

**14 octobre 2019**  
1203<sup>ème</sup> séance\*, conférence

## De la jungle de Madagascar au laboratoire, le séquençage massif au secours de la biodiversité.

par Camille Christe, Carlos Boluda, Laurent Gautier, Darina Koubinova, Yamama Taciri

Madagascar recèle une diversité faunistique et floristique unique au monde, faisant de cette île un des hotspots de biodiversité majeur de la planète. Le taux d'endémisme atteint 83% pour les plantes vasculaires.

La famille des Sapotaceae est une famille pan-tropicale dont 10% des 1200 espèces se trouvent à Madagascar. Au sein de cette famille, le genre *Capurodendron* a été choisi pour initier un projet multidisciplinaire réunissant plusieurs chercheurs du Conservatoire et Jardin botaniques de la Ville de Genève. Le choix de ce genre n'est pas dû au hasard. Comme la plupart des Sapotaceae, le genre *Capurodendron* produit un bois rouge dur et solide qui est apprécié pour l'ébénisterie, et son exploitation tend à devenir problématique, notamment à cause de la disparition du bois de Rose (*Dalbergia*), surexploité pour les mêmes raisons. Le genre *Capurodendron* est également très mal connu au niveau taxonomique, ce qui rend sa protection encore plus difficile. D'autre part, le genre *Capurodendron* est un genre intéressant au niveau scientifique car il forme des complexes d'espèces proches, ce qui laisse entrevoir une diversification récente. C'est aussi un genre dont certaines espèces ont évolué vers une adaptation aux milieux arides dans le sud de l'île, une caractéristique unique au sein des Sapotaceae de Madagascar.



Le but de ce projet est de faire une révision taxinomique du groupe, incluant des analyses morphologiques et génétiques, ainsi qu'une révision du statut de conservation UICN des espèces reconnues.

Un total de 263 échantillons, provenant pour moitié des multiples missions de terrain de l'équipe de Laurent Gautier depuis 1994 et pour moitié d'échantillons d'herbiers, ont été soigneusement sélectionnés afin de représenter au mieux la variabilité morphologique présente au sein du genre. La méthode génétique choisie, dite « de capture » ou hameçonnage génétique, permet de cibler en une seule étape de laboratoire plusieurs centaines de gènes pour plusieurs dizaines d'échantillons en même temps.

De plus, cette méthode offre l'opportunité d'accéder à l'information contenue dans les échantillons d'herbiers, dont l'ADN est fortement fragmenté. Un total de 1242 gènes cibles ont été choisis en fonction des questions du projet, grâce au séquençage préalable du génome de deux Sapotaceae proches du groupe cible, *Bemangidia lowryi* et *Capurodendron delphinense*, ainsi qu'au transcriptome de *Manilkara zapota* accessible en ligne. Des régions génétiques évoluant lentement sont utilisées pour étudier les relations des espèces et des genres au sein de la famille des Sapotaceae. D'autres régions accumulant plus rapidement des mutations ont aussi été utilisées afin de répondre aux questions concernant les relations plus tenues au sein des complexes d'espèces proches.

\* Les conférences ont lieu, en général, le 3<sup>ème</sup> lundi du mois, de septembre à mai, à 20h30, au Muséum d'histoire naturelle de la Ville de Genève, route de Malagnou 1 (bus 1, 5, 8 ou 25 et tram 12). L'entrée est libre et ouverte à tous. Les mardis, les séances ont lieu à 20h00.

Les premiers résultats ont permis de montrer l'efficacité de cette méthode génétique autant sur les échantillons frais que sur les échantillons d'herbiers, même relativement anciens. La méthode a toutefois des limites pour les échantillons récents contenant beaucoup de composés chimiques secondaires comme du latex, ainsi que pour les échantillons d'herbiers très fragmentés (au-delà de 50 paires de bases). La capture a également bien marché pour des échantillons d'autres sous-familles, permettant à la sous-famille des Gluérineae d'être analysée et intégrée dans l'arbre phylogénétique des Sapotaceae. Malheureusement, les régions spécialement choisies pour répondre aux questions au sein des complexes d'espèces n'ont pas fonctionné comme prévu. Les hameçons moléculaires ont bien amplifié les régions choisies uniquement dans l'espèce cible et celles très proches phylogénétiquement. Malheureusement, la faible représentativité de ces régions dans les autres espèces, plus éloignées, ne permet pas de les comparer toutes entre elles. Au final, 49 clades ont pu être définis avec les données génétiques, représentant potentiellement 49 espèces. Seule 26 espèces étant aujourd'hui décrites connues pour le genre *Capurodendron*, cette analyse a permis de mettre en lumière 23 autres espèces potentiellement nouvelles. Six d'entre elles sont en cours de description. Les autres ne comportent que peu de matériel ou du matériel seulement stérile. Une nouvelle expédition prévue pour novembre 2019 permettra peut-être de pouvoir obtenir plus de matériel pour les nouvelles espèces déterminées



au niveau génétique. Un autre résultat concerne les complexes d'espèces. Une analyse poussée en délimitation d'espèce, de type Bayésienne, a montré qu'au sein du complexe aride, les deux morphologies très différentes sont indistinguables du point de vue génétique, alors que dans le complexe d'espèces se trouvant à l'est plusieurs groupes se retrouvent au niveau génétique. Les génomes chloroplastiques complets de *Capurodendron delphinense* et *Bemangidia lowryi* ont aussi pu être extraits des données de séquençage. Ces premiers résultats prometteurs permettent d'étendre le projet à l'ensemble de la famille des Sapotaceae grâce à un financement de la Fondation Franklinia.