

INTERLABS - IBIS



Lisa Tischenko, étudiante au doctorat

Laboratoire de Ilga Porth

Université Laval

Diversité et structure génétique du chêne rouge d'Amérique (*Quercus rubra* L.) : de son aire de répartition naturelle aux forêts urbaines

Jeudi, 24 septembre à 12 h 30

Pavillon Charles-Eugène-Marchand, salle Hydro-Québec (1210)

Résumé:

La diversité génétique est une composante essentielle de la capacité d'adaptation des espèces face aux changements climatiques. Chez les arbres, leur longévité et leur caractère sessile rendent cette diversité particulièrement importante pour maintenir leur potentiel d'adaptation et leur résilience à long terme. Le chêne rouge d'Amérique (*Quercus rubra* L.) est un feuillu largement répandu dans l'est de l'Amérique du Nord, mais encore peu documenté sur le plan génomique, malgré son potentiel pour contribuer à des forêts plus diversifiées et résilientes.

La caractérisation de la diversité génétique et de la structure des populations naturelles de l'espèce, à l'échelle de son aire de répartition, permet d'établir un cadre de référence pour comprendre la diversité du chêne rouge et son potentiel d'adaptation. Les résultats montrent une diversité génétique élevée et une différenciation faible entre populations naturelles, avec un signal de sélection faible mais détectable. Ce cadre de référence offre ensuite une base pour évaluer comment cette diversité se traduit en milieu urbain. Les arbres urbains, échantillonnés dans quatre villes canadiennes, sont comparés aux populations naturelles de référence. Ils sont répartis selon un gradient d'intensité de gestion : arbres de rue, parcs gérés et forêts résiduelles. En milieu urbain, la diversité génétique est comparable à celle des populations naturelles, mais les arbres de rue présentent une parenté plus élevée et une origine géographique plus dispersée.

Comprendre ces patrons de diversité dans les populations naturelles et urbaines permet de mieux orienter la gestion durable du chêne rouge et pose les bases d'un futur système de traçabilité génétique de l'espèce.