

Proposition de stage de M2 GSA 2007-2008

Encadrement : Valérie Le Corre, chargée de recherche
INRA, UMR Biologie et Gestion des Adventices, 17 rue Sully, 21000 Dijon
Tel: 03 80 69 30 38, Email: lecorre@dijon.inra.fr

Titre : Structuration génétique et flux de gènes chez une plante adventice (le vulpin des champs, *Alopecurus myosuroides*) à l'échelle d'un parcellaire agricole

Résumé

Le Vulpin est une graminée annuelle, allogame, très fréquente dans les cultures de céréales d'hiver. Elle présente une fréquence élevée de résistance aux herbicides. Cette résistance s'explique en partie par des mutations dans le gène de l'ACCCase, une enzyme normalement bloquée par les herbicides. Afin de comprendre comment apparaît et se propage la résistance, nous avons étudié la distribution spatiale de ces mutations à différentes échelles : dans le nord-est de la France et dans l'ensemble du département de la Côte d'Or (thèse de Yosra Menchari, février 2007), ainsi que sur le parcellaire agricole de Féney, au sud de Dijon (stage M1 de Benjamin Ponchon, avril-mai 2007). Les données acquises suggèrent que la dispersion via le pollen et les graines opère à une échelle locale et dépend de la structure du paysage agricole (découpage en exploitations et en parcelles, répartition des cultures d'hiver et de printemps).

L'objectif de ce stage est de décrire les flux de gènes entre les populations de vulpins présentes sur un parcellaire et de les interpréter en fonction de la structure de ce parcellaire, sur la base de données de marqueurs moléculaires neutres, et en faisant appel aux méthodes d'analyse de la « génétique du paysage » (Manel *et al.* 2004 Landscape genetics : combining landscape ecology and population genetics. TREE 18, 189-197).

Déroulement du stage et techniques mises en oeuvre :

Dans un premier temps, nous utiliserons l'échantillonnage réalisé au printemps 2007, constitué de plus de 500 plantes, récoltées sur 12 parcelles autour de la commune de Féney, et localisées individuellement par GPS. Ces plantes ont déjà été génotypées pour les mutations du gène ACCCase conférant une résistance aux herbicides. Nous les analyserons à l'aide de marqueurs moléculaires neutres AFLP. Ces données permettront de décrire la structure génétique des populations, et d'identifier les événements de dispersion par des méthodes d'assignation. Les résultats seront interprétés en relation avec la description du parcellaire (sur la base de photos aériennes et d'une description exhaustive des parcelles et des cultures présentes).

Dans un second temps, ces données pourront être complétées par un nouvel échantillonnage sur les mêmes parcelles, ce qui permettra de tester si la structure génétique des populations est stable au cours du temps, en fonction des modifications du paysage (succession des cultures).

Mots-clés: Génétique des populations, flux de gènes, paysage, *Alopecurus myosuroides*