

Ingénierie écologique pour le renforcement d'*Astragalus tragacantha* dans le PN des Calanques

1- Inoculation contrôlée de symbiotes racinaires:

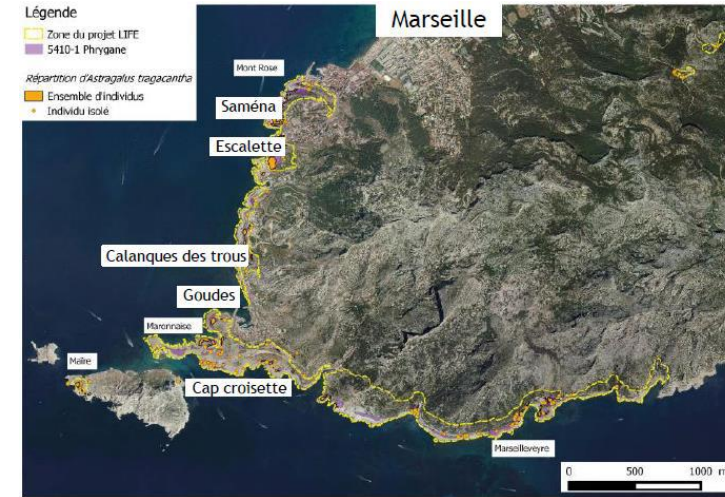
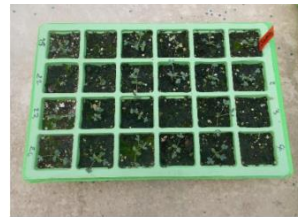
IMBE: Fatma MIRLEAU, Lucie Miché, Isabelle Laffont-Schwob, Pascal Mirleau, Alex Baumel, Laurence Affre
 Parc National des calanques: Elodie Debize, Lidwine Le Mire-Pécheux
 Serres, Jardin, Expérimentation et Biodiversité: Alain Bence, Daniel Pavon, Benoît Raveneau

- Inoculation à grande échelle des 3 souches: *M. temperatum* et *M. muliense* (4_Mt, 2_Mt et 1Mm)
 Pour 3600 plants d'astragales (12 sites X 300 plantules) (d'après les travaux S. Blot, L. Marie-dit-Asse, Lucie Miché)
- transplantations et suivi sur les sites de renforcements et d'introduction

Souches bactériennes sélectionnées

	Inoculum	Origine	Taux de croissance (nb feuilles/133 jours)	***	Masse fraîche (g/jour)	Nb très gros nodules/j
3_Mt	4_Mt	GOCC1	12,42	a	0,0080	0,0242
5_Mm	6_Mm	GOCC3	11,25	ab	0,0062	0,0205
7_Mm	3_Mm	CCSA2	11,54	ab	0,0043	0,0071
2_Mt	2_Mt	CCSA1	10,44	b	0,0052	0,0157
4_Mt	5_Mt	GOCC2	10,39	b	0,0041	0,0118
6_Mm	1_Mm	CCGO3	10,25	b	0,0037	0,0092
Mix	Mix		8,1	c	0,0034	0,0059
1_RI	7_RI		5,27	d	0,0010	0,0000
Témoin	Témoin		5,26	d	0,0008	0,0000

Mise en culture des graines récoltées + inoculum



Transplantation...



...et suivi



Ingénierie écologique pour le renforcement d'*Astragalus tragacantha* dans le PN des Calanques

LIFE
2017 - 2022



2- Structure de diversité génétique par ISSR de l'astragale de Marseille

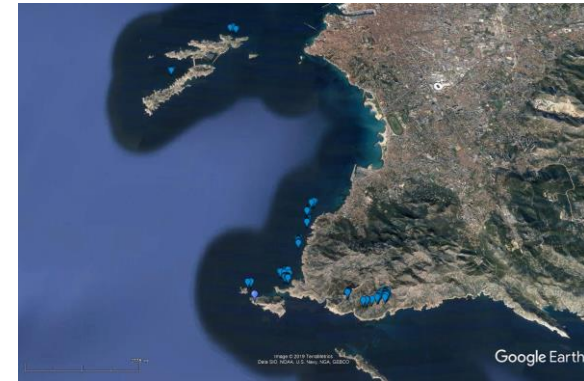
IMBE: Fatma MIRLEAU, Alex Baumel

Parc National des calanques: Elodie Debize, Lidwine Le Mire-Pécheux

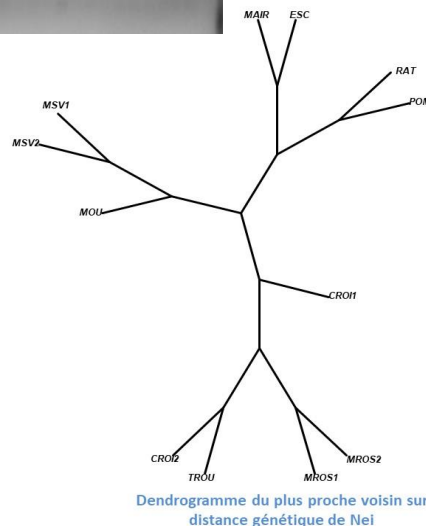
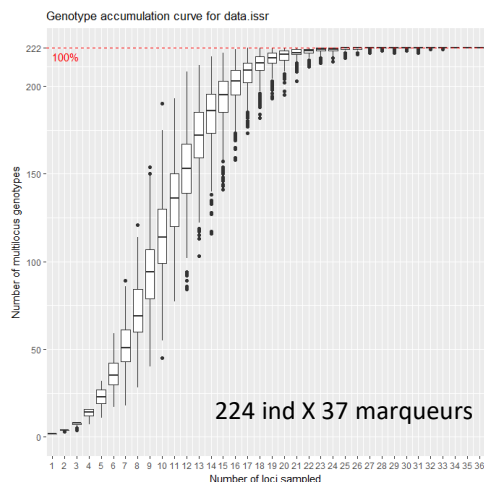
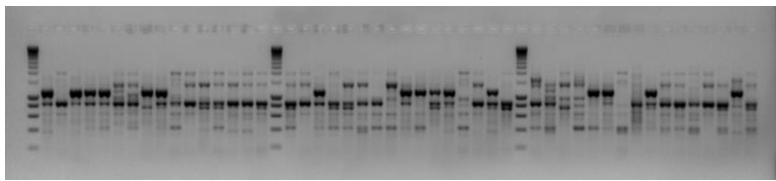
Choix des populations d'astragales pour une meilleure survie lors de la transplantation dans les sites d'introduction dans le PN des calanques?

➔ Etude de la structure génétique des populations: estimer la diversité génétique des populations, leur différence génétique et le flux des gènes entre populations: utilisation de marqueurs moléculaires ISSR.

- 9 sites d'échantillonnages
- 224 échantillons de feuilles collectés



Profils ISSR obtenus pour 48 échantillons



Analyse de diversité

Pop	N	MLG	H	Hexp	la	rbarD
CROI1	22	20	2.94	0.341	0.2776	0.00885*
CROI2	20	20	3.00	0.326	0.4291	0.01362**
ESC	20	20	3.00	0.325	-0.0890	-0.00276 ns
MAIR	5	5	1.61	0.297	-0.0942	-0.00428 ns
MOU	19	19	2.94	0.299	0.4284	0.01401*
MROS1	21	21	3.04	0.322	0.2660	0.00825*
MROS2	20	20	3.00	0.346	0.0819	0.00254 ns
MSV1	20	20	3.00	0.294	-0.0631	-0.00202 ns
MSV2	13	13	2.56	0.312	0.2415	0.00793 ns
POM	23	23	3.14	0.317	-0.2203	-0.00709 ns
RAT	17	17	2.83	0.313	0.3422	0.01096*
TROU	24	24	3.18	0.349	0.0212	-0.000657 ns
Total	224	222	5.40	0.348	0.1077	0.00309

Analyse Moléculaire de Variance (AMOVA)

Différenciation

Phi-samples-total	10,12%**	Entre sites
Phi-samples-Reg	6,47%**	Entre sites au sein des 2 zones (Frioul/calanques)
Phi-Reg-total	3,9%*	Entre zones
Within sites	89,87%	Au sein des sites

Conclusion

- Majeure partie de la variance au sein des sites
- Isolement par la distance significatif mais très faible (Mantel $r=0,099^{**}$)
- Diversité génétique peu structurée
- A tester avec STRUCTURE pour évaluer le modèle en populations génétiques le plus pertinent

Réunion équipe OEB 14 Février 2019