



Rapport final de INRAE :

Diversité génétique dans le Massif central (DIGEMAC)

Auteurs : Catherine Bodénès¹, Frédéric Jean², Olivier Lepais¹, Rémy Petit¹, Caroline Scotti-Saintagne²

Contributeurs techniques : Mehdi Pringarbe³, Olivier Gilg³, Anne Roig², Nasradin Touhami², Jean-Marie Ciappara², Elsa Massé¹ et Jennifer Dudit¹.

¹ UMR Biogeco, Biodiversité Gènes et Communautés. Bordeaux.

² UR Écologie des forêts méditerranéennes (URFM), Avignon

³ UE Entomologie et forêt méditerranéenne (UEFM), Avignon

Contact : caroline.scotti-saintagne@inrae.fr

Date : Le 29 juin 2025

Financement dans le cadre du projet « Biodiversité de l'inter-parcs du Massif central ». Opération « Forêts anciennes volet 4 »

Mission d'accompagnement technique et méthodologique pour étudier la résilience des forêts face au changement climatique dans 3 parcs naturels régionaux (PNR) du Massif central



Cofinancé par
l'Union européenne



La Région
Auvergne-Rhône-Alpes



RÉGION
BOURGOGNE
FRANCHE
COMTE



I. Contexte

I.1 Problématique des différents PNR étudiés

Les Parcs naturels du Massif central sont couverts en moyenne à 51 % de forêts. Ils concentrent au total 64 % de la forêt du Massif central et abritent une grande diversité d'espèces végétales et animales liées aux écosystèmes forestiers. Les forêts présumées anciennes (couvrant 30,7% des Parcs du Massif central) sont des réservoirs de biodiversité et un puits de carbone majeur.

Une des actions de l'opération « Forêts Anciennes Volet 4 » a pour objectif de travailler sur le changement climatique et ses impacts sur la forêt, en étudiant le patrimoine génétique d'essences du Massif central dans 3 PNR du Massif central. Cette évaluation permettra de définir des préconisations et des actions à mettre en place pour faire face au changement climatique dans les forêts anciennes du Massif central.

Ce projet porte sur trois Parcs Naturels Régionaux. Les Parcs Naturels Régionaux du Haut-Languedoc, de Millevaches en Limousin et Livradois-Forez, bien qu'inscrits dans l'ensemble géographique du Massif central, se distinguent nettement par leurs caractéristiques écologiques, paysagères et socio-économiques.

- Situé à la lisière méridionale du Massif central, le **Parc Naturel Régional du Haut-Languedoc** se distingue par une remarquable diversité de milieux naturels, combinant reliefs montagneux, pelouses sèches, gorges rocheuses, forêts à dominante méditerranéenne et plans d'eau d'altitude. Ce territoire est soumis à une triple influence climatique, méditerranéenne, continental et océanique, qui façonne à la fois ses écosystèmes et ses dynamiques de gestion forestière. Très largement boisé, le parc est recouvert à près de 67 % par des forêts, majoritairement jeunes, issues de la reconquête forestière consécutive à la déprise agricole survenue au cours du XXe siècle. Le chêne vert constitue l'essence dominante, suivi par le hêtre et le châtaignier. Les résineux occupent également une place significative, en particulier le douglas, le sapin et l'épicéa, massivement introduits dans les années 1950 dans le cadre des programmes de reboisement financés par le Fonds Forestier National. Les peuplements de hêtre sont localisés majoritairement sur les plateaux autour de La Salvetat-sur-Agout ainsi que sur les flancs de la Montagne Noire, à partir de 700 mètres d'altitude. Leur gestion sylvicole demeure marginale : les forestiers se montrent réticents à investir dans une essence perçue comme patrimoniale, ayant peu de débouchés localement, et potentiellement vulnérable à long terme face aux évolutions climatiques. La forêt ancienne représente environ 27% des surfaces boisées, et est présente principalement côté héraultais, mais aussi dans le Tarn dans les zones qui n'étaient pas agricoles à l'époque.

- Le Parc Naturel Régional de **Millevaches en Limousin** s'organise autour de vastes plateaux d'altitude, aux paysages ouverts composés de tourbières, de landes et de forêts résineuses. Ce territoire, soumis à un climat rigoureux et humide, présente un caractère montagnard affirmé. L'économie locale repose principalement sur la sylviculture et l'élevage. D'une superficie d'environ 3 350 km², le parc affiche un taux de boisement avoisinant 55 %, soit environ 164 000 hectares de surfaces forestières. Ces forêts, pour la plupart jeunes, sont issues des campagnes de reboisement postérieures à la Seconde Guerre mondiale. Les peuplements artificiels sont pour

moitié constitués de résineux, avec une prédominance du douglas. Par ailleurs, les peuplements feuillus en extension naturelle sont progressivement intégrés dans les dynamiques de gestion ou remplacés au profit de replantations résineuses. Les forêts présumées anciennes, quant à elles, représentent environ 9,5 % de la surface forestière totale, soit près de 18 000 hectares, majoritairement situés en zones de pente, notamment dans les gorges, où elles conservent une valeur patrimoniale et écologique élevées. Certaines analyses du Pnr tendent à estimer à 2,5% la proportion réelle de forêts anciennes.

- Le Parc Naturel Régional du **Livradois-Forez** occupe une position charnière entre les bassins ligérien et auvergnat, dans une zone de moyennes montagnes caractérisée par un relief contrasté, alternant vallées encaissées, bocages et massifs forestiers. Ce territoire rural, au climat intermédiaire entre influences continentales et montagnardes, se distingue par une forte identité culturelle. La forêt occupe une place majeure dans le paysage et l'économie du Livradois-Forez, avec environ 190 000 hectares de surface boisée, soit un taux de boisement d'environ 55 %. Cette couverture forestière se répartit en trois grands types de formations, chacune représentant approximativement un tiers de la surface : les plantations résineuses monospécifiques (principalement issues des programmes du Fonds Forestier National), les sapinières (souvent anciennes), et les boisements feuillus ou mixtes résultant généralement d'une recolonisation naturelle. Cette diversité reflète à la fois l'histoire sylvicole du territoire et ses enjeux actuels en matière de gestion durable.

Le changement climatique affecte de manière croissante les écosystèmes forestiers du parc, en particulier les sapinières de basse altitude, qui subissent des dépérissements notables dans les stations où le sapin était déjà loin de son optimum écologique, et les plantations résineuses. Ces dernières tendent à être remplacées par des plantations monospécifiques de douglas, bien que cette essence montre elle aussi des signes de vulnérabilité, tels que le phénomène de rougissement printanier, de plus en plus fréquent. Ce contexte de mutation est d'autant plus préoccupant que le Livradois-Forez concentre à lui seul près d'un quart de la ressource en sapin du Massif central. De plus, les forêts anciennes du parc – qui représentent environ 28 % de la surface forestière totale – sont majoritairement constituées de sapinières d'altitude, conférant à cette essence une dimension stratégique à la fois écologique et économique. Plus récemment, on observe également la conversion progressive de peuplements feuillus de moyenne et basse altitude en plantations résineuses, notamment en douglas.

I.2 Proposition de INRAE

INRAE a répondu à l'appel à candidature de l'IPAMAC sur l'opération « Forêts anciennes – Volet 4 » dont l'objectif est de mieux comprendre l'impact du changement climatique sur les forêts anciennes en étudiant le patrimoine génétique de quatre essences forestières emblématiques du Massif central : le chêne, le châtaignier, le hêtre et le sapin.

Dans un contexte de changement global et de pression anthropique croissante sur les écosystèmes forestiers, comme par exemple l'engagement de coupes rases anticipant le dépérissement d'espèces feuillues, ce projet vise à évaluer la diversité génétique neutre des essences ciblées, afin d'estimer leur potentiel évolutif et leur résilience démographique .

Les objectifs spécifiques de l'étude sont les suivants :

- Pour chacune des quatre espèces, comparer la diversité génétique entre les peuplements afin d'identifier d'éventuelles singularités génétiques locales justifiant des actions de conservation ciblées.
- Comparer des paires de peuplements de chêne, Hêtre, sapin, soumis à des modes de gestion contrastés (degrés de maturité) pour évaluer l'impact sur la diversité génétique.
- Évaluer la composition génétique d'un peuplement de chêne issu de la recolonisation naturelle d'une forêt mature afin de mieux comprendre les mécanismes de recolonisation spontanée (Livradois-Forez).
- Évaluer la composition génétique de peuplements cultivés de châtaignier (vergers) pour une valorisation de la ressource locale.
- Caractériser les espèces et le taux d'hybridation chez le chêne comme levier de renouvellement génétique et d'adaptation.
- Évaluer l'impact de l'environnement (altitude) sur la composition génétique de peuplement de chêne.

Les résultats attendus de cette étude apporteront des éléments de diagnostic concrets pour les gestionnaires forestiers publics et privés, en les aidant à :

- Identifier les peuplements présentant un fort potentiel évolutif, à préserver ou à intégrer dans des dispositifs de gestion conservatoire ;
- Adapter les stratégies sylvicoles face au changement climatique en tenant compte de la capacité génétique des essences locales à s'adapter ;
- Mieux évaluer les bénéfices (ou les risques) associés aux dynamiques de recolonisation naturelle, en particulier dans les forêts anciennes

Tableau 1 : Correspondance entre les objectifs d'étude, les essences forestières ciblées et les territoires d'investigation (PNR).

Un code couleur rappelant les questionnements des parcs a été utilisé pour faciliter la lecture du document.

Questionnement	Essences cibles	PNR cibles
Identification de particularités génétiques locales	SAPIN, CHENE, HETRE, CHATAIGNIER	HL, LF, PM
Impact de la gestion sur la diversité génétique (degrés de maturité)	SAPIN, CHENE, HETRE	HL, LF, PM
Caractériser les espèces et le taux d'hybridation comme levier de renouvellement génétique et d'adaptation	CHENE	HL
Evaluer l'impact de l'environnement (altitude) sur la composition génétique de peuplement de chêne.	CHENE	LF
Comparaison de la diversité génétique entre des forêts anciennes et mature et des peuplements issus de leur régénération naturelle	CHENE	LF
Évaluer la composition génétique de peuplements cultivés de châtaignier (vergers) pour une valorisation de la ressource locale	CHATAIGNIER	HL, PM

HL = Haut-Languedoc ; LF = Livradois-Forez ; PM = Millevaches en Limousin

II. Synthèse méthodologique

Pour les quatre essences ciblées dans cette étude – chêne, châtaignier, hêtre et sapin – des marqueurs moléculaires de type SSR-seq (microsatellites couplés au séquençage à haut débit) ont été développés. Cette technologie, mise en œuvre par la Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux (PGTB) permet une analyse de la diversité génétique neutre au sein des populations forestières. Cette approche offre des indicateurs clés pour évaluer le potentiel évolutif des espèces, c'est-à-dire leur capacité à répondre à des pressions environnementales à long terme.

Les indicateurs de diversité génétique étudiés font partie des variables essentielles de biodiversité telles que définies par le réseau international dédié à l'observation de la biodiversité à l'échelle mondiale (GeoBON, <https://geobon.org/>).

- **La diversité génétique** : la variation des séquences d'ADN entre les individus d'une même espèce. Elle peut être évaluée par différents indicateurs, dont :
✓ *Nombre d'allèles* : Comptage du nombre d'allèles moyen par locus analysé au sein d'une population. Un nombre élevé d'allèles indique une diversité génétique importante, essentielle pour l'adaptation aux changements environnementaux.

✓ **Nombre d'allèles rares** : Comptage des allèles présents à faible fréquence. Ils peuvent représenter une réserve génétique, potentiellement avantageuse face à de nouvelles pressions sélectives.

✓ **L'hétérozygotie attendue (H_e)** : c'est une mesure qui indique la probabilité qu'un individu ait deux versions différentes (allèles) d'un locus donné. Plus la valeur de H_e est élevée, plus la diversité génétique est importante, ce qui est généralement favorable pour la santé et la résilience des populations forestières face aux stress environnementaux.

- **Coefficient de consanguinité (FIS)** : Mesure le degré de croisement entre individus apparentés. Un FIS élevé peut indiquer la présence de consanguinité accrue, ce qui peut réduire la vigueur des populations.

- **Structure des populations** : C'est une mesure de la divergence dans la composition génétique (identité et fréquences des allèles) entre plusieurs populations.. Elle permet d'identifier des barrières au flux génétique, des particularités génétiques locales.

Par ailleurs, pour le **hêtre** et le **sapin**, des [mesures complémentaires](#) ont été réalisées sur des traits phénotypiques liés à la croissance (hauteur, diamètre), à la reproduction (fructification, régénération naturelle) et à la vitalité (état de santé). Ces données permettront une approche intégrative, croisant informations génétiques et performances observées sur le terrain. Elles seront analysées en parallèle avec les résultats du projet **Occigen**, qui étudie la capacité de résilience des forêts anciennes et des vieilles forêts d'Occitanie pour le maintien de la biodiversité par des approches de génétique, écologique et écophysiologique (<https://occigen.hub.inrae.fr/>).

Pour les 4 espèces étudiées, les positions géographiques des [arbres](#) et des [peuplements](#) ont été relevées.

Dans la suite de ce document, les résultats de l'étude et les préconisations issues de ces résultats seront présentés par espèce.

III. Résultats par essence

1. Chêne

1.1. Contexte de l'étude

Le chêne pédonculé (*Quercus robur*) et le chêne sessile (*Quercus petraea*) appartiennent au complexe d'espèce des chênes blancs européens et constituent la grande majorité des espèces dominant les chênaies présentes en France et dans le Massif central.

Les chênes pédonculé et sessile pouvant s'hybrider et donner des hybrides fertiles qui peuvent éventuellement conduire à de l'introgression et des flux de gènes entre espèces, une première question concernait la **caractérisation des mélanges d'espèces au sein d'un site mixte ainsi que l'identification des hybrides** dans ce site et au-delà dans les autres sites étudiés. Le site Forêt de l'Aiguille du PNR Haut-Languedoc contenant chênes sessiles et pédonculés en mélange pied à pied a donc été échantillonné dans le but d'identifier d'éventuels hybrides dans un contexte favorable à leur formation. Les autres sites échantillonnés étant des peuplements *a priori* purs, l'identité spécifique des chênes a été déterminée grâce aux marqueurs génétiques et les hybrides identifiés. **L'impact du degré de maturité du peuplement sur la diversité génétique** a été étudiée en comparant deux sites au sein de la Forêt de la Comté (PNR Livradois-Forez) : un site comprenant des chênes sessiles matures (futaie composée de gros sujets) et un site comprenant des chênes sessiles plus jeunes issus de régénération naturelle (taillis sous futaie). **L'impact de l'environnement (altitude) sur la composition génétique** du peuplement n'a pas pu être étudié dans le cadre de ces deux sites échantillonnés au PNR Livradois-Forez comme prévu du fait de l'absence de gradient d'altitude, mais pourra éventuellement être testé sur l'ensemble des 6 sites échantillonnés. **L'impact de la gestion sur la diversité génétique ainsi que l'identification de particularités génétiques locales ont été** analysés en comparant le niveau de diversité génétique et la structuration génétique des populations sur l'ensemble des 6 sites étudiés.

1.2. Populations échantillonnées

Dans le cadre de cette étude, deux sites dans chacun des trois PNR ont été échantillonnés à raison de 25 individus par site (Figure Q1). Un rapport de terrain a été rédigé à l'issue de l'échantillonnage présentant quelques caractéristiques qualitatives des forêts ainsi que la cartographie des individus échantillonnés (Annexe fichier « Compte rendu terrain DIGEMA Quercus chene.docx »). La circonférence des arbres échantillonnés (Figure Q2), représentative la distribution dans des arbres du peuplement (pas de sélection sur la taille), montre de plus gros sujets aux sites ML_Luzège (grande variabilité de circonférences liée à la présence de très gros sujets) et LF_ComtéMature (futaie mature) et de sujets plus petits au site HL_Cammazes (taillis, circonférence non proportionnelle à l'âge).

Figure Q1 : Identification et localisation des sites échantillonnés pour *Q. petraea* et *Q. robur*.

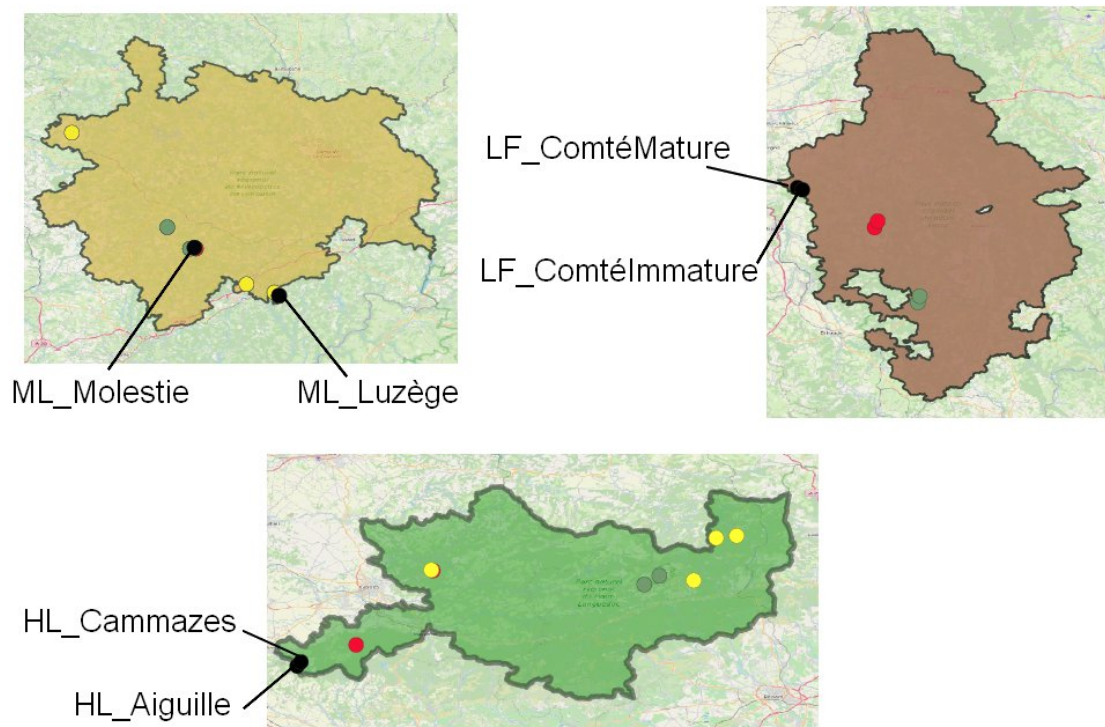
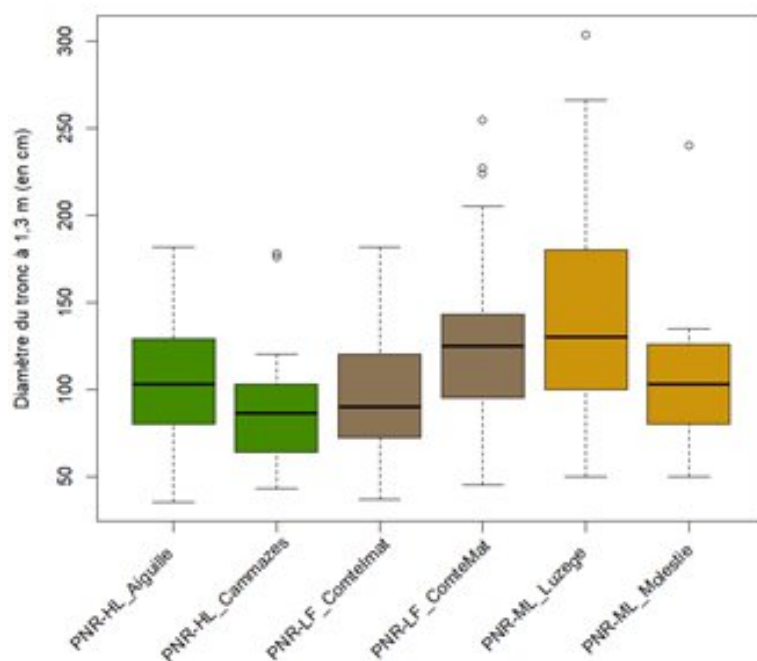


Figure Q2 : distribution des circonférences des troncs des individus échantillonnés mesurés à 1,3m dans les différents sites étudiés.



1.3. Résultats

Sur les 150 arbres échantillonnés, 114 (76%) ont pu être génotypés avec succès à 31 marqueurs microsatellites et 45 SNP* diagnostiques des espèces (Tableau Q1).

*single nucleotide polymorphism : variation d'une seule « lettre » dans la séquence d'ADN)

❖ Identification des espèces et des hybrides

Les marqueurs SNP diagnostiques ont été utilisés pour vérifier la cohérence de l'identification des espèces déterminées par les marqueurs microsatellites. Les résultats étant très similaires, seuls les résultats aux marqueurs microsatellites sont présentés dans ce rapport.

Sous hypothèse de deux groupes génétiques, le logiciel Structure identifie chaque espèce *Q. petraea* et *Q. robur* comme un cluster génétique (Figure Q3). En effet, il y a une très bonne concordance entre les groupes génétiques retrouvés au sein des sites et la présence des deux espèces qui avait été noté sur le terrain. On remarque cependant que trois sites échantillonnés (Comté Mature et Immature et Molestie) comme contenant seulement *Q. petraea* comprennent 1 à 3 *Q. robur*, sans que la présence de *Q. robur* n'ai été notée pendant l'échantillonnage (Tableau Q1). Les marqueurs SNP diagnostiques confirment ces déterminations.

Un total de 5 hybrides ont été identifiés dont 3 dans la forêt mélangé des Aiguilles (13% d'hybrides) et 1 dans chacun des sites (6% d'hybrides) de la forêt de la Comté (Tableau Q1). Le faible nombre d'individus échantillonnés et donc d'hybrides identifiés ne permet pas de caractériser plus finement la dynamique d'introgression. On note cependant que ces 5 hybrides contiennent environ la moitié du génome des deux espèces, suggérant des hybrides F1 de première génération (Figure Q3).

Figure Q3 : Résultats du logiciel Structure pour 31 marqueurs SSRseq sous l'hypothèse de deux groupes génétiques correspondant ici au chêne pédonculé (orange) et chêne sessile (cyan). Chaque individu est représenté par une barre verticale dont la proportion des couleurs correspond à la proportion de son génome appartenant à chacune des deux espèces. Les hybrides sont donc représentés par des individus ayant des valeurs intermédiaires (choisies ici entre 0.2 et 0.8). Les résultats sont synthétisés dans le tableau Q1.

K=2



Tableau Q1 : Résultat de la détermination moléculaire des espèces et des hybrides. N ech. : nombre d'individus échantillonnés, N genot. : nombre d'individus génotypés, Q. robur, Q. petraea et hybrides : nombre d'individu (et pourcentage) affectés génétiquement à l'une des deux espèces ou classifié en tant qu'hybride par le logiciel Structure avec 31 marqueurs SSRseq sous hypothèse de deux clusters génétiques.

PNR	Site	N ech.	N genot.	Q. robur	Q. petraea	hybrides
Haut-Languedoc	Forêt de l'Aiguille	25	23	12 (52%)	8 (35%)	3 (13%)
Haut-Languedoc	Cammazes N2K	25	14	0	14 (100%)	0
Livradois-Forez	Forêt de la Comté Immature	25	16	1 (6%)	14 (88%)	1 (6%)
Livradois-Forez	Forêt de la Comté Mature	25	17	1 (6%)	15 (88%)	1 (6%)
Millevaches en Limousin	SIEM Luzège	25	20	19 (95%)	1 (5%)	0
Millevaches en Limousin	Molestie	25	24	3 (13%)	21 (88%)	0

❖ Diversité génétique

La diversité génétique est légèrement plus faible aux Cammazes et dans une moindre mesure à Molestie (Tableau Q2). L'isolement géographique de ces peuplements, la taille plus faible de peuplement conspécifique à proximité ou la configuration topographique avec une forte pente de ces deux sites pourraient expliquer cette faible diversité génétique.

La diversité génétique est très similaire entre les sites mature et immature de la Forêt de la Comté. Il ne semble pas y avoir un effet clair du degré de maturité du peuplement sur la diversité génétique, le site immature présentant au moins autant de diversité que le site mature (voir légèrement plus au niveau individuel).

La diversité génétique plus élevée pour le chêne pédonculé pourrait être un biais lié aux marqueurs génétiques utilisés. On remarque que dans la forêt de l'Aiguille où les deux espèces sont en mélange et forment des hybrides, la diversité génétique du chêne sessile est légèrement plus élevée que dans les autres peuplements de la même espèce, suggérant une contribution des flux de gènes entre espèces à la diversité génétique du chêne sessile dans ce peuplement.

Tableau Q2 : Estimateurs de diversité génétique pour les différents sites et espèces. La richesse allélique et la diversité génique sont deux estimateurs de diversité à l'échelle des populations, sensibles aux événements récents et anciens respectivement. Le coefficient de consanguinité est un estimateur de la diversité génétique intra-individu et varie ici très peu entre sites étudiés. Les valeurs représentent la moyenne (et l'écart-type entre parenthèses) des valeurs aux 31 marqueurs génétiques étudiés.

Site	Espèce	Richesse allélique (AR, raréfiée à n=10)	Diversité génique (He)	Coefficient de consanguinité individuelle (Fis)
HL_Aiguille	Q. petraea	5.2 (1.7)	0.75 (0.18)	0.12 (0.22)
HL_Aiguille	Q. robur	5.3 (1.6)	0.79 (0.15)	0.09 (0.26)
HL_Cammazes	Q. petraea	4.8 (1.7)	0.71 (0.21)	0.09 (0.20)
LF_ComtéImmature	Q. petraea	5.2 (2.0)	0.72 (0.24)	0.08 (0.15)
LF_ComtéMature	Q. petraea	5.1 (1.8)	0.72 (0.23)	0.11 (0.24)
ML_Luzège	Q. robur	5.3 (1.5)	0.78 (0.15)	0.10 (0.20)
ML_Molestie	Q. petraea	5.0 (1.8)	0.72 (0.21)	0.12 (0.18)

❖ Structuration des populations

Une analyse approfondie à l'aide du logiciel Structure ne montre aucune sous-structuration génétique marquée au sein des espèces sessile ou pédonculé à l'échelle des sites étudiés. Ceci suggère que les deux espèces se comportent comme une population panmictique à l'échelle de la zone géographique étudiée : le degré d'isolement est trop faible pour que des populations se différencient. Ce résultat est classique chez les chênes dont le pollen est transporté sur de longues distances, permettant un flux de gènes entre massifs empêchant la différenciation en populations indépendantes.

Nous observons cependant des différences génétiques significatives entre peuplement liées à la dispersion limitée du pollen et des graines à l'échelle de la zone étudiée et à la reproduction préférentielle entre individus géographiquement proches, ce qui se traduit par des gradients de génotypes dans l'espace, sans que cela ne se traduise par des populations indépendantes.

Tableau Q3 : Différentiation génétique (Fst) par paire de sites et espèces, ainsi que moyenne par site et espèce (moyenne globale et moyenne (intrasp.) pour les paires de sites de la même espèce) permettant de faire ressortir d'éventuelles particularités génétiques.

Fst par paire de sites_espèce	HL_Aiguille_pet	HL_Cammazes_pet	LF_Comtelmat_pet	LF_ComteMat_pet	ML_Molestie_pet	HL_Aiguille_rob	ML_Luzege_rob	Fst moyen	mFst-globale	mFst-intrasp.
HL_Aiguille_pet								HL_Aiguille_pet	0.036	0.030
HL_Cammazes_pet	0.035							HL_Cammazes_pet	0.044	0.030
LF_Comtelmat_pet	0.032	0.030						LF_Comtelmat_pet	0.039	0.028
LF_ComteMat_pet	0.029	0.028	0.026					LF_ComteMat_pet	0.037	0.026
ML_Molestie_pet	0.026	0.027	0.026	0.020				ML_Molestie_pet	0.034	0.025
HL_Aiguille_rob	0.030	0.047	0.038	0.037	0.029			HL_Aiguille_rob	0.036	0.032
ML_Luzege_rob	0.062	0.095	0.082	0.081	0.073	0.032		ML_Luzege_rob	0.071	0.032

Le chêne sessile de la Forêt de l'Aiguille apparaît comme étant relativement peu différencié pour la moyenne de Fst globale (Tableau Q3), mais davantage pour la moyenne intraspécifique, confirmant le rôle dans l'hybridation avec le chêne pédonculé dans la diversité génétique du chêne sessile. On remarque une relative faible différenciation entre les deux espèces au sein de la Forêt de l'Aiguille. Cela est également le cas pour la Molestie où il y a une présence assez significative de chêne pédonculé (3/ 24 génotypés) au sein d'un peuplement autrement composé majoritairement de chêne sessile. Le peuplement de chênes sessiles des Cammazes présente une différenciation relativement plus élevée que les autres peuplements de cette espèce, ce qui -avec la plus faible diversité génétique vue précédemment- confirme un certain isolement et particularité génétique des chênes de ce site. Cela ne semble pas être le cas pour la Molestie, suggérant que la relativement faible diversité observée précédemment est davantage liée à une taille de population plus petite sans isolement notable pour ce site.

1.4. Conclusions

L'analyse génétique a permis de **caractériser les mélanges d'espèces au sein d'un site mixte ainsi que d'identifier les hybrides** montrant un **taux d'hybridation non négligeable** lorsque les espèces sont en mélange pied-à-pied. Nous avons également identifié des individus *Q. robur* dans des peuplements *a priori* contenant seulement *Q. petraea*, indiquant une **présence cryptique à bas bruit d'espèce de chêne minoritaire**. De rares hybrides ont également été retrouvés dans certains de ces sites malgré la faible taille d'échantillonnage, suggérant que **l'hybridation est un phénomène répandu** au sein des ces peuplements, même dans les peuplements ne contenant à première vue qu'une espèce de chêne. Même si les hybrides identifiés semblent résulter d'événements d'hybridation récents (F1), la plus grande diversité génétique de *Q. petraea* dans le peuplement mélangé contenant 13% d'hybrides suggère que de **l'introgression de gènes de *Q. robur* dans *Q. petraea* a lieu**.

L'hybridation semble donc dans ce contexte un processus qui favorise le brassage de gènes générant de la diversité nouvelle et des combinaisons de gènes originales qui sont soumis à la sélection. Ce processus pourrait être un élément **favorable à une meilleur adaptabilité des chênes**, même si nos résultats ne peuvent démontrer cette hypothèse.

Nous n'avons pas observé d'effet du **degré de maturité du peuplement sur la diversité génétique** puisque deux sites de différente maturité au sein de la forêt de la Comté ne présentent pas de différence de diversité génétique. Nous n'avons pas non plus identifié **d'effet de la gestion** ou de **l'environnement (altitude)** sur la diversité ou la compositions génétique. Les différences de diversité entre sites étaient très faibles, et d'autre part, les sites présentent très peu de différenciation génétique sauf exception liées à **l'hybridation** ou à **des particularités locales**. Ainsi, mettre en évidence les effets probablement faibles de la gestion ou de l'environnement nécessiterait un nombre de sites échantillonnés bien plus grand et un plan d'échantillonnage spécialement adapté pour tester ces effets. Le site des **Cammazes semble un peu particulier** en raison de sa légèrement plus faible diversité génétique associée à une différenciation plus importante que les autres sites, suggérant un effet du relief marqué autour de ce site qui pourrait l'isoler par rapport aux autres configurations plus ouvertes. Il faut cependant noter que la diversité génétique est élevée même au sein de ce site et qu'il reste connecté par flux de gènes aux autres peuplements de chênes. L'ensemble des peuplements de chênes étudiés présentent une grande diversité génétique et la capacité d'en générer grâce à l'hybridation, garantissant *a priori* une haute capacité d'adaptation.

2. Châtaignier

2.1 Contexte de l'étude

Le châtaignier européen (*Castanea sativa*) est l'espèce d'arbre la plus sensible aux dépérissements en France, en raison de crises sanitaires à répétition (chancre, encre, cynips) combinées aux effets des sécheresses. Pourtant, le châtaignier ne fait pas l'objet d'un programme de conservation des ressources génétiques en France, alors qu'on y trouve les plus grandes surfaces de châtaignier forestier en Europe. Selon les travaux récents en paléoécologie (Krebs et al., 2019), confortés par des travaux de génétique des populations (Bouffartigues et al. 2020 ; Fernández-López et al. 2021), le châtaignier serait bien une espèce autochtone de la flore française.

Nous souhaitons renforcer ces premiers résultats en recherchant des peuplements forestiers qui présentent des caractéristiques de forêts anciennes dans le but de protéger un patrimoine local en proposant des mesures de conservation des ressources génétiques de ces peuplements. Parallèlement, nous avons échantillonné des vergers dans les mêmes régions que les peuplements forestiers afin d'étudier la proximité génétique de ces vergers avec les populations locales prélevées afin d'identifier si les vergers plantés sont d'origine locale.

Nous avons ainsi échantillonné trois populations de châtaigniers dans deux des trois PNR (présence marginale du châtaignier dans le PNR du Livradois-Forez). Pour chaque PNR, nous avons choisi deux peuplements forestiers et un verger.

Peut-on mettre en évidence des particularités génétique à l'échelle régionale ? Les vergers sont-ils d'origine locale ou pas ? Pour répondre à ces questions, l'objectif est d'intégrer les nouvelles données génétiques à celles obtenues dans un projet en cours avec des populations prélevées dans différentes régions de l'Ouest-Sud de la France (Périgord Limousin, Pays basque et Pyrénées orientales), ce qui nous a permis d'avoir un aperçu de la structuration génétique à une échelle nettement plus étendue.

Les attributs d'autochtonie retenus sont ceux utilisés actuellement pour repérer les vieilles forêts : futaie mélangée, sur fortes pentes, loin des habitations, en forêt ancienne (forêt présente au moins depuis le minimum forestier, vers 1850), flore bien préservée, rareté des exotiques, absence de châtaigniers greffés. Nous n'avons pas pu avoir toujours des forêts ayant des caractères d'autochtonie caractéristiques (fortes pentes, loin de habitations, pas d'exotiques). Par contre nous avons été vigilants à échantillonner dans des peuplements forestiers mixtes comprenant des châtaigniers en mélange avec des chênes, du hêtre ou d'autres essences.

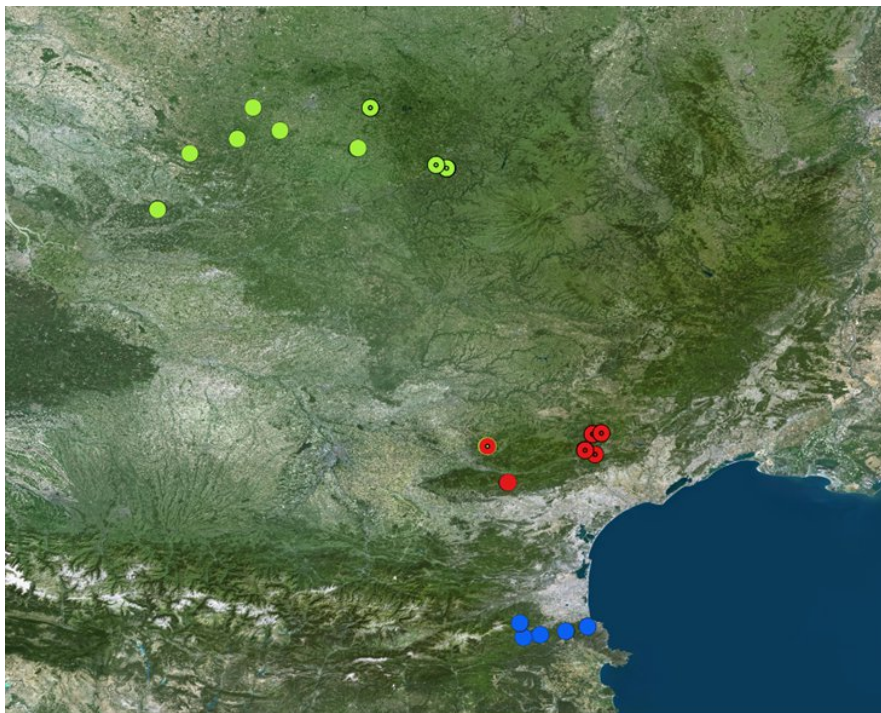
2.2 Populations échantillonnées

Sept populations ont été échantillonnées dans le cadre du projet DIGEMAC et intégrées dans un jeu de données plus large de populations appartenant aux mêmes régions.

Tableau C1 : populations analysées dans le cadre du projet DIGEMAC incluant des populations issues du projet CRGF (Conservation des Ressources Génétiques Forestières). n° pop : numéro de population, population : abréviation du nom de la population, site : localité où se trouve la population échantillonnée, projet : origine du financement de l'étude, CRGF ou DIGEMAC, région : HTL : Haut Languedoc, MIL : plateau de Millevaches, PL : Périgord Limousin, PO : Pyrénées orientales, Type : type de population échantillonnée, FOR : forêt, VG : verger.

N° pop	pop	site	projet	reg	type
1	CAS	forêt de Castans	CRGF	HTL	FOR
2	LDM	Lac du Merle	Ipamac	HTL	FOR
3	ROS	Rosis	Ipamac	HTL	FOR
4	SER	Serviès	Ipamac	HTL	VG
5	TRU	Truscas	Ipamac	HTL	FOR
6	BUJ	Bujaleuf	Ipamac	MIL	FOR
7	DAR	Darnets	Ipamac	MIL	FOR
8	SOU	Soudeilles	Ipamac	MIL	VG
9	BRG	forêt de Beauregard	CRGF	PL	FOR
10	BSC	forêt de Beaussac	CRGF	PL	FOR
11	CAR	forêt des Cars	CRGF	PL	FOR
12	MAR	forêt de Marval	CRGF	PL	FOR
13	JEM	forêt de la Jemaye	CRGF	PL	FOR
14	MON	forêt de Montard	CRGF	PL	FOR
15	ALB	massif des Albères	CRGF	PO	FOR
16	CER	Céret	CRGF	PO	FOR
17	LMA	La Massane	CRGF	PO	FOR
18	PUI	forêt de Puig de l'Estelle	CRGF	PO	FOR
19	SMA	forêt de Saint Marsal	CRGF	PO	FOR

Carte C1 carte de l'ensemble des populations de châtaignier échantillonnées dont les 7 du projet (symbole avec un point dans le cercle, une population est chevauchante)



2.3. Matériel et Méthodes/Résultats

Protocole d'échantillonnage :

Nous avons récolté 2-3 feuilles sur 30 arbres pour chaque population, 3 peuplements forestiers et un verger pour le PNR du Haut Languedoc et 2 peuplements forestiers et un verger pour le PNR de Millevaches. Nous avons collecté des individus distants de plus de 20 m et relevé la position GPS pour chaque arbre.

Méthodes :

L'analyse des données de génotypage SSR-seq (38 locus nucléaires) a été réalisée en utilisant le logiciel Structure pour les 7 populations récoltées combinées avec un ensemble d'autres populations échantillonnées selon les mêmes critères. Au total, 19 populations ont été analysées conjointement, ce qui permet d'avoir une vue plus globale de la structuration génétique de toutes ces populations.

Résultats

❖ **Analyse diversité génétique-clonalité**

Nous avons recherché s'il y avait des arbres présentant des génotypes identiques. Deux cas ont été trouvés dans les peuplements forestiers, impliquant à chaque fois deux individus : le premier dans la forêt du Lac du Merle, le second dans la forêt de Truscas. Dans le premier cas, après vérification, l'individu en question avait été prélevé deux fois en raison d'une panne de GPS, dans le second cas, une telle erreur étant exclue, il se pourrait que l'individu ait été greffé. La rareté des arbres ayant des génotypes identiques en forêt (un seul cas sur 120 arbres typés dans quatre forêts) conforte l'idée que **les peuplements sélectionnés sont d'origine naturelle**.

Dans les deux vergers échantillonnés, nous avons prélevé, pour certains individus présentant un renflement suggérant un point de greffe, des échantillons distincts sur la partie supposée être le porte-greffe et celle supposée être le greffon.

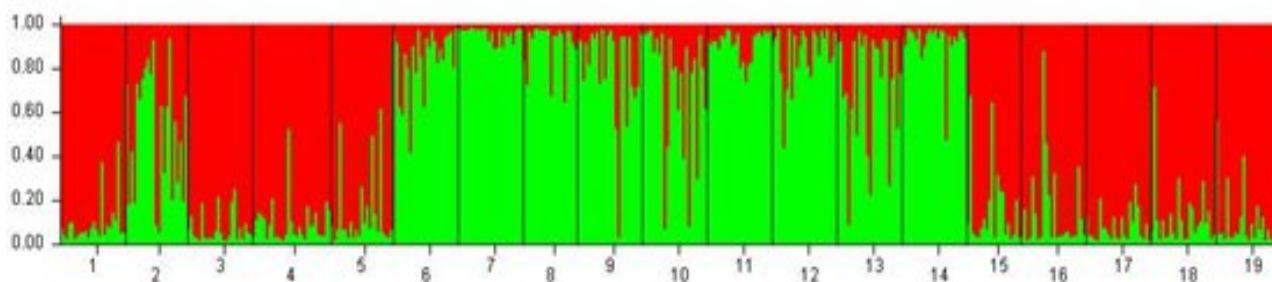
Dans le **verger de Soudeilles** (PNR Millevaches), aucune différence génétique n'a été détectée entre les prélèvements « porte-greffe » et « greffon ». Ces individus n'étaient donc pas greffés, et le **verger se compose donc exclusivement d'arbres franc-pieds**.

En revanche, dans le **verger de Serviès** (PNR Haut-Languedoc), la présence de greffes a été confirmée. Certaines greffes partageant le même génotype (identifié chez 2 à 5 individus selon les cas), il est possible de parler de **variétés clonales**.

❖ Structuration des populations

Nous avons d'abord utilisé l'approche bayésienne implémentée dans le logiciel Structure pour inférer la structure génétique. En faisant l'hypothèse qu'il existerait deux groupes génétiques ($K=2$), nous observons une structuration correspondant à deux groupes géographiques, PNR Millevaches avec des populations de Périgord Limousin d'une part et PNR Haut Languedoc avec des populations des Pyrénées orientales d'autre part.

Figure C1 : Résultats des analyses effectuées avec le logiciel Structure pour 38 marqueurs SSRseq sous l'hypothèse de deux groupes génétiques. Chaque individu est représenté par une barre verticale dont la proportion des couleurs correspond à la proportion de son génome appartenant à chacun des deux groupes. Les individus des populations 6 à 14 sont majoritairement affectés au cluster vert ; elles sont issues du Périgord Limousin. Les populations 1 à 5 et 15 à 19 sont majoritairement affectées au cluster rouge ; elles proviennent du Haut Languedoc et des Pyrénées orientales.

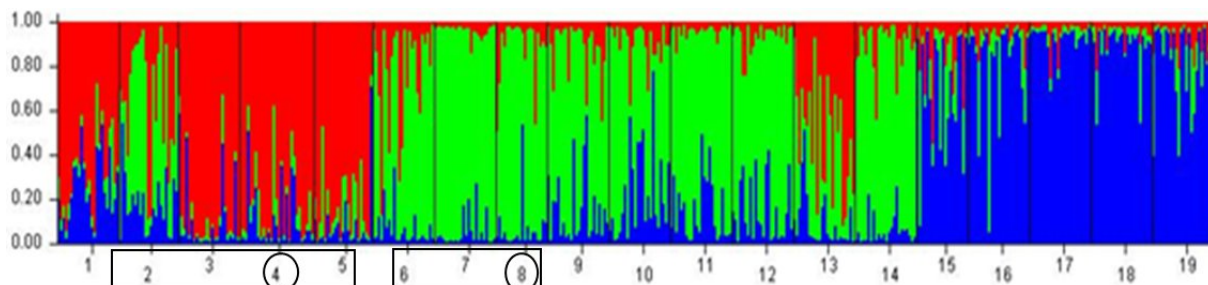


La population 2 qui correspond à celle prélevée dans le PNR du Haut Languedoc, au lac du Merle, a un caractère intermédiaire et diffère des autres populations de la région.

Les deux vergers échantillonnés (population 4 Serviès du PNR HTL et population 8 Soudeilles, du PNR de Millevaches) appartiennent au même groupe que les populations forestières locales, indiquant que les individus utilisés dans ces vergers sont d'origine locale.

En faisant ensuite l'hypothèse qu'il existerait trois groupes ($K=3$), nous distinguons cette fois les populations du Haut Languedoc de celles des Pyrénées orientales. La population du Lac du Merle reste singulière.

Figure C2 : Résultats du logiciel Structure pour 38 marqueurs SSRseq sous l'hypothèse de trois groupes génétiques. En rouge, les populations du Haut Languedoc (populations 1 à 5), en vert celle du Périgord Limousin/Massif central (population 6 à 14) et en bleu celle des Pyrénées orientales (populations 15 à 19). Chaque individu est représenté par une barre verticale dont la proportion des couleurs correspond à la proportion de son génome appartenant à chacun des deux groupes. Les populations encadrées correspondent aux deux vergers.



2.4. Conclusions et perspectives

Les populations de châtaignier étudiées dans ce projet présentent une structuration génétique en lien avec leur origine géographique. Cette structuration génétique révèle **des singularités territoriales**, en particulier elle permet de différencier les peuplements du PNR du Haut-Languedoc de ceux du PNR Millevaches en Limousin qu'ils soient forestiers ou de vergers.

Les arbres composant les vergers, qu'ils aient été greffés ou pas, sont d'origine locale. La culture du châtaignier à des fins de production fruitière s'était donc basée jusqu'à l'époque plus récente sur la valorisation des ressources génétiques présente localement, pas ou peu sur la diffusion de variétés entre régions ou pays.

Concernant la structuration génétique en forêt, il serait intéressant de compléter l'échantillonnage dans le Massif central et d'étudier l'histoire ancienne de ces peuplements pour tenter de comprendre l'origine de cette forte différenciation génétique (comparé notamment aux cas du chêne et du hêtre, qui ne semblent pas présenter de structure aussi forte à cette échelle). Élargir l'échantillonnage permettrait de repérer des groupes génétiques distincts à des fins de conservation et aiderait à tracer l'origine géographique des variétés de châtaignier (confirmation de la zone géographique ayant servi de source pour chaque variété).

3. Hêtre

3.1 contexte de l'étude

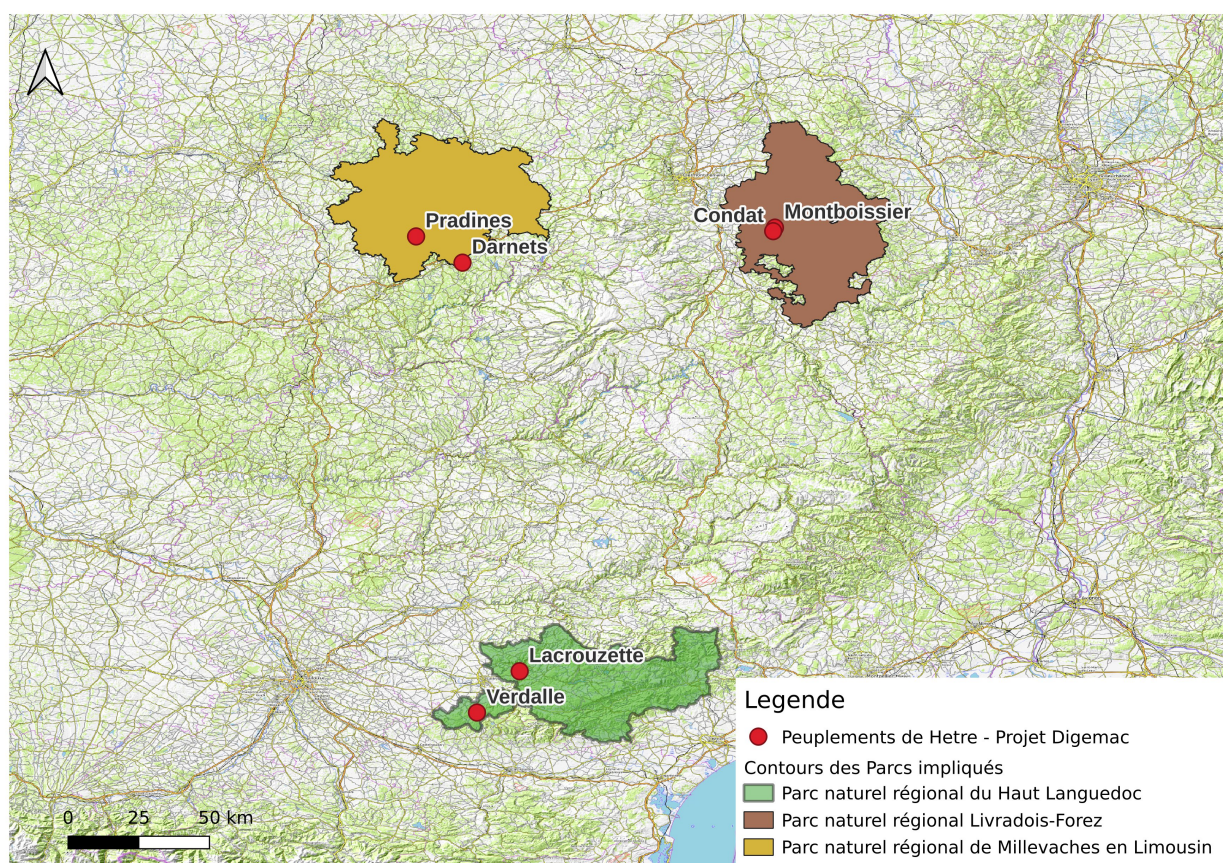
Le hêtre (*Fagus sylvatica*) occupe une place significative dans les forêts du Massif central, en particulier dans les trois Parcs Naturels Régionaux étudiés. Pourtant, sa sylviculture reste hétérogène d'un territoire à l'autre. Dans certains contextes, le hêtre est géré de manière active, en mélange avec d'autres essences feuillues ou résineuses ; ailleurs, il est souvent délaissé, considéré comme une essence patrimoniale à faible valeur économique ou à l'avenir incertain face au changement climatique. Cette diversité de situations reflète des dynamiques forestières contrastées, influencées par les conditions écologiques locales (altitude, sol, climat), les orientations de gestion passées (plantations résineuses, déprise agricole), mais

aussi par les représentations sociales et économiques associées à cette essence. Dans ce contexte, se pose la question de la résilience des peuplements de hêtre : comment évoluent-ils sous différents régimes de gestion ? Leur diversité génétique et leur vitalité sont-elles maintenues ou altérées ? Et quelles orientations sylvicoles pourraient accompagner leur adaptation à des conditions climatiques changeantes ?

Dans ce projet, nous chercherons à déterminer si les peuplements échantillonnés dans les différents Parcs naturels régionaux présentent des **spécificités génétiques locales**, et si, au sein d'un même PNR, des différences de diversité génétique peuvent être mises en évidence entre des peuplements soumis à des **régimes de gestion contrastés en terme de maturité du peuplement**.

Au-delà de la diversité génétique, chaque peuplement a également été caractérisé sur le plan phénotypique, à travers des traits liés à la reproduction (présence de fructification, régénération naturelle) et à l'état sanitaire des arbres (vitalité, dépérissement, résilience). Ces deux dimensions — potentiel reproducteur et état de santé — constituent des composantes clés de la capacité d'adaptation des populations forestières face aux changements environnementaux.

3.2. Populations échantillonnées



3.3 .Résultats

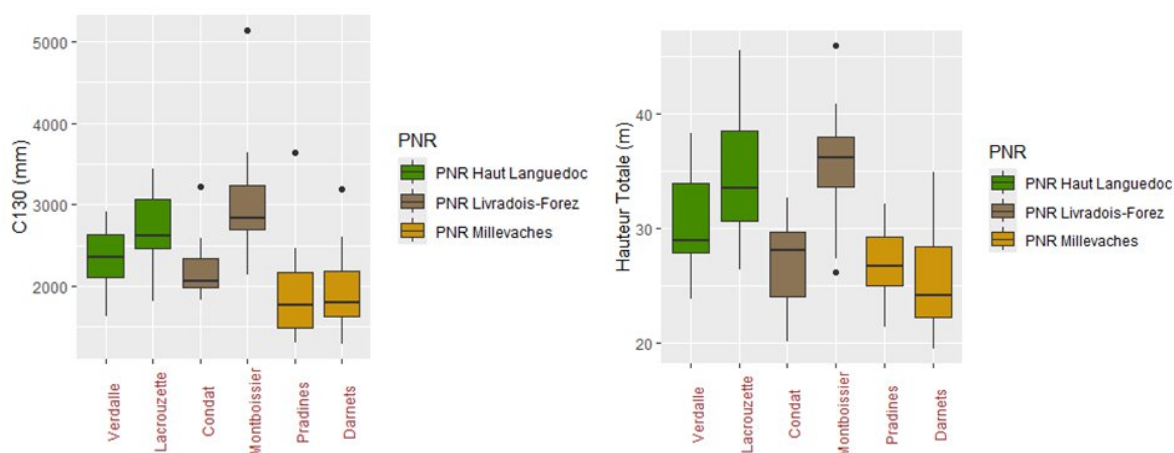
3.3.1. Caractéristique des peuplements

- Croissance : Circonférence, hauteur

En moyenne, les peuplements de Lacrouzette (Lac du Merle) et de Montboissier sont les 2 hêtraies de l'étude présentant les plus fortes circonférences (supérieures à 2500mm de circonférence à 1.30m pour la majorité des arbres) et les plus grandes hauteurs (supérieures à 30m de hauteur totale pour la majorité des arbres).

A contrario, les hêtraies de Darnets et Pradines présentent en moyenne des hêtres plus petits en circonférence à 1.30m que les autres peuplements étudiés (inférieures à 2000mm de circonférence à 1.30m pour la majorité des arbres). C'est également, en moyenne, des peuplements dont les hêtres ont des hauteurs plus faibles que les autres peuplements étudiés (inférieures à 27m de hauteur totale pour la majorité des arbres).

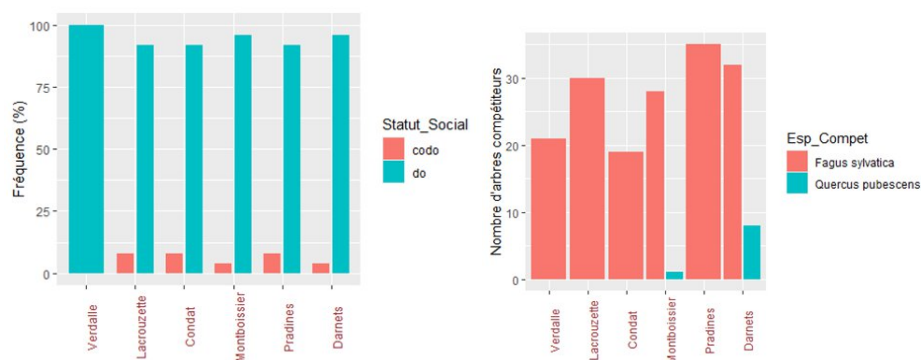
Figure F1 : distribution des circonférences des troncs des individus échantillonnés mesurés à 1,3m et de la hauteur dans les différents sites étudiés



- Statut social, compétition

La majorité des hêtres échantillonnés pour l'étude sont dominants. Ils ont en moyenne, 1.16 arbres compétiteurs, pour la plupart des hêtres et quelquefois des chênes pubescents pour les peuplements de Darnets et Montboissier. La compétition est appréciée suivant la méthode dite de « juxtaposition des houppiers », qui consiste à compter, pour chaque tige, le nombre de houppiers dominants ou co-dominants en contact avec l'arbre échantillonné, au niveau de sa partie fonctionnelle (les deux tiers supérieurs).

Figure F2 : distribution du statut social et de la compétition dans les différents sites étudiés

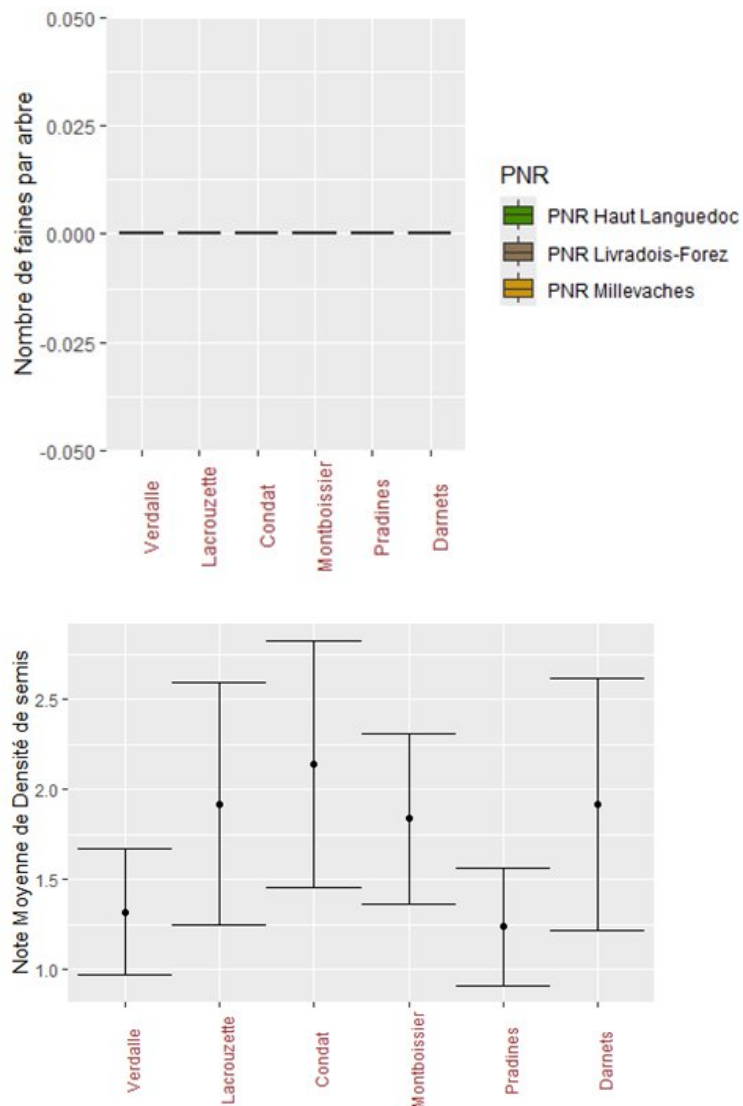


- Capacité de régénération : Fructification, Régénération

En 2024, la totalité des hêtres échantillonnés pour l'étude n'ont pas produit de faines.

Cependant, la régénération est présente dans l'ensemble des hêtraies. Elle est, en moyenne, faible dans les peuplements de Pradines et Verdalle et dispersées dans les autres peuplements.

Figure F3 : distribution du nombre de faines et des classes d'intensité de régénération naturelle dans les différents sites étudiés

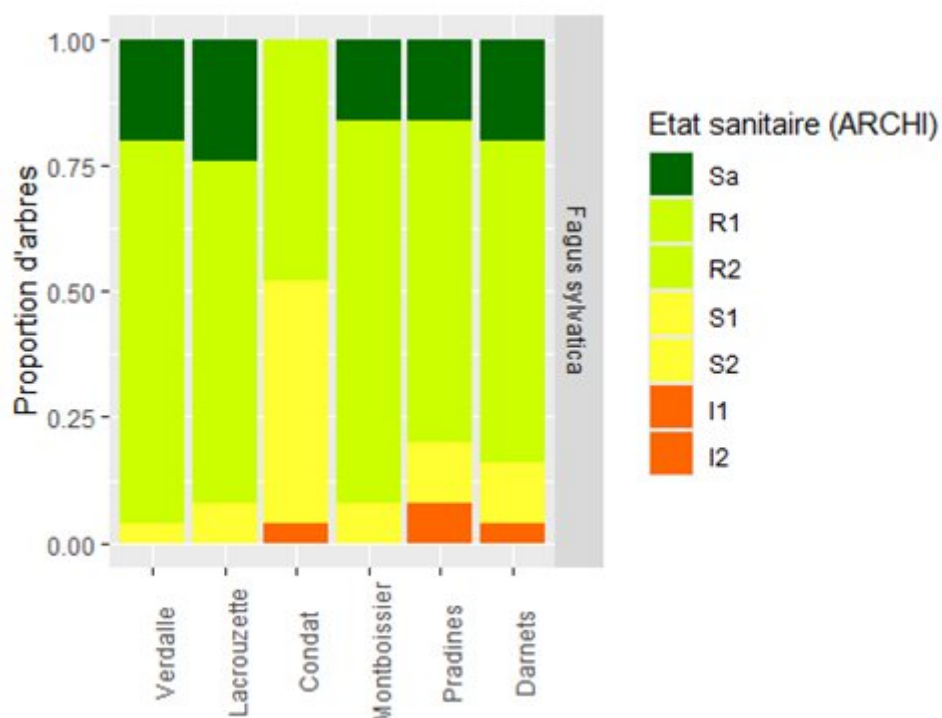


- Vitalité (Archi)

Afin d'apprécier les potentialités de résilience des arbres étudiés, nous avons utilisé la méthode ARCHI car celle-ci permet d'attribuer un diagnostic visuel du dépérissement et des capacités de résilience des arbres basée sur une lecture de l'architecture des houppiers.

La majorité des hêtres observés des peuplements étudiés sont diagnostiqués « Résiliants » ou « Sains », sauf pour la hêtraie de Condat où les arbres sont stressés, voire dépérissants. Les hêtraies de Lacrouzette, Montboissier et Verdalle ne présentent pas de hêtres « dépérissants ».

Figure F4 : distribution des classes de l'état sanitaire dans les différents sites étudiés



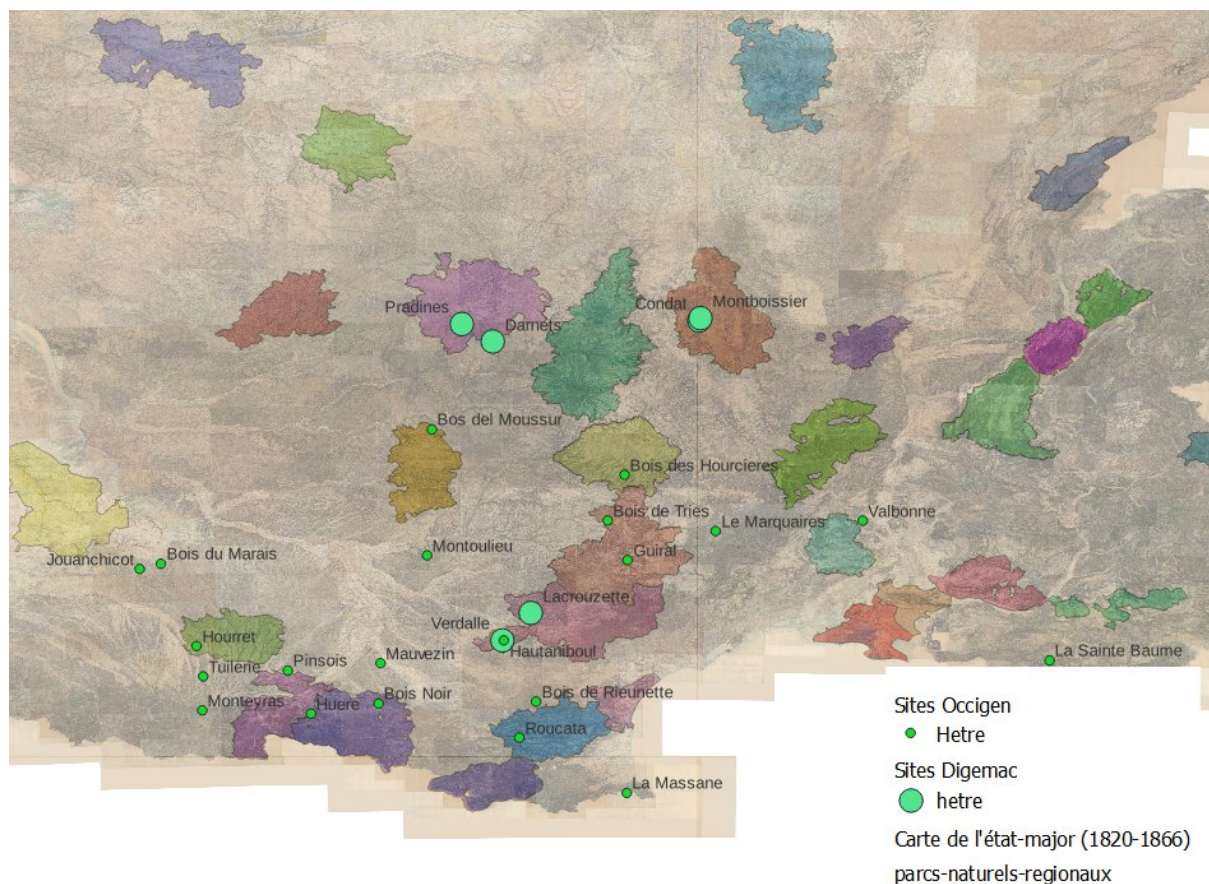
3.3.2 Diversité génétique

L'analyse génétique du hêtre dans les six populations étudiées (150 arbres) a été réalisée en intégrant les données du projet Occigen portant sur 19 populations additionnelles localisées en Occitanie (475 arbres). Par ailleurs nous avons rajouté une population des Alpes du Sud, la Sainte-Baume, pour avoir une référence génétique au sud-est de la France (25 arbres).

Dans le cadre du projet Occigen, 52 marqueurs de type SSRseq (voir encadré) ont été développés à la plateforme PGTB - Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux. Les étapes principales ont été le criblage de séquences SSR dans le génome de référence du hêtre, la conception des amorces et le test de polymorphisme. Les marqueurs développés se répartissent en deux groupes, 50 ciblent des parties du génome nucléaires et 2 ciblent des régions du génome chloroplastique à hérédité maternelle chez le hêtre. Les analyses réalisées permettent d'étudier la structure de la diversité génétique des populations étudiées et leur diversité génétique (voir encadré).

Sur 149 arbres étudiés, 328 allèles sont observés sur les 50 locus nucléaires SSRseq (443 sur 645 arbres) et 3 haplotypes chloroplastiques (6 haplotypes sur 645 arbres).

Carte F3 : Localisation des différents sites échantillonnés dans le cadre du projet Occigen et du projet Digemac



❖ Diversité génétique en lien avec le degrés de maturité

Aucune différence significative n'a été observée entre les populations de hêtre échantillonnées dans le cadre de ce projet pour les différents indicateurs de diversité génétique. **Nous n'avons pas détecté d'effet du degrés de maturité sur la diversité génétique du hêtre.** Le nombre moyen d'allèles par locus au niveau du génome nucléaire s'établit à 4,47, avec des valeurs extrêmes allant de 4,3 à Pradines à 4,76 à Montboissier. Cette dernière population présente également le plus grand nombre d'allèles privés (c'est-à-dire des allèles uniques à une seule population), avec une moyenne de 0,30, bien que cette différence ne soit pas statistiquement significative. L'indice de fixation (F), n'est pas significativement différent de zéro dans les populations étudiées. Cela indique une absence d'excès ou de déficit d'hétérozygotes, ce qui suggère une reproduction panmictique, c'est-à-dire aléatoire entre les individus

Tableau F1 : Estimateurs de diversité génétique pour les différents sites pour le hêtre. La richesse allélique et la diversité génique sont deux estimateurs de diversité à l'échelle des populations, sensibles aux événements récents et anciens respectivement. Le coefficient de consanguinité est un estimateur de la diversité génétique intra-individu et varie ici très peu entre sites étudiés. Les valeurs représentent la moyenne (et l'écart-type entre parenthèses) des valeurs aux 50 marqueurs génétiques étudiés

PNR	Site	Richesse allélique	Diversité génique (He)	Coefficient de consanguinité individuelle (Fis)
ML	Pradines	4.3 (0.3)	0.52 (0.035)	-0.012 (0.04)
	Darnets	4.4 (0.3)	0.53 (0.03)	0.026 (0.03)
HL	Verdalle	4.4 (0.3)	0.53 (0.03)	0.06 (0.04)
	Lacrouzette	4.6 (0.3)	0.53 (0.03)	0.034 (0.03)
LF	Condat	4.3 (0.3)	0.51 (0.04)	0.034 (0.03)
	Montboissier	4.8 (0.3)	0.52 (0.04)	0.027 (0.03)
26 populations		4.5 (0.06)	0.52 (0.01)	0.041 (0.006)

❖ Structure génétique (**singularité génétique**)

Cette étude révèle l'absence de structure génétique chez le hêtre à l'échelle des PNR et plus globalement à l'échelle de l' Occitanie. L'analyse en composantes principales (ACP) (Figure F2 a et b) réalisée sur les génotypes nucléaires ne met en évidence aucune structuration claire des populations de hêtre échantillonnées. Les individus sont répartis de manière homogène dans l'espace multivarié, sans regroupement distinct par population d'origine. Ce résultat est confirmé par l'analyse réalisée avec le logiciel STRUCTURE, qui identifie un seul groupe génétique comme le plus probable ($K = 1$).

L'indice de différenciation génétique global (F_{ST} glob) est faible, avec une valeur de 0,054, indiquant une faible structuration génétique entre les populations de hêtre étudiées. L'analyse des différenciations par paires de populations confirme ce résultat : les valeurs de F_{ST} entre paires sont toutes faibles (valeur maximale : 0,029) et aucune n'est significativement différente de zéro (voir Tableau F1). Les valeurs les plus élevées, bien que non significatives, sont observées entre des populations appartenant à des Parcs Naturels Régionaux différents, ce qui pourrait refléter de légères tendances à la différenciation géographique, sans pour autant constituer une barrière au flux génétique

Cette absence de structuration génétique entre populations soutient l'hypothèse d'une grande homogénéité génétique à l'échelle des sites étudiés, probablement liée à un flux génique important et à une histoire évolutive partagée entre les peuplements . Cela suggère une continuité du flux de gènes entre les populations.

Figure F5 : Analyse en composante principale sur (a) 26 populations (645 arbres) et sur (b) les 6 populations échantillonnées dans le cadre de ce projet (149 arbres)

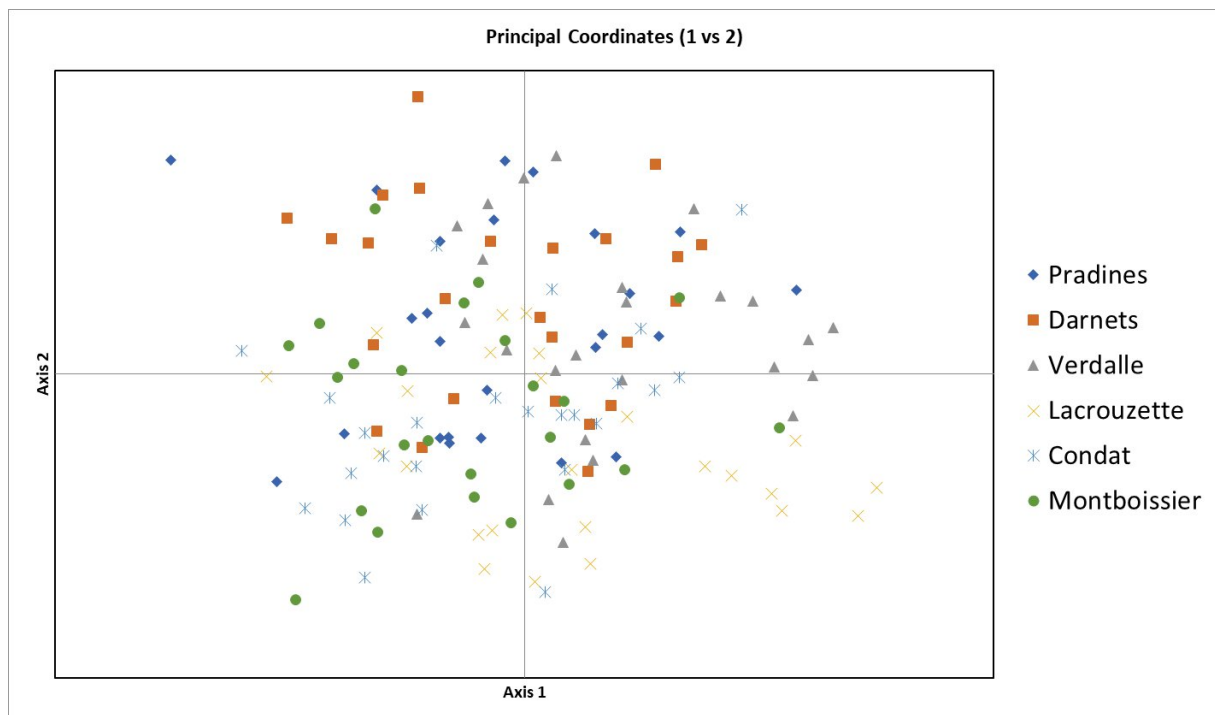
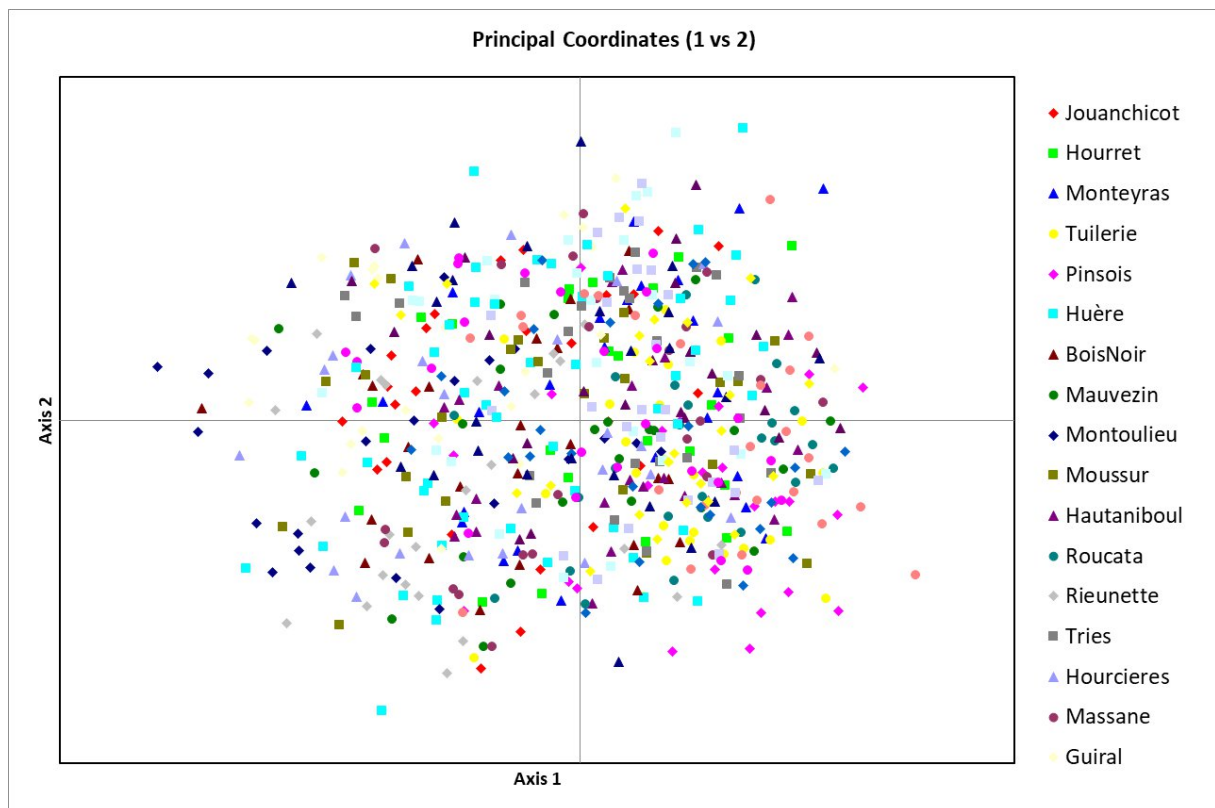


Tableau F1 : Différenciation génétique entre paires de population (Fst).

PNR	ML	ML	HL	HL	LF	LF
				Lacrouze		Montboissi
PNR	Pradines	Darnets	Verdalle	tte	Condat	er
ML Pradines						
ML Darnets	0.007					
HL Verdalle	0.021	0.022				
HL Lacrouzette	0.021	0.029	0.021			
LF Condat	0.018	0.016	0.029	0.021		
LF Montboissier	0.014	0.013	0.025	0.016	0.005	

3.4.Conclusion

Les hêtraies étudiées dans le cadre de ce projet s'inscrivent dans le même pool génétique que celles échantillonnées par le projet OCCIGEN, confirmant leur appartenance à une lignée génétique continue qui inclut la Massane et qui s'étend jusqu'au massif de la Sainte-Baume. Aucun signal de différenciation locale n'a été détecté, ce qui témoigne d'**une homogénéité génétique régionale des populations de hêtre dans le sud-est de la France**, englobant les Pyrénées orientales, le Massif central et les Alpes occidentales. Une origine commune, issue d'un refuge dans les Pyrénées, expliquerait la faible différenciation génétique actuelle entre les peuplements régionaux. À l'échelle européenne, la diversité génétique du hêtre reflète une structure en grandes lignées issues de plusieurs refuges glaciaires isolés, identifiés grâce à des études phylogénétiques. Ces lignées se sont progressivement dispersées lors des phases de recolonisation postglaciaire, dessinant une histoire biogéographique complexe. **Dans ce cadre, les hêtraies du sud-est de la France apparaissent comme un prolongement de l'une de ces lignées méridionales, pouvant avoir mis en place des adaptations particulières à la sécheresse estivales et qui jouent un rôle majeur dans la continuité génétique du hêtre à l'échelle de l'Europe occidentale.**

Aucun effet du degré de maturité des peuplements sur la diversité génétique n'a pu être mis en évidence dans cette étude. En particulier, les paires de sites soumis à des modes de gestion contrastés (une fois identifiés précisément) ne présentent aucune différence significative en termes de diversité génétique. Les écarts de diversité entre les sites sont très faibles, et la différenciation génétique inter-populations reste quasi inexistante. Ces résultats suggèrent que, dans les conditions et à l'échelle de ce projet, ni la gestion forestière, ni le stade de maturité des peuplements ne modifient sensiblement la structure génétique des populations de hêtre. Toutefois, cela ne signifie pas l'absence totale d'effets. Les détecter de manière robuste nécessiterait un dispositif d'échantillonnage plus vaste, avec un nombre plus importants de sites, et un plan expérimental spécifiquement conçu pour tester les effets de la gestion et de l'environnement sur la diversité génétique. Malgré cela, l'ensemble des peuplements de hêtres étudiés présentent une **diversité génétique**

élevée, indicatrice d'un potentiel évolutif important. En conclusion, **les hêtres encore en place présentent une variabilité génétique suffisamment importante pour reconstituer des populations par régénération naturelle.**

Cette diversité génétique, homogène entre populations et non structurée géographiquement, s'accompagne néanmoins d'une variabilité morphologique et écologique marquée entre les sites. Les peuplements de Lacrouzette et de Montboissier se distinguent par des dimensions remarquables, avec des hêtres majoritairement supérieurs à 2,5 mètres de circonférence à 1,30 m et atteignant plus de 30 mètres de hauteur totale. À l'inverse, les peuplements de Darnets et Pradines présentent des individus plus modestes, avec des circonférences inférieures à 2 mètres et des hauteurs moyennes inférieures à 27 mètres. La majorité des hêtres échantillonnés sont dominants, et la compétition y est globalement faible, exercée principalement par d'autres hêtres, et ponctuellement par des chênes pubescents, notamment à Darnets et Montboissier. En 2024, aucun des hêtres échantillonnés ne portait de faines, ce qui est cohérent avec le caractère irrégulier et fortement interannuel de la fructification chez cette espèce. L'année 2024 semble avoir été une année de non-fructification, phénomène courant chez le hêtre. Malgré cela, une régénération naturelle a été observée dans l'ensemble des peuplements, bien qu'elle soit plus limitée à Pradines et Verdalle. **Ces résultats plaident en faveur de la promotion d'une gestion sylvicole favorisant la régénération naturelle.**

Les forêts de hêtre étudiées se situent dans la partie méridionale de l'aire de répartition naturelle de l'espèce, dans des contextes climatiques, édaphiques et sylvicoles contrastés. Malgré ces conditions potentiellement contraignantes, les résultats montrent que ces peuplements présentent une **diversité génétique élevée**, une **régénération naturelle globalement présente**, ainsi qu'un **état sanitaire satisfaisant**, avec des individus majoritairement classés comme sains ou résilients. Ces observations **témoignent de la capacité d'adaptation actuelle du hêtre** dans ces environnements, et permettent **d'envisager un avenir relativement favorable pour ces populations, tant que les changements climatiques restent progressifs et modérés.** Toutefois, le maintien de cette dynamique dépendra de la mise en place de **pratiques de gestion adaptées**, notamment en **faveur de la régénération naturelle**, et du **suivi continu de la vitalité des peuplements** face aux évolutions environnementales à venir.

Ce travail souligne l'intérêt de ces hêtraies méridionales, à la fois comme réservoirs de diversité génétique et comme références pour la gestion adaptative des forêts face au changement global.

4. Sapin

4.1 Contexte de l'étude

Le sapin pectiné (*Abies alba*) est une espèce montagnarde emblématique des forêts tempérées humides d'Europe. Dans le Massif central, son aire naturelle est fragmentée et souvent limitée aux zones froides et bien arrosées, entre 800 et 1 500 mètres d'altitude. Présent surtout en versant nord ou sur des sols profonds et frais, il se développe en mélange avec le hêtre ou, plus ponctuellement, avec le pin sylvestre ou l'épicéa.

Dans les Parcs Naturels Régionaux étudiés, le sapin occupe des positions variables :

- Dans le PNR du Livradois-Forez, bien que son bois soit actuellement moins demandé, il représente une ressource forestière majeure, concentrant près d'un quart du stock régional en sapin du Massif central. Il s'observe dans des sapinières souvent anciennes, en particulier en altitude, et pure (la sylviculture ayant éliminé le hêtre à son profit) mais subit un dépérissement notable en basse altitude où il est déjà loin de son optimum écologique, en lien avec les sécheresses répétées et à la sensibilité accrue de l'espèce aux stress hydriques.
- Dans le PNR du Haut-Languedoc, le sapin est présent mais secondaire, souvent en mélange avec le hêtre sur les plateaux d'altitude (>900 m). Il a également été introduit dans certaines plantations de résineux à partir des années 1950 via les programmes du Fonds Forestier National (FFN).
- Dans le PNR de Millevaches en Limousin, le sapin est moins fréquent naturellement, mais il est présent sous forme de plantations résineuses, souvent mélangé au douglas ou à l'épicéa. Les peuplements naturels sont plutôt rares et localisés, tandis que la sylviculture du sapin y reste marginale.

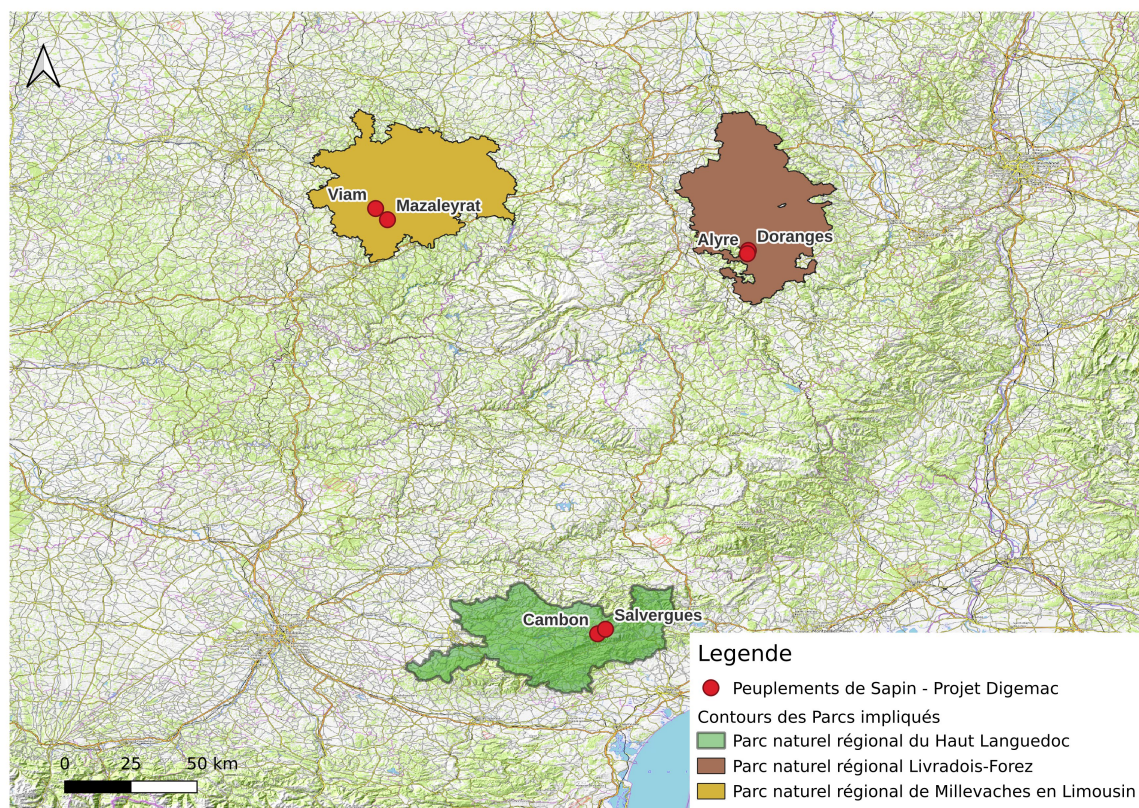
Dans l'ensemble, le sapin pectiné du Massif central se trouve à la croisée des enjeux climatiques et sylvicoles : une espèce à forte valeur écologique et économique, mais vulnérable dans ses marges méridionales. Il constitue un bon indicateur des effets du changement climatique sur les forêts montagnardes.

Dans ce projet, nous chercherons à déterminer si les peuplements échantillonnés dans les différents Parcs naturels régionaux présentent des **spécificités génétiques locales** et si, au sein d'un même PNR, des différences de diversité génétique peuvent être mises en évidence entre des peuplements **soumis à des régimes de gestion contrastés en terme de maturité du peuplement**.

Au-delà de la diversité génétique, chaque peuplement a également été caractérisé sur le plan phénotypique, à travers des traits liés à la reproduction (présence de fructification, régénération naturelle) et à l'état sanitaire des arbres (vitalité, dépérissement, résilience). Ces deux dimensions — potentiel reproducteur et état de santé — constituent des composantes clés de la capacité d'adaptation des populations forestières face aux changements environnementaux

4.2 Populations échantillonnées

Carte A1 : localisation des peuplements de sapin pectiné étudiés dans le projet



4.3 Résultats

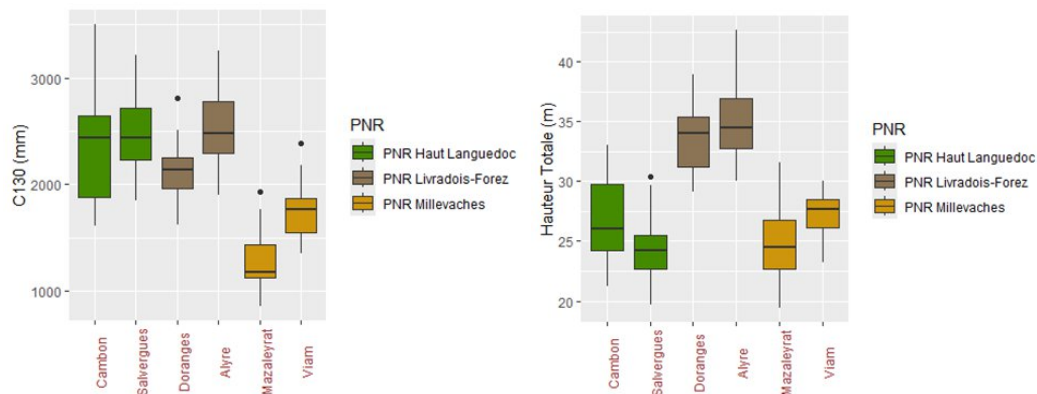
4.3.1 . Caractéristique des peuplements

- Croissance : Circonférence, hauteur

En moyenne, les peuplements de Mazaleytrat et de Viam sont les 2 sapinières de l'étude présentant les plus faibles circonférences (inférieures à 1800mm de circonférence à 1.30m pour la majorité des arbres) ; les 4 autres peuplements présentent, en moyenne, des arbres avec des circonférences à 1.30 supérieures à 2000mm.

Concernant les hauteurs, les sapinières de Alyre et Doranges présentent en moyenne des sapins plus haut que les autres peuplements étudiés, c'est à dire supérieurs à 30m pour la majorité des arbres ; les 4 autres peuplements présentent, en moyenne, des arbres avec des hauteurs totales inférieures à 30 m.

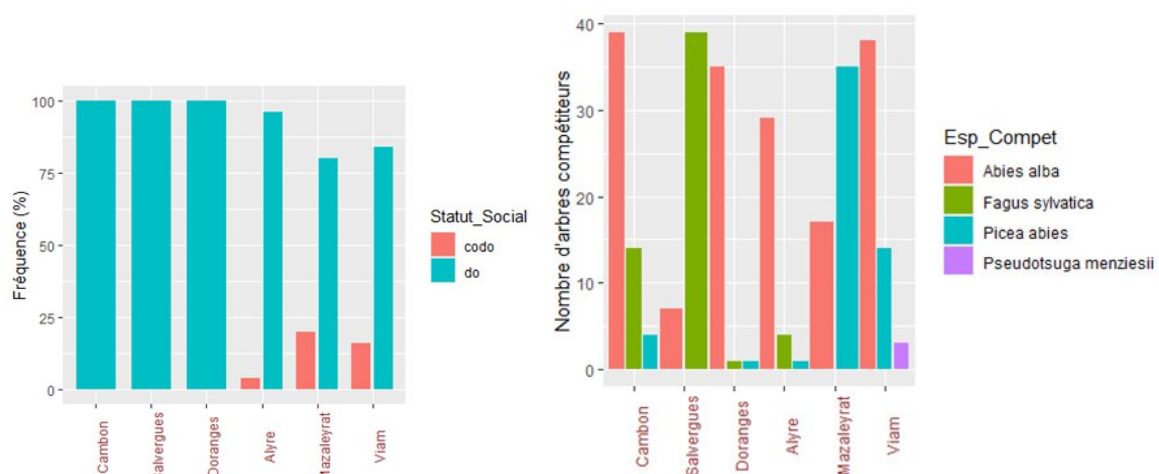
Figure A1 a et b : distribution des circonférences des troncs des individus échantillonnés mesurés à 1,3m et de la hauteur dans les différents sites étudiés



• Statut social, compétition

Dans les peuplements de Cambon, Doranges et Salvergues, l'ensemble des sapins échantillonnés pour l'étude sont dominants. Quelques sapins co-dominants ont été sélectionnés dans les peuplements d'Alyre, Mazaleyrat et Viam. Ils ont en moyenne, 1.9 arbres compétiteurs, pour la plupart du temps en majorité des sapins pectiné sauf pour les peuplements de Mazaleyrat et Salvergues, où respectivement ce sont des épicéas commun et des hêtres commun qui sont les principales espèces compétitrices. Notons la présence de douglas vert compétiteurs dans le peuplement de Viam. La compétition étant établies suivant la méthode dite de « juxtaposition des houppiers », qui consiste à compter, pour chaque tige, le nombre de houppiers dominants ou co-dominants en contact avec l'arbre échantillonné, au niveau de sa partie fonctionnelle (les deux tiers supérieurs)

Figure 2 a b : distribution du statut social et de la compétition dans les différents sites étudiés

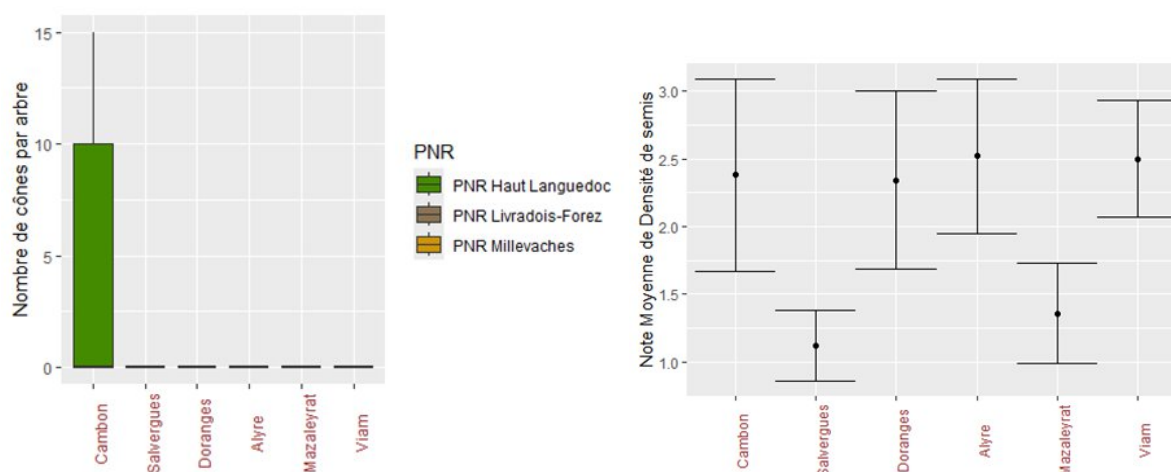


- **Fructification, Régénération**

En 2024, la totalité des sapins échantillonnés pour l'étude n'ont pas produit de cônes sauf pour la sapinière de Cambon où 7 sapins portent une dizaine de cônes.

La régénération est présente de façon dispersée ou par petit groupe dans les sapinières d'Alyre, Cambon, Doranges et Viam. Elle est peu présente voire absente dans les peuplements de Mazaleyrat et Salvergues

Figure A3 a, b : distribution du nombre de cônes et des classes d'intensité de régénération naturelle dans les différents sites étudiés



Celle-ci a été estimée pour chaque arbre, à partir de deux placettes de 2x2 mètres autour de l'arbre en question, en utilisant le gradient de régénération suivant :

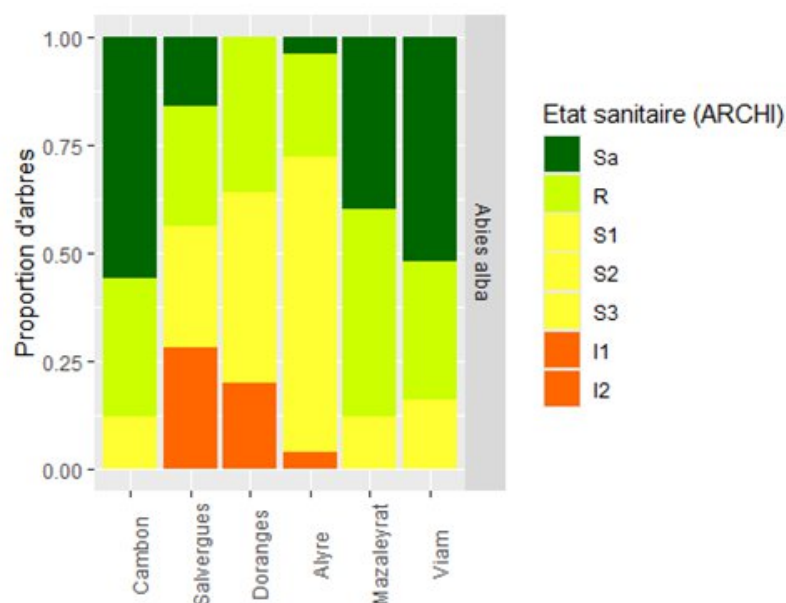
- 1=Absence (pas de juvéniles)
- 2=Dispersés (quelques individus dispersés)
- 3=Groupes (présence de groupes dispersés dans le plot)
- 4=Abondant (groupes abondants ou quelques groupes avec beaucoup d'individus)

- **Vitalité**

Afin d'apprécier les potentialités de résilience des arbres étudiés, nous avons utilisé la méthode ARCHI car celle-ci permet d'attribuer un diagnostic visuel du dépérissement et des capacités de résilience des arbres basée sur une lecture de l'architecture des houppiers.

La majorité des sapins observés dans les peuplements de Cambon, Mazaleyrat et Viam sont diagnostiqués « Résilients » ou « Sains ». A contrario, la majorité des sapins observés dans les peuplements d'Alyre, Doranges et Salvergues sont diagnostiqués « stressés » ou « dépérissants ». Notons une proportion non négligeable (au moins 20%) de sapins « dépérissants » dans les peuplements de Doranges et Salvergues.

Figure A4 : distribution des classes de l'état sanitaire dans les différents sites étudiés

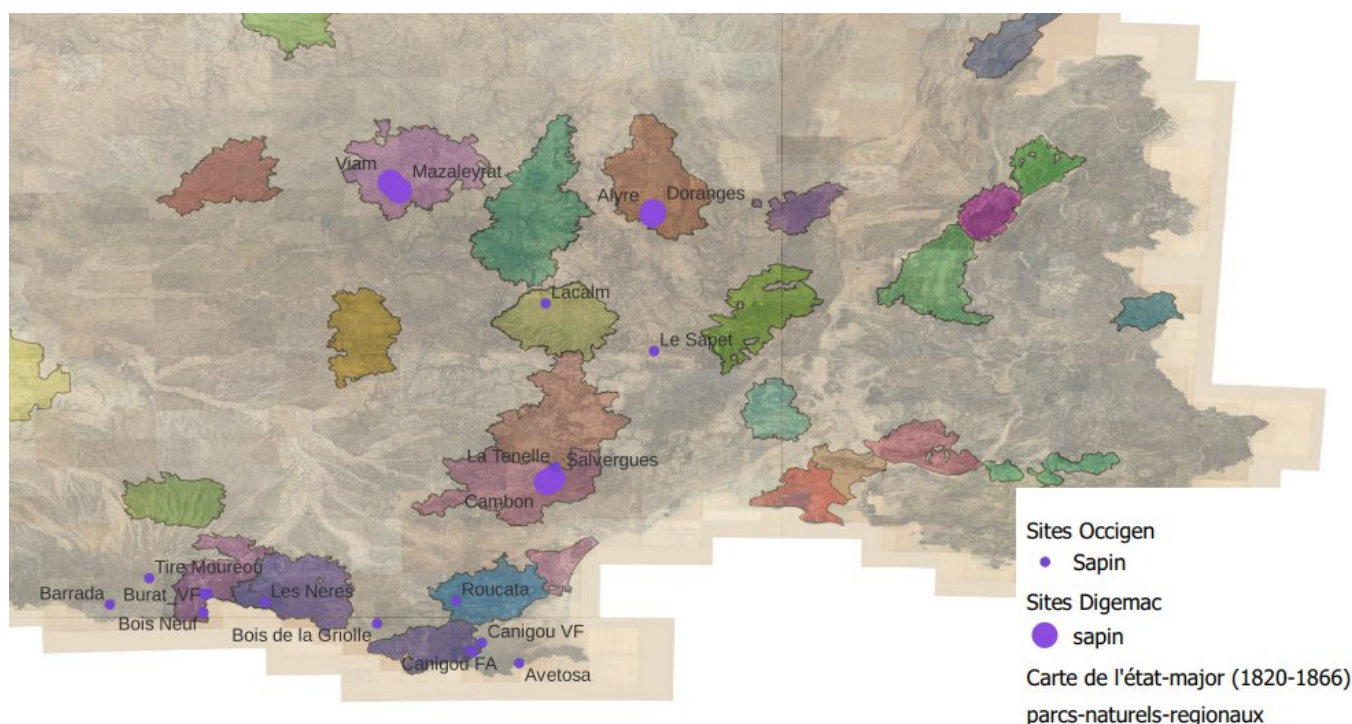


4.3.2. Diversité génétique

L'analyse génétique du sapin a été menée sur six populations localisées dans les Parcs naturels régionaux (PNR) du Massif central, représentant 150 arbres. Elle a été enrichie par les données du projet Occigen, qui inclut 15 populations supplémentaires situées en Occitanie, soit 450 arbres au total. Pour cette étude, 19 marqueurs moléculaires SSRseq ont été utilisés, développés précédemment par la plateforme PGTB (Génome Transcriptome de Bordeaux). Parmi eux, 16 marqueurs ciblent le génome nucléaire, et 4 autres ciblent le génome chloroplastique, ce dernier étant à hérédité paternelle chez le sapin.

- Au niveau des marqueurs nucléaires, un total de 94 allèles ont été identifiés chez les 550 arbres étudiés (projets Occigen et Digemac), dont 84 allèles dans les 6 populations du Massif central.
- Pour les marqueurs chloroplastiques, 61 allèles ont été observés, dont 39 haplotypes spécifiques aux populations des PNR du Massif central.

Carte A2 : localisation des 22 peuplements de sapin pectiné étudiés dans le cadre du projet Occigen (16) et de ce projet (6) :



❖ Diversité génétique en lien avec le degrés de maturité

les populations étudiées présentent des niveaux de diversité génétique similaires, nous n'avons pas observé d'effet de la maturité sur la diversité génétique.

Le nombre moyen d'allèles (N_a) par locus est de 3,8, valeur qui est supérieure à la moyenne observée sur les 22 populations de référence du projet Occigen ($N_a = 3,3$). Les sites de Dorange (PNR Livradois-Forez) et de Mazaleyral (PNR Millevaches) présentent les valeurs les plus faibles de N_a , tandis que Viam se distingue par le plus grand nombre d'allèles. Viam présente également la plus forte richesse en allèles privés ($P = 0,4$ contre 0,06 en moyenne sur les 22 populations), ce qui témoigne d'une singularité génétique.

La diversité génétique (H_e) est globalement plus élevée dans les populations des PNR du Massif central que dans les 22 populations de référence (H_e moyenne = 0,42). Le site de Dorange présente la diversité génétique la plus faible ($H_e = 0,388$). Le coefficient de consanguinité (F) n'est pas significativement différent de zéro, ce qui suggère : une reproduction aléatoire entre individus, l'absence de dérive génétique marquée, pas de consanguinité significative, ni de flux génétique exogène notable.

La diversité haplotypique mesurée à partir des marqueurs chloroplastiques est nettement plus élevée que celle observée avec les marqueurs nucléaires : 0,91 en moyenne dans les six populations des PNR du Massif central, contre 0,44 pour les marqueurs SSR nucléaires. Cette différence peut être attribuée au mode de dispersion différent des génomes : chez le sapin, le génome chloroplastique est transmis

uniquement par le pollen, dont la dispersion s'effectue sur des distances généralement plus longues que celle des graines, favorisant ainsi des échanges génétiques inter-populationnels à large échelle.

Les résultats issus des marqueurs nucléaires montraient déjà une diversité légèrement plus élevée dans les populations du Massif central comparativement à celles d'Occitanie. La diversité observée au niveau du génome chloroplastique confirme cette structuration, suggérant une connectivité pollinique ancienne et soutenue au sein des populations des PNR. Parmi ces populations, le site de Cambon présente la diversité haplotypique la plus élevée (0,95), ce qui souligne son importance en tant que réservoir de diversité génétique paternelle

Tableau A1 : Estimateurs de diversité génétique pour les différents sites de sapin. La richesse allélique et la diversité génique sont deux estimateurs de diversité à l'échelle des populations, sensibles aux événements récents et anciens respectivement. Le coefficient de consanguinité est un estimateur de la diversité génétique intra-individu et varie ici très peu entre sites étudiés. Les valeurs représentent la moyenne (et l'écart-type entre parenthèses) des valeurs aux 15 marqueurs génétiques étudiés

PNR	Site	Richesse allélique	Diversité génique (He)	Coefficient de consanguinité individuelle (Fis)	Richesse haplotypique chloroplastique	Diversité haplotypique chloroplastique
ML	Viam	4.1 (0.53)	0.46 (0.06)	0.04 (0.08)	13	0.91
ML	Mazaleyrat	3.6 (0.43)	0.42 (0.06)	-0.09 (0.09)	10	0.88
HL	Cambon	3.7 (0.54)	0.46 (0.07)	-0.028 (0.07)	16	0.95
HL	Salvergues	3.9 (0.43)	0.48 (0.06)	-0.037 (0.07)	9	0.87
LF	Alyre	3.8 (0.43)	0.45 (0.07)	-0.031 (0.06)	11	0.90
LF	Doranges	3.6 (0.42)	0.39 (0.06)	-0.054 (0.07)	13	0.92
22 populations		3.3 (0.08)	0.42 (0.01)	0.006 (0.01)	61	0.75

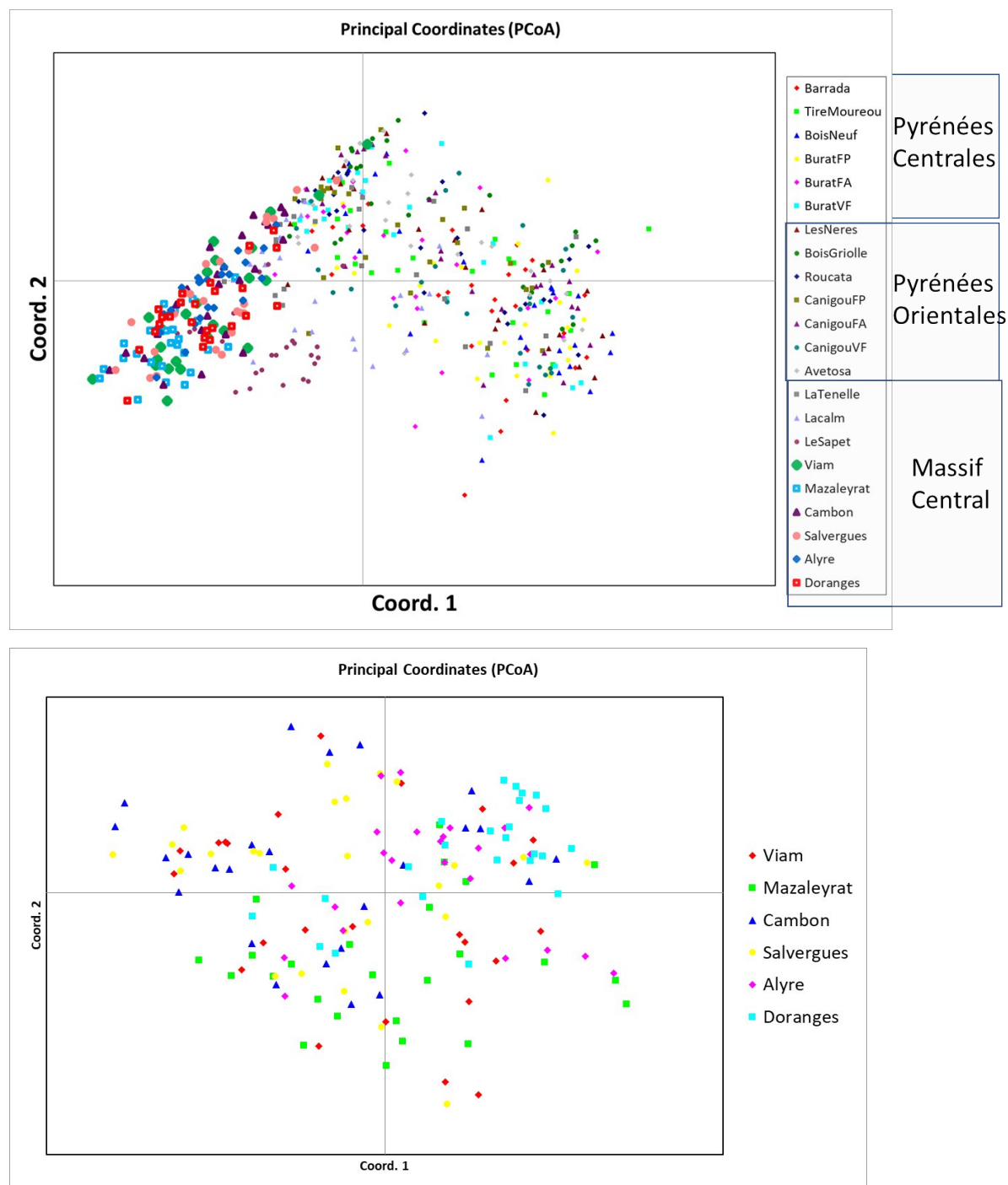
❖ Structure génétique (singularité génétique)

Cette étude met en évidence l'existence d'une structuration génétique des populations de sapin, aussi bien à l'échelle des Parcs naturels régionaux (PNR) qu'à celle, plus large, de la région Occitanie.

L'analyse en composantes principales (ACP) réalisée à partir des génotypes nucléaires (Figure A2a) révèle une différenciation spatiale entre les populations. Les individus ne se répartissent pas de manière aléatoire dans l'espace multivarié. Les arbres échantillonnés dans les PNR du Massif central se situent majoritairement dans la partie gauche du graphique (valeurs négatives sur l'axe 1), tandis que les individus issus des populations pyrénéennes tendent à se regrouper dans la partie droite de l'ACP. Cette structuration suggère une différence génétique mesurable entre les

grandes régions d'échantillonnage. Toutefois, lorsque l'analyse est restreinte aux seuls individus collectés dans le cadre de ce projet (Figure A2b), la structuration apparaît moins marquée, ce qui pourrait refléter une variabilité plus continue ou une connectivité plus forte entre les populations du Massif central.

Figure A5 a et b : a. Analyse en composantes principales (ACP) des populations de sapin pectiné à l'échelle de toutes les populations (22) et b. des 6 populations échantillonnées dans le cadre de ce projet.



L'analyse de la différenciation génétique, mesurée par l'indice de fixation F_{st} (Tableau A2), indique une structure relativement faible entre les populations de sapin

échantillonnées dans les PNR du Massif central, avec une valeur moyenne de $F_{st} = 0,027$. Les valeurs les plus élevées de différenciation sont observées entre le site de Mazaleytrat (PNR Millevaches en Limousin) et les autres sites, notamment ceux situés dans les PNR des Livradois-Forez et du Haut-Languedoc, avec des F_{st} compris entre 0,036 et 0,049. Cela pourrait refléter un isolement relatif de cette population ou des conditions écologiques spécifiques influençant sa dynamique évolutive.

Lorsque l'analyse est élargie aux populations issues du projet Occigen, englobant des sites en région Occitanie, la différenciation devient plus marquée, avec un F_{st} moyen de 0,068. Cette augmentation souligne une structuration génétique régionale plus forte, probablement liée à la distance géographique, aux barrières écologiques ou à des histoires évolutives divergentes entre les populations du Massif central et celles du sud de l'Occitanie.

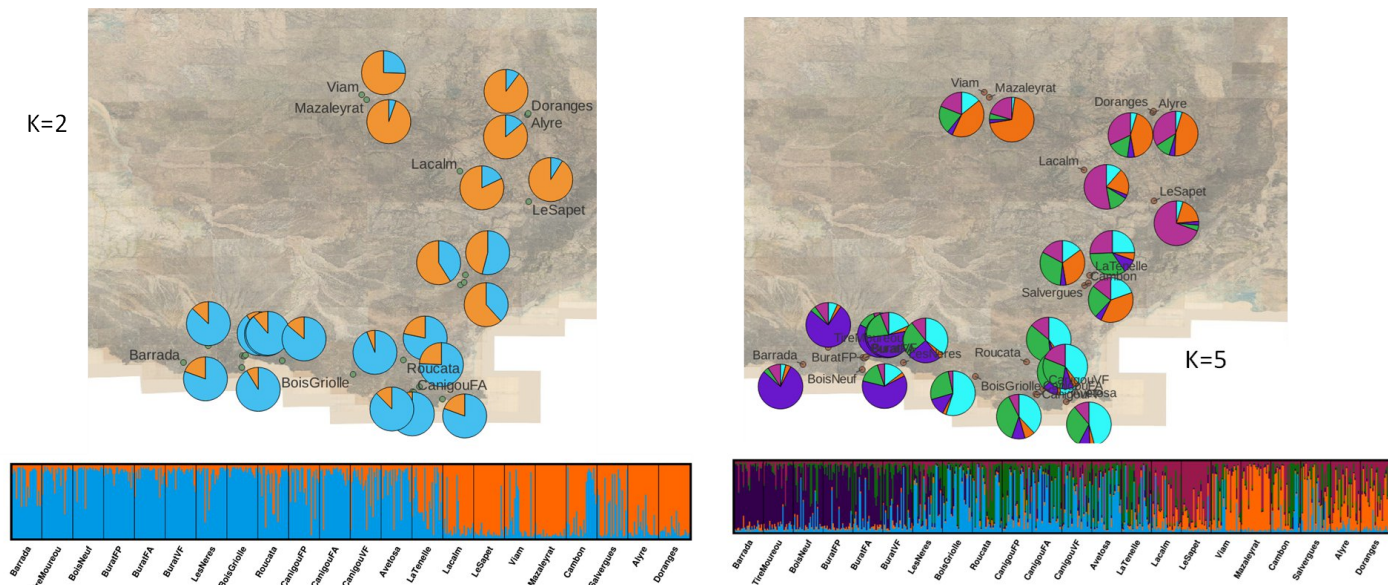
Tableau A2 : Différenciation génétique entre paires de population (F_{st}).

	ML	ML	HL	HL	Lf	LF
	Viam	Mazaleytrat	Cambon	Salvergues	Alyre	Doranges
ML Viam						
ML Mazaleytrat	0.033					
HL Cambon	0.015	0.048				
HL Salvergues	0.015	0.038	0.014			
LF Alyre	0.014	0.036	0.022	0.021		
LF Doranges	0.023	0.049	0.032	0.037	0.017	

La structuration spatiale de la diversité génétique observée dans les différentes populations de sapin est confirmée par l'analyse réalisée avec le logiciel STRUCTURE (Figure A6). Sous l'hypothèse de deux groupes génétiques ($K = 2$), les individus issus des 22 sites étudiés se répartissent de manière cohérente selon un gradient longitudinal, tel qu'illustré dans la Figure A6 a. Les résultats indiquent que les individus des populations pyrénéennes sont assignés majoritairement à un premier groupe génétique. À l'inverse, les individus des populations du Massif central appartiennent principalement à un second groupe génétique qui, selon des études antérieures, serait rattaché aux lignées alpines. Une zone de transition ou de mélange génétique est mise en évidence dans le PNR du Haut-Languedoc, avec trois sites — La Tenelle, Cambon et Salvergues — présentant une admixture équilibrée entre les deux groupes. Cette zone pourrait représenter un secteur de contact naturel entre les ensembles pyrénéen et central ou bien refléter une origine artificielle liée à des plantations ayant introduit du matériel génétique exogène.

Figure A6 a b : Résultats du logiciel Structure pour 15 marqueurs SSRseq (a) sous l'hypothèse de deux groupes génétiques correspondant à une lignée pyrénéenne et une lignée alpine (b) sous hypothèse d'une sous-structuration en 5 groupes génétiques. Chaque individu est représenté soit par un camembert (partie supérieure

de la figure) une barre verticale (partie basse de la figure) dont la proportion des couleurs correspond à la proportion de son génome appartenant à chacun des groupes génétique. Les arbres intermédiaires sont donc représentés par des individus ayant des valeurs intermédiaires.



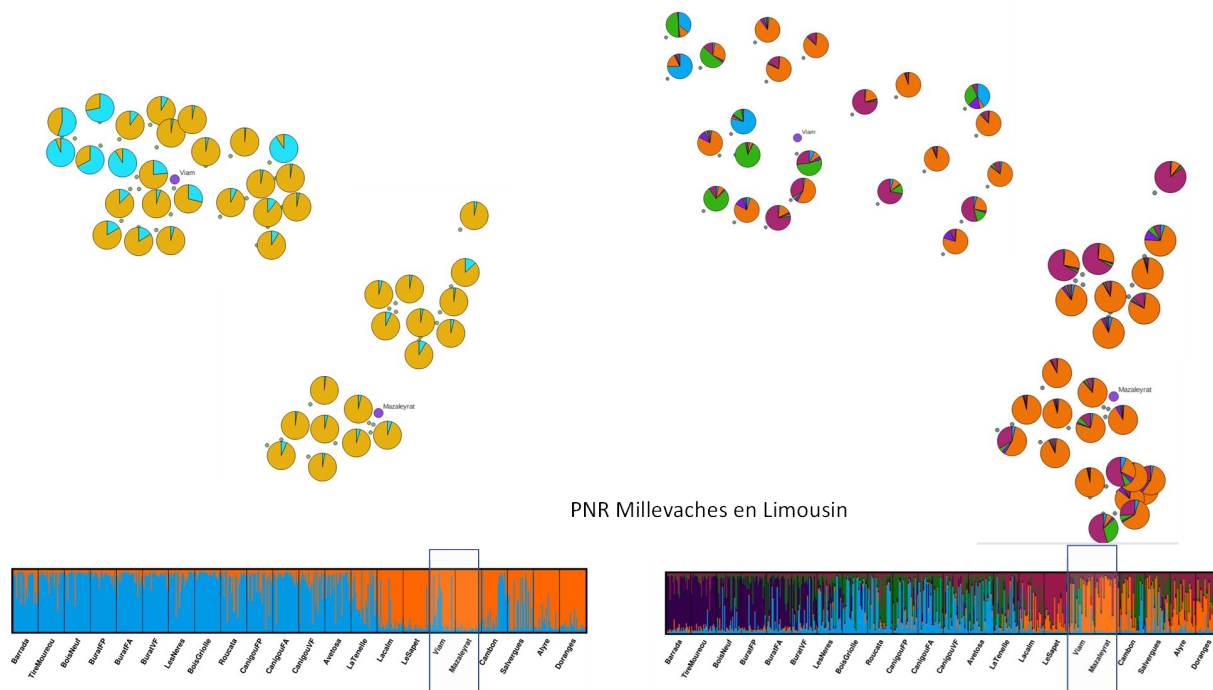
L'analyse de la structure génétique réalisée avec le logiciel STRUCTURE met également en évidence une sous-structuration au sein des deux groupes principaux identifiés (Massif central / Pyrénées) illustré dans la figure A6 b. Du côté pyrénéen, le groupe génétique majoritaire se subdivise en trois sous-groupes distincts, organisés selon un gradient longitudinal le long de la chaîne des Pyrénées. Les populations à l'ouest des Pyrénées appartiennent alors que les populations au centre et à l'est se répartissent dans les autres deux groupes. Cette structuration interne reflète une histoire complexe de la colonisation du sapin dans les Pyrénées résultants de plusieurs zones refuges le long des Pyrénées. En revanche, dans le Massif central, le groupe alpin se répartit en deux sous-groupes, mais sans structuration géographique apparente. Ces deux composantes génétiques sont présentes dans l'ensemble des populations échantillonnées. Cette absence de structuration spatiale dans le Massif central contraste avec la structuration nette des Pyrénées, et renforce l'hypothèse d'une histoire évolutive différente entre ces deux ensembles : davantage marquée par l'isolement et la fragmentation à l'ouest, et plus connectée et mélangée à l'est.

En fonction des PNR, la répartition des groupes génétiques entre les paires de sites étudiés est plus ou moins structurée.

Dans le **PNR de Millevaches en Limousin** (Figure A7), une différence significative de composition génétique est observée entre les sites de Viam et de Mazaleytrat. L'analyse de structure montre que le site de Mazaleytrat est majoritairement composé d'individus affiliés au groupe alpin, en cohérence avec la structuration génétique dominante observée dans le Massif central. En revanche, le site de Viam présente une proportion notable d'individus rattachés au groupe pyrénéen, ce qui constitue une exception au sein du massif.

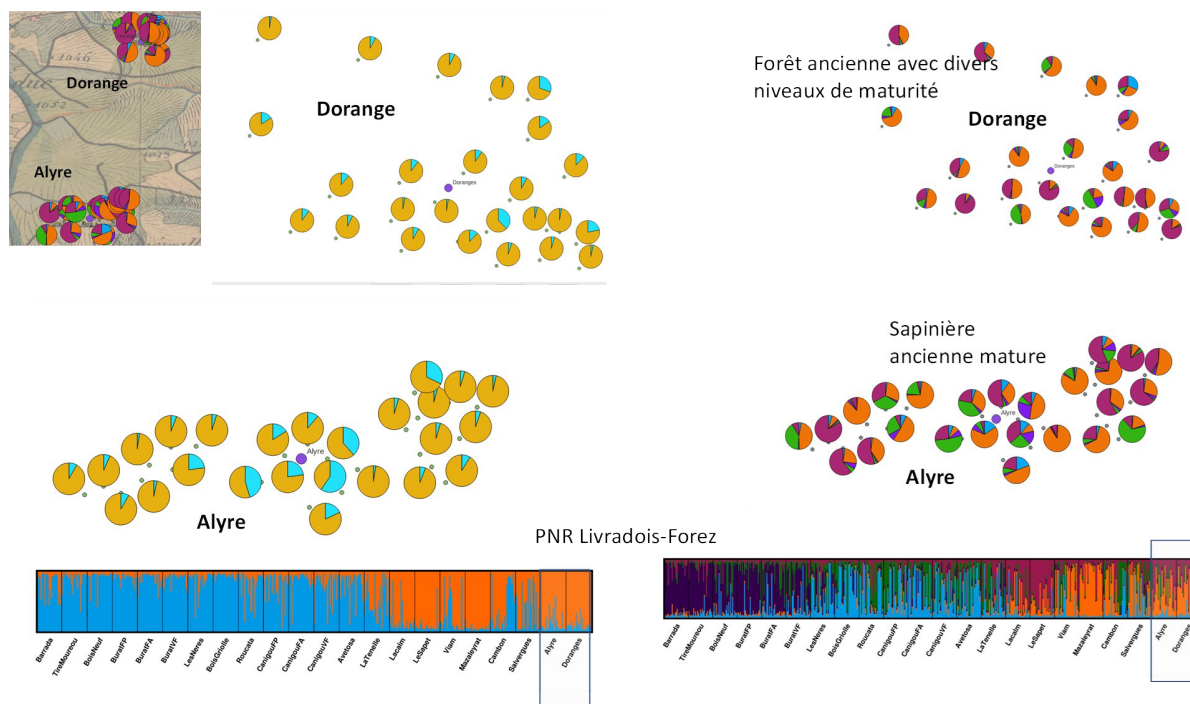
La répartition spatiale non aléatoire des individus pyrénéens à Viam — principalement localisés dans la partie nord de la parcelle — suggère une possible origine non naturelle de ces individus.

Figure A7 : *Composition génétique des arbres étudiés dans le PNR Millevaches en Limousin*



Dans le PNR Livradois-Forez (Figure A8) les sites de Dorange et Alyre présentent une composition génétique similaire, la différenciation génétique est faible entre les deux. Les deux sites sont majoritairement constitués d'individus appartenant au groupe génétique du Massif central, génétiquement proche du groupe alpin. Cependant, la présence ponctuelle d'individus affiliés au groupe pyrénéen dans ces populations soulève des interrogations quant à leur origine.

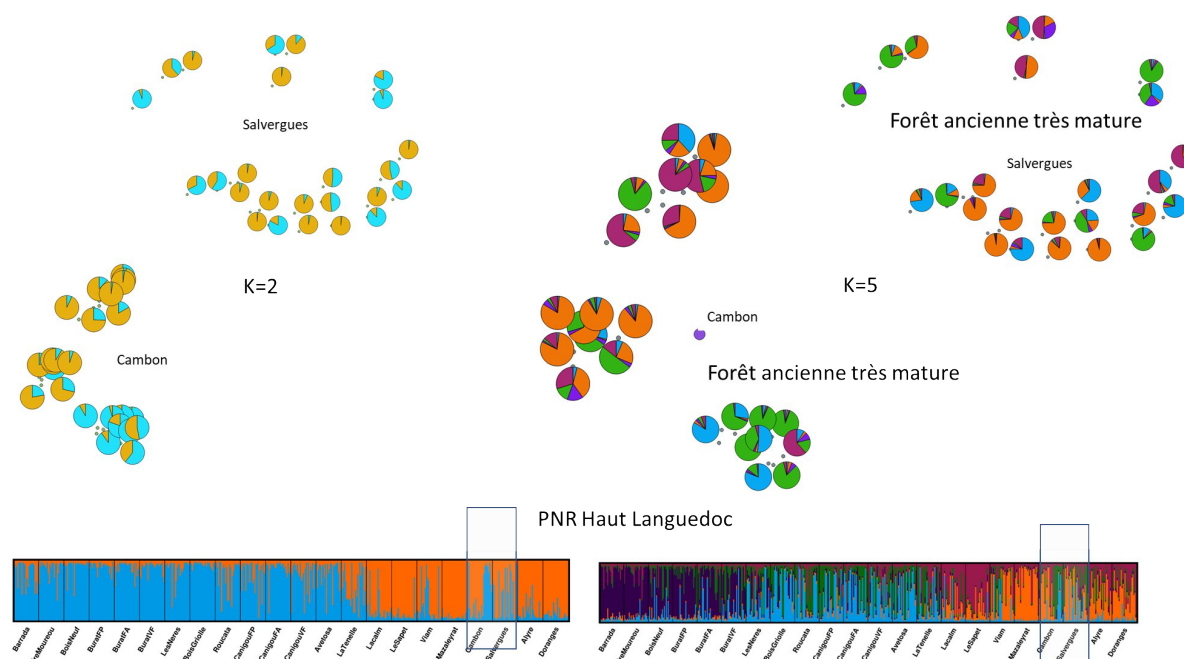
Figure A8 Composition génétique des arbres étudiés dans le PNR Livradois-Forez



Dans le PNR Haut Languedoc (Figure A9), les sites de Cambon et de Salvergues ne présentent pas de différence génétique significative. Ils sont tous deux composés, à parts égales, d'individus appartenant au groupe génétique du Massif central — génétiquement proche du groupe alpin — et du groupe pyrénéen. La présence d'un tel mélange interroge sur son origine. Un schéma similaire a d'ailleurs été observé à quelques kilomètres, dans la forêt de la Tenelle étudié dans le cadre du projet Occigen.

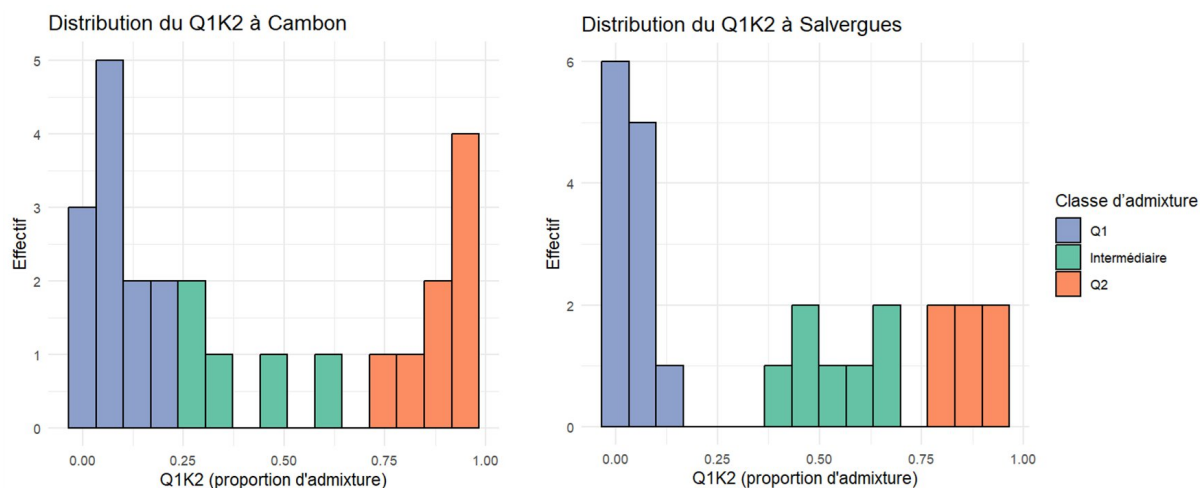
À Cambon, les individus d'origine pyrénéenne sont majoritairement regroupés dans le sud de la parcelle, alors que la distribution est plus homogène à Salvergues. Si ce mélange résultait d'un contact secondaire ancien entre les groupes alpins et pyrénéens, remontant à la dernière glaciation (~10 000 ans), on s'attendrait à ce que les hybrides F1, F2 et backcrosses se soient reproduits librement pendant de nombreuses générations. Une telle dynamique aurait progressivement lissé les proportions d'admixture, réduisant les fréquences extrêmes (valeurs proches de 0 ou 1), et diminuant la divergence génétique locale.

Figure A9 : Composition génétique des arbres étudiés dans le PNR Haut Languedoc



Or, la distribution bimodale actuelle (Figure A10), avec une forte proportion d'individus assignés clairement à l'un ou l'autre des deux clusters, et la présence d'hybride de première génération (Q1 autour de 0.5) suggère plutôt un scénario d'introduction ancienne via des plantations. La présence d'individus intermédiaires autour de 25 % d'admixture pourrait témoigner de croisements de seconde génération (backcrosses), issus de la reproduction entre hybrides et populations locales.

Figure A10 : Distribution du coefficient d'appartenance au groupe Q1 – Pyrénées dans les populations du PNR du Haut Languedoc – Cambon et Salvergues.



Ces forêts se situent dans une réserve nationale de chasse et de faune sauvage (RNCFS) dans laquelle la gestion favorise la libre évolution et le couvert continu et qui contribue à expliquer le haut niveau de maturité atteint dans ces forêts. Toutefois, cela n'exclut pas l'hypothèse d'une plantation ancienne : une forêt installée par plantation et laissée en évolution libre sur plusieurs décennies peut progressivement acquérir des caractéristiques structurelles de maturité, notamment si elle n'a pas été exploitée depuis longtemps.

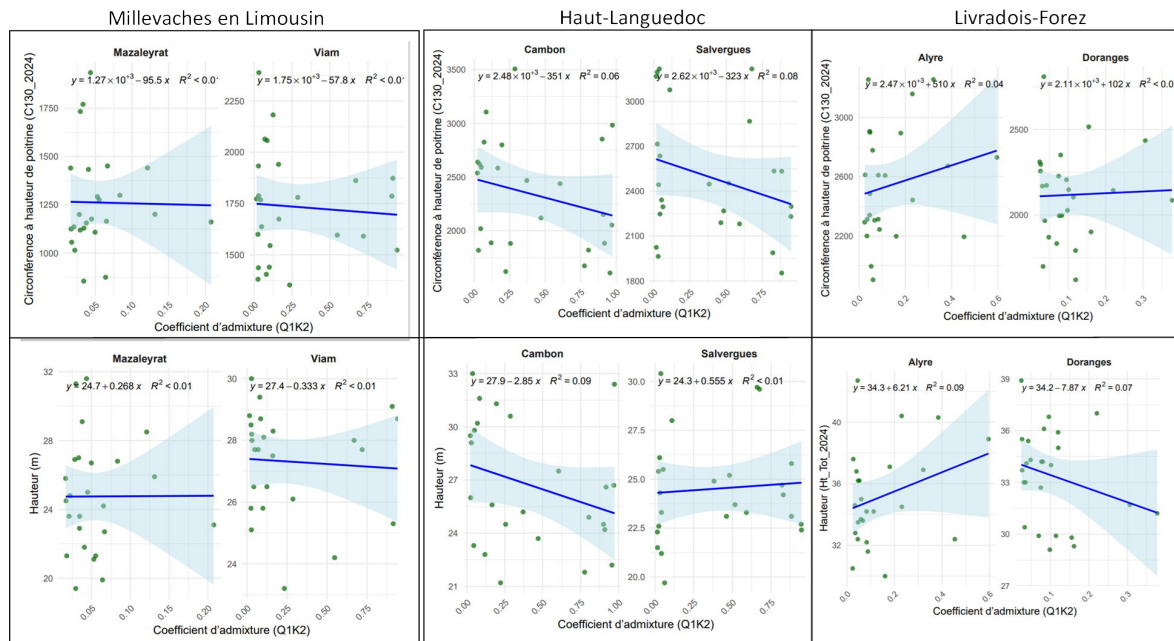
Chez le sapin, l'âge moyen de première reproduction en plantation se situe généralement entre 40 et 50 ans. Dans ce contexte, la présence d'individus hybrides de seconde génération (backcrosses) suggère que des croisements intergénérationnels ont pu avoir lieu, impliquant une introduction initiale — vraisemblablement par plantation — datant d'environ 100 ans, soit autour de 1920.

Cette hypothèse soulève une question clé : une telle date est-elle cohérente avec les archives forestières et historiques disponibles sur les peuplements concernés ? La confirmation ou l'invalidation de cette hypothèse nécessiterait une recherche croisée entre les données génétiques, les documents d'aménagement, les plans de reboisement anciens (notamment ceux du Fonds forestier national dans l'après-guerre), ainsi que les témoignages locaux.

Une telle démarche permettrait de mieux contextualiser les signatures génétiques observées et de discriminer entre flux de gènes naturels et introductions anthropiques anciennes.

Une analyse statistique a été conduite afin de tester l'existence d'un lien entre l'appartenance au groupe génétique et plusieurs caractères phénotypiques mesurés sur le terrain. L'objectif était **d'évaluer si une différenciation génétique pouvait être associée à des différences morphologiques ou sanitaires des individus**. Les résultats montrent **qu'aucune relation significative** n'a été détectée entre le pourcentage d'appartenance et la hauteur des arbres, la circonférence à 1,30 m, ou encore l'état sanitaire des individus.

Figure A11 Relation entre le coefficient d'apparence au groupe génétique Q1 et la valeur des traits phénotypiques mesurés



Ces résultats sont cohérents pour l'ensemble des six sites étudiés, suggérant que la structure génétique observée ne se traduit pas par une variation phénotypique marquée à l'échelle des traits mesurés. Cela pourrait refléter une période encore trop courte depuis l'introduction pour qu'une différenciation phénotypique stable soit observable. **Une étude longitudinale de la cohorte de semis, menée sur plusieurs années et couplée à une analyse de diversité génétique, pourrait constituer un outil pertinent pour évaluer l'impact de la sélection naturelle** sur la régénération des peuplements de sapin plantations de provenances non locales en particulier pyrénéennes, dans le cas présent. Ce type d'approche permettrait d'identifier d'éventuels différentiels de survie ou de croissance selon l'origine génétique, et ainsi d'évaluer dans quelle mesure les gènes introduits persistent ou régressent dans la dynamique de régénération naturelle. Ces données seraient précieuses pour anticiper les trajectoires évolutives des peuplements mélangés et pour orienter la gestion forestière dans une logique d'adaptation et de résilience.

Les résultats présentés soulignent la richesse et la complexité du patrimoine génétique des principales essences forestières étudiées – chêne, châtaignier, hêtre et sapin pectiné – au sein des parcs naturels régionaux.

IV. Conclusions

Chez le **chêne**, l'analyse génétique révèle une **grande diversité** et la **présence d'hybrides**, même dans les peuplements où une seule espèce était supposée dominer. L'hybridation entre *Q. petraea* et *Q. robur*, contribue au brassage génétique et à la formation de combinaisons originales qui peuvent renforcer le potentiel adaptatif des populations. **Ni la maturité du peuplement, ni l'altitude ne semblent avoir d'effet marqué sur la diversité génétique neutre** étudiée dans le cadre de cette étude. Toutefois, certaines particularités locales, comme au site des Cammazes, suggèrent que le relief peut jouer un rôle dans la différenciation génétique.

Pour le **châtaignier**, les analyses révèlent des **différences génétiques marquées** entre les parcs naturels régionaux (PNR Haut-Languedoc et PNR Millevaches en Livradois). Ces différences pourraient s'expliquer par l'histoire de la recolonisation du châtaignier depuis la dernière glaciation. Des études complémentaires seraient nécessaires pour identifier d'éventuelles zones refuges dans le Massif central, susceptibles d'avoir joué un rôle clé dans le maintien de cette diversité. Par ailleurs, les résultats mettent en évidence une **valorisation essentiellement locale des ressources génétiques**, plutôt qu'une diffusion massive de variétés extérieures entre territoires. Les vergers de châtaigniers apparaissent ainsi comme un patrimoine local vivant, constituant un atout majeur pour la conservation et la mise en valeur de cette essence emblématique.

Chez le **hêtre**, la diversité génétique reste **homogène et élevée** entre les trois parcs étudiés, **indépendamment du degré de maturité des peuplements**. Le groupe génétique auquel appartiennent les **hêtre du massif central correspond au groupe génétique du sud est de la France** observé depuis la Massane jusqu'à la Valbonne et les alpes du sud. Une histoire qui a pu contribuer à mettre en place des adaptations au climat du sud de la France. La régénération naturelle est globalement satisfaisante, bien qu'hétérogène localement (vigilance recommandée pour Verdalle et Pradines). On note également des différences de croissance entre les parcs et au sein même des peuplements.

Concernant le **sapin pectiné**, **deux groupes génétiques d'origine alpine et pyrénéenne** coexistent dans le Massif central et parfois dans un même site, **probablement en lien avec des introductions anthropiques anciennes**. La **diversité génétique est plus élevée dans les sites où ces lignées se mélangent, ce qui peut constituer un levier d'adaptation**. Là encore, l'état sanitaire et la régénération naturelle apparaissent contrastés entre sites (vigilance à Salvergues, Dorange, Ayre et Mazaleyra).

Tableau 2 : Correspondance entre les objectifs d'étude, les résultats apportés par INRAE, les essences forestières ciblées et les territoires d'investigation (PNR).

Un code couleur rappelant les questionnements des parcs a été utilisé pour faciliter la lecture du document.

Questionnement des parcs	Essences cibles	Réponse apportées par INRAE	PNR cibles
Identification de particularités génétiques locales	CHENE	Absence de singularité	HL, LF, PM
	CHATAIGNIER	Singularité entre parcs	HL, PM
	HETRE	Absence de singularité	HL, LF, PM
	SAPIN	Singularité entre parcs	HL, LF, PM
Impact de la gestion sur la diversité génétique (degrés de maturité)	SAPIN, CHENE, HETRE	Absence d'effet détecté	HL, LF, PM
Caractériser les espèces et le taux d'hybridation comme levier de renouvellement génétique et d'adaptation	CHENE	Présence d'hybrides	HL
Evaluer l'impact de l'environnement (altitude) sur la composition génétique de peuplement de chêne.	CHENE	Absence d'effet détecté	LF
Comparaison de la diversité génétique entre des forêts anciennes et mature et des peuplements issus de leur régénération naturelle	CHENE,	Diversité génétique équivalente	LF
Évaluer la composition génétique de peuplements cultivés de châtaignier (vergers) pour une valorisation de la ressource locale	CHATAIGNIER	Origine locale des châtaigniers en verger	HL

Messages clés à retenir :

« Une réserve génétique à préserver »

Diversité génétique élevée chez les quatre espèces étudiées, signe d'un fort potentiel d'adaptation. Un atout à préserver pour garantir la résilience des forêts sous réserve de politiques permettant de limiter l'ampleur du changement climatique.

« Particularismes locaux marqués chez le châtaignier et le sapin : un enjeu pour la conservation »

Des différences génétiques notables entre populations locales justifient des actions ciblées pour préserver ces spécificités.

« Vergers de châtaigniers : un patrimoine local enraciné dans l'histoire des forêts »

Les châtaigniers des vergers partagent des origines locales et une histoire commune avec les forêts voisines, un atout pour conserver et valoriser ce patrimoine génétique

« Forêts immatures, diversité intacte : la régénération naturelle validée »

La régénération naturelle maintient une diversité génétique élevée, essentielle à la résilience, et constitue une stratégie efficace et économique

« Hybridation chez les chênes : un atout pour l'adaptation forestière »

L'hybridation chez le chêne augmente la diversité génétique et potentiellement la capacité d'adaptation des populations. Même constatation chez le sapin pectiné où des groupes génétiques différents sont en mélange. Un design expérimental dédié permettrait d'étudier précisément la réponse adaptative de ces mélanges.

Les forêts des parcs naturels régionaux apparaissent comme une réserve génétique à conserver. Pour approfondir la capacité d'adaptation en lien avec le climat et préciser les impacts des facteurs de gestion, il serait pertinent de mettre en place des dispositifs expérimentaux dédiés en particulier pour évaluer l'impact sur la régénération naturelle.