Seville (ES) / B. FADY - INRAE (FR) / V. GARAVAGLIA, FAO (IT) / J. GUIOT, CNRS, CEREGE (FR) / F. GUITER, IMBE, University Aix-Marseille (FR) / A. HAMPE, INRAE (FR) / F. MÉDAIL, IMBE, University Aix-Marseille (FR) / A.-C. MONNET, IMBE, OT-Med (FR) / T. NIKOLIC, University of Zagreb (HR) / G. VENDRAMIN, CNR Institute Biosciences Bioresources (IT)