
Différenciation d'espèces cryptiques dans le genre *Afzelia* (Leguminosae-Detarioideae)

Auteur : Allaer, Florence

Promoteur(s) : Doucet, Jean-Louis; 879

Faculté : Gembloux Agro-Bio Tech (GxABT)

Diplôme : Master en bioingénieur : gestion des forêts et des espaces naturels, à finalité spécialisée

Année académique : 2016-2017

URI/URL : <http://hdl.handle.net/2268.2/3008>

Avertissement à l'attention des usagers :

Tous les documents placés en accès ouvert sur le site le site MatheO sont protégés par le droit d'auteur. Conformément aux principes énoncés par la "Budapest Open Access Initiative"(BOAI, 2002), l'utilisateur du site peut lire, télécharger, copier, transmettre, imprimer, chercher ou faire un lien vers le texte intégral de ces documents, les disséquer pour les indexer, s'en servir de données pour un logiciel, ou s'en servir à toute autre fin légale (ou prévue par la réglementation relative au droit d'auteur). Toute utilisation du document à des fins commerciales est strictement interdite.

Par ailleurs, l'utilisateur s'engage à respecter les droits moraux de l'auteur, principalement le droit à l'intégrité de l'oeuvre et le droit de paternité et ce dans toute utilisation que l'utilisateur entreprend. Ainsi, à titre d'exemple, lorsqu'il reproduira un document par extrait ou dans son intégralité, l'utilisateur citera de manière complète les sources telles que mentionnées ci-dessus. Toute utilisation non explicitement autorisée ci-avant (telle que par exemple, la modification du document ou son résumé) nécessite l'autorisation préalable et expresse des auteurs ou de leurs ayants droit.



**DIFFERENCIATION D'ESPECES CRYPTIQUES DANS LE GENRE
AFZELIA SMITH (LEGUMINOSAE-DETARIOIDEAE)**

FLORENCE ALLAER

**TRAVAIL DE FIN D'ETUDES PRESENTE EN VUE DE L'OBTENTION DU DIPLOME DE
MASTER BIOINGENIEUR EN GESTION DES FORETS ET DES ESPACES NATURELS**

ANNÉE ACADÉMIQUE 2016-2017

CO-PROMOTEURS: PR. JEAN-LOUIS DOUCET & DR. ARMEL DONKPEGAN

Copyright © Toute reproduction du présent document, par quelque procédé que ce soit, ne peut être réalisée qu'avec l'autorisation de l'auteur et de l'autorité académique de Gembloux Agro-Bio Tech

DIFFERENCIATION D'ESPECES CRYPTIQUES DANS LE GENRE *AFZELIA* SMITH (LEGUMINOSAE-DETARIOIDEAE)

FLORENCE ALLAER

**TRAVAIL DE FIN D'ETUDES PRESENTE EN VUE DE L'OBTENTION DU DIPLOME DE
MASTER BIOINGENIEUR EN GESTION DES FORETS ET DES ESPACES NATURELS**

ANNÉE ACADÉMIQUE 2016-2017

CO-PROMOTEURS: PR. JEAN-LOUIS DOUCET & DR. ARMEL DONKPEGAN

Université de Liège/Faculté Gembloux Agro-Bio Tech - Unité de Gestion
des Ressources Forestières et des Milieux Naturels - Laboratoire de Foresterie
des Régions Tropicales et Subtropicales.
Passage des Déportés, 2
5030 Gembloux - Belgique



Société d'exploitation forestière PALLISCO-CIFM
Siège social : 478, Avenue des Cocotiers BP 394
Douala - CAMEROUN



Nature +, asbl. s/c Laboratoire de Foresterie
des Régions Tropicales et Subtropicale / Unité de Gestion des Ressources
Forestières et des Milieux Naturels / ULg - GxABT.
Rue Bourgmestre Gilisquet, 57
B- 1457 Walhain - Belgique



Centre wallon de Recherches agronomiques (CRA-W)
Bâtiment Francini Chée de Namur, 146
5030 Gembloux - Belgique



Université Libre de Bruxelles/Faculté des sciences
Unité d'Evolution Biologique et Ecologie
Campus du Solbosch, bâtiment U, porte C, niveau 4, local U.C.4. 155a
CP160/12, avenue F.D. Roosevelt 50, 1050 Bruxelles



Université Libre de Bruxelles/Faculté des sciences
Unité d'Ecologie végétale et Biogéochimie
Campus de la Plaine, Campus de la Plaine, bâtiment BC, niveau C5
CP244, boulevard du Triomphe, 1050 Bruxelles



Remerciements

Je tiens à remercier, tout d'abord, la société d'exploitation forestière certifiée de PALLISCO et Paul Lagoute, directeur de site, pour l'accueil chaleureux et la logistique apportée tout au long de la mission de terrain de février à avril 2017. Je remercie également Yannick Nkoulou, responsable de la section recherche pour son suivi. Ce TFE a été une occasion de rencontrer et de retrouver des personnes d'exception au Cameroun. Je dois beaucoup à Michel Assioloba, prospecteur de grande qualité et dont l'énergie et le moral sont inaltérables, qui m'a accompagnée tous les jours en forêt. Je tiens aussi à remercier les autres personnes employées par PALLISCO qui m'ont accompagnée lors des campements en forêt dont Londryii Ntonga alias l'américain. D'autres personnes sur site bien qu'elles n'étaient pas concernées par mon étude m'ont aidée pour des questions plus techniques comme la bonne conservation des échantillons. A ce titre j'ai une pensée particulière pour Donatien qui est aussi un ami sur qui je peux compter. Je remercie enfin Loïc Douaud, directeur général, qui a accepté d'accueillir ce travail.

Je tiens à remercier mes promoteurs Armel Donkpegan et Jean-Louis Doucet pour leurs conseils avisés et leur appui. Grâce à eux je me suis sentie en confiance et j'ai eu de l'aide et des réponses à mes questions lorsque j'en avais besoin. Merci aussi à Quentin pour avoir veillé au bon déroulement de ma mission et des campements mais aussi pour l'échange de données et le prêt de matériel. Je remercie aussi Simon, Davy et surtout Ludovic pour leur aide sur le terrain et la convivialité au sein de notre groupe.

Merci aux membres du jury : Jacques Hébert, Olivier Hardy et Arnaud Monty d'avoir accepté de prendre le temps d'évaluer mon travail. Je remercie aussi Anne-Catherine Dalcq pour ses conseils sur le plan des analyses statistiques.

Je remercie l'ASBL « Nature + » pour le soutien logistique et financier. Le voyage réalisé dans le cadre de ce travail n'aurait pas pu avoir lieu non plus sans le soutien financier de l'Académie de Recherche et d'Enseignement supérieur de la Fédération Wallonie-Bruxelles (ARES) dans le cadre de sa politique de Coopération au développement.

Merci au personnel du CRA-W du temps accordé pour mes analyses ainsi que l'aide à l'interprétation des résultats : Nicaise Kayoka Mukendi, Juan Antonio Fernandez Pierna et Vincent Baeten.

Je remercie le Service d'Ecologie et d'Evolution biologique de l'Université Libre de Bruxelles et plus particulièrement : Esra Kaymak, pour m'avoir supervisée pendant les manipulations et Olivier Hardy pour son aide précieuse dans l'analyse des résultats et ses pistes d'améliorations.

Merci au Service d'Ecologie végétale et Biogéochimie de l'Université Libre de Bruxelles et en particulier à Thomas Drouet pour avoir mené les analyses pédologiques et permis la bonne compréhension des résultats.

Je remercie enfin mes proches, qui ont cru en mes capacités et qui m'ont épaulée dans mes moments de doutes.

Résumé

Afzelia bipindensis, ou doussié rouge, est une essence des forêts denses humides guinéo-congolaises importante sur le marché international du bois. Récemment, il a été découvert que cette espèce contenait deux groupes génétiques bien distincts, présentant un écart temporel au niveau du pic de floraison. Cette étude a été mise en place pour vérifier si ces deux types génétiques étaient deux espèces cryptiques. Les différences génétiques, morphologiques, chimiques et écologiques ont ainsi été étudiées sur les individus d'une parcelle de 9 km² dans l'est du Cameroun. L'attribution des individus de la parcelle à l'un ou l'autre type génétique a été effectuée par analyse bayésienne basée sur les génotypes de 10 marqueurs microsatellites. 76 individus ont été caractérisés morphologiquement et écologiquement. L'allure des courbes des coefficients de parenté et le nombre raisonnable d'hybrides indiquent que les individus se reproduisent préférentiellement avec des individus du même type génétique. Les analyses morphologiques discriminantes ont démontré qu'il existe des différences significatives au niveau de l'aspect de l'écorce. Un modèle prédictif efficace à 91% a été construit à partir des spectres d'absorption des folioles dans le proche infrarouge. Sur la parcelle, le type génétique le plus rare se trouve préférentiellement en basse altitude, près des cours d'eau et sur des sols plus acides, riches en Aluminium. Tandis que le type le plus répandu, se trouve plus loin des cours d'eau, sur des sols plus basiques et donc plus riches en cations basiques. Les implications de ces découvertes dans la gestion forestière ont été discutées.

Mots-clés: espèces cryptiques, marqueurs microsatellites, analyse bayésienne, coefficient de parenté, morphologie, analyse discriminante, spectroscopie proche infrarouge, écologie, analyse physico-chimique des sols

Abstract

Afzelia bipindensis is a high-value timber species from Guineo-Congolese rainforests. A recent research revealed that this species includes two genetic groups with a temporal gap at peak bloom. In this study, we examine if these two genetic types are two cryptic species. Genetic, morphological, chemical and ecological differences were studied on individuals identified in a plot of 9km² in eastern Cameroon. A Bayesian analysis based on the genotypes of microsatellite markers was used to classify each individual in clusters. 76 individuals were characterized morphologically and ecologically. The evolution of the kinship coefficients with the distance and the reasonable number of hybrids indicate that individuals reproduce preferentially with individuals of the same genetic type. Discriminant morphological analyses showed that there were significant differences in the bark characteristics. A 91% effective predictive model was created from the absorption spectra of leaflets in the near-infrared wavelengths. The rarest genetic type on the plot was found preferentially in low altitude, close to rivers and on more acidic soils. These soils were also richer in Aluminium. The most widespread type was found farther from watercourses, on soils with higher pH values and richer in basic cations. Implications for forest management are discussed.

Key-words: Cryptic species, microsatellite markers, Bayesian analysis, kinship coefficient, morphology, discriminant analysis, near-infrared spectroscopy, ecology, physico-chemical soil analysis

Table des matières

Remerciements	1
Résumé.....	2
Table des matières	3
1. Introduction.....	5
1.1 Conceptualisation de la problématique des espèces cryptiques au sein des différentes notions d'espèce	5
1.1.1 Notion d'espèce morphologique.....	5
1.1.2 Notion d'espèce biologique.....	6
1.1.3 Notion d'espèce phylogénétique	7
1.1.4 Notions d'espèce écologique	8
1.2 Problématique d' <i>Afzelia bipindensis</i>	9
1.3 Objectifs et questions de recherches	10
1.4 Structure du document	11
2. Matériel et Méthode	12
2.1 Modèle biologique	12
2.2 Site d'étude	13
2.3 Stratégie d'échantillonnage	15
2.3.1 Echantillonnage génétique.....	15
2.3.2 Echantillonnage phénotypique.....	15
2.3.3 Echantillonnage écologique	17
2.3.4 Bilan de la collecte d'échantillons	18
2.4 Analyses génétiques.....	19
2.4.1 Extraction d'ADN et géotypage	19
2.4.2 Analyses des données	20
2.5 Analyses morphologiques	22
2.6 Analyses des spectres d'absorption dans le proche infrarouge des folioles.....	23
2.7 Analyses écologiques.....	25
3. Résultats.....	27
3.1 Analyses génétiques.....	27
3.1.1 Structure génétique à fine échelle	27
3.1.2 PCoA des géotypes	28
3.1.3 Analyse de la diversité génétique.....	28
3.1.4 Structure génétique spatiale avec le modèle d'isolement par la distance	29
3.2 Analyses morphologiques	29

3.2.1	Clustering.....	30
3.2.2	Ordinations mixtes	31
3.2.3	Analyses discriminantes	32
3.2.4	Analyses des caractères morphologiques quantitatifs.....	35
3.2.5	Description des plantules	37
3.3	Analyses des spectres d'absorption dans le proche infrarouge des folioles.....	38
3.4	Analyses écologiques.....	40
3.4.1	Différence d'exposition de la couronne à la lumière	40
3.4.2	ACP des variables pédologiques et topographiques	41
4.	Discussion.....	44
4.1	Différenciation génétique et phénomènes d'hybridation	44
4.2	Caractères phénotypiques discriminants.....	44
4.2.1	Caractères morphologiques	44
4.2.2	Différence de composition chimique	46
4.3	Différenciation écologique	47
5.	Conclusion et perspectives.....	49
	Bibliographie	51
	Annexes	56

1. Introduction

De tous temps, l'être humain a eu besoin de reconnaître et de classer les êtres vivants utiles à sa survie et à son développement. La taxonomie préoccupe toujours les biologistes et en particulier les botanistes car reconnaître les plantes utiles pour leurs propriétés médicinales ou mécaniques demande des compétences et un savoir important (Lecointre & Le Guyader, 2001).

L'espèce est le maillon de base de la taxonomie moderne. Cependant, bien que fondamentale, la définition de l'espèce préserve toujours sa part d'ambiguïté. En effet, celle-ci n'est pas universelle car elle s'appuie sur plusieurs notions (morphologique, phylogénétique,...) dont l'importance accordée dépend avant tout du taxonomiste. De surcroît, la solidité conceptuelle s'amointrit pour les rangs taxonomiques supérieurs (genre, famille, ordre,...) ou inférieurs (sous-espèce, variété,...) (Bardat, 1998).

L'amplification en chaîne par polymérase (PCR), méthode permettant de réaliser des analyses génétiques à des coûts relativement faibles, a engendré une forte augmentation du nombre d'espèces cryptiques. Les espèces cryptiques sont des espèces qui ont été référencées comme une seule et même espèce par le passé, car elles sont très semblables morphologiquement. Encore peu de publications sur les espèces cryptiques tropicales, ou même sur les espèces cryptiques de plantes supérieures, sont disponibles à l'heure actuelle. Or, les milieux tropicaux pourraient contenir le plus grand nombre d'espèces cryptiques. Tout d'abord parce que la richesse spécifique y est plus importante mais aussi car les relations interspécifiques spécialisées y sont plus courantes (Gill *et al.*, 2016 ; Bickford *et al.*, 2007). La problématique des espèces cryptiques est importante à considérer pour la conservation de la biodiversité car ne pas prendre celles-ci en compte peut mener à une sous-estimation des dangers pour la survie des espèces et les mesures de protection peuvent se révéler inadaptées (Bickford *et al.*, 2007 ; Liu *et al.*, 2011).

La suite de cette introduction traite des différentes notions d'espèce, leurs limites et l'importance de celles-ci dans la caractérisation d'espèces cryptiques de plantes supérieures. Des méthodes permettant d'explorer ces concepts sont également évoquées. La problématique d'*Azelia bipindensis* est ensuite décrite.

1.1 Conceptualisation de la problématique des espèces cryptiques au sein des différentes notions d'espèce

1.1.1 Notion d'espèce morphologique

Avant le développement des méthodes d'analyses génétiques, la taxonomie était presque exclusivement basée sur des caractères morphologiques c'est-à-dire visibles (Bickford *et al.*, 2007 ; Générumont, 1991). Des modifications visibles uniquement au niveau des fleurs menant à attirer différents types de pollinisateurs seraient un mécanisme important de spéciation chez les Angiospermes (Van der Niet *et al.*, 2014). Or, les organes reproducteurs des arbres ne sont pas toujours facilement observables, surtout en forêt tropicale, ce qui pourrait expliquer la découverte tardive de certaines espèces. Il était communément admis que l'importance de la différenciation morphologique d'un taxon exprimait assez fidèlement l'ancienneté de celui-ci. Néanmoins, cette affirmation doit être prise avec prudence car des espèces cryptiques peuvent être apparues il y a bien longtemps (Bickford *et al.*, 2007).

Malgré les limites de cette notion, les espèces doivent pouvoir être identifiées sur le terrain sur base de caractères morphologiques statistiquement valides, si la volonté est d'appliquer une gestion adaptée à chaque espèce. Les analyses morphologiques permettant la différenciation d'espèces végétales sont idéalement basées sur des caractères présents sur les organes végétatifs et sur les

organes reproducteurs. Les caractères peuvent aussi bien être qualitatifs que quantitatifs (Duminil & Di Michele, 2009). Les taxonomistes s'accordent généralement pour dire que les espèces sont tenues de se distinguer sur base d'au moins deux caractères morphologiques indépendants. Des ratios de longueurs peuvent être utilisés à cet effet (Hedré, 2002).

Dans un souci d'exhaustivité au niveau botanique de l'étude, il est également essentiel d'étudier les différences morphologiques aux stades précoces de la vie des individus. Un protocole rigoureux de description des plantules doit ainsi être suivi (Léonard & Doucet, 1997).

1.1.2 Notion d'espèce biologique

Cette notion est centrale dans la définition d'espèce de Mayr (1942) : «*Les espèces sont des groupes de populations naturelles capables d'entrecroisement et qui sont reproductivement isolés d'autres groupes semblables* ». Selon la notion d'espèce biologique, les individus d'espèces différentes ne peuvent pas se reproduire entre eux. Ainsi, l'impossibilité de former des hybrides entre deux espèces bien distinctes, ou la création d'hybrides exclusivement stériles, peut constituer une preuve de leur statut taxonomique. Cependant, ce critère est insuffisant pour justifier tous les statuts spécifiques car certaines espèces sont parfaitement interfertiles et même parfois lorsqu'il s'agit d'espèces appartenant à des genres différents (Jauzein, 1998).

La difficulté réside dans l'établissement d'un seuil de fréquence d'hybridation acceptable à ne pas dépasser pour considérer les deux types comme deux espèces à part entière (Duminil & Di Michele, 2009). De plus, de par leur temps de génération très long, il est généralement difficile de prouver l'infertilité des hybrides sur deux générations pour les arbres.

Il est tout de même important de tenter de définir la nature de l'isolement reproductif entre espèces ayant mené à leur séparation sur le plan évolutif. Celui-ci est lié aux mécanismes de spéciation, soit les mécanismes d'apparition des espèces. L'isolement reproductif entre deux populations menant à l'apparition de deux nouvelles espèces peut être de nature géographique. Ce type de spéciation est dit «*allopatrique* » (Figure 1). Lorsque l'isolement reproductif est dû à l'adaptation d'une population à une nouvelle niche écologique adjacente, comprenant les conditions abiotiques du milieu et les interactions avec d'autres organismes, la spéciation est de type «*parapatric* ». Les mécanismes de spéciation sans isolement géographique ou écologique sont qualifiés de spéciation «*sympatric* ». L'apparition d'une nouvelle espèce peut donc, par exemple, résulter d'une différenciation phénologique empêchant deux populations de se reproduire entre elles (Dajoz, 2012 ; Campbell & Reece, 2007).

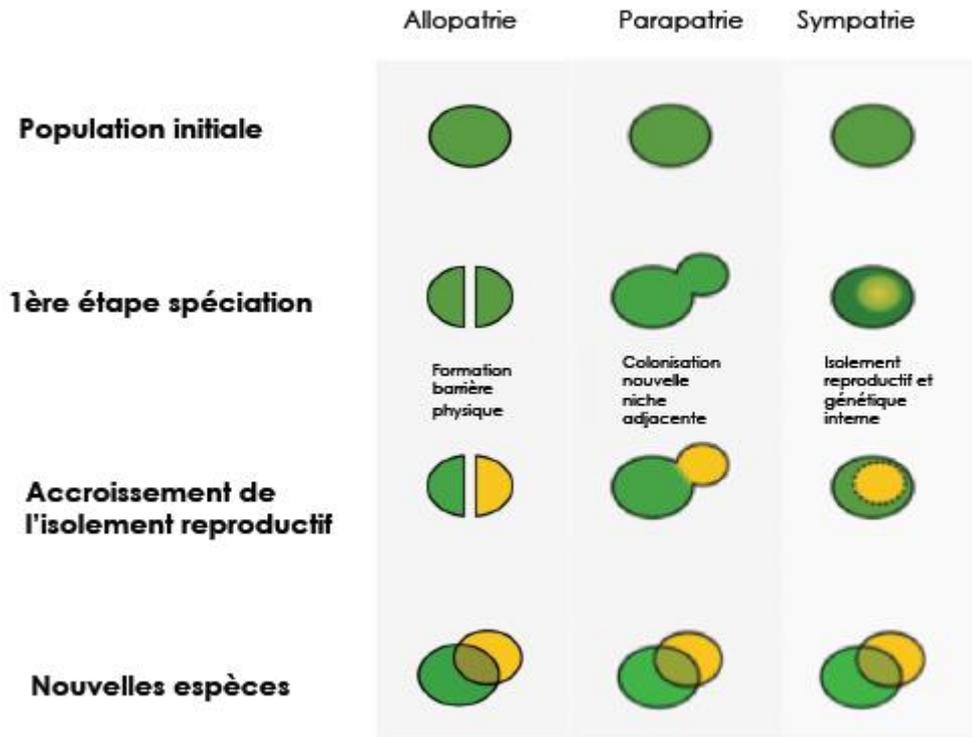


Figure 1: Les différents modes de spéciation

1.1.3 Notion d'espèce phylogénétique

Un taxon ne peut être légitime que s'il comporte des signes distinctifs au niveau de son code génétique, c'est-à-dire une modification dans la séquence de nucléotides (adénine, cytosine, thymine et guanine) composant son ADN. Cette condition permet l'exclusion de taxons qui reposeraient uniquement sur des caractères phénotypiques conditionnés par l'environnement (Jauzein, 1998).

A l'instar de tous les taxons composant l'arbre phylogénétique du vivant, les espèces se doivent de former des groupes monophylétiques. Un groupe monophylétique est un clade comprenant un ancêtre hypothétique ainsi que tous ses descendants. Ils possèdent de nouveaux caractères communs appelés apomorphies issus de mutations génétiques (Jauzein, 1998 ; Lecointre & Le Guyader, 2001 ; Duminil & Di Michele, 2009).

Une différence chimique des organes des individus étudiés constitue une différence phénotypique au même titre qu'une modification morphologique. Elle peut donc témoigner d'une mutation génétique et/ ou écologique. Cette différence chimique peut être étudiée en élaborant des modèles discriminants en spectroscopie dans le proche infrarouge. Cette technique est souvent utilisée pour la caractérisation chimique du matériel végétal, notamment dans l'agro-alimentaire, pour voir si la marchandise répond aux spécifications (Roggo, 2010 ; Osborne, 2006).

La spectroscopie consiste à étudier l'interaction d'une onde électromagnétique, dont la longueur d'onde est connue, avec de la matière. Des informations sur la composition, la structure et les propriétés de la matière peuvent être déduites par l'analyse du spectre d'absorption (Zumdahl, 2009). Le spectre d'absorption correspond à la courbe de l'absorbance en fonction de la longueur d'onde émise. L'absorbance $A = \log\left(\frac{I_0}{I}\right)$ est le logarithme du rapport de I_0 [W/sr], l'intensité énergétique à une longueur d'onde donnée émise par la source de lumière (en watt par stéradian), sur I [W/sr],

l'intensité énergétique parvenue au détecteur à cette même longueur d'onde après avoir traversé le matériel étudié (Figure 2). La spectroscopie a pour avantage d'être rapide, précise et non-destructive (Sun, 2009).

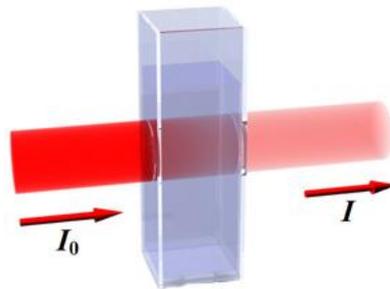


Figure 2: Diminution de l'intensité énergétique pour une longueur d'onde donnée suite à l'absorption par le milieu étudié

Le proche infrarouge (proche IR) correspond aux longueurs d'ondes comprises entre 800 et 2500 nm. Les molécules absorbant des rayonnements infrarouges peuvent passer d'un niveau vibrationnel à un autre (Figure 3). Le mouvement des liaisons chimiques des molécules en vibration peut être associé à des ressorts en oscillation. Les niveaux vibrationnels ont une valeur énergétique propre à la nature des liaisons chimiques des molécules. Ainsi, les bandes d'absorption dans le proche IR peuvent être associées à un groupe fonctionnel spécifique (Zumdahl, 2009 ; Sun, 2009).

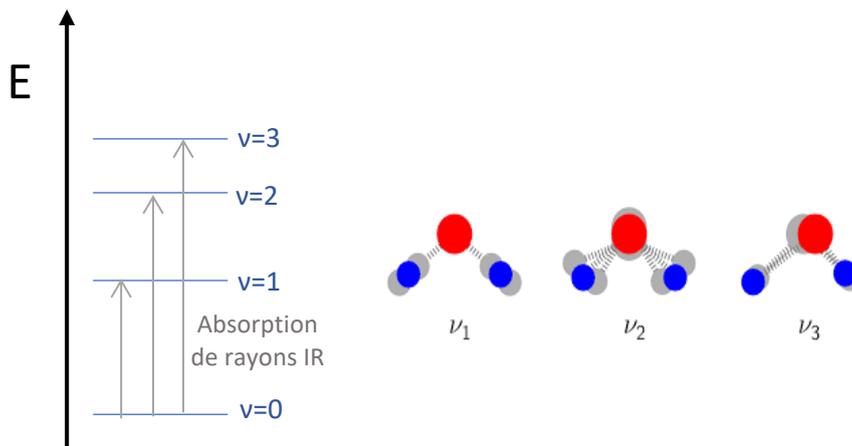


Figure 3: Schéma des transitions de niveau vibrationnel suite à l'absorption de rayon infrarouge par une molécule triatomique composée de deux type d'atome (ex : H₂O)

Puisque le spectre d'absorption dans le proche IR des végétaux correspond principalement à des transitions de niveaux vibrationnels de liaisons de type CH, OH et NH, ce type d'analyse permet d'évaluer les concentrations : en eau, cellulose, hémicellulose, graisses et protéines (Osborne, 2006).

1.1.4 Notions d'espèce écologique

Un contraste écologique marqué peut également appuyer le statut taxonomique d'une nouvelle espèce (Généromont, 1991). La définition écologique de l'espèce indique que les individus d'une même espèce sont en compétition pour les mêmes ressources (Aldhebiani, 2017). Comme l'indique la définition de la spéciation parapatrique, deux espèces vivant dans une même zone géographique peuvent ainsi également avoir subi un isolement reproductif à cause d'exigences écologiques précises (Dajoz, 2012). Un exemple bien connu en forêt tempérée est celui de *Quercus robur* (chêne pédonculé) et *Quercus petraea* (chêne sessile). Leur morphologie est assez proche et les

hybridations entre ces deux espèces sont courantes (Lagache, 2012). Néanmoins, le chêne sessile est plus résistant à la sécheresse et aux sols pauvres que le chêne pédonculé (Petit *et al.*, 2017). Des différences significatives au niveau topographique ou dans la composition physico-chimique du sol peuvent constituer des preuves d'adaptation à des conditions écologiques contrastées.

1.2 Problématique d'*Afzelia bipindensis*

Afzelia bipindensis Harms, appelé communément « doussié rouge », est une espèce caducifoliée semi-héliophile des forêts denses humides de la région guinéo-congolaise, appartenant à la famille des *Leguminosae - Detarioideae* (Meunier *et al.*, 2015 ; Doucet, 2003 ; de la Estrella, 2017). Le genre *Afzelia* compte 7 espèces africaines dont 4 sont endémiques de cette région : *A. bipindensis* Harms, *A. parviflora* (Vahl) Hepper, *A. pachyloba* Harms et *A. bella* Harms (Donkpegan *et al.*, 2014).

Arbre de la forêt dense sempervirente et semi-sempervirente africaine, *Afzelia bipindensis* est un taxon dont le bois est très recherché sur le marché international. A cause de son importance économique, il subit une pression d'exploitation non négligeable. Son écorce a également des propriétés médicinales reconnues pour soigner, entre autres, des troubles infectieux et neurologiques (Ladoh-Yemeda, 2016). Néanmoins, à l'heure actuelle, nous savons peu de choses sur la dynamique et la structure de la diversité génétique de ses populations.

Une étude récente au sein du genre a permis de déceler la tétraploïdie d'*A. bipindensis*, c'est-à-dire la présence de quatre chromosomes homologues par type (Donkpegan *et al.*, 2017). La polyploïdie n'est pas rare chez les végétaux car elle permet souvent une plus grande adaptabilité à l'environnement et la redondance de certains gènes leur permet d'être moins vulnérables face aux effets des mutations (Comai, 2005).

Cette même étude a mis en évidence la présence de deux groupes génétiques distincts d'*A. bipindensis* au Cameroun et au Gabon pouvant vivre en sympatrie. Ces deux groupes génétiques se différencient modérément sur le plan génétique mais cette différence est significative ($F_{ST}=0,06$, $P<0,01$). Une analyse plus poussée a été effectuée sur des populations d'*A. bipindensis* dans une parcelle de 4 km² de l'est du Cameroun dans la concession forestière sous aménagement durable de la société PALLISCO (Donkpegan, 2017). Les suivis phénologiques effectués durant 2 ans, ont montré un écart au niveau des pics de floraison pouvant aller jusque 2 mois. Une différence significative au niveau de la structure de leur population a également été démontrée (Donkpegan, 2017). En outre, au regard de la Figure 4 le type 1 semble atteindre de moindres dimensions.

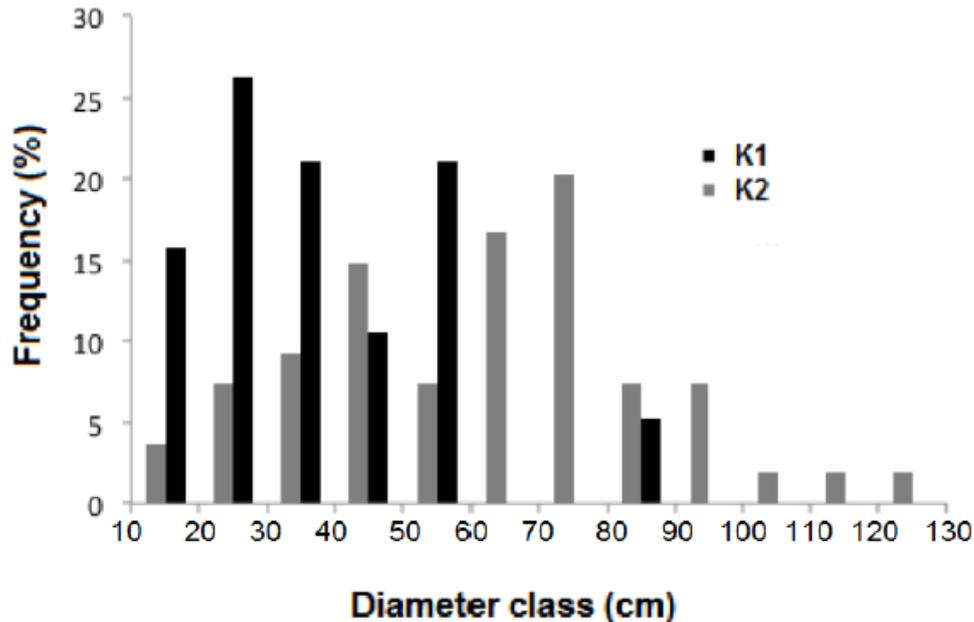


Figure 4: Structure de population des deux types génétiques d'*A. bipindensis* dans une parcelle de 4 km² dans la concession de PALLISCO, type 1 en noir, type 2 en gris (Donkpegan, 2017)

Ces éléments indiquent l'existence probable d'un isolement reproductif entre les deux types génétiques. Les deux types découverts pourraient en fait être des espèces différentes (Donkpegan, 2017). Si cette hypothèse se vérifiait cela indiquerait la présence de deux espèces cryptiques d'*Afzelia*.

Cette découverte pourrait avoir d'importantes conséquences et ce d'autant plus pour les sociétés forestières certifiées. En effet, chaque essence aménagée fait l'objet d'un calcul du taux de reconstitution et de l'adaptation du diamètre minimal d'exploitation (DME) si besoin. Un nombre suffisant de semenciers doit être préservé et le volume exploité s'estime aussi par essence. Toutes ces démarches ont pour but de préserver au mieux la ressource pour les générations futures (PALLISCO & Nature+, 2015).

Actuellement, *Afzelia bipindensis* est considéré comme une espèce ne présentant pas de déficit de régénération (Donkpegan *et al.*, 2014). Tenant compte des structures de populations divergentes (Figure 4), ce constat pourrait changer si les deux types sont considérés comme deux espèces à part entière. Le type 2 pourrait par exemple présenter un déficit de régénération à plus large échelle.

1.3 Objectifs et questions de recherches

Cette étude a pour but de contribuer à l'amélioration des connaissances sur la variabilité génétique, morphologique et écologique du doussié rouge et leur implication dans la taxonomie. Elle permettra également d'évaluer l'impact de l'exploitation forestière sur la diversité génétique de la population d'arbres. Ces objectifs seront remplis en répondant aux questions suivantes :

- Quelle est l'importance de la différenciation génétique entre les deux types génétiques identifiés et dans quelle mesure s'hybrident-ils?
- Quels sont les caractères phénotypiques (morphologiques et chimiques) permettant de les différencier ?
- Ont-ils des préférences écologiques distinctes?

1.4 Structure du document

La partie « Matériel et Méthode » commence par une description du modèle biologique comprenant : l'aire de répartition et les exigences écologiques d'*A. bipindensis* ainsi que ses caractéristiques botaniques et les propriétés mécaniques de son bois. Ensuite se trouvent les informations relatives au site d'étude. Le déroulement de la collecte d'échantillons et de données durant la mission de terrain est décrite dans la partie « Stratégie d'échantillonnage ». La description des analyses et leur utilité dans l'étude de la différenciation des deux types génétiques est décrite dans l'ordre suivant : analyses génétiques, analyses morphologiques, analyses spectroscopiques dans le proche IR et analyses environnementales. Ce même schéma est utilisé pour la partie « Résultats ». L'interprétation des résultats en vue de répondre aux objectifs est effectuée dans la partie « Discussion ». En conclusion sont repris : les éléments à prendre en compte en vue d'une révision taxonomique, les perspectives de recherches futures et les mesures de gestion à appliquer par les exploitants forestiers.

2. Matériel et Méthode

2.1 Modèle biologique

Afzelia bipindensis est endémique de la région guinéo-congolaise et se trouve en forêt dense humide sempervirente et semi-sempervirente jusqu'à 900m d'altitude. Cet arbre peut atteindre 45m de haut et 180cm de diamètre à hauteur de poitrine (Donkpegan *et al.*, 2014). Son aire de répartition s'étendrait du sud du Nigeria au sud de la République démocratique du Congo (Figure 5) (Donkpegan, 2017).

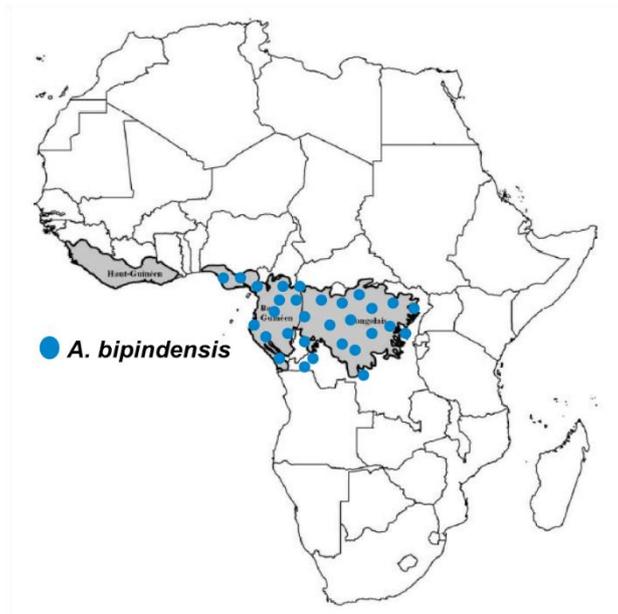


Figure 5 : Aire de répartition d'*Afzelia bipindensis* (Donkpegan, 2017)

Les feuilles d'*A. bipindensis* sont alternes, paripennées et portent généralement quatre à sept paires de folioles (Figure 6). Les pétioles tordus constituent une caractéristique importante de l'espèce (Meunier *et al.*, 2015). Les fleurs sont hermaphrodites et disposées en grappes (Donkpegan *et al.*, 2014). Elles ont un seul pétale blanc parfois taché de rose ou de violet et 4 sépales (Meunier *et al.*, 2015). Les fruits sont des gousses ligneuses réniformes comportant des graines avec une arille rouge. Les graines sont consommables par les animaux et les humains (Meunier *et al.*, 2015).



Figure 6: Feuille, inflorescence et gousse d'*Afzelia bipindensis* (©Donkpegan, A. et Charlotiaux, L.)

Le fût est généralement bien conformé et sa cime est relativement globuleuse (PALLISCO, 2007). L'écorce peut avoir de multiples formes. Généralement lenticellée avec de nombreuses fissures très légères et des crêtes sinueuses parallèles (Meunier *et al.*, 2015), elle peut également être plutôt lisse et présenter des bourrelets horizontaux ou se détacher en plaques irrégulières (Figure 7). La couleur peut aller d'un brun sombre au jaune pâle en passant par des bruns rougeâtres. La base du tronc est généralement munie de contreforts dépassant rarement les 1m50 (Donkpegan *et al.*, 2014). La tranche est jaune pâle et mouillée par un liquide transparent qui sent la peau de banane plantain (Meunier *et al.*, 2015).



Figure 7: différents types d'écorce et tranche d'*Azelia bipindensis*

En situation de stress *A. bipindensis* peut fructifier à partir de 20cm de diamètre (Donkpegan *et al.*, 2014). Il a une longue période de floraison généralement de février à avril et commence à fructifier aux alentours du mois de juillet (Donkpegan, 2017).

Azelia bipindensis est dans la catégorie « vulnérable » des statuts de conservation de la liste rouge IUCN¹. Son accroissement annuel serait d'environ 0,4 cm/an et son diamètre minimum d'exploitation (DME) est de 80 cm au Cameroun (PALLISCO, 2007). Près de 6000 m³/an de sciage de doussié rouge sont exportés depuis le Cameroun et une grande partie est vendue en Europe (INS, 2015). Brun doré à brun rouge pâle, son bois est dense (environ 800kg/m³ à 12% d'humidité) et durable (Meunier *et al.*, 2015). Il peut être mis en contact avec le sol ou l'eau douce à l'emploi. Il est utilisé pour de nombreux débouchés tels que la menuiserie d'intérieur ou d'extérieur, le parquet, l'ameublement ou les terrasses mais peut également être utilisé pour les constructions lourdes et les charpentes (CIRAD, 2012).

2.2 Site d'étude

L'étude porte sur des individus situés dans une parcelle dans la concession de PALLISCO, société forestière du sud-est du Cameroun en forêt semi-sempervirente, certifiée FSC depuis 2008. La société PALLISCO sert à l'approvisionnement en grumes et sciages pour l'entreprise française PASQUET, spécialisée en châssis.² Le doussié rouge fait partie des essences qui intéressent PALLISCO, il est présent dans toutes ses unités forestières d'aménagement (UFA) certifiées (PALLISCO & Nature+, 2015).

Les quatre essences les plus exploitées par PALLISCO sont : l'Ayous, l'Okan, le Sapelli et le Tali (Tableau 1). Elles représentent 75% du volume total exploité. Le doussié rouge constituait 1,11% du volume de bois exploité en 2013 (PALLISCO & Nature+, 2015).

¹ <http://www.iucnredlist.org/details/33033/0> consultée le 13/06/17

² <http://PALLISCO-cifm.com/index.php/fr/historique> consultée le 12/06/17

Tableau 1: Volumes exploités PALLISCO pour les essences principales en 2013 (année d'exploitation de la parcelle d'étude) (PALLISCO & Nature+, 2015)

	Essences	Volumes (m3)	% Volume total
Essences principales	Acajou	203,0	0,19%
	Assamela	2518,7	2,30%
	Ayous	17734,7	16,19%
	Bibolo/Dibétou	921,9	0,84%
	Bilinga	253,8	0,23%
	Bossé C	1327,7	1,21%
	Doussié rouge	1215,3	1,11%
	Iroko	548,4	0,50%
	Kosipo	6984,4	6,38%
	Moabi	1485,0	1,36%
	Okan	18755,6	17,12%
	Padouk rouge	2301,7	2,10%
	Sapelli	24988,1	22,81%
	Sipo	2201,0	2,01%
	Tali	20766,3	18,96%
	Tiama	709,8	0,65%

La concession de PALLISCO se situe dans le département du Haut-Nyong dans les communes de Mindourou, Lomié et de Messok. La superficie totale des 6 UFA certifiées FSC est de 341.708 ha (Figure 8).

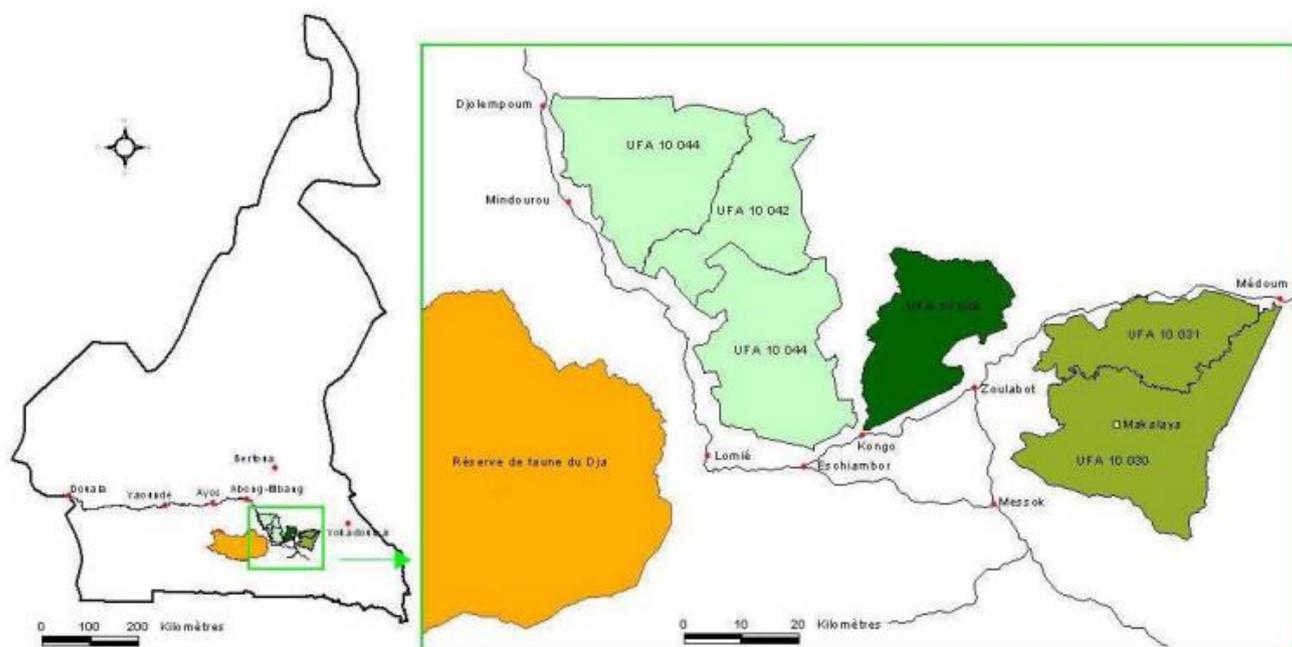


Figure 8 Carte des UFA gérées par PALLISCO certifiées FSC (PALLISCO & Nature+, 2015)

La zone est caractérisée par un climat de type Guinéen avec deux saisons des pluies (de mars à juin et d'août à novembre) alternant avec deux saisons sèches. Les précipitations annuelles moyennes sont de 1300 mm à 1800 mm (PALLISCO & Nature+, 2015). La température moyenne annuelle est de 23,7°C et les variations de température moyennes mensuelles sont faibles (2,3°C)³.

³ <https://fr.climate-data.org/location/1000032/> consultée le 04/07/17

Le relief est moyennement accidenté et l'altitude est toujours comprise entre 600 m et 800 m dans les UFA (PALLISCO & Nature+, 2015). Le réseau hydrographique est très dense dans la région et comporte plusieurs cours d'eau permanents. Les sols proviennent de roches métamorphiques et sont principalement ferrallitiques rouges ce qui implique qu'ils sont pauvres et acides. La texture est globalement argileuse mais le sol reste perméable (Asseng & Rose, 2008 ; Legros, 2007).

La parcelle d'étude a une surface de 9 km² et est située dans l'assiette annuelle de coupe (AAC) 9 de l'UFA 10.042 exploitée en 2013. Cette parcelle, qui contient beaucoup de marécages, a été mise en place en 2016. Cinq espèces commerciales y ont été inventoriées dans le cadre d'un projet étudiant les flux de gènes (financement PPECF). Les coordonnées géographiques et le diamètre des arbres y ont été relevés.

2.3 Stratégie d'échantillonnage

2.3.1 Echantillonnage génétique

Des analyses génétiques réalisées en septembre 2016 sur des échantillons prélevés lors de l'inventaire, ont démontré que la parcelle comportait des individus des deux types génétiques d'*A. bipindensis*. Chacun des 189 individus génotypés ont été identifiés comme appartenant à l'un ou l'autre groupe et sont localisables par coordonnées GPS. Ces échantillons ont été complétés par des collectes réalisées durant la mission de terrain qui ont ensuite été génotypés en mai 2017 :

- 10 échantillons d'individus « à déterminer », qui n'avaient pas été inventoriés en 2016
- 5 plantules situées à proximité des deux types afin de vérifier s'il y a eu de nouvelles hybridations
- 10 échantillons d'herbier d'*A. bipindensis* provenant de l'Herbarium national de Wageningen (Pays-Bas)

Un total de 214 échantillons ont donc été retenus pour les analyses génétiques.

2.3.2 Echantillonnage phénotypique

Après l'exclusion des individus de très faible diamètre (< 8 cm) parmi les 189 individus génotypés avant la mission de terrain, il restait 167 individus candidats à la caractérisation morphologique et écologique. Les 167 individus ont ensuite été représentés sur carte grâce au logiciel ArcGIS 10.5 (ESRI, 2011) (Figure 9). La légende correspond au type de l'individu, on peut ainsi s'apercevoir que les deux types vivent en sympatrie et que le type 2 est bien plus répandu que le type 1. Chaque type ne semble pas cantonné à une région géographique bien précise. Ils sont relativement bien mélangés au sein de la parcelle d'étude.

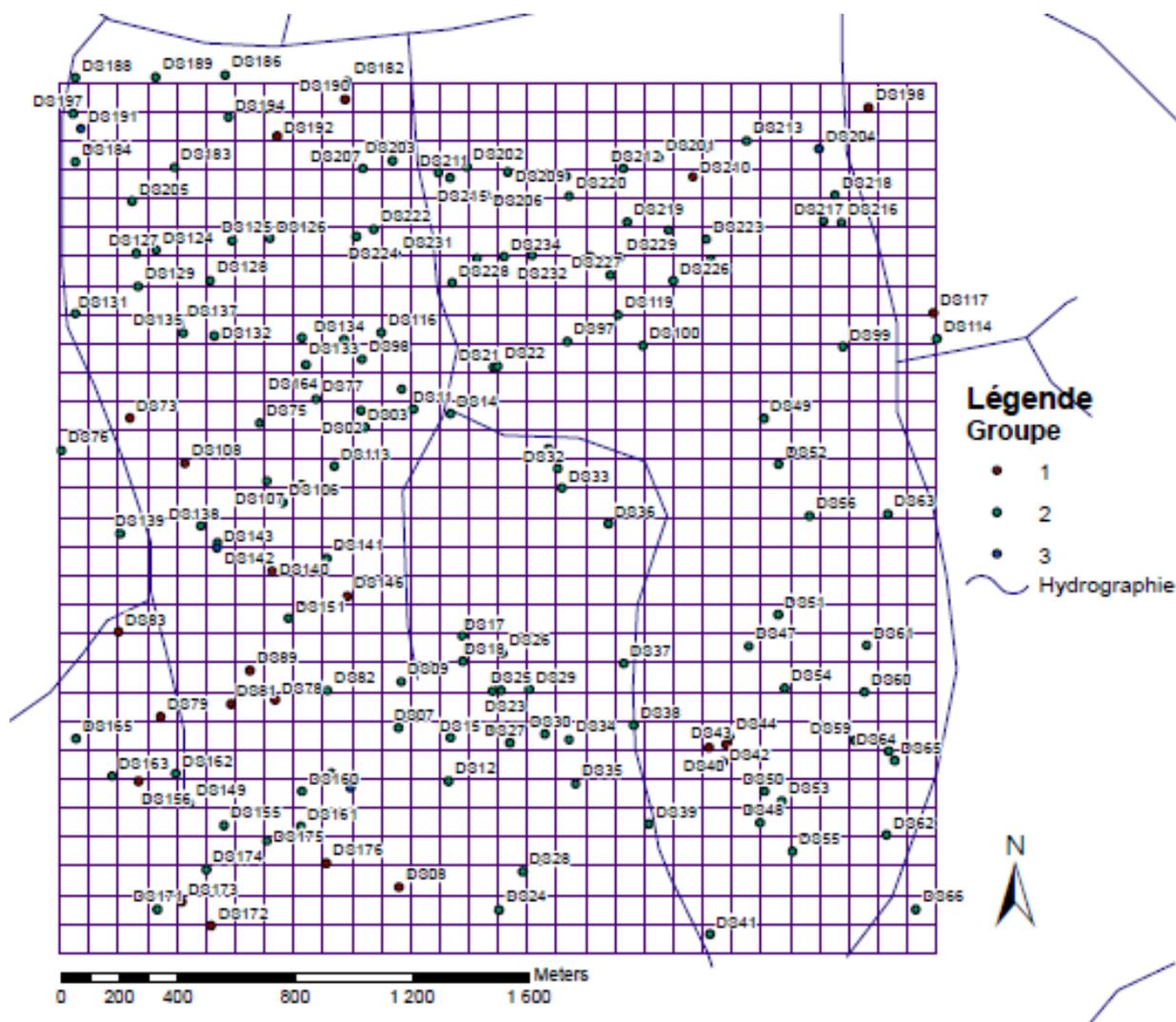


Figure 9 Carte des 167 individus sélectionnés sur la parcelle d'étude, type 1 est en rouge, type 2 en vert et hybride en bleu

Une fiche botanique, reprenant les caractères morphologiques à observer, a été remplie pour chaque pied visité (Annexe 1)

Les mesures de hauteur des arbres ont été réalisées avec un dendromètre Blume-Leiss (Marchal & Rondeux, 1995) et les caractérisations des couleurs ont été effectuées à l'aide d'un nuancier de Munsell⁴.

Pour chaque arbre sélectionné, il a été tenté de prélever du matériel frais dans le houppier afin de faire les caractérisations morphologiques des feuilles et des fleurs et de réaliser des planches d'herbier. La récolte a nécessité le matériel suivant :

- Une fronde de type « Big Shot throw-line launcher »
- Un bâton trouvé sur place pour disposer la fronde dessus
- Une scie flexible sous forme de fil (Figure 10)
- Un poids
- Une ficelle à attacher au poids et une autre à une des extrémités de la scie flexible

⁴ <http://www.farbkarten-shop.de/media/products/0944505001412681032.pdf> consultée le 13/06/17

Par ailleurs, certains échantillons comportant des inflorescences ont nécessité la coopération d'un grimpeur professionnel, afin de récolter de beaux spécimens pour la réalisation d'herbiers de références.



Figure 10 : Scie flexible attachée à une bobine de ficelle



Figure 11: Visée et lancement du poids avec la fronde

Le prélèvement d'échantillons foliaires se déroulait en plusieurs étapes. Tout d'abord, l'un des opérateurs tentait d'atteindre une branche adaptée avec le poids lancé à la fronde (Figure 11). Une branche de 3-5 cm de diamètre correspondant à moins de la moitié du diamètre de la branche support et insérée de manière à former un angle de 45-90° avec la branche support constituait une cible idéale. Le poids redescendu, il était remplacé par la scie flexible elle-même accrochée à une autre ficelle. La scie flexible était ensuite hissée jusqu'au niveau de la branche que l'on souhaitait sectionner. Une double boucle était ensuite formée avec les deux brins de ficelle et les deux opérateurs tiraient dans le sens opposé à l'inclinaison de la branche par les deux bouts. Les deux brins devaient être éloignés pour que la double-boucle reste serrée (Youngentob *et al.*, 2016). Lorsqu'il y avait des obstacles sous la branche atteinte avec le poids (lianes, branches,...) il était nécessaire de scier avec la scie flexible en tirant successivement sur l'un puis l'autre bout de ficelle.

La réalisation de l'herbier a consisté à déposer le matériel dans du papier journal en indiquant les références suivantes : l'identifiant de l'individu, le récolteur et la date. Les feuilles de journal contenant le matériel étaient placées dans la presse de terrain et chaque soir celles-ci étaient transférées dans une presse plus imposante en les séparant par des planches de carton. La presse était ensuite mise à l'étuve à 70°C pendant 24h. En campement, le séchage se faisait au feu de bois.

Le montage des planches a été réalisé en Belgique et les échantillons ont été fixés à l'aide de papier gommé (Fish *et al.*, 2004). Ce sont des folioles provenant des planches d'herbier qui ont servi aux analyses en spectroscopie dans le proche IR.

2.3.3 Echantillonnage écologique

Dans le but d'identifier les différences écologiques entre les deux types, une fiche a été remplie (Annexe 2), évaluant entre autre l'exposition de l'individu à la lumière par l'indice de Dawkins. Cet indice a une échelle de 1 à 5 et l'attribution de cette valeur est détaillée dans l'encadré ci-dessous (Madelaine-Antin, 2009).

Indice de Dawkins: classe 1- couronne non exposée à la lumière directe, classe 2 - couronne exposée exclusivement latéralement à de la lumière directe, classe 3 - couronne en partie exposée verticalement à de la lumière directe, classe 4 - couronne totalement exposée verticalement mais ombragée par des couronnes adjacentes, engendrant un angle d'exposition inférieur à 90°, classe 5 – arbre émergent dont la couronne est exposée dans un cône de 90° autour de la base de la couronne

Des échantillons de sol ont été prélevés au pied des individus caractérisés dans le but d'identifier les possibles préférences pédologiques d'un type par rapport à l'autre. Les échantillons composites de sol ont été formés par le mélange de trois prélèvements à environ 1m50 de la base du tronc en trois points les plus éloignés possible les uns des autres. La couche de litière était écartée avant de récolter du sol jusqu'à 20cm de profondeur à l'aide d'une petite pelle. Les échantillons étaient ensuite séchés à l'ombre pendant environ trois jours à la base vie.

Parmi les 39 échantillons de sol prélevés sur le terrain, 30 échantillons, soit 15 échantillons prélevés au pied de chaque type génétique, ont été sélectionnés pour les analyses (Figure 12). Afin d'étudier au mieux les variations pédologiques entre type génétique, ils ont été choisis de sorte à minimiser les distances inter-type et maximiser les distances intra-type autant que possible.

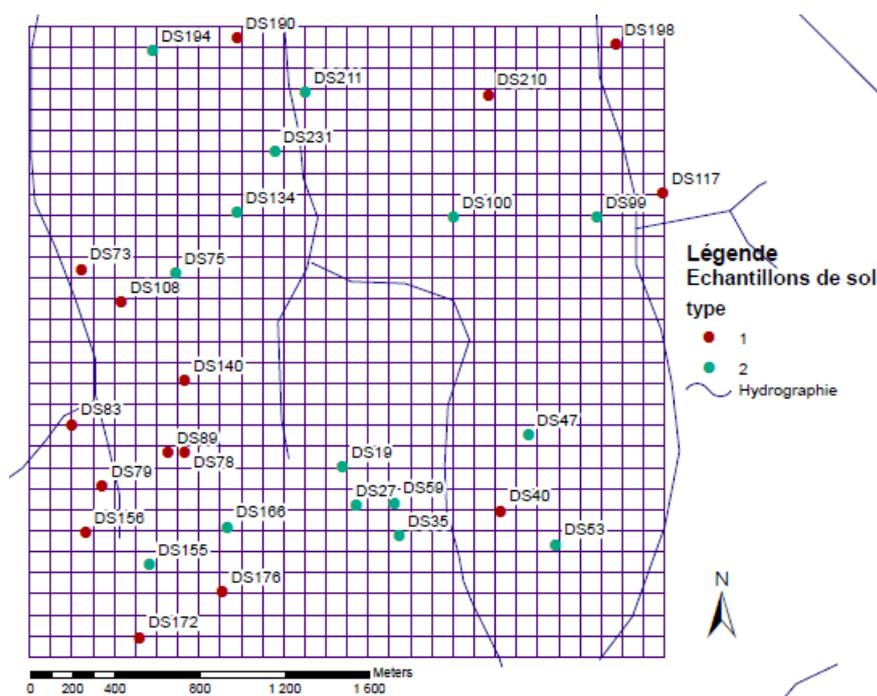


Figure 12: Carte de la position des pieds où les échantillons de sol utilisés pour les analyses physico-chimiques ont été prélevés, type 1 en rouge, type 2 en vert

2.3.4 Bilan de la collecte d'échantillons

Au terme de la mission au Cameroun, 76 individus avaient été complètement ou partiellement caractérisés, dont 24 du type 1 et 50 du type 2 (Tableau 2). Malheureusement, aucun arbre du type 1 n'a été trouvé en fleurs lors du séjour. Des plantules avaient été prélevées dans le but de réaliser d'éventuels tests de paternités. Ceux-ci n'ont finalement pas été réalisés car le nombre de plantules n'était pas suffisant et que certains semenciers n'avaient pas été inventoriés.

Tableau 2: Détail des échantillons prélevés lors de la mission

		Type 1	Type 2	Hybrides	Total
Pieds visités		24	50	2	76
Type d'échantillons	sol	17	21	1	39
	Plantules	11	22	0	33
	Feuilles (ou morceaux)	18	36	2	56
	Fleurs (ou boutons)	0	12	0	12

2.4 Analyses génétiques

2.4.1 Extraction d'ADN et génotypage

L'ADN des 214 individus a été extrait à l'aide du DNeasy Plant Mini kit de la firme QIAGEN®. Des fragments de 15 à 30 mg de feuille ou de cambium ont été broyés manuellement et refroidis dans de l'azote liquide. L'extraction a été faite en respectant le protocole fourni avec le DNeasy Plant Mini kit (voir protocole détaillé en Annexe 3). Les manipulations ont eu lieu au laboratoire d'Evolution Biologique et Ecologie de l'Université Libre de Bruxelles.

Onze marqueurs microsatellites (Tableau 3) développés par Donkpegan *et al.*, (2015) ont été utilisés pour le génotypage, après avoir été regroupés en deux "complexes" pour une PCR multiplex avec le même protocole. Les deux lots multiplex sont identiques à ceux décrits par Donkpegan *et al.*, (2015), à l'exception du locus R9-53, qui a été exclu car il générerait souvent des profils illisibles et difficilement interprétables.

Tableau 3: Loci contenant les marqueurs microsatellites utilisés pour l'étude (Donkpegan *et al.*, 2015)

Locus	Primer sequence (5'-3')	Labeled primer	Repeat motif	Ta(°C)	Successful cross-amplification*	GenBank accession n°
R9-48†	F: TTCCACCAGAGAACAATCACA R: AAGGAAAGACAATGTTAGACTGGA	Q4-PET	(AC)12	57	<i>A. pach.</i> , <i>A. bel.</i> , <i>A. afr.</i> , <i>A. qua</i>	KP076432
R9-01‡	F: CACTCTTTCTTCCTTTCAACCA R: AAGATTGAAGCTTGAAAATTCACC	Q1-6-FAM	(CT)11	57	<i>A. pach.</i> , <i>A. bel.</i> , <i>A. afr.</i> , <i>A. qua</i>	KP076434
R9-07‡	F: GCAAAGACACGCAAACCTGAA R: TTCGATAAACCGATCCATGTC	Q4-PET	(AG)10	57	<i>A. pach.</i> , <i>A. bel.</i> , <i>A. afr.</i> , <i>A. qua</i>	KP076426
R9-19†	F: TGTGATAGGAAGTGAGATTGCG R: TGTATAAGACAAAAGACCCACCTT	Q2-NED	(CT)10	57	<i>A. pach.</i> , <i>A. bel.</i> , <i>A. afr.</i> , <i>A. qua</i>	KP076435
R9-51‡	F: CAAATGCTCAAATGACTAACCA R: GCAATTCATGATGTCTTGCTT	Q2-NED	(AC)13	57	<i>A. pach.</i> , <i>A. bel.</i>	KP076436
R9-73‡	F: CAGTCACACCTGCTTTCAGC R: CCAACAATCAAATCACTCATCG	Q1-6-FAM	(CT)9	57	<i>A. pach.</i> , <i>A. bel.</i>	KP076430
R9-65†	F: CGAAAGTAAGAACCCTGCAA R: AACAGGTAATGAAAGCAAAGGG	Q1-6-FAM	(CA)9	57	<i>A. pach.</i> , <i>A. bel.</i> , <i>A. afr.</i> , <i>A. qua</i>	KP076431
R9-61†	F: TCAAGGGATGACTTGGCTTT R: GAGAAAGACAGCTTAATTTACCCC	Q2-NED	(TC)10	57	<i>A. pach.</i> , <i>A. bel.</i> , <i>A. afr.</i> , <i>A. qua</i>	KP076424
R9-54‡	F: TCCCTTACCAAATTTGTGAACAT R: CCCGTTGGTTTCAGTAGCAAT	Q4-PET	(GA)11	57	<i>A. pach.</i> , <i>A. bel.</i>	KP076425
R9-53‡	F: TTAATCGAGCTTAGTCGAGC R: GACTCAAGAGAAGCAAGCTAAGA	Q3-VIC	(TC)10	57	<i>A. pach.</i> , <i>A. bel.</i>	KP076433
R9-60‡	F: CTTTCCCTCCTTTCTTTCAA R: GTTATGCTAGACATTTAATCCC	Q2-NED	(TC)9	57	<i>A. pach.</i> , <i>A. bel.</i> , <i>A. afr.</i> , <i>A. qua</i>	KP076427

La révélation des profils génétiques a été effectuée à l'aide d'un séquenceur ABI PRISM 3730 (Applied Biosystems). Chaque échantillon comportait 1 µl de produit PCR, 12 µl de Hi-Di Formamide, 0,8 µl du standard de taille (le *Radian Dye* 500 en l'occurrence). Les génotypes fournis par le

séquenceur ont été ensuite analysés et corrigés si nécessaire à l'aide de Peak Scanner™ Version 2.0 (Applied Biosystems). Les résultats y sont présentés sous forme de chromatogrammes (Figure 13). La position en abscisse des pics alléliques correspondant à leur taille « S », en nombre de paires de nucléotides, tandis que l'aire sous le pic « A », donne une indication sur le nombre de répétition de l'allèle chez l'individu. Sachant qu'*A. bipindensis* est tétraploïde, un locus peut contenir jusqu'à quatre allèles de taille différente. Lorsque ce n'était pas le cas, un dosage allélique a été effectué afin d'obtenir le nombre de 4 allèles pour tous les loci :

- Lorsqu'il n'y avait qu'un seul type d'allèle, « la valeur » de celui-ci correspondant à sa taille était répétée trois fois
- Lorsqu'il y avait deux types d'allèles différents les deux allèles étaient répétés une fois
- Lorsqu'il y avait trois allèles différents l'allèle ayant la surface sous le pic la plus élevée était répété une fois

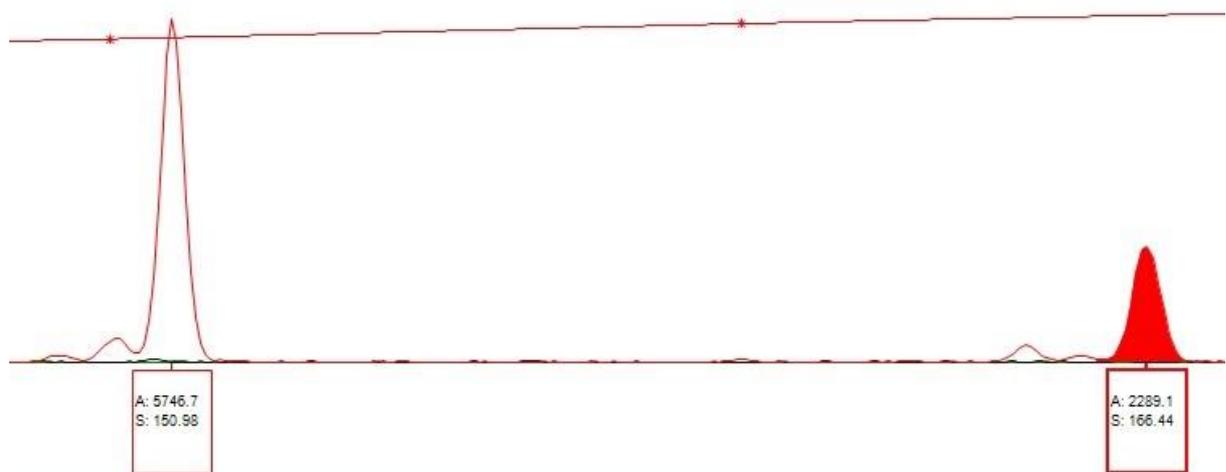


Figure 13: Chromatogramme des allèles du gène R9-48 pour un individu de l'étude

2.4.2 Analyses des données

2.4.2.1 Identifications des groupes génétiques

La détermination du nombre de clusters, ou types génétiques K, a été faite à l'aide de STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard *et al.*, 2000). Ce logiciel présente l'avantage de pouvoir proposer divers regroupements possibles des individus, sur base de leur affinité génétique, par une analyse bayésienne. L'analyse bayésienne tient compte de l'opinion à priori et de l'information issue de l'expérience, c'est-à-dire la vraisemblance, pour estimer une opinion à posteriori. Le logiciel STRUCTURE 2.3.4 calcule le logarithme népérien de la probabilité d'avoir un certain nombre de clusters, dans l'échantillon. Ce qui permet de sélectionner le bon nombre de clusters. La probabilité d'appartenance à un cluster pour chaque individu est calculée lorsque le programme tente de corriger les déséquilibres en séparant les individus en clusters. Dans ce cas, l'opinion a priori est donc le nombre de clusters et la vraisemblance est constituée des données introduites, c'est-à-dire les allèles des individus pour chaque locus (Evanno *et al.*, 2005 ; Pritchard *et al.*, 2010). Un individu était ensuite considéré comme appartenant à un cluster K_i ($i = 1, 2, 3...$) lorsque la probabilité d'appartenance q était $\geq 75\%$. Les individus n'obtenant pas de probabilité $\geq 75\%$ pour l'un des clusters ont été classés comme intermédiaires ou « hybrides ».

Pour chaque scénario/nombre de clusters testé par le logiciel, un nombre de simulations, ou MCMC, est effectué et les probabilités sont calculées tenant compte de toutes ces simulations afin de converger vers un modèle le plus robuste possible. Toutes les simulations pour un scénario sont répétées un certain nombre de runs. Les premières simulations ne sont pas prises en compte et sont appelées le « burn-in » car le modèle demande un nombre suffisant de simulations pour se stabiliser et limiter les effets de la configuration initiale⁵. Un total de 500 000 MCMC (10% de burn-in) avec 10 runs pour chaque nombre de clusters allant de K=1 à K=10 a été exécuté pour l'ensemble des échantillons génotypés.

En complément à l'analyse bayésienne, une analyse en coordonnées principales (PCoA) a été réalisée sur base des génotypes des individus sans dosage allélique et en retirant les hybrides, dans le but de voir si les deux groupes génétiques se séparaient distinctement également par cette méthode. La PCoA est applicable même si les données comprennent des allèles manquants ou peu d'individus car elle est effectuée à partir d'une matrice de similarité ou de dissimilarité. Avant de créer cette matrice il a été nécessaire de supprimer les individus ou aucun allèle n'avait été détecté pour au moins un locus.

2.4.2.2 Caractérisation de la diversité génétique des clusters identifiés et de leur degré d'apparement

Afin de caractériser la structure génétique spatiale des individus de la parcelle, le programme SPAGeDi (Hardy & Vekemans, 2002) a été utilisé. Les échantillons de l'Herbarium de Wageningen ainsi que les échantillons suspectés comme étant des doublons ont été supprimés. Une première analyse avec les individus de la parcelle en séparant les types génétiques a été réalisée afin d'estimer pour chaque type les indices suivant (Hardy & Vekemans, 2002 ; Hardy, 2016):

- Le nombre moyen d'allèles par locus
- L'hétérozygotie attendue (H_e) : l'hétérozygotie obtenue si tous les individus d'une population se croisaient au hasard, c'est-à-dire en situation de panmixie (de Meeûs, 2017)
- L'hétérozygotie observée (H_o) : l'hétérozygotie présente dans l'échantillon
- Le coefficient de consanguinité individuel (F_i) : la probabilité qu'un locus d'un individu contienne un seul type d'allèle par descendance, ce coefficient est corrélé à l'écart entre l'hétérozygotie observée et attendue (Chybicki & Burczyk, 2009)

Une étude individuelle a ensuite été réalisée successivement au sein de chaque type et entre individus de types différents dans le but d'étudier l'évolution du coefficient de parenté (F_{ij}) en fonction de la distance entre paires d'individus. La significativité de la pente des trois courbes obtenues a été établie par l'indice de Jackknife. Le coefficient de parenté évalue le degré de parenté par paire d'individus, constituées d'un individu « i » et un individu « j ». Il correspond à la probabilité qu'un locus tiré au sort dans le génome des deux individus contienne des allèles identiques par filiation. Lors du calcul de ce coefficient par paire d'individus, la valeur moyenne en situation de panmixie est soustraite. Ainsi, les paires d'individus moins apparentées que la moyenne obtiendront une valeur négative pour ce coefficient (Loiselle *et al.*, 1995 ; Thornton *et al.*, 2012).

⁵https://support.sas.com/documentation/cdl/en/statug/63033/HTML/default/viewer.htm#statug_introbayes_sect007.htm consultée le 01/08/17

2.5 Analyses morphologiques

Afin d'identifier les différences morphologiques entre les deux types, plusieurs analyses statistiques ont été réalisées avec le logiciel R 3.4.1 (R Core Team, 2017). Tout d'abord, avec tous les caractères morphologiques confondus (quantitatifs et qualitatifs), des analyses sous forme de clustering ont été réalisées suivant différentes méthodes : Ward.D2, single, complete, mean. Seule la méthode permettant de maximaliser les différences entre les groupes formés, soit celle ayant obtenu le coefficient de corrélation « C » le plus élevé, a été conservée (Desgraupes, 2013). Ces analyses avaient pour but de voir si le même nombre de groupes étaient formés par les caractères morphologiques que par analyses génétiques en tenant compte de tous les caractères relevés.

Les ordinations mixtes, aussi appelées analyses de Hill & Smith, effectuées successivement sur les caractères du tronc et des feuilles, ont permis de voir si les groupes génétiques forment également des groupes distincts sur base de ces caractères et évaluer quel type de caractère permet la meilleure séparation. L'ordination mixte permet de combiner les variables qualitatives et quantitatives. Cette méthode crée de nouveaux axes exprimant le plus possible la variabilité de l'échantillon en combinant les caractères étudiés sans tenir compte des groupes génétiques (Hervé, 2016).

Les analyses discriminantes linéaires ont également été appliquées à partir des caractères du tronc puis des feuilles en ayant supprimé les hybrides au préalable. Celles-ci permettent, en forçant initialement la séparation des individus en catégories correspondant aux types génétiques, d'évaluer le pouvoir de séparation des différents caractères morphologiques en créant des fonctions linéaires discriminantes (Brostaux, 2017).

Pour finir, des analyses basées uniquement sur les caractères quantitatifs ont été effectuées. La normalité des variables pour chaque type a été testée par le test de normalité de Shapiro-Wilk. Si la p-valeur du test était inférieure ou égale à 0,05, l'hypothèse H0 selon laquelle la variable suivait une loi normale était rejetée et le test non-paramétrique U de Mann-Whitney était effectué. Si la normalité était confirmée (p-valeur du Shapiro-Wilk test > 0,05) c'est le test de comparaison de moyenne de t de *Student* qui était appliqué.

Des plantules issues des différents clusters génétiques ont été étudiées après le retour de mission. Les graines, dont la provenance, le type génétique et la date de récolte étaient connus, ont été plantées dans la serre tropicale de Gembloux Agro-Biotech. La fiche de description des plantules ayant servi aux relevés hebdomadaires se trouve en Annexe 4. Aucune précaution particulière n'a été prise pour homogénéiser les conditions de luminosité et d'approvisionnement en eau. A cause du très faible taux de germination ainsi que la survie de trois plantules du cluster 1 et d'une seule plantule du cluster 2, une simple description globale des plantules a été effectuée.

2.6 Analyses des spectres d'absorption dans le proche infrarouge des folioles

Afin d'évaluer les différences chimiques entre folioles provenant des différents groupes génétiques, des analyses en spectroscopie dans le proche infrarouge ont été effectuées au Centre Wallon de Recherches Agronomiques (CRA-W). L'appareil utilisé, le « SWIR ImSpector N25E Hyperspectral Imaging System » mesure les intensités énergétiques et calcule l'absorbance pour les longueurs d'onde comprises entre 1118 et 2424 nm (Figure 14). Ce type d'analyses étant sensible aux variations de température, le détecteur de type MCT (Mercury-Cadmium-Telluride) est muni d'un système de refroidissement thermoélectrique⁶. Cet appareil est capable de scanner les échantillons avançant à une vitesse de 3 mm/s et d'en produire une image hyperspectrale. Une ligne correspond à 320 pixels de 0.075 mm². L'absorbance est mesurée tous les 0,3nm⁷. Chaque pixel de l'image contient un spectre d'absorption pour toutes les longueurs d'ondes étudiées.



Figure 14: SWIR ImSpector N25E Hyperspectral Imaging System du CRA-W

L'appareil est d'abord calibré en fixant le maximum et le minimum en intensité énergétique que le détecteur pourrait rencontrer. Pour le minimum, l'appareil fait le noir interne et pour le maximum une dalle blanche est disposée sous le détecteur. Un échantillon standard composé de grains de blé dont six sont contaminés par l'ergot est analysé. Le modèle de prédiction pour ce standard est très robuste car il a été validé pour toutes les conditions de température, d'humidité et de poussière qui puissent survenir dans le laboratoire. Si les six grains contaminés apparaissent bien dans une couleur différente que le reste de l'échantillon, l'appareil est prêt à être utilisé.

Les folioles utilisées pour l'analyse ont été extraites de feuilles à stade de maturité et à épaisseur comparables dans les planches d'herbier. Les spectres de feuilles sèches dans le proche IR ont l'allure suivante (Figure 15). L'absorbance dans certaines gammes de longueurs d'ondes peut être associée à une transition de niveau vibrationnel de liaisons bien précises (Osborne, 2006):

- De 1300 à 1420 nm : liaisons C-H (en combinaison avec d'autres types de liaisons)
- De 1420 à 1600 nm : liaisons O-H et N-H
- De 1600 à 1800 nm : liaisons C-H
- De 1800 à 2200 nm : liaisons O-H et N-H (en combinaison avec d'autres types de liaisons)

⁶ <http://www.blockeng.com/products/mct.html> consultée le 03/07/17

⁷ <http://www.specim.fi/downloads/NIR-SWIR-ImSpectors-ver2-16.pdf> consultée le 03/07/17

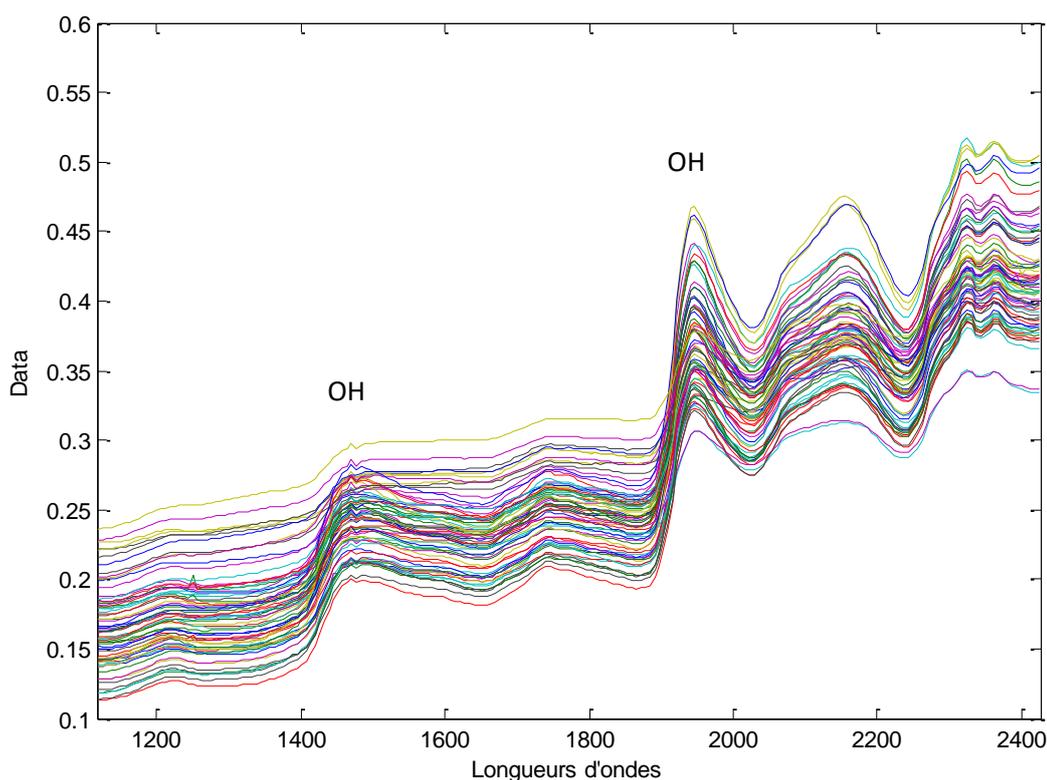


Figure 15: Spectres moyens de 35 folioles sèches d'*A. bipindensis*

Les liaisons OH, induisant des pics importants sur ce type de matériel, se trouvent essentiellement dans l'eau résiduelle, la cellulose et l'hémicellulose mais aussi, dans la lignine en moindre quantité. Les liaisons NH sont présentes dans les protéines et les liaisons CH essentiellement dans les lipides (Osborne, 2006).

Afin de construire un modèle discriminant les folioles des différents groupes génétiques, une foliole de chaque type a été scannée face supérieure puis inférieure. Le modèle a été calibré avec le logiciel HyperSee (BurgerMetrics) en sélectionnant plus de 2300 pixels, ou spectres, par folioles sur les deux faces. Ensuite, 16 folioles de chaque type ont servi à valider le modèle. Une foliole d'un individu hybride a également été scannée mais n'a pas été intégrée dans l'évaluation de l'efficacité de prédiction du modèle. Le modèle effectue les prédictions du type génétique des folioles par « Partial Least Squares-Discriminant Analysis » (PLS-DA) (Szymańska *et al.*, 2012).

Pour permettre une meilleure interprétation des différences chimiques permettant de distinguer les folioles des différents types génétiques, des prétraitements ont été appliqués aux spectres d'absorption moyens de chaque cluster. Ces spectres d'absorption moyens ont été construits sur base des spectres moyens des 17 feuilles par type génétique. Premièrement, pour ne pas tenir compte d'un écart globalisé d'intensité d'absorption dans l'interprétation chimique, qui pourrait être dû à une différence d'épaisseur des folioles, une SNV (standard normal variate) a été effectuée pour recentrer les points des courbes (première étape Figure 16). Ainsi, des courbes recentrées et donc plus proches sont obtenues ce qui permet de mieux voir les variations de formes et de position des pics. Cette opération revient à appliquer la formule suivante à chaque valeur d'absorbance pour les spectres moyens :

$$Abs' = \frac{Abs - \overline{Abs}}{\sigma}$$

Puis, les courbes ont été dérivées pour mieux observer les variations de pente des spectres d'absorption (deuxième étape Figure 16).

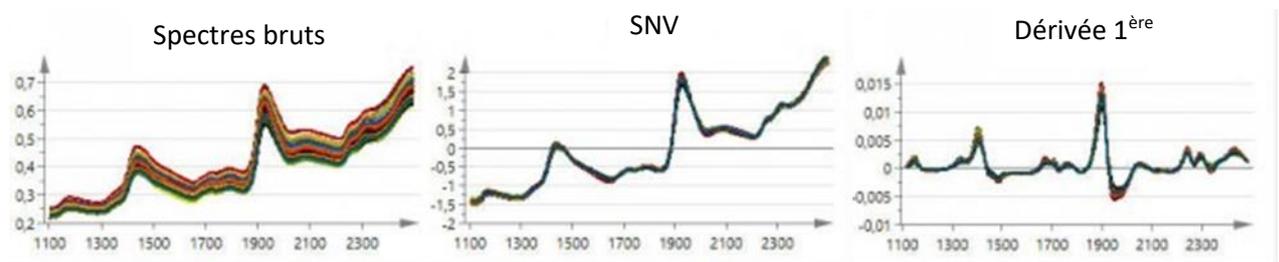


Figure 16: Prétraitements effectués sur les spectres moyens des deux types génétiques (modifié depuis : <http://umetrics.com/>)

Après avoir effectué les prétraitements, une analyse en composantes principales (ACP) a été effectuée en utilisant les longueurs d'ondes comme variables. Si les spectres forment des groupes distincts d'après leur type génétique, une différence de composition chimique peut être confirmée. A partir des résultats de l'ACP, il est possible d'extraire les longueurs d'onde exprimant le plus la variabilité des spectres.

2.7 Analyses écologiques

Tout d'abord, un histogramme des indices de Dawkins par type a été effectué dans le but de voir s'il pouvait exister une différence de tempérament.

Afin d'étudier s'il existe une différence de distribution des types en fonction de l'altitude et de la distance au cours d'eau le plus proche. Un modèle numérique de terrain de type « Shuttle Radar Topography Mission » (SRTM) de la zone a été téléchargé sur EarthExplorer (U.S. Geological Survey (USGS) Earth Resources Observation and Science (EROS) Center). Un raster des cours d'eau hypothétiques a été créé grâce au toolset « Hydrology » de l'extension « Spatial Analyst » du logiciel ArcGis 10.5. Les données ont ensuite été extraites au niveau des points GPS correspondant aux individus caractérisés lors de la mission de terrain.

Dans le but d'évaluer les possibles préférences pédologiques des types génétiques, les variables suivantes ont été mesurées au service Ecologie végétale et Biogéochimie de l'Université Libre de Bruxelles :

- pH de la solution du sol
- pH après extraction par une solution en ions cobaltihexamine
- Différence de pH entre les deux mesures précédentes : $\Delta pH = pH_{H_2O} - pH_{cohex}$
- Capacité d'échange cationique (CEC) [cmolc/kg]
- Conductivité électrique (CE) [$\mu S/cm$]
- Pourcentage en matière organique
- Concentration des éléments biodisponibles suivant [$\mu g/g$] : Al, B, Ca, Fe, K, Mg, Mn, Mo, P, Zn
- Pourcentage de carbone total
- Pourcentage d'azote total
- Granulométrie : pourcentage en sable, limon et argile

L'extraction par cobalthexamine permet le transfert des cations adsorbés vers la solution et ainsi de quantifier la CEC et les éléments disponibles pour la croissance des plantes (Doelsch *et al.*, 2008 ; Orsini & Remy, 1976). Les résultats de différence de pH expriment la quantité de protons présents sur les complexes argilo-humiques car l'extraction entraîne un transfert des H⁺ vers la solution. La CEC, c'est-à-dire la quantité de cations qui peuvent être retenus sur les complexes adsorbant du sol peut donner des indications sur la fertilité et sur le type d'argile minéralogique en présence dans le sol (Calvet, 2003). La quantification du carbone et de l'azote total a permis d'évaluer le rapport C/N. Ce rapport est pertinent pour évaluer la qualité de la matière organique. Plus ce rapport est faible plus la litière est considérée comme « améliorante » et facilement dégradable par la microfaune du sol (Allegrini & Bastien, 2011). La granulométrie informe sur la qualité du drainage du sol (Langlais & Ryckewaert, 2008).

Une ACP a été réalisée avec les résultats des analyses physico-chimiques des échantillons de sol dans le but de voir si l'environnement diffère en fonction du cluster génétique, en comparant leur position par rapport aux axes formés par une combinaison de variables pédologiques. L'altitude et la distance au cours d'eau le plus proche ont été ajoutées comme variables explicatives. Ensuite, d'après les coordonnées des individus sur les axes de l'ACP, des tests similaires à ceux effectués pour les variables morphologiques quantitatives ont été appliqués. De cette manière, le nombre de tests statistiques a été diminué, minimisant les erreurs.

Pour les variables exprimant le plus les différences de milieu des deux types, l'autocorrélation géographique a été testée par l'indice I de Moran. La distance minimale où les échantillons peuvent être considérés comme non-corrélés a ainsi été évaluée (Chessel & Thioulouse, 2003). Un test de randomisation toroïdal a été appliqué aux données d'altitude, avec le logiciel TOROCOR 1.0 (Hardy, 2009), pour voir si les distributions respectives de chaque type génétique étaient significativement liées à l'altitude.

3. Résultats

3.1 Analyses génétiques

3.1.1 Structure génétique à fine échelle

Selon les résultats de l'analyse bayésienne (Figure 17), l'échantillon comporte deux clusters génétiques. En effet, ce sont les runs où $K=2$ qui obtiennent les probabilités les plus élevées.

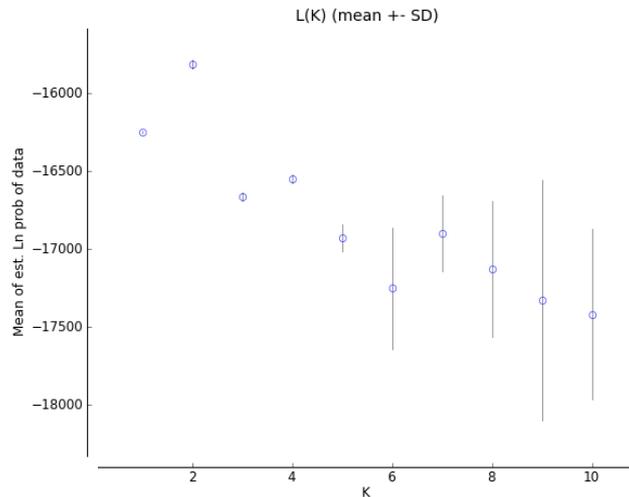


Figure 17: Moyenne du logarithme népérien de la probabilité d'avoir un nombre de clusters donné dans l'échantillon total des individus génotypés (500000 MCMC, 50000 burn-in, 10 runs par valeur de K)

D'après le run ayant obtenu les résultats les plus robustes, le run n°13, la distribution des deux groupes génétiques d'*A. bipindensis* a la forme suivante (Figure 18). Les individus du cluster 2 (en vert) sont beaucoup plus nombreux dans l'échantillon que les individus du cluster 1 (en rouge) et quelques hybrides sont visibles à l'intersection des deux clusters et à droite dans l'histogramme.



Figure 18: Histogramme des probabilités d'appartenance de chaque individu au cluster 1 en rouge et au cluster 2 en vert

Les nombres suivants d'individus par cluster ont été obtenus :

- 35 individus du type 1
- 173 individus du type 2
- 6 hybrides

Le détail des probabilités d'appartenances aux clusters ainsi que l'attribution du cluster de chaque individu se trouvent en Annexe 5.

3.1.2 PCoA des génotypes

Les résultats de la PCoA sont présentés dans la Figure 19. Les deux premiers axes ont été sélectionnés et obtiennent respectivement des valeurs propres de : 11,73% et 9,52%. On observe une tendance des individus du type 1 à se concentrer dans les valeurs négatives du premier axe contrairement aux individus du type 2, essentiellement présents dans les valeurs positives. La séparation n'est cependant pas parfaite.

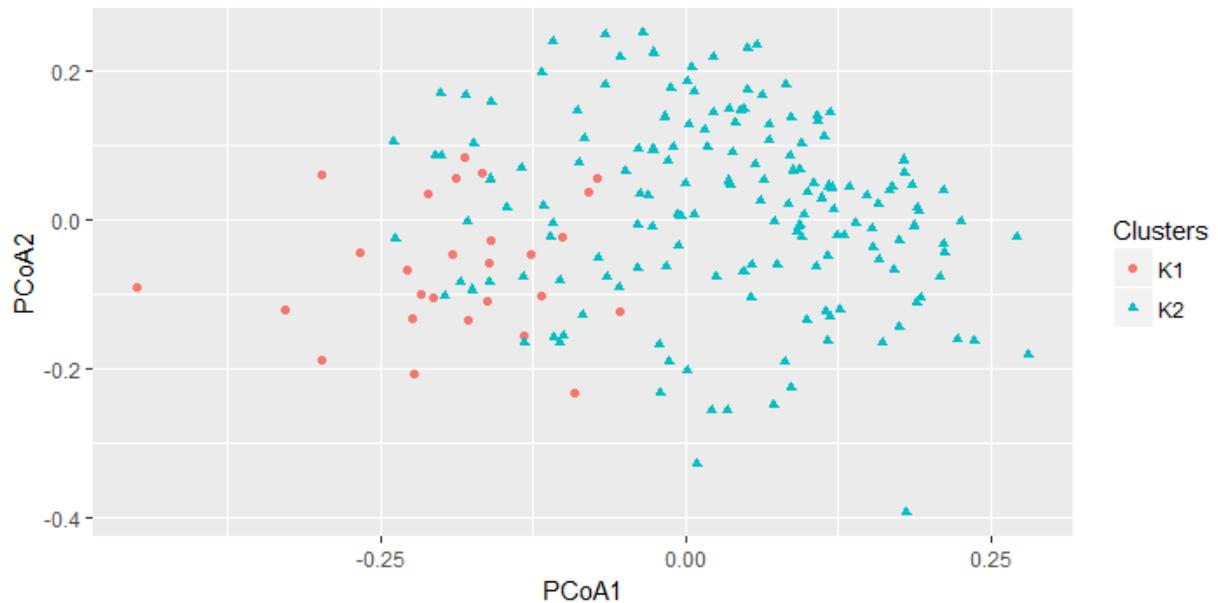


Figure 19 PCoA des génotypes, cluster 1 en rouge (27 individus) et cluster 2 en bleu (160 individus), variabilité expliquée: 21,25%

3.1.3 Analyse de la diversité génétique

Bien que le nombre d'individus soit bien moindre pour le type 1, la moyenne du nombre d'allèles par locus est plus importante pour ce groupe génétique (Tableau 4). Le décalage entre l'hétérozygotie attendue et observée y est aussi moindre, induisant un coefficient de consanguinité individuel plus faible de 0,095. Ce même coefficient a une valeur élevée pour les individus du type 2 : 0,291. Ceci peut s'expliquer par une fréquence d'allèles nuls estimée particulièrement élevée pour ce cluster : 0,339. En effet, les allèles nuls n'apparaissant pas dans les résultats des génotypages, de faux homozygotes peuvent apparaître et ainsi diminuer la valeur de l'hétérozygotie observée et augmenter artificiellement la valeur du coefficient de consanguinité.

Tableau 4: Indices de diversité génétique moyen pour tous les 10 loci au sein des deux groupes génétiques

Type	Nb d'individus	Nb moyen d'allèles/locus	Fréq moyenne d'allèles nuls/locus	Hétérozygotie attendue	Hétérozygotie observée	Coefficient de consanguinité individuel (Fi)
1	29	13,7	0,165	0,814	0,738	0,095
2	162	11,9	0,339	0,657	0,467	0,291

3.1.4 Structure génétique spatiale avec le modèle d'isolement par la distance

D'après les courbes du coefficient de parenté en fonction de la distance entre paires d'individus, la parenté entre individus décroît significativement avec la distance au sein des deux clusters génétiques (courbes rouge et verte sur la Figure 20). En effet, les estimateurs de Jackknife respectivement pour la courbe du type 1 et la courbe du type 2 sont : $-0,0101 \pm 0,0028$ et $-0,0071 \pm 0,0020$. Ce n'est cependant pas le cas si les paires d'individus sont systématiquement constituées d'un individu de chaque type (courbe grise). Effectivement, l'estimateur de Jackknife pour cette courbe est de $0,0005 \pm 0,0025$. Dans ce dernier cas, le coefficient de parenté est même négatif, car la parenté entre deux individus de types différents est inférieure à la moyenne générale de parenté entre individus.

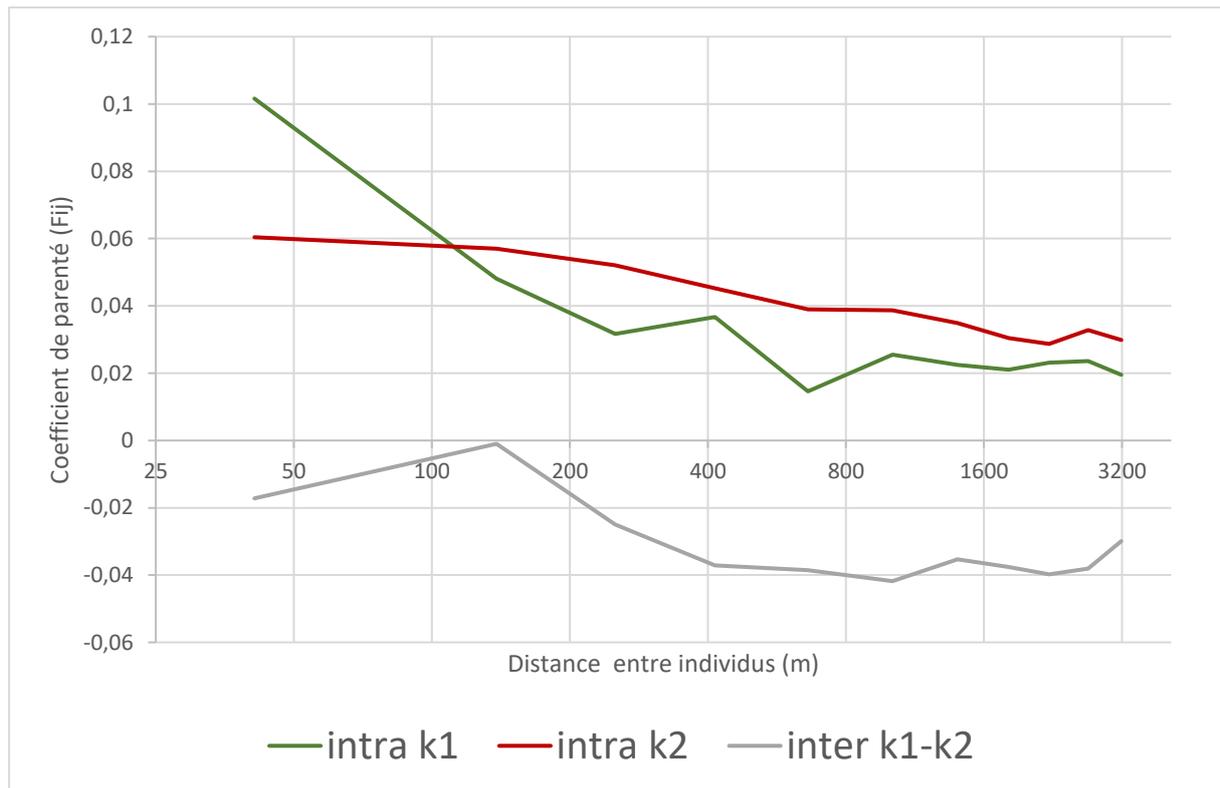


Figure 20: Coefficients de parenté en fonction de la distance entre individus (m)

3.2 Analyses morphologiques

Il est important de tenir compte du fait que l'échantillonnage n'était pas homogène pour les deux types génétiques (Figure 21). En effet, les individus décrits pour caractériser le type 1 ont majoritairement des diamètres compris entre 20 et 40 cm alors que les individus du type 2 ont majoritairement des diamètres de 40 à 80 cm. Le diamètre et la hauteur des individus n'ont pas été retenus comme caractères discriminants potentiels pour les analyses morphologiques.

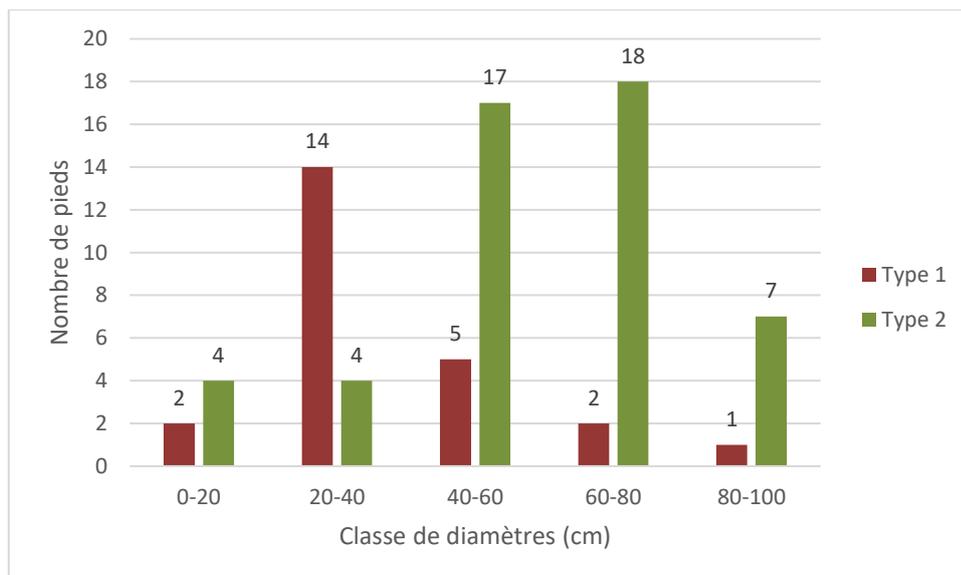


Figure 21: Nombre d'individus étudiés par classe de diamètre pour chaque type génétique, type 1 en rouge, type 2 en vert

3.2.1 Clustering

D'après le dendrogramme obtenu par la méthode « mean », qui est la méthode ayant obtenu le coefficient de corrélation le plus élevé pour le jeu données ($C=0,64$), les individus pourraient être séparés en trois groupes morphologiques en coupant le dendrogramme à une hauteur d'environ 0,48 (Figure 22). La matrice de données utilisée pour les analyses morphologiques se trouve à l'Annexe 6.

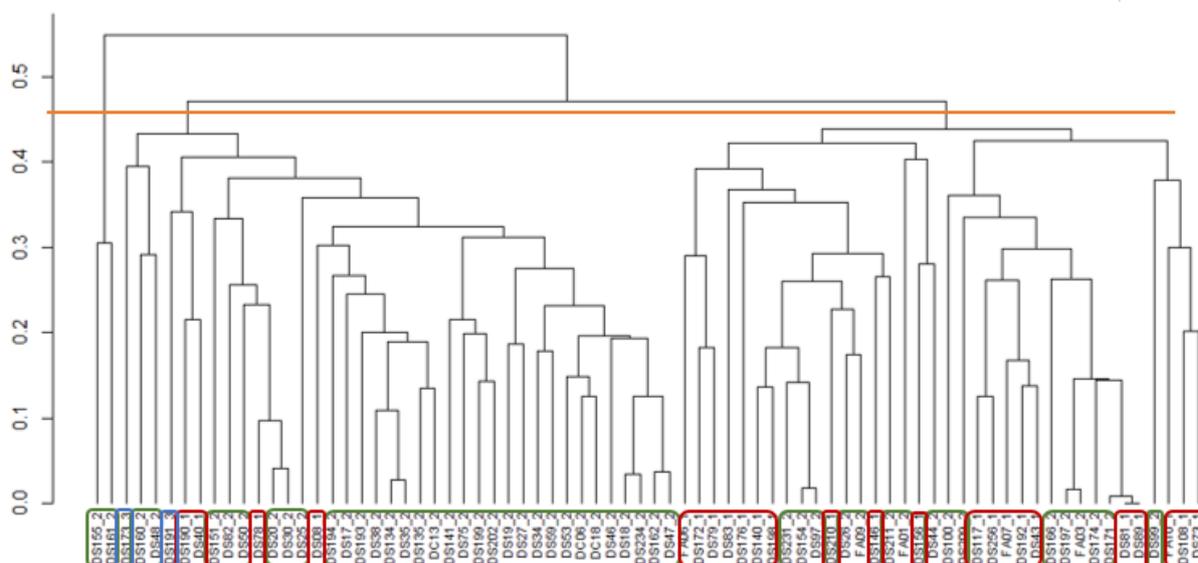


Figure 22: Dendrogramme obtenu par la méthode "mean", type 1 en rouge, type 2 en vert, hybrides en bleu, $C=0,64$

Le premier groupe morphologique, est constitué de deux individus du type 2 : DS155 et DS161 (Tableau 5). Ces deux individus ont des crêtes sinueuses parallèles sur leur écorce brune foncée. Ils ont une section avec un méplat et une base du tronc cylindrique. Le second groupe, est composé à 84,2% d'individus du type 2 et à 10,5% d'individus du type 1. Quant au dernier groupe, il contient majoritairement des individus du type 1 (55,6%) mais compte tout de même un nombre non

négligeable d'individus du type 2 (44,4%). Les deux individus hybrides se situent dans ce groupe. On observe donc une séparation morphologique approximative entre les groupes génétiques lorsque tous les caractères sont pris en compte.

Tableau 5: Pourcentage de chaque type génétique dans les groupes morphologiques créés par le clustering

Type	Groupe morphologique			Nb total
	A	B	C	
1	/	10,5%	55,6%	24
2	100%	84,2%	44,4%	50
Hybrides	/	5,3%	/	2
Nb total	2	38	36	76

3.2.2 Ordinations mixtes

Sur la Figure 23, représentant les résultats de l'ordination mixte avec les caractères du tronc, apparaît une séparation entre les deux types par rapport à l'axe horizontal. En effet, les individus du type 1 se situent presque exclusivement dans les valeurs négatives tandis que les individus du type 2 se placent en grande partie dans les valeurs positives. D'après ce graphique, certaines caractéristiques du tronc, récoltées lors de l'étude, pourraient donc permettre de différencier les individus sur le terrain. Tout comme dans le dendrogramme, les deux individus hybrides semblent plus proches morphologiquement des individus du type 2.

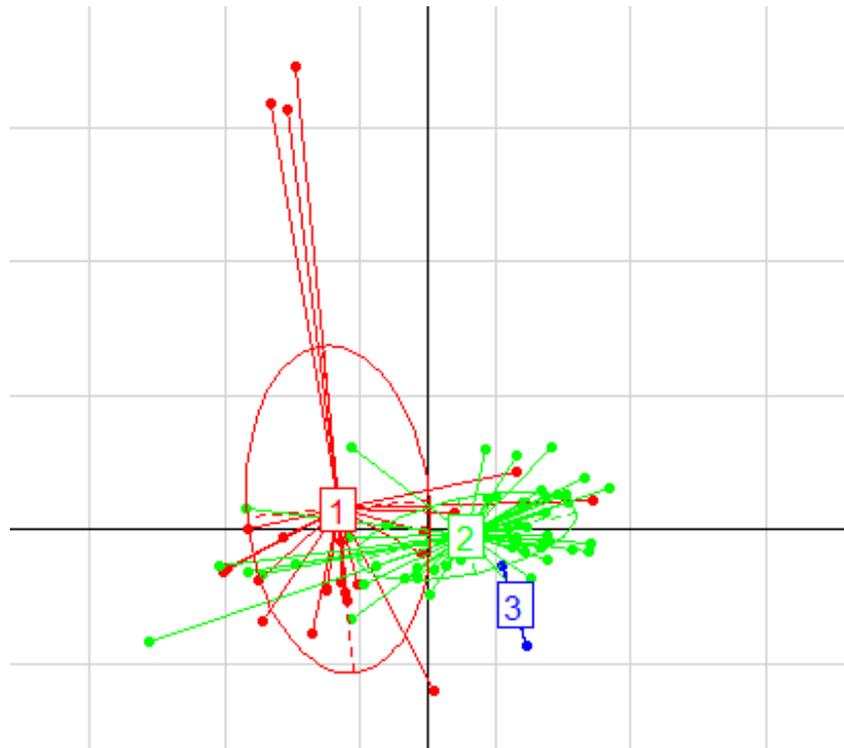


Figure 23: Ordination mixte des caractères du tronc, type 1 en rouge (24 individus), type 2 en vert (50 individus), hybrides en bleu (2 individus), 7 axes expliquent une variabilité de 50,52%, seuls les deux premiers sont affichés

L'ordination nécessitant de retirer toutes les lignes ayant des données manquantes, seuls 16 individus du type 1, 31 individus du type 2 et un individu hybride ont donc été retenus pour l'analyse des caractères morphologiques foliaires. Les feuilles des autres individus n'ont pu être décrites, ou seulement partiellement, à cause des conditions de terrain entraînant l'impossibilité de prélever des feuilles entières (mauvaise visibilité, premières branches hors d'atteinte,...).

La séparation semble moins évidente au niveau des caractères foliaires (Figure 24). La majorité des individus du type 1 se trouve du côté négatif de l'axe vertical et inversement pour le type 2. Néanmoins, l'aire de distribution des points des deux types, représentées par des ellipses, se chevauchent légèrement plus dans ce deuxième cas malgré le nombre réduit d'individus. Ici, par contre, l'individu hybride se situe à l'intersection des deux clusters.

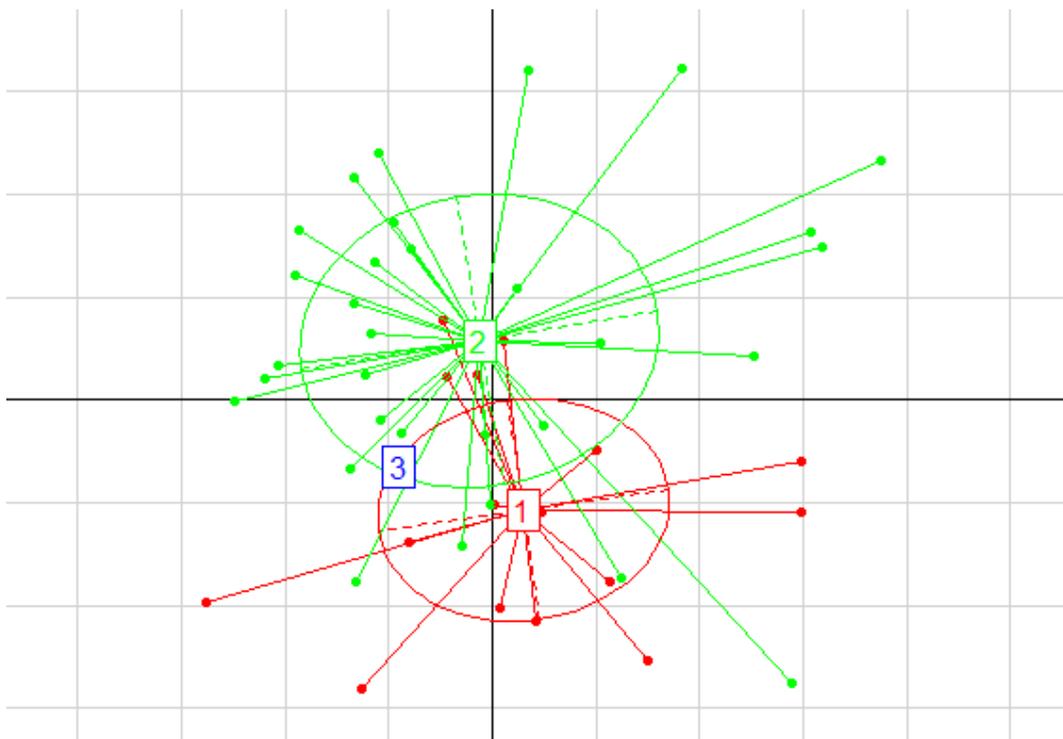


Figure 24: Ordination mixte des caractères foliaires, type 1 en rouge, type 2 en vert, hybrides en bleu, 7 axes expliquent une variabilité de 54,47%, seuls les deux premiers sont affichés

3.2.3 Analyses discriminantes

En utilisant uniquement les caractères du tronc pour l'analyse discriminante, on observe une séparation claire entre les deux types où les individus du type 2 obtiennent des coordonnées positives (médiane = 1,6) alors que les individus du type 1 obtiennent des coordonnées négatives (médiane = -3,4) pour l'unique fonction linéaire discriminante (Figure 25 et Tableau 6). Seuls deux individus du type 2 se retrouvent dans les valeurs négatives. Les caractères morphologiques obtenant les valeurs absolues les plus élevées pour les coefficients de la fonction discriminante linéaire sont ceux qui permettent le mieux de discerner les deux types (Annexe 7). Si le coefficient est positif, la présence ou une valeur élevée pour ce caractère fera pencher le classement de l'individu vers le type 2 et inversement s'il est négatif. En regardant de plus près les caractères ayant obtenu une valeur de coefficient supérieure ou égale à 2 en valeur absolue, on remarque que c'est l'aspect de l'écorce qui permet le mieux de classer les individus. Une écorce se détachant en plaques et/ou comportant des crêtes sinueuses parallèles serait un trait propre au type 2. Les individus du type 1, par contre, auraient

bien plus souvent des écorces avec des bourrelets horizontaux parfois associés à des crêtes sinueuses parallèles. Un seul individu avec une écorce lisse a été répertorié, l'individu DS100 du type 2 dbh= 14,5 cm, la valeur de coefficient pour ce caractère est donc à relativiser. On peut remarquer que les deux variables quantitatives continues, l'épaisseur de la tranche et la hauteur des contreforts, ont des valeurs de coefficients faibles en valeur absolue et ne sont donc pas déterminantes pour l'identification du type génétique de l'individu.

Tableau 6: Quartiles de la distribution des coordonnées des individus de chaque type de la fonction linéaire discriminante basée sur les caractères du tronc

Type	Nb d'individus	Quartiles				
		0%	25%	médiane (50%)	75%	100%
1	24	-5,0	-3,7	-3,4	-2,4	-0,4
2	50	-1,2	1,1	1,6	2,0	2,9

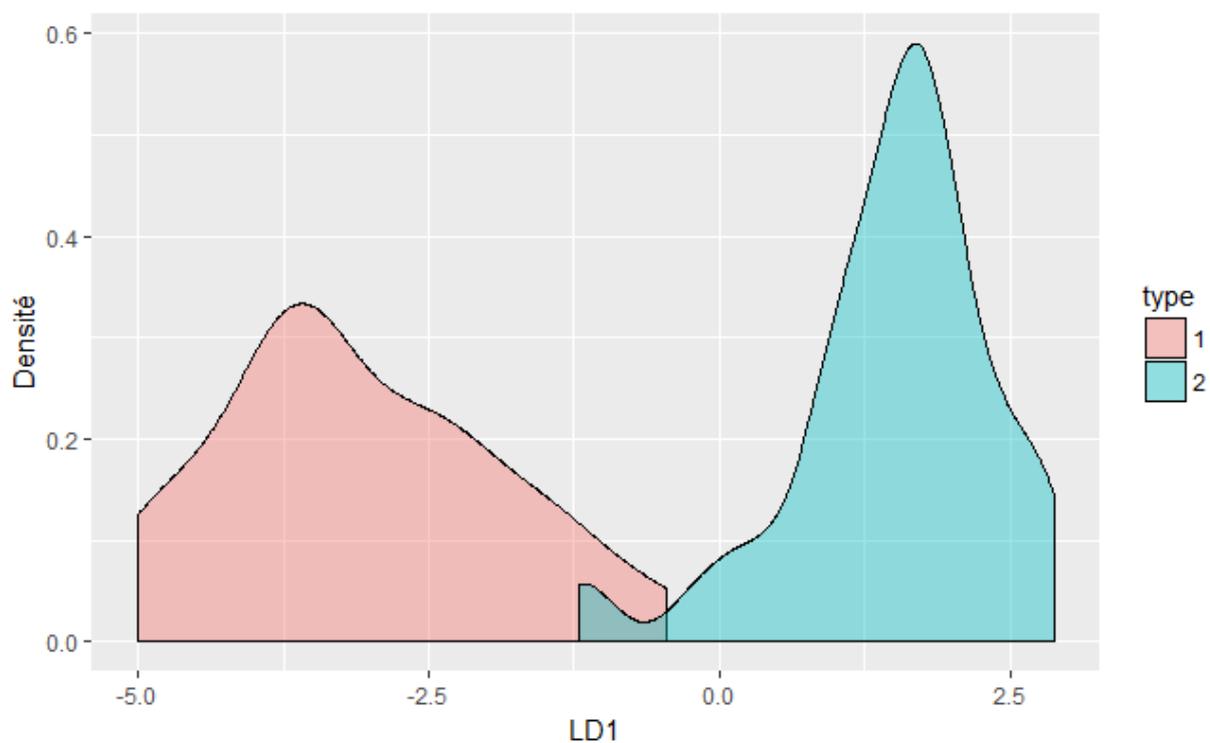


Figure 25: Distribution des coordonnées des individus de la fonction linéaire discriminante LD1 pour les caractères du tronc, type 1 en rose, type 2 en bleu

En utilisant les caractères foliaires pour l'analyse discriminante, il apparaît à nouveau une séparation entre les deux types où les individus du type 2 obtiennent généralement des valeurs de coordonnées positives (médiane = 1,3) alors que les individus du type 1 obtiennent tous des valeurs négatives (médiane = -2,3) (Figure 26 et Tableau 7). Les médianes ont des valeurs plus proches que pour la même étude avec les caractères du tronc malgré le nombre plus important de variables étudiées et la quantité d'individus réduite. Au vu des coefficients de la fonction linéaire discriminante (Annexe 8), on peut cependant remarquer, que les folioles du sommet de la feuille du type 1 seraient plus fréquemment obovales et/ou falciformes, tandis que les folioles de la base pour les individus du type 2 seraient plus souvent ovales ou elliptiques à ovales. Contrairement aux caractères du tronc, deux variables quantitatives continues obtiennent des coefficients à valeur absolue élevée : les rapports longueur sur largeur des folioles du sommet et de la base de la feuille. Un rapport élevé pour les folioles de la base augmenterait les chances d'être en présence d'un individu du type 2 mais un rapport élevé pour les folioles du sommet ferait plutôt pencher la prédiction vers le type 1.

Tableau 7: Quartiles des distributions des coordonnées des individus de chaque type de la fonction linéaire discriminante basée sur les caractères foliaires

Type	Nb d'individus	Quartiles				
		0%	25%	médiane (50%)	75%	100%
1	16	-3,4	-3,0	-2,3	-2,0	0,0
2	31	-1,3	0,5	1,3	1,9	3,2

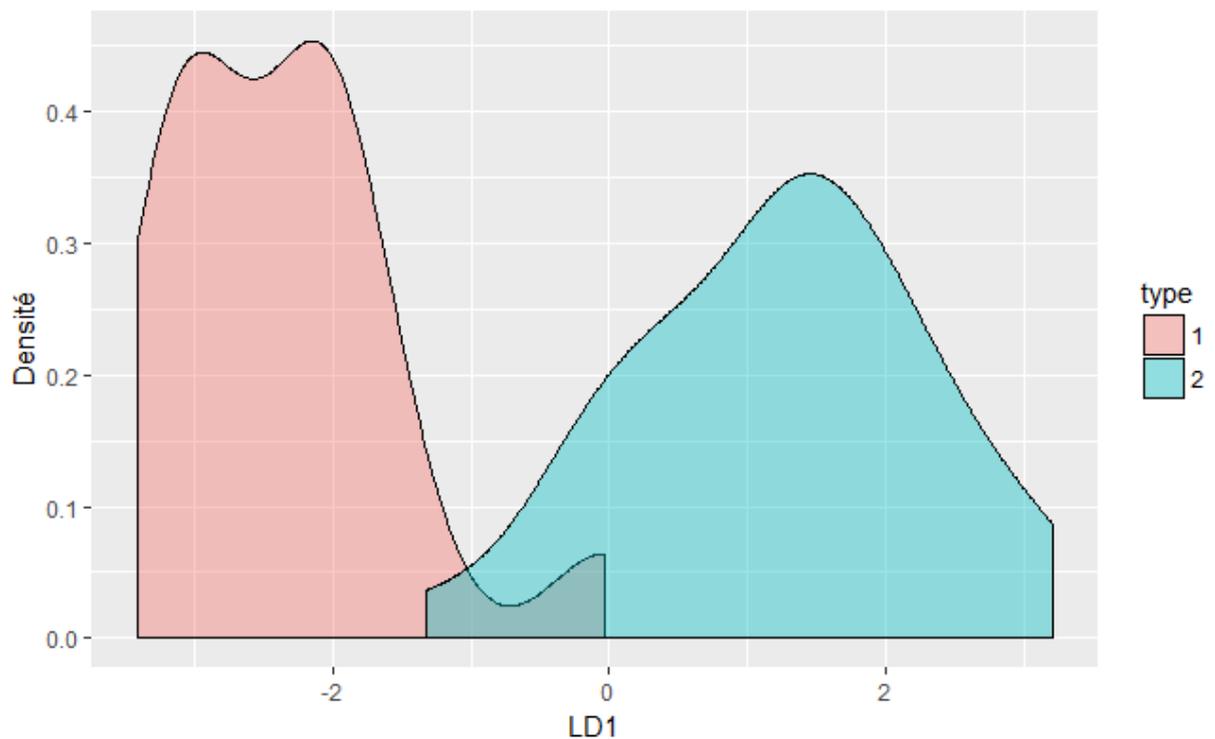


Figure 26: Distribution des coordonnées des individus de la fonction linéaire discriminante LD1 pour les caractères foliaires, type 1 en rose, type 2 en bleu

3.2.4 Analyses des caractères morphologiques quantitatifs

Une différence significative entre les deux types génétiques a été trouvée pour la hauteur des contreforts et pour l'épaisseur de la tranche par le test U de Mann-Withney (Tableau 8). Le type 2 aurait généralement des contreforts plus hauts ($90,0 \pm 55,8$ cm pour le type 2 contre $36,3 \pm 30,6$ cm pour le type 1) et une tranche plus épaisse (11 ± 3 mm pour le type 2 contre 9 ± 3 mm pour le type 1).

Tableau 8: Evaluation des différences au niveau des caractères quantitatifs du tronc

Type	Nombre d'individus	Hauteur des contreforts (cm)		Epaisseur tranche (mm)	
		moyenne	écart-type	moyenne	écart-type
1	24	36,3	30,6	9	3
2	50	90,0	55,8	11	3
Test		U de Mann-Whitney		U de Mann-Whitney	
Statistique		300		406	
P-valeur		0,0004		0,0247	

Cependant, la distribution diamétrique n'étant pas équivalente pour les deux types dans l'échantillon caractérisé, il était nécessaire de vérifier si ce n'était pas plutôt les écarts de diamètre qui induiraient des différences au niveau de ces deux caractères. En procédant à une régression linéaire de la hauteur des contreforts en fonction du diamètre on obtient une relation significative avec un R^2 de 0,5133 et une p-valeur de $4,31 \cdot 10^{-13}$ (Figure 27).

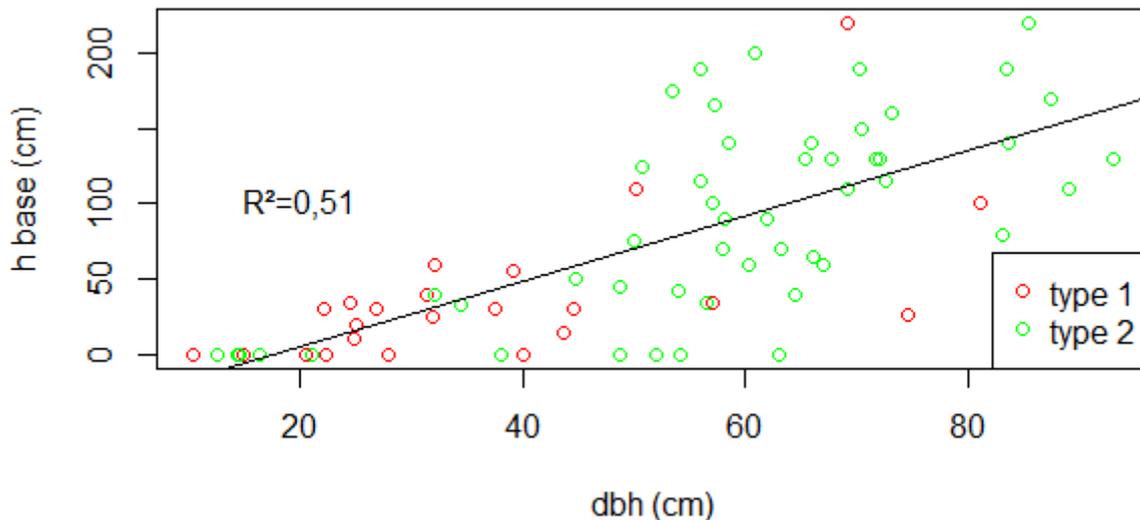


Figure 27: Régression linéaire de la hauteur des contreforts (cm) en fonction du dbh (cm), type 1 en rouge, type 2 en vert

Une relation entre l'épaisseur de la tranche et le diamètre de l'arbre est également vérifiée car la régression linéaire ainsi obtenue a un R^2 de 0,4881 et une p-valeur de $2,71 \cdot 10^{-12}$ (Figure 28).

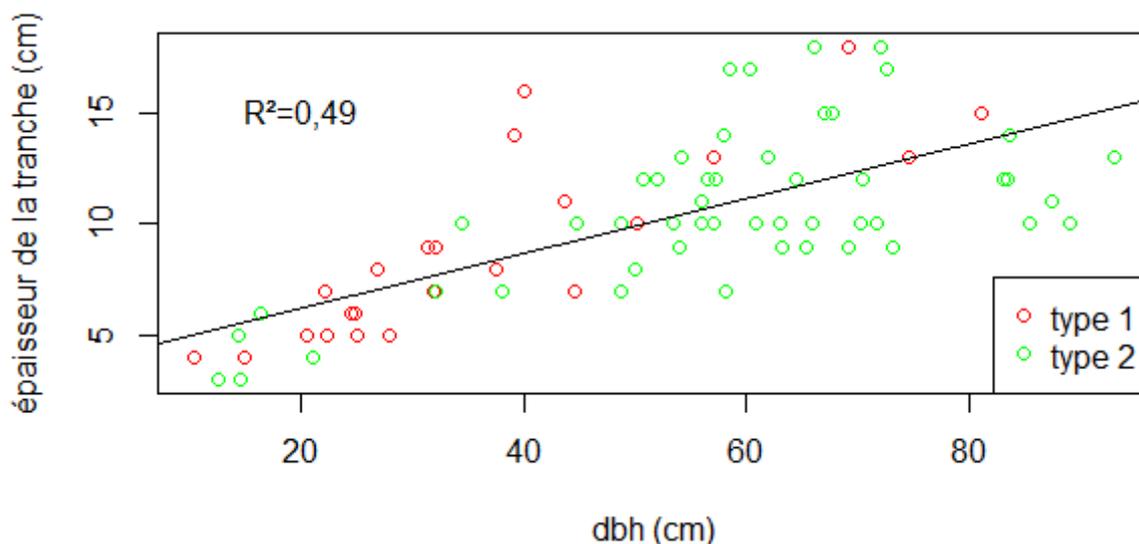


Figure 28: Régression linéaire de l'épaisseur de la tranche (mm) en fonction du dbh (cm), type 1 en rouge type 2 en vert

Concernant les caractères quantitatifs foliaires, aucune différence significative n'a été trouvée (Tableau 9 et 10). En effet, toutes les valeurs moyennes et les écart-types sont très similaires dans tous les cas. Ces variables ne permettent pas de différencier les deux clusters génétiques.

Tableau 9 et Tableau 10 : Evaluation des différences au niveau des caractères quantitatifs des feuilles

Type	Longueur pétiole (cm)			Longueur rachis (cm)			Longueur pétiole (mm)		
	Nb	moyenne	écart-type	Nb	moyenne	écart-type	Nb	moyenne	écart-type
1	17	3,3	0,7	17	14,7	2,5	19	6	1
2	35	2,9	0,6	34	16,3	3,5	37	6	1
Test	t de Student			t de Student			U de Mann-Whitney		
Statistique	1,68			-1,41			267,5		
P-valeur	0,105			0,165			0,118		

Type	Rapport longueur/largeur folioles supérieures			Rapport longueur/largeur folioles inférieures		
	Nb	moyenne	écart-type	Nb	moyenne	écart-type
1	18	2,4	0,3	17	1,9	0,2
2	34	2,3	0,3	33	1,9	0,2
Test	U de Mann-Whitney			t de Student		
Statistique	351,5			-0,25		
P-valeur	0,383			0,807		

3.2.5 Description des plantules

Aucune différence morphologique n'a été observée entre les plantules des deux types génétiques. A l'instar d'*Afzelia bella*, la germination des plantules d'*A. bipindensis* est épigée (Figure 29). Les cotylédons sont charnus, d'un vert tirant vers le jaune et ont un rapport de longueur sur largeur d'environ 3. Aux alentours de trois semaines après la germination, la longueur de l'épicotyle est d'environ 10 cm et l'hypocotyle mesure près de 4 cm. Le collet ne porte pas d'appendices. Les premières feuilles sont opposées bien qu'un *Afzelia bipindensis* adulte ait des feuilles alternes. Le pétiole et le rachis mesurent environ 4 cm. Les folioles apparaissent au nombre de 4 à 6 et sont d'une couleur brunâtre qui tourne au vert après une semaine.

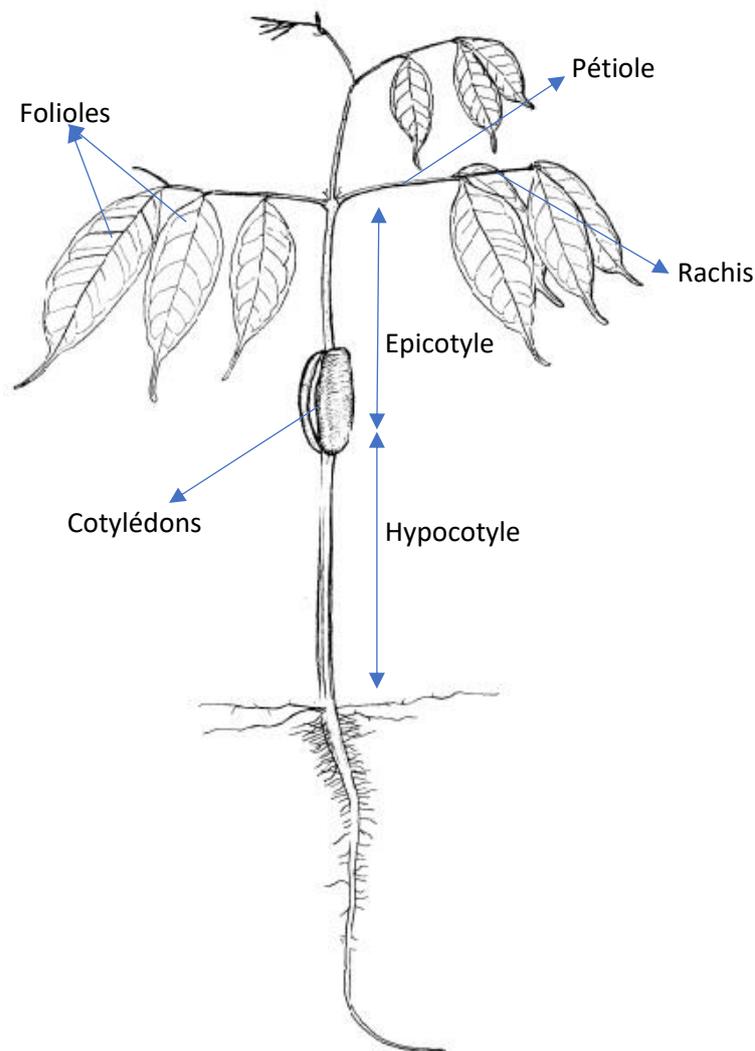


Figure 29: Schéma d'une plantule d'*Afzelia bella* (Mensbruge, 1996)

3.3 Analyses des spectres d'absorption dans le proche infrarouge des folioles

Le modèle prédictif attribue la classe 1 ou la classe 2 à chaque pixel constituant l'image hyperspectrale des folioles. Lors des prédictions (Figure 30), si une majorité de pixels étaient attribués à la classe spectrale 1 (en rouge) l'individu était identifié comme appartenant au type génétique 1 et inversement pour le type 2 (en bleu). L'individu hybride n'a pas été pris en compte pour quantifier l'efficacité du modèle mais il est intéressant de constater que près de la moitié des pixels de l'image de sa foliole ont été attribués à l'une et l'autre classe spectrale (47% en classe 1 et 53% en classe 2).

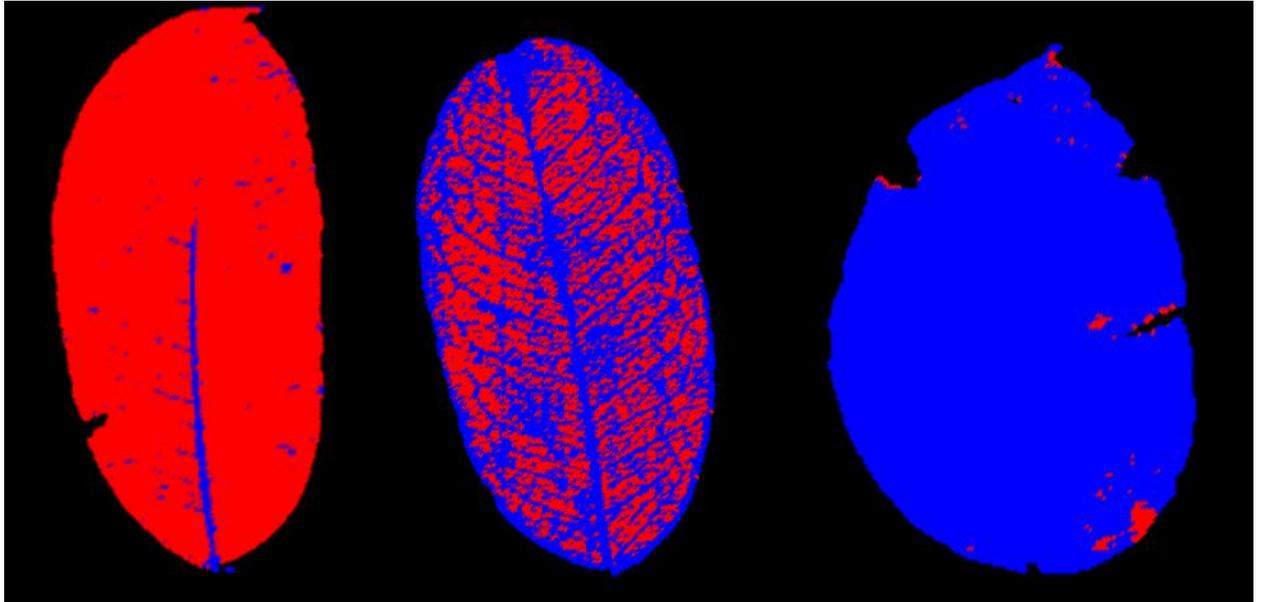


Figure 30: Prédictions de 3 faces supérieures de folioles par le modèle prédictif en spectrométrie proche IR par PLS-DA, 1^{ère} foliole type 1 en rouge, 2^{ème} foliole hybride, 3^{ème} foliole type 2 en bleu

Le modèle discriminant a permis une bonne attribution dans 91% des cas lors de la validation sur 32 folioles (16 folioles par type). D'après la matrice de confusion (Tableau 11), 90,9% des individus du type 1 ont effectivement été classés en type 1 contre 9,1% de mal classés et 91,2% des individus du type 2 ont été classés dans la bonne catégorie contre 8,8% de mal classés. Le détail du pourcentage de pixels obtenu pour chaque classe et le résultat de la prédiction de chaque foliole se trouve en Annexe 9.

Tableau 11: Matrice de confusion de la validation du modèle discriminant

	Type 1	Type 2
Type 1	90,9 %	9,1%
Type 2	8,8%	91,2%

Sur base de tous les pixels des 17 folioles par types, les spectres d'absorption moyens par type génétique ont pu être établis (Figure 31). Il est compliqué d'observer des différences en terme de position des pics dans les gammes de longueurs d'ondes inférieures à 1800 nm mais il est d'ores et déjà possible d'observer que la courbe du type 2 dépasse celle du type 1 un peu avant les 2000 nm ce qui correspond à une bande de transition vibrationnelle des liaisons OH.

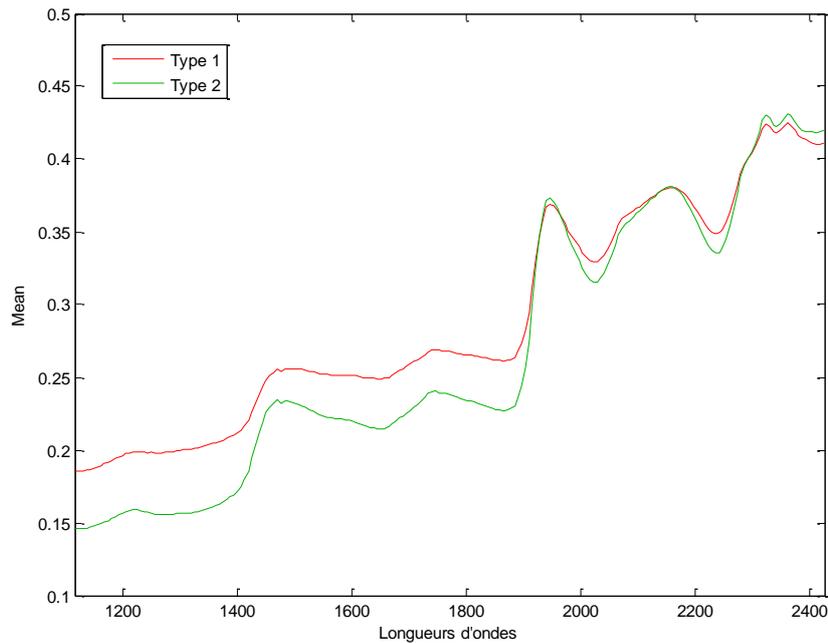


Figure 31: Spectres d'absorption moyen par type génétiques, type 1 en rouge, type 2 en vert

En prenant les valeurs d'absorbance avec prétraitements (SNV et dérivée première), une ACP a été effectuée (Figure 32). Même en enlevant l'effet d'intensité, le type génétique de l'individu semble bien induire un contraste au niveau du spectre d'absorption des folioles car la séparation des points en fonction du cluster génétique reste satisfaisante.

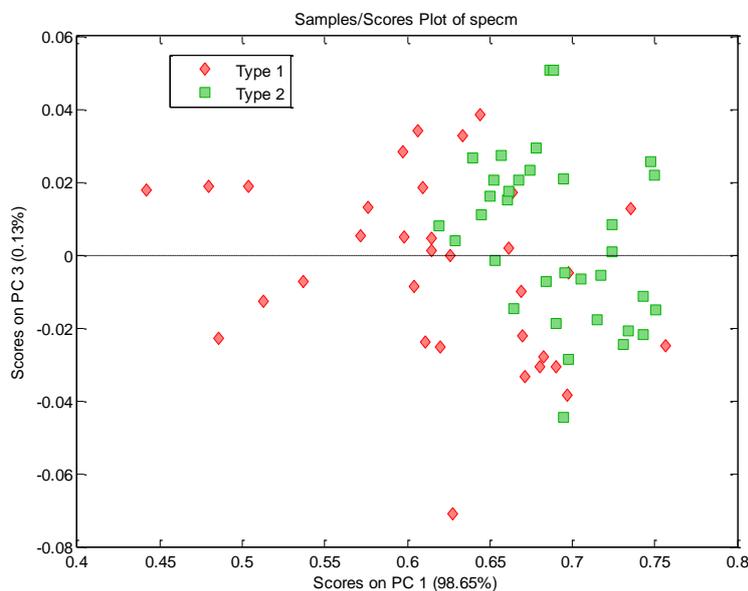


Figure 32: ACP des spectres moyens des folioles avec prétraitements, type 1 en rouge, type 2 en vert

D'après la composition des axes 1 et 3 de l'ACP, axes permettant la meilleure séparation des types génétiques, les longueurs d'ondes exprimant le plus la variabilité au sein de l'échantillon ont pu être extraites et replacées sur les spectres moyens ayant subi les prétraitements (en violet sur la Figure 33). Ce sont les longueurs d'ondes proches de 1940 nm qui induiraient les plus grandes

différences d'absorbance moyenne entre les deux types. Cette même gamme obtient le plus grand pouvoir discriminant pour la méthode supervisée de PLS-DA qui permet au modèle de prédire le type génétique. Ces résultats confirment l'hypothèse selon laquelle une concentration plus élevée en une ou plusieurs molécules comportant des liaisons OH chez le type 2, serait à l'origine de la bonne discrimination des deux types.

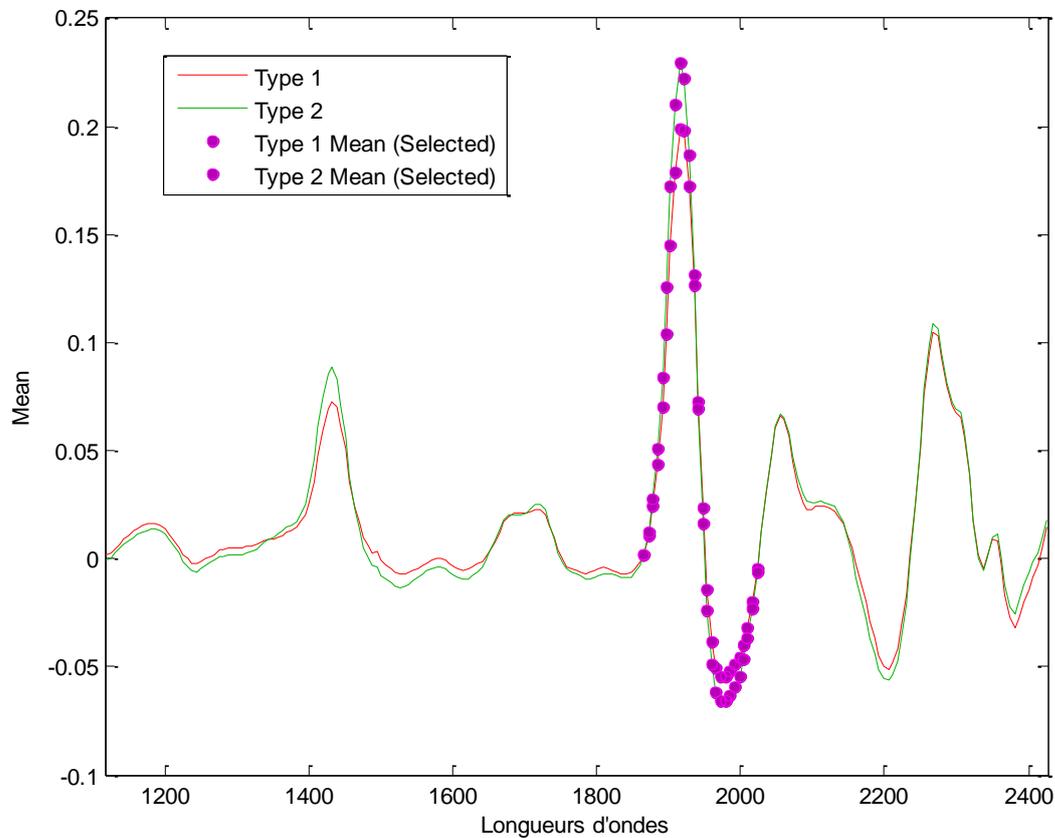


Figure 33: Spectres moyens avec prétraitements (SNV et dérivée seconde à 7 points) type 1 en rouge, type 2 en vert, parties du spectre exprimant le plus la variabilité en violet

3.4 Analyses écologiques

3.4.1 Différence d'exposition de la couronne à la lumière

Une différence d'exposition à la lumière peut être observée entre les individus visités en fonction du type génétique (Figure 34). Cependant la dominance des arbres étant bien évidemment liée à leur stature, ce contraste ne peut être pris en compte dans cette étude puisque la structure diamétrique n'était pas équivalente pour les individus caractérisés des deux clusters génétiques.

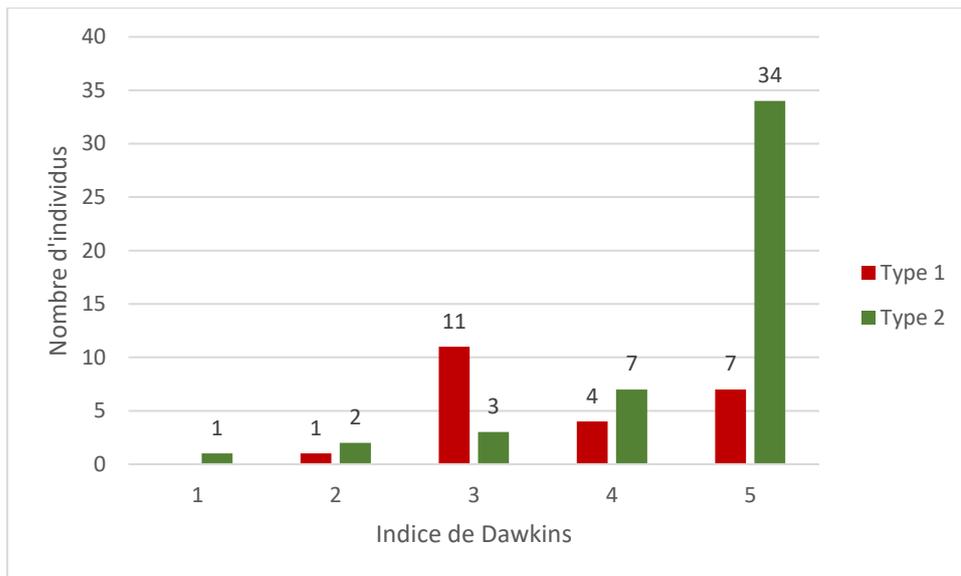


Figure 34: Histogramme du nombre d'individus par valeur d'indice de Dawkins, type 1 en rouge, type 2 en vert

3.4.2 ACP des variables pédologiques et topographiques

D'après les résultats de l'ACP, il semble bien qu'il existe un écart écologique entre les deux types génétiques car les individus se séparent relativement bien par rapport à l'axe horizontal (Figure 35). Les données utilisées pour l'ordination se trouvent à l'Annexe 10.

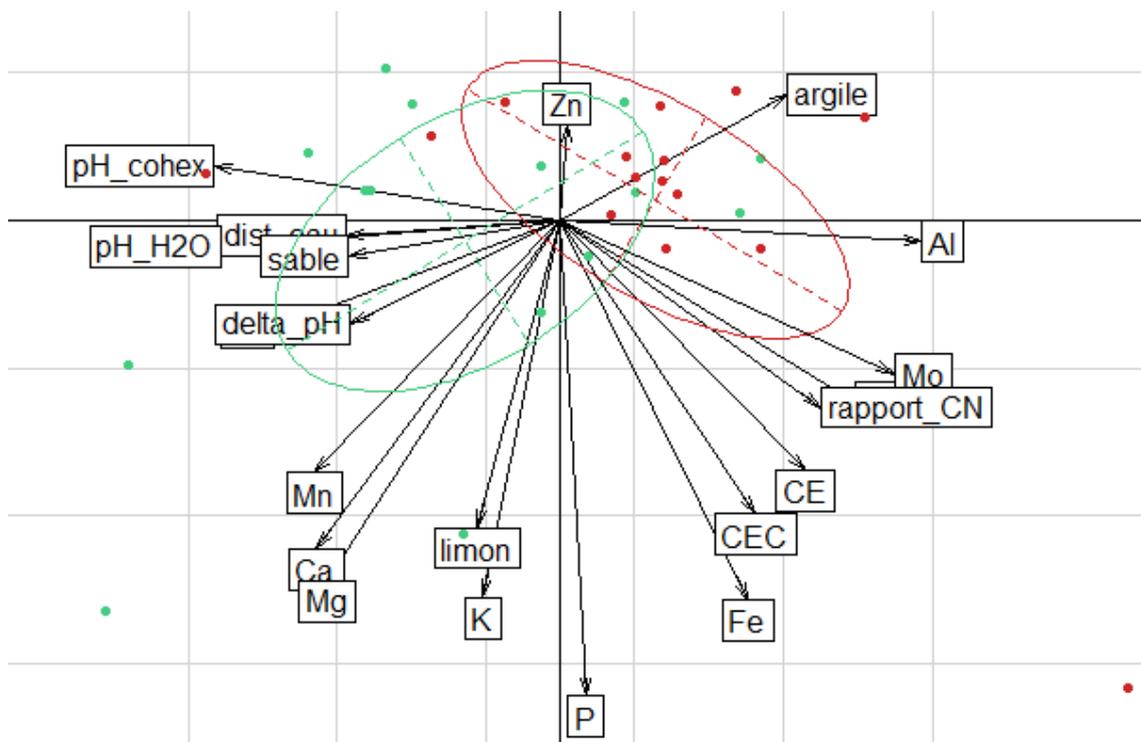


Figure 35: ACP des variables physico-chimiques des échantillons de sol en ajoutant l'altitude et la distance au cours d'eau le plus proche comme variables explicatives, type 1 en rouge, type 2 en vert, 3 axes pour une variabilité expliquée de 69,00%

Les différences de coordonnées entre les deux types génétiques par rapport aux trois premiers axes ont été testées. D'après le test t de *Student* effectué sur l'axe 1 (valeur propre= 39,41%), la différence de moyenne pour les coordonnées le long de cet axe est significative (t=2,63, p-valeur=0,01372). Ce n'était pas le cas pour les deux autres axes. Les compositions en variables des trois axes de l'ACP sont les suivantes :

Tableau 12: Composition des axes de l'ACP

	Axe 1	Axe 2	Axe 3
Altitude [m]	-0,745	-0,195	-0,135
Distance au cours d'eau [m]	-0,558	-0,027	-0,491
pH H2O	-0,882	-0,049	0,402
pH Cohex	-0,901	0,099	0,137
delta pH	-0,546	-0,188	0,540
Conductivité électrique [$\mu\text{S}/\text{cm}$]	0,638	-0,451	-0,368
CEC [cmolc/kg]	0,508	-0,531	-0,012
Matière organique [%]	0,768	-0,330	0,396
Sable [%]	-0,551	-0,065	-0,656
Limon [%]	-0,215	-0,555	0,109
Argile [%]	0,592	0,226	0,598
Al [$\mu\text{g}/\text{g}$]	0,941	-0,038	-0,094
Ca [$\mu\text{g}/\text{g}$]	-0,634	-0,594	0,324
Fe [$\mu\text{g}/\text{g}$]	0,489	-0,685	-0,319
K [$\mu\text{g}/\text{g}$]	-0,201	-0,682	-0,011
Mg [$\mu\text{g}/\text{g}$]	-0,605	-0,652	0,332
Mn [$\mu\text{g}/\text{g}$]	-0,639	-0,456	-0,172
Mo [$\mu\text{g}/\text{g}$]	0,869	-0,277	0,092
P [$\mu\text{g}/\text{g}$]	0,066	-0,859	-0,152
Zn [$\mu\text{g}/\text{g}$]	0,019	0,174	-0,223
Rapport C/N	0,681	-0,338	0,170

Les individus du type 1 demeurent donc préférentiellement sur des sols plus acides caractérisés par une plus grande quantité d'ions Al^{3+} sur les complexes adsorbants. Ils se situent également à plus basse altitude et plus proches des cours d'eau. Les sols où le premier type génétique pousse sont aussi plus argileux ce qui est corrélé à une augmentation de la capacité d'échange cationique. Sur ces sols, la litière est également plus acidifiante car le rapport C/N y est plus élevé. Les sols plus acides sont bien souvent plus riches en matière organique car la décomposition de la matière y est plus lente. Ici la quantité de matière organique semble liée à la conductivité électrique de la solution du sol. Le Fer est également plus mobile lorsque le sol est gorgé d'eau ce qui pourrait expliquer qu'il soit présent en plus grande quantité pour les sols où croissent les individus du type 1.

Les individus du type 2, à l'inverse, préféreraient les altitudes plus élevées et se développeraient plus loin des cours d'eau sur des sols plus sablonneux. Ceux-ci se trouvent sur des sols plus basiques. Il n'est donc pas étonnant d'y observer des concentrations plus importantes en certains cations basiques comme : le Calcium ou le Magnésium.

L'autocorrélation spatiale a été testée avec l'indice I de Moran pour les 4 variables les plus importantes de l'axe 1 (Figure 36). Les patterns ne sont pas très clairs mais dans tous les cas la corrélation entre les échantillons est proche de 0 lorsque ceux-ci ont été prélevés à une distance de près de 200 m les uns des autres. Ce qui est faible par rapport à la distance moyenne entre échantillons qui est de 1509 ± 786 m.

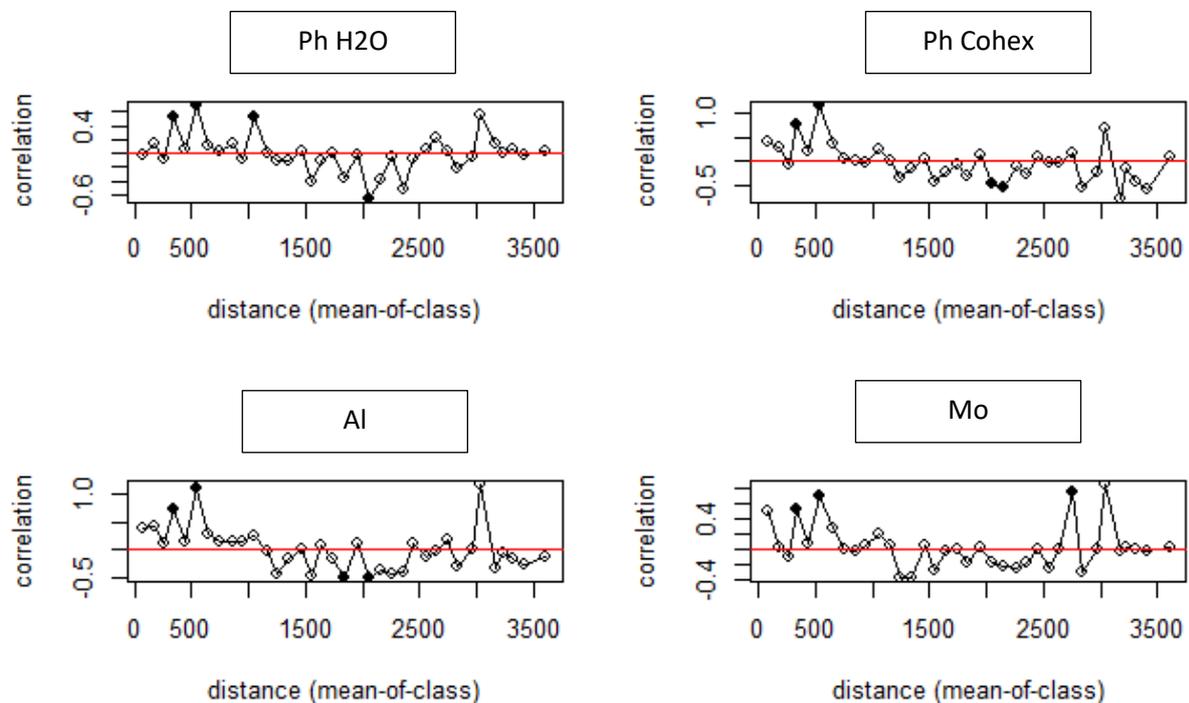


Figure 36: Evaluation de l'autocorrélation spatiale des variables les plus importantes de l'axe 1 de l'ACP

Puisque les distributions en altitude sur l'échantillon total des arbres caractérisés sur le terrain (type 1 : 716 ± 9 m, type 2 : 726 ± 13 m) se sont révélées significativement différentes d'après le test de U de Mann-Withney ($U= 318$, p -valeur= 0,001), il était nécessaire de vérifier si cela n'était pas simplement dû au regroupement spatial des individus de même type. Pour cela un test de randomisation toroïdal a été effectué. Ce test a eu pour résultat que la distribution spatiale des individus par type n'est pas significativement liée à l'altitude.

4. Discussion

4.1 Différenciation génétique et phénomènes d'hybridation

L'analyse du regroupement bayésien a confirmé la présence des deux groupes génétiques d'*A. bipindensis* sur la parcelle d'étude (Figure 17 et Figure 18). Cette séparation est également visible sur la PCoA mais reste peu marquée. Cela peut s'expliquer par le nombre bien plus important d'individus du type 2 et l'absence de dosage allélique (Figure 19).

La diversité génétique serait plus importante au sein du type 1 malgré qu'il soit moins répandu (Tableau 4). En effet, ce type génétique obtient un nombre moyen d'allèles par locus plus élevé et une valeur raisonnable pour le coefficient de consanguinité : 0,095, contrairement au type 2 : 0,291. Néanmoins, cette valeur particulièrement importante pour le type 2 serait probablement due à la haute fréquence estimée d'allèles nuls. Le haut pourcentage d'allèles nuls induirait une sous-estimation de l'hétérozygotie observée au sein de ce groupe génétique et augmenterait artificiellement la valeur du coefficient de consanguinité (Gillois *et al.*, 1981 ; Chybicki & Burczyk, 2009). La situation de ces deux types génétiques, bien qu'exploités indifféremment jusqu'alors, ne semble donc pas préoccupante sur le plan de la diversité génétique.

Les clusters génétiques sont encore capables de se croiser. En effet, sur l'histogramme des probabilités d'appartenance aux clusters par individu (Figure 18), on observe quelques individus intermédiaires. De surcroît, une des 5 plantules génotypées en mai 2017, sélectionnées pour leur proximité à des semenciers des deux types génétiques, était hybride. Néanmoins, d'après l'analyse du regroupement bayésien, sur les 214 individus génotypés, en prenant un seuil à 0,75, seuls 6 hybrides ont été répertoriés (Annexe 5). L'allure des courbes des coefficients de parenté en fonction des distances entre paires d'individus (Figure 20) confirme également l'hypothèse selon laquelle les deux types génétiques en sympatrie conservent des trajectoires évolutives distinctes. En effet, les coefficients de parenté ont des valeurs plus élevées lorsque les individus sont du même type génétique. Les coefficients prennent d'ailleurs des valeurs négatives dans le cas contraire, indiquant que la parenté entre deux individus de types génétiques différents est inférieure à la moyenne. De plus, si les hybridations étaient fréquentes, la courbe inter-type aurait dû également décroître significativement avec la distance entre paires d'individus (Ley & Hardy, 2013), ce qui n'est pas le cas ici. Leur cohabitation ne semble donc pas, à première vue, mettre en danger l'une des deux lignées. En résumé, on observe donc toujours des phénomènes d'hybridation mais ceux-ci restent rares. Probablement que l'écart du pic de floraison de près de deux mois limite les possibilités de croisements.

4.2 Caractères phénotypiques discriminants

4.2.1 Caractères morphologiques

Selon le dendrogramme obtenu par la méthode « mean » (tous caractères morphologiques confondus), outre deux individus du type 2 se différenciant fortement du reste, (Figure 22), il est possible de former deux groupes morphologiques. L'un est composé presque exclusivement d'individus du type 2 et l'autre principalement d'individus du type 1. La séparation morphologique est donc loin d'être parfaite, ce qui n'est cependant pas étonnant pour des espèces cryptiques (Duminil & Di Michele, 2009). De plus, l'ajout de caractères floraux, ou de caractères descriptifs des fruits, aurait pu permettre une meilleure séparation (Duminil & Di Michele, 2009). Malheureusement, l'écart temporel du pic de floraison pour les deux types génétiques a empêché la collecte de fleurs pour le type 1 rendant la comparaison impossible dans le cadre de cette étude. Néanmoins, d'après les résultats du regroupement bayésien, l'Herbarium de Wageningen possède quelques planches d'herbier d'individus du type 1 avec des fleurs (individus OH Annexe 5). Sur ces fleurs séchées, les couleurs ne pourront pas

être caractérisées (sauf si mentionnée sur les étiquettes d'herbier), mais les autres caractères de la fiche botanique relatifs aux fleurs (Annexe 1), pourraient être comparés avec les données prises lors de la mission de terrain pour les individus de type 2 qui étaient en fleurs. Des photos de deux planches d'individus du type 2 et de deux planches de l'herbarium de Wageningen d'individus du type 1 portant des fleurs se trouvent en Annexe 11.

D'après les ordinations mixtes, ce sont les caractères du tronc qui permettent la meilleure séparation des deux types (Figure 23 et Figure 24). Ceci se confirme au vu des coefficients des fonctions linéaires discriminantes. Alors que les caractères quantitatifs du tronc obtiennent des valeurs absolues très faibles (Annexe 7), les rapports longueur sur largeur des folioles ont un poids important dans la détermination du type sur base de la morphologie des feuilles (Annexe 8). Mais ces derniers ne sont pas significativement différents entre les deux types (Tableau 9 et 10). Il semblerait donc que la séparation morphologique des feuilles par l'analyse discriminante ne soit pas suffisamment robuste. L'aspect de l'écorce semble par contre être un critère robuste pour distinguer les deux types. Ceci correspond à ce qui avait été évoqué par le personnel de PALLISCO et lors de la précédente étude sur les deux types génétiques (Donkpegan, 2017). Cette supposition est précisée par l'analyse discriminante : le type 1 a une écorce plus lisse avec des bourrelets horizontaux tandis que le type 2 porte des crêtes sinueuses parallèles et/ou des plaques irrégulières (Figure 37). L'écorce du type 1 peut également présenter des crêtes sinueuses parallèles mais seulement à la base du tronc. Cette situation est similaire à celle de *Guibourtia ehie*, espèce où deux pools génétiques distincts ont également été découverts. Le premier, présent en Afrique de l'ouest, présenterait des taches blanches sur le tronc et aurait des écoulements de copal bien plus abondants que son homologue d'Afrique centrale. En revanche, les différences au niveau des feuilles semblent moins évidentes à déceler (communication personnelle, Félicien Tosso).



Figure 37: Différences morphologiques identifiées entre les deux types d'*A. bipindensis* au niveau de l'écorce

Les différences significatives au niveau de la hauteur des contreforts et de l'épaisseur de la tranche ne constituent pas des critères irrévocables car ces variables sont également fortement corrélées au diamètre des individus. En effet, les caractéristiques dendrométriques (hauteur, diamètre) diffèrent entre les clusters mais cela pourrait être simplement lié à leur âge. Une étude à plus grande échelle se justifie sur ces deux types génétiques. Un seul caractère morphologique se voit donc validé dans cette étude. Toutefois, il a pour avantages d'être visible depuis le sous-bois même à une distance certaine et de ne pas susciter le débat. Si la distinction des deux types reposait uniquement sur une couleur ou une intensité d'odeur, l'identification sur le terrain serait plus ardue. Il est néanmoins impératif de poursuivre les recherches, en particulier au niveau des fleurs et des fruits, afin d'obtenir des descriptions plus précises des deux types. Il faudrait aussi étendre l'étude à d'autres régions géographiques car la morphologie pourrait varier en fonction des conditions

environnementales. Le faible taux de germination n'a pas permis d'établir de différence morphologique au niveau des plantules des deux types. Des analyses à partir d'un nombre plus important de graines, ou sur des graines conservées dans d'autres conditions, devraient donc être répétées.

4.2.2 Différence de composition chimique

Les résultats des analyses par spectroscopie dans le proche infrarouge indiquent qu'il existe bien une différence de composition chimique des folioles entre les deux types génétiques. C'est principalement le pic d'absorbance à 1940 nm qui permettrait au modèle de discriminer efficacement les deux types. Dans cette gamme de longueur d'onde, associée à des transitions de niveau vibrationnel des liaisons OH, la valeur d'absorbance est en moyenne supérieure pour le type 2. L'écart au niveau de cette valeur de longueur d'onde ne peut être attribué à l'eau car les conditions de séchage étaient similaires pour les planches des deux types. Cet écart ne pourrait pas non plus être associé au décalage phénologique ou des différences d'exposition des feuilles à la lumière. Trois individus en fleurs du type 2, dont les feuilles avaient été prélevées au sommet de la cime par les grimpeurs, ont été soumis au test et leur spectre moyen d'absorption n'étaient pas différenciables de ceux des folioles prélevées dans le bas de la couronne d'individus du type 2 qui n'étaient pas encore en floraison.

Au vu des images de prédiction, la nervure des individus du type 1 est souvent classée dans la mauvaise catégorie (Figure 30). Ceci pourrait indiquer que le limbe des folioles du type 2 est plus riche en un composé présent en plus grande concentration dans les nervures. Les nervures sont naturellement plus concentrées en lignine que le limbe car elles comportent du sclérenchyme, c'est-à-dire des cellules mortes dont la membrane secondaire est lignifiée pour servir de tissus de soutien, imperméabiliser et permettre la bonne circulation de l'eau dans les vaisseaux (Hopkins, 2003 ; Wertz, 2010). Les différences spectrales et l'efficacité du modèle prédictif, pourraient donc être liées à une concentration plus élevée en lignine dans le limbe des folioles du type 2. Pour vérifier cette hypothèse, des tests en laboratoire seraient envisageables afin de quantifier la lignine présente dans les parois des cellules des folioles. Une des méthodes possible consiste à hydrolyser tous les composés phénoliques des parois cellulaires puis de les solubiliser dans de l'acétate d'éthyle. Ensuite, un complexe coloré est formé avec la lignine par l'ajout d'acide thioglycolique. Le complexe précipité, peut être collecté puis redissout dans du NaOH pour ensuite déduire la concentration par mesure de l'absorbance à 340 nm (Schenk & Schikora, 2015). Une teneur plus importante en lignine dans les folioles des individus du type 2 semble néanmoins constituer, à première vue, une supposition contre-intuitive du point de vue écologique car une plus grande concentration en lignine induit un rapport C/N plus important dans la litière ce qui est caractéristique des plantes poussant sur des sols plus acides à turn-over plus lent (Frontier *et al.*, 2008). Or, les individus du type 2 poussent préférentiellement sur des sols où le rapport C/N est plus faible et où la quantité de matière organique est moindre par rapport aux sols où poussent les individus du type 1 (Figure 35). Cependant, *A. bipindensis* est une espèce de la famille des *Leguminosae*, connue pour bénéficier d'apport en azote atmosphérique grâce à leur symbiose avec des bactéries du genre *Rhizobium*. L'azote ne constitue donc pas un élément limitant pour leur croissance (Allen & Allen, 1981).

Ces résultats sont également intéressants pour une autre raison. Aucune différence morphologique foliaire n'ayant pu être démontrée, la spectroscopie dans le proche IR pourrait à l'avenir permettre de différencier les deux types sans avoir recours aux analyses génétiques. Utiliser cette méthode plutôt que les analyses génétiques augmenterait considérablement la vitesse d'identification et réduirait les coûts. Le temps d'analyse serait considérablement diminué et aucun réactif ne serait plus nécessaire. Cependant, le modèle devrait alors être amélioré en complétant la base de données avec un nombre important de spectres d'absorption provenant de nouveaux

échantillons de référence, afin d'inclure un maximum de variabilité par type génétique, et ainsi obtenir un modèle avec une plus grande efficacité de prédiction (Shenk & Westerhaus, 1991). En effet, ce modèle n'a été calibré que sur une foliole de chaque type ce qui est extrêmement faible. Il est d'ailleurs étonnant qu'il ait permis d'obtenir un pourcentage si élevé de bonnes prédictions lors de la validation.

4.3 Différenciation écologique

Un positionnement différent entre strates de végétation a été observé entre les individus des deux types génétiques (Figure 34). Les individus du type 1 étaient généralement moins exposés à la lumière directe que les individus du type 2. Bien entendu, l'exposition de la couronne est liée à la stature de l'arbre et l'échantillonnage n'étant pas homogène au niveau de la structure diamétrique des deux types, la différence de distribution des indices de Dawkins est loin d'être suffisante pour prouver une différence de tempérament. Cependant, l'étude de la structure des populations dans une autre parcelle (4 km²) à PALLISCO donnait des distributions en adéquation avec ces résultats (Figure 4). Le type 2 présentait plus d'individus de gros diamètre et les individus du type 1 semblaient mieux se régénérer sous couvert et être donc plus tolérants à l'ombrage. Ces suppositions ne pourraient être vérifiées qu'en faisant des comparaisons de croissance et de mortalité de plantules soumises à des conditions de luminosité différentes. On pourrait, par exemple, prélever des graines de 3 provenances géographiques par type génétique et les placer aléatoirement sous plusieurs ombrières où le pourcentage de luminosité irait de 1% à 100% passant par une valeur intermédiaire de 43% (Biwolé, 2015).

Une différence significative au niveau de l'axe 1 de l'ACP des variables pédologiques et topographiques a été trouvée (Figure 35). Les individus du type 1, plus rares au Cameroun, sont associés à des sols plus acides en bordure de cours d'eau. Le type 1 est plus courant que le type 2 au Gabon (Figure 38), pays où les forêts sont plus sempervirentes et les précipitations plus abondantes induisant une lixiviation plus importante des sols et donc une quantité moindre de cations basiques résiduels (Martin, 1982). Ce type génétique pourrait avoir une écologie plus semblable à celle de *Lophira alata* (Azobé) préférant les sols humides bien drainés. Cela expliquerait cette disposition en bordure de cours d'eau dans les zones géographiques où les saisons sèches sont plus longues (Biwolé, 2011). Cette distribution géographique des deux clusters fait également penser à celles d'espèces sœurs d'*Erythrophleum* : *E. ivorensis* et *E. suaveolens*. Une datation du dernier ancêtre commun à ces deux espèces a permis d'établir le lien entre leur spéciation et les grandes variations de surfaces forestières induites par les oscillations climatiques du Pléistocène (Gorel, 2015). Les deux types génétiques d'*A. bipindensis* auraient pu subir une spéciation allopatrique durant cette même période et être entrés à nouveau en contact par après. Pour valider cette hypothèse, il serait intéressant de dater la séparation des deux groupes.

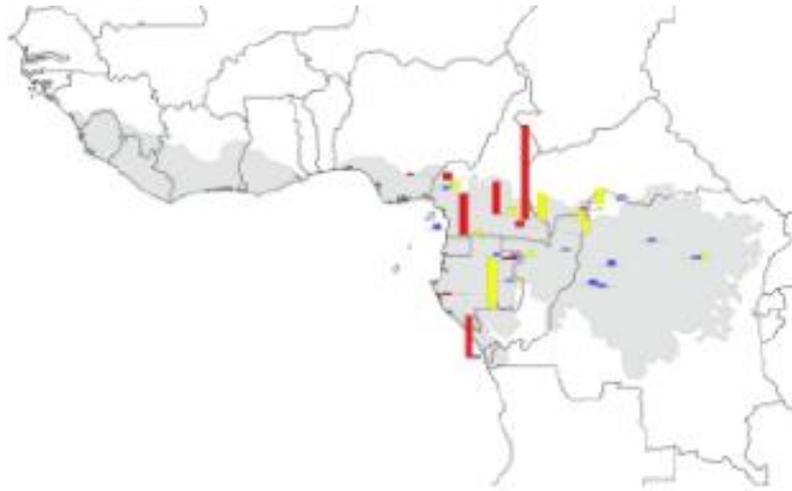


Figure 38: Distribution des deux types génétiques d'*A. bipindensis* en Afrique centrale, type 1 en jaune, type 2 en rouge (Donkpegan, 2017)

Les variables utilisées dans l'ACP ne sont toutefois pas totalement indépendantes car elles dépendent de la situation géographique. Or, puisque les individus se reproduisent essentiellement intra-type, ils pourraient rester cantonnés à certaines zones où l'altitude et l'hydrographie sont contrastées sans pour autant prouver l'existence de niches écologiques différenciées. C'est ce dont les résultats du test de randomisation toroïdal concernant l'altitude semblent témoigner. Néanmoins, même si la distribution des individus de chaque type n'est pas significativement liée à l'altitude, elle est peut-être liée à un des éléments quantifiés lors des analyses physico-chimiques des sols, les courbes des indices de Moran ne permettant pas de rejeter cette hypothèse (Figure 36). En effet, les distances où l'autocorrélation des variables d'intérêt entre échantillons devient nulle, sont faibles par rapport à la distance moyenne entre échantillons. On ne peut donc pas affirmer que ces variables sont significativement différentes entre types à cause d'un regroupement géographique des individus d'un même type. Ensuite, ces résultats pourraient être causés, non pas par une différenciation complète des niches écologiques, mais bien par une meilleure tolérance des individus du type 1 pour des sols plus pauvres. En effet, les deux types auraient pu développer des stratégies différentes où le type 2 serait plus héliophile et à croissance plus rapide. Il aurait donc besoin d'un meilleur substrat, plus riche en cations basiques, que les individus du type 1 qui pourraient se contenter de conditions pédologiques moins favorables. Pour vérifier une telle hypothèse, des relevés complémentaires, à une plus grande échelle, seraient nécessaires. Il est d'autant plus important de décrire ces possibles différences car elles pourraient influencer les propriétés du bois notamment au niveau de la densité et de la couleur (Segla *et al.*, 2014).

5. Conclusion et perspectives

Plusieurs éléments dans cette étude pourraient mener à réviser la taxonomie du genre *Afzelia*. Des différences génétiques et phénologiques avaient déjà été démontrées avant le commencement de ce travail par des analyses bayésiennes et des suivis phénologiques. Les résultats semblent attester que les phénomènes d'hybridation sont peu courants entre les deux types génétiques et la fertilité des hybrides n'a pas été vérifiée. L'écorce des deux types a un aspect différent et l'étude des spectres d'absorption dans le proche infrarouge démontrent une différence de concentration en un composé contenant des liaisons OH dans le limbe des folioles. Des différences écologiques sont également probables mais d'autres études devraient être menées pour pouvoir l'affirmer de manière irrévocable.

Plusieurs pistes peuvent être avancées pour des recherches complémentaires :

1. Afin d'être complète, la caractérisation morphologique devrait être effectuée au niveau des organes reproducteurs et des fruits. Une différence au niveau des fleurs pourrait se traduire par des pollinisateurs différents (Van der Niet *et al.*, 2014) et donc induire des distances de pollinisations contrastées. In fine, l'ampleur des flux de gènes pourraient donc être différente entre les deux types. Une étude plus approfondie des feuilles au binoculaire devrait également être envisagée.
2. Les différences au niveau du bois de ces deux types génétiques commercialisés sous le même nom mériteraient d'être étudiées. Il est en effet possible que des différences telles celles entre le doussié rouge et le doussié blanc (*A. pachyloba*) existent (Lemmens *et al.*, 2008).
3. Il serait nécessaire d'étudier le tempérament des deux types puisque les histogrammes de structure de population et de positionnement dans les strates de végétation semblent varier localement en fonction du type génétique. Ces tests permettraient d'étudier correctement la morphologie des plantules par la même occasion.
4. Il faudrait vérifier la nature de la différence chimique des folioles et perfectionner le modèle prédictif en spectroscopie dans le proche IR pour permettre une identification plus rapide du type génétique.
5. Enfin, une étude écologique approfondie sur un nombre suffisant de parcelles permettrait de confirmer, le cas échéant, une différenciation des niches.

En termes de gestion et de conservation, il serait prématuré de faire des recommandations définitives. En effet, bien que le type 1 soit moins présent que l'autre type à PALLISCO, il est le type génétique majoritaire au Gabon. Il couvre une aire de distribution assez large, de l'ordre de 420 000 km². Il ne s'agit donc pas d'une espèce menacée si l'on considère les critères IUCN relatifs à la surface. De surcroît, sa régénération serait satisfaisante d'après sa structure de population. Enfin, le fait qu'il semble atteindre des dimensions moindre que l'autre type, laisse supposer le maintien d'un nombre important de semenciers après le passage de l'exploitation (le DME étant de 80cm pour les deux types).

Le type 2, dont la structure de population est en cloche, paraît moins bien se régénérer. Il conviendrait toutefois d'effectuer un suivi détaillé de la croissance et de la mortalité pour vérifier cette supposition. Il est donc recommandé que les dynamiques de population soient étudiées séparément pour chaque type génétique et qu'*A. bipindensis* soit repris parmi les espèces suivies dans le cadre des dispositifs DynAfFor (Forni *et al.*, 2015). Cette ségrégation des deux types devrait également être appliquée dans le cadre des opérations d'enrichissement et de reboisement. En effet, par mesure de précaution et en l'absence d'études complémentaires, il est souhaitable de planter le type 1 dans des conditions de moindre éclaircissement, par exemple en trouées d'abattage (Doucet *et al.*, 2016). Enfin,

afin d'avoir une meilleure caractérisation de la niche écologique, nous recommandons à PALLISCO de différencier les deux types lors de l'inventaire d'exploitation.

Bibliographie

- Aldehbiani, A. (2017) "Species Concept and Speciation." *Saudi Journal of Biological Sciences*, doi:10.1016/j.sjbs.
- Allegrini, C & Bastien, Y. (2011) *Vocabulaire forestier : écologie, gestion et conservation des espaces boisés*. Forêt privée française (610p).
- Allen, O.N. & Allen E. K. (1981) *The Leguminosae, a Source Book of Characteristics, Uses, and Nodulation*. Univ of Wisconsin Press
- Asseng Zé, A. & Rose, S. (2008) « Gestion durable des produits forestiers non ligneux dans la concession forestière de Pallisco. » Etude Pilote Sur Des Techniques D'exploitation Forestière (FAO)
- Bardat, J. (1998) « L'espèce : histoire d'une notion fondamentale ». *Sauve qui peut!*, Le courrier de l'environnement de l'Inra, 10. <http://www7.inra.fr/dpenv/bardas10.htm>.
- Bickford, D., Lohman, D., Navjot S., Meier, R., Winker, K., Ingram, K., et Das, I. (2007) « Cryptic species as a window on diversity and conservation ». *Trends in Ecology & Evolution* 22, n° 3: 148-55. doi:10.1016/j.tree.2006.11.004.
- Biwolé, A. B., Bourland, N., Daïnou, K., et Doucet, J-L. (2012) « Définition du profil écologique de l'azobé, *Lophira alata*, une espèce ligneuse africaine de grande importance : synthèse bibliographique et perspectives pour des recherches futures » *Biotechnologie, Agronomie, Société et Environnement*, 16 n°2:217. <http://popups.ulg.ac.be/1780-4507/index.php?id=8677>.
- Biwolé, A. B., Dainou, K., Fayolle, A., Hardy, O., Brostaux, Y., Coste, S., Delion, S., Lagarde Betti, J. et Doucet, J-L. (2015) « Light Response of Seedlings of a Central African Timber Tree Species, *Lophira Alata* (Ochnaceae), and the Definition of Light Requirements ». *Biotropica* 47, n° 6: 681-88. doi:10.1111/btp.12258.
- Brostaux, Y. (2017) *L'analyse discriminante avec R : principes et application*
- Calvet, R. (2003) *Le sol, propriétés et fonctions, tome 1 : Constitution et structure des sols, phénomènes aux interfaces*. Editions France Agricole.
- Campbell, N. & Reece, J. (2007) *Biologie*. 7^{ème} édition, Paris : Pearson Education France
- Cellule Inventaires et Aménagements de la société PALLISCO et l'ASBL Nature+ (2015), Résumé des plans d'aménagement et des directives FSC pour les UFA 10-030, 10-031, 10-039, 10-041, 10-042 et 10-044 exploitées par la société PALLISCO et ses partenaires Version 02
- Chessel, D., & Thioulouse, J. (2003) "Analyse de données spatialisées." *Fiche de biostatistique, Biométrie et Biologie Evolutive, Université Lyon1*.
- Chybicki, I.J. & Burczyk, J. (2009) « Simultaneous Estimation of Null Alleles and Inbreeding Coefficients ». *Journal of Heredity* 100, n° 1: 106–113, doi:10.1093/jhered/esn088
- CIRAD (2012) "Doussié" *Fiche détaillée tropix* <https://tropix.cirad.fr/FichiersComplementaires/FR/Afrique/DOUSSIE.pdf>
- Comai, L. (2005) "The Advantages and Disadvantages of Being Polyploid." *Nature Reviews. Genetics* 6, n°11: 836–46. doi:10.1038/nrg1711.

- Dajoz, R. (2012) *L'évolution biologique au XXIe siècle: les faits, les théories*. Lavoisier
- de la Estrella, M., Forest, F., Wieringa, J., Fougère-Danezan & M., Bruneau, A. (2017) « Insights on the evolutionary origin of Detarioideae, a clade of ecologically dominant tropical African trees », *New Phytologist* 214 n°4: 1722–1735. doi: 10.1111/nph.14523
- de Meeûs, T. (2017) *Initiation à la génétique des populations naturelles: Applications aux parasites et à leurs vecteurs*. IRD Éditions.
- Desgraupes, B. (2013). "Clustering indices". *University of Paris Ouest-Lab Modal'X* 1:34.
- Doelsch, E., Moussard, G. et Hervé Saint Macary, H. (2008) "Fractionation of tropical soilborne heavy metals—Comparison of two sequential extraction procedures" *Geoderma* 143: 168–179. doi:10.1016/j.geoderma.2007.10.027
- Donkpegan, A. (2017). *Histoire évolutive du complexe afzelia smith (leguminosae - caesalpinioideae) en Afrique tropicale*. (Thèse de doctorat, Université de Liège faculté de Gembloux Agro-BioTech)
- Donkpegan, A., Doucet, J-L., Dainou, K. et Hardy, O. (2015) « Microsatellite Development and Flow Cytometry in the African Tree Genus Afzelia (Fabaceae, Caesalpinioideae) Reveal a Polyploid Complex ». *Applications in Plant Sciences* 3, n° 1: 1400097. doi:10.3732/apps.1400097.
- Donkpegan, A., Doucet, J-L., Migliore, J., Duminil, J., Dainou, K., Piñeiro, R., Wieringa, J., Champluvier, D., et Hardy, O. (2017) "Evolution in African Tropical Trees Displaying Ploidy-Habitat Association: The Genus Afzelia (Leguminosae)." *Molecular Phylogenetics and Evolution* 107: 270–81. doi:10.1016/j.ympev.2016.11.004.
- Donkpegan, A., Hardy, O., Lejeune, P., Oumorou, M., Dainou, K. et Doucet, J-L. (2014) « Un complexe d'espèces d'Afzelia des forêts africaines d'intérêt économique et écologique (synthèse bibliographique) ». *Biotechnologie, agronomie, société et environnement* 18, n°2: 233-246. <http://popups.ulg.ac.be/1780-4507/index.php?id=11078>.
- Doucet, J. L., Dainou, K., Ligot, G., Ouédraogo, D. Y., Bourland, N., Ward, S. E., Tekam, P., Lagoute, P. et Fayolle, A. (2016). "Enrichment of Central African logged forests with high-value tree species: testing a new approach to regenerating degraded forests". *International Journal of Biodiversity Science, Ecosystem Services & Management* 12 n°1-2: 83-95.
- Doucet, J-L. (2003). *L'alliance délicate de la gestion forestière et de la biodiversité dans les forêts du centre du Gabon*. (Thèse de doctorat, Faculté universitaire des sciences agronomiques de Gembloux)
- Duminil, J., & Di Michele, M. (2009) « Plant species delimitation: A comparison of morphological and molecular markers ». *Plant Biosystems - An International Journal Dealing with all Aspects of Plant Biology* 143, n° 3: 528-42. doi:10.1080/11263500902722964.
- ESRI (2011). ArcGIS Desktop: Release 10. Redlands, CA: Environmental Systems Research Institute
- Evanno, G. Regnaut, S. Goudet, S. (2005) "Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study" *Molecular Ecology* 14, n°8: 2611–2620. doi: 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x
- Fish, L., Degreef, J., De Kesel, A., et Augiron, K (2004) *La préparation des échantillons d'herbier*. Jardin botanique national de Belgique.

- Forni, E., Dainou, K., Gourlet-Fleury, S., Bauwens, S., Loubota, G.J., Fayolle, A., Douh, C., Biwolé, A., Feycon, V., Bracke, C. et Doucet, J.L. (2015) "Rapport annuel - 2014 Projet DynAfFor" https://www.dynaffor.org/content/download/4179/31377/version/1/file/Rapport+annuel+2014_DynAfFor_vf.pdf
- Frontier, S., Pichod-Viale, D., Leprêtre, A., Davoult, D. et Luczak, C. (2008) *Ecosystèmes. Structure, fonctionnement, évolution* (p. 558). 4ème édition, Paris: Dunod
- Générmont, J. (1991) « Les mécanismes de la spéciation », *Med Sci (Paris)* 7, n° 6 : R1-R6. doi:10.4267/10608/4427
- Gill, B. A., Kondratieff, B. C., Casner, K. L., Encalada, A. C., Flecker, A. S., Gannon, D. G., Ghalambor, C. K. et al (2016) "Cryptic Species Diversity Reveals Biogeographic Support for the 'mountain Passes Are Higher in the Tropics' Hypothesis." *Proc. R. Soc. B* 283, n° 1832. doi:10.1098/rspb.2016.0553.
- Gillois, M., Chevalet, C., Thomas, D., et Dalriasso, T. (1981) "Isoestérasas chez le nématode *Heterodera* avenue. II. - Modélisation appliquée à la structure génétique de deux populations" *Revue Nématol* 4 n°1: 107-114
- Gorel, A-P., Fayolle, A. et Doucet, J-L. (2015) « Écologie et gestion des espèces multi-usages du genre *Erythrophleum* (Fabaceae-Caesalpinioideae) en Afrique (synthèse bibliographique) ». *Biotechnologie, Agronomie, Société et Environnement*, 19 n°4: 415-429. <http://popups.ulg.ac.be/1780-4507/index.php?id=12455>.
- Hardy, O. (2009) "Torocor 1.0 a program to assess the association between spatially autocorrelated variables using torus-translation tests, user's manual" *Evolutionary Biology and Ecology*, Université Libre de Bruxelles
- Hardy, O. (2016) "Population Genetics of Autopolyploids under a Mixed Mating Model and the Estimation of Selfing Rate." *Molecular Ecology Resources* 16, n°1: 103–17. doi:10.1111/1755-0998.12431.
- Hardy, O., & Vekemans, X. (2002) "SPAGeDi: A Versatile Computer Program to Analyse Spatial Genetic Structure at the Individual or Population Levels." *Molecular Ecology Notes* 2, n°4: 618–20. doi:10.1046/j.1471-8286.2002.00305.x.
- Hedrén, M. (2002) "Patterns of Allozyme and Morphological Differentiation in the *Carex Flava* Complex (Cyperaceae) in Fennoscandia." *Nordic Journal of Botany* 22, n°3: 257–301. doi:10.1111/j.1756-1051.2002.tb01373.x.
- Hervé, M. (2016) *Aide-mémoire de statistique appliquée à la biologie. Construire son étude et analyser les résultats à l'aide du logiciel R*. <http://cran.r-project.org/doc/contrib/Herve-Aide-memoire-statistique.pdf>.
- Hopkins, W.G. (2003) *Physiologie végétale*. Bruxelles : De Boeck Supérieur
- Institut National de la Statistique du Cameroun (INS). (2015), *Annuaire statistique du Cameroun, Edition 2015*, Chapitre 16: environnement- faune et forêt http://www.stat.cm/downloads/2016/annuaire2016/CHAPITRE16_ENVIRONNEMENT.pdf
- Jauzein, P. (1998) « Opinion sur l'espèce végétale, sa taxinomie et sa nomenclature ». *Sauve qui peut!*, Le courrier de l'environnement de l'Inra, 10. <http://www7.inra.fr/dpenv/jauzes10.htm>.

- Ladoh-Yemeda CF, Vandi D, Dibong SD, Mpondo Mpondo E, Wansi JD, Betti JL, Choula F, Ndongo Din et Tomedi EM. (2016) « Étude ethnobotanique des plantes médicinales commercialisées dans les marchés de la ville de Douala, Cameroun ». *J. appl. biosci.* 99:9450-9468.
- Lagache, L. (2012) *Hybridation et dynamique de la spéciation chez les chênes sessile (Quercus petraea) et pédonculé (Quercus robur)* (Thèse de doctorat, Université des Sciences et Technologies (Bordeaux 1), FRA). <http://prodinra.inra.fr/record/188126>
- Langlais, C & Ryckewaert, P. (2008) *Guide de la culture sous abri en zone tropicale humide*. QUAE (104p).
- Lecointre, G. et Le Guyader, H. (2001) *Classification Phylogénétique Du Vivant*. Paris : Belin.
- Legros, J-P. (2007) *Les grands sols du monde*. Lausanne : PPUR presses polytechniques.
- Lemmens, R.H.M.J., Louppe, D. & Oteng-Amoako, A.A. (2008) *Bois d'oeuvre 2*. PROTA.
- Léonard, J., & Doucet, J-L. (1996) "Description des plantules de quatre Caesalpiniacées africaines." *Bulletin du Jardin Botanique National de Belgique = Bulletin van de Nationale Plantentuin van België* 66. <http://orbi.ulg.ac.be/handle/2268/22429>.
- Letouzey, R. (1970). *Manuel de botanique forestiere: Afrique tropicale*.
- Ley, A. C. & Hardy, O. J. (2013) "Improving AFLP Analysis of Large-Scale Patterns of Genetic Variation – a Case Study with the Central African Lianas *Haumania* Spp (Marantaceae) Showing Interspecific Gene Flow." *Molecular Ecology* 22, n°7: 1984–97. doi:10.1111/mec.12214.
- Liu, J., Möller, M., Gao, L-M., Zhang, D-Q., et Li, D-Z. (2011) « DNA Barcoding for the Discrimination of Eurasian Yews (*Taxus L.*, Taxaceae) and the Discovery of Cryptic Species ». *Molecular Ecology Resources* 11, n° 1: 89-100. doi:10.1111/j.1755-0998.2010.02907.x.
- Loiselle, B. A., Sork, V. L., Nason, J., et Graham, C. (1995) "Spatial Genetic Structure of a Tropical Understory Shrub, *Psychotria Officinalis* (Rubiaceae)." *American Journal of Botany* 82, n° 11: 1420–25. doi:10.2307/2445869.
- Madelaine-Antin, C. (2009) *Dynamique des peuplements forestiers tropicaux hétérogènes : variabilité inter et intraspécifique de la croissance des arbres et trajectoires de développement en forêt dense humide sempervirente, dans les Ghâts occidentaux de l'Inde*. (Thèse de doctorat, Université Montpellier II - Sciences et Techniques du Languedoc). <https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-00454610/document>.
- Marchal, D. & Rondeux, J. (1995) "Comment mesurer la hauteur d'un arbre au moyen d'un dendromètre" *Fiche Technique n°1, Gestion et Economie forestières Faculté des Sciences agronomiques de Gembloux*. <http://www.gembloux.ulg.ac.be/gestion-des-ressources-forestieres/upload/Fiches%20techniques/N%C2%B01.pdf>
- Martin, D. (1982) "Les caractéristiques physico-chimiques des sols ferrallitiques du Woleu-Ntem (Gabon)." *Cnh. O.R.S.T.O.M., sér Pédol.*, 19 n° 2: 117-129.
- Meunier, Q., Moumbogou, C., et Doucet, J-L (2015). *Les arbres utiles du Gabon*. Presses Agronomiques de Gembloux.
- Orsini, L. & Remy, J.C. (1976) "Utilisation du chlorure de cobaltihexamine pour la détermination simultanée de la capacité d'échange et des bases échangeables des sols". *Sciences du sol, bulletin de l'AFES* 4, 269-279.

- Osborne, B.G. (2006) « Near-Infrared Spectroscopy in Food Analysis ». *Encyclopedia of Analytical Chemistry*. John Wiley & Sons, Ltd., doi:10.1002/9780470027318.a1018.
- PALLISCO (2007) « Doussié. » *Fiche essence. Réf. : P-CE-E-04 Version : 01* http://pallisco-cifm.com/download/Fiche_Doussie_v1.pdf
- Petit, S., Claessens, H., Ponette, Q., et Marchal, D. (2017) Le Fichier écologique des essences, version 2.0. Pensé comme un véritable outil d'aide à la décision pour les gestionnaires d'espaces forestiers et naturels. *Forêt Nature* 12.
- Pritchard J.K., Stephens M. et Donnelly P (2000) "Inference of population structure using multilocus genotype data". *Genetics* 155, 945– 959.
- Pritchard J.K., Wen W. et Falush D. (2010) *Documentation for Structure Software: Version 2.3*, p. 33. University of Chicago, Department of Human Genetics, Chicago, Illinois, USA
- R Core Team (2017). R A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>.
- Roggo, Y. (2010) *Spectroscopie Proche Infrarouge Pour L'Industrie Agroalimentaire*. Editions universitaires europeennes EUE.
- Schenk, S. T. & Schikora, A. (2015) "Lignin Extraction and Quantification, a Tool to Monitor Defense Reaction at the Plant Cell Wall Level." *Bio-protocol* 5 n°6: e1430. doi: 10.21769/BioProtoc.1430;
- Segla, K. N., Langbour, P., Chaix, G., Adjonou, K., Guibal, D., Kokou, K. et Kokutse, A. D. (2014). "Variation de la densité et la couleur du bois de *Pterocarpus erinaceus* (Poir) en fonction des conditions environnementales en Afrique de l'Ouest." Conférence Matériaux 2014 - Colloque Ecomatériau, Nov 2014, Montpellier, France. 2014, Collection ECOMATERIAU.
- Shenk, J. S., & Westerhaus, M. O. (1991) « Population Definition, Sample Selection, and Calibration Procedures for Near Infrared Reflectance Spectroscopy ». *Crop Science* 31, n° 2: 469-74. doi:10.2135/cropsci1991.0011183X003100020049x.
- Sun, D-W. (2009) *Infrared Spectroscopy for Food Quality Analysis and Control*. Academic Press.
- Szymańska, E, Saccenti, E, Smilde, A and Westerhuis, J. (2012) "Double-Check: Validation of Diagnostic Statistics for PLS-DA Models in Metabolomics Studies." *Metabolomics* 8, n° Suppl 1: 3–16. doi:10.1007/s11306-011-0330-3.
- Thornton, T., Tang, H., Hoffmann, T. J., Ochs-Balcom, H. M., Caan, B. J., et Risch, N. (2012) « Estimating Kinship in Admixed Populations ». *American Journal of Human Genetics* 91, n° 1: 122-38. doi:10.1016/j.ajhg.2012.05.024.
- Van der Niet, T., Peakall, R. et Johnson, S. (2014) "Pollinator-Driven Ecological Speciation in Plants: New Evidence and Future Perspectives." *Annals of Botany* 113, n°2: 199–212. doi:10.1093/aob/mct290.
- Wertz, J. L. (2010). "La lignine." *Rapport de synthèse, Document ValBiom-Gembloux AgroBio Tech*.
- Youngentob K., Zdenek C., et van Gorsel E. (2016) « A Simple and Effective Method to Collect Leaves and Seeds from Tall Trees ». *Methods in Ecology and Evolution* 7, n° 9: 1119-23. doi:10.1111/2041-210X.12554.

Annexes

Annexe 1: Fiche de description morphologique (illustrations : Letouzey, 1970)

N°	Fût			Base du fût		Ecorce		Tranche		
	section	hauteur (m)	dbh (1,3m)	type	Hauteur des contreforts (cm)	aspect	couleur	épaisseur (mm)	couleur	intensité odeur

N°	Feuilles				
	phylotaxie et type pétiole	longueur rachis (cm)	longueur pétiole (cm)	position dans l'arbre	points translucides ?

Folioles											
nbre	pillosité et couleur sup	pillosité et couleur inf	forme fol. du sommet	forme fol. de la base	marge	forme du sommet	base asymétrique?	limbe (cm)		pétiolule	
								long. X larg. Sommet	long. X larg. Base	tordu?	longueur (mm)

N°	Fleur											
	inflorescence		étamines		sépalés			pétale		longueur (mm)		
	type	nbre fleurs	couleur	nbre	aspect	pillosité et couleur	nbre	nbre	pillosité et couleur	pédoncule	pédicelle	réceptacle

Bouton (fleur non-épanouie)		fruits (si présents)	
pétales	sépales	position	L X I

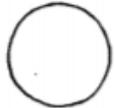
Section : 103. Section circulaire 104. Section avec méplats 105. Section cannelée ou étoilée 106. Section bosselée

Hauteur: mesure par un dendromètre Blume Leiss

Base du fût type: 92. Tronc à base cylindrique, 93. Tronc à base épaissie ou conique, 94. Tronc à base avec pattes ou bourrelets, 95. Contreforts à direction droite, 96. Contreforts à direction sinueuse

Base du fût hauteur: uniquement si non cylindrique

Aspect écorce : 108. Lisses, 109. Fissurées, 110. Rugueuses, 111. Tavelées, 112. Lenticellées, 113. Avec bourrelets horizontaux, 114. Crevassées longitudinalement, 115. Dessin analogue à un filet étiré, 116. Se détachant en lanières minces, 117. A écailles ou plaques rectangulaires, 118. A écailles ou plaques irrégulières, 119. A écailles ou plaques circulaires, 120. Crêtes sinueuses parallèles
Couleur: code de Munsell
Intensité odeur: échelle de 1 à 5
Phylotaxie et type pétiole : 1. alternes et paripennées, 2. alternes et imparipennées + 198. pétiole cylindrique 199. Pétiole renflé, 200. Pétiole canaliculé ou sillonné
Position de la feuille dans l'arbre: 1. base de la couronne, 2. milieu de la couronne, 3. haut de la couronne
Pilosité et couleur: A. glabre, B. pubescent + 1. brillant ou 2. mate + code de Munsell
Forme des folioles : 4. Oblongue, 5. Elliptique, 6. Lancéolée, 7. Ovale, 8. Obvale, 9. Oblancéolée 17. Falciforme
Marge: 177. Feuille entière, 178-1. Marge ondulée ou sinueuse, 178-2. Marge crénelée, 178-3. Marge crénelée, 178-4. Marge dentée avec dents droites
Forme du sommet des folioles: 187. pas d'acumen, 188-1. Acumen à pointe effilée, 188-2. Acumen à pointe aiguë, 188-3. Acumen à pointe obtuse ou arrondie, 188-4. Acumen à pointe tronquée, 188-5. Acumen à pointe rétuse, 188-6. Acumen à pointe émarginée
Couleur: 1. brillant, 2. mate + code de Munsell
Type d'inflorescence: 318. Grappe ou racème, 319. Epi, 323. Corymbe, 326. ombelle, 335. Axes et fleurs alternes, 336. Axes et fleurs opposés
Aspect des sépales : 4. Oblongue, 5. Elliptique, 6. Lancéolée, 7. Ovale, 8. Obvale, 9. Oblancéolée 17. Falciforme + A. soudées, B. libres
Pilosité : A. glabre, B. pubescent
Fruit position: 1. dans l'arbre, 2. au sol



103

103. Section circulaire



104

104. Section avec méplats



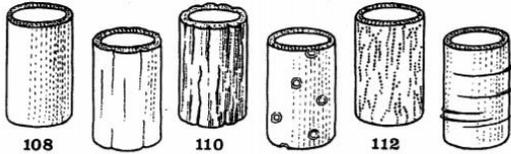
105

105. Section cannelée ou étoilée



106

106. Section bosselée



108

109

110

111

112

113

108. Lisses

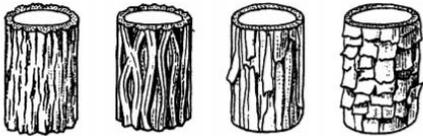
109. Fissurées

110. Rugueuses

111. Tavelées

112. Lenticellées

113. Avec bourrelets horizontaux



114

115

116

117

114. Crevassées longitudinalement

115. Dessin analogue à un filet étiré

116. Se détachant en lanières minces

117. A écailles ou plaques rectangulaires



118

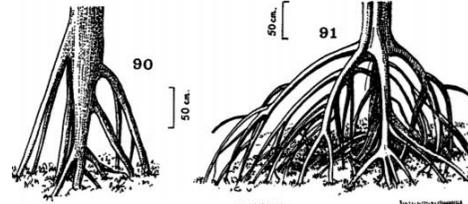
119

120

118. A écailles ou plaques irrégulières

119. A écailles ou plaques circulaires

120. Crêtes sinueuses parallèles



90

50 cm

50 cm

91

90. Racines-échasses simples à trajet droit

91. Racines-échasses ramifiées à trajet arqué



92

50 cm

93

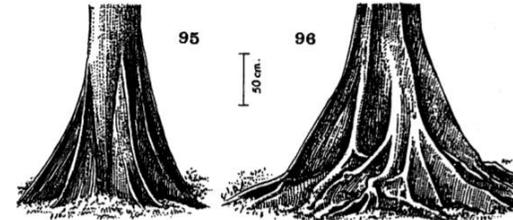
50 cm

94

92. Tronc à base cylindrique

93. Tronc à base épaissie ou conique

94. Tronc à base avec pattes ou bourrelets



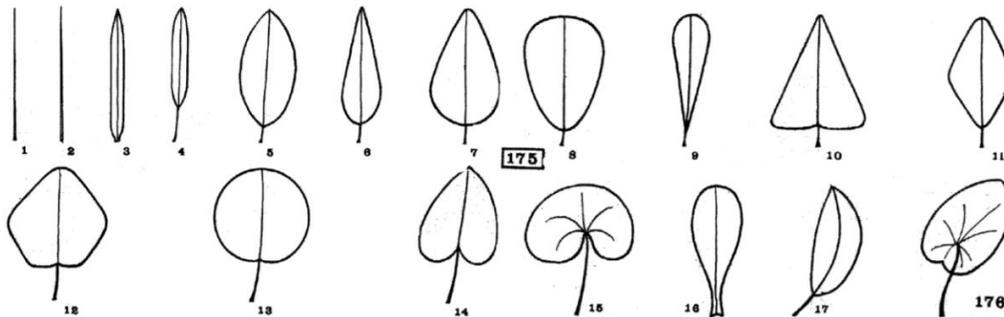
95

50 cm

96

95. Contreforts à direction droite

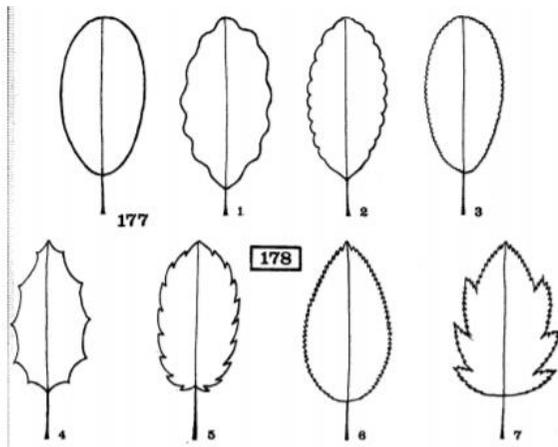
96. Contreforts à direction sinueuse



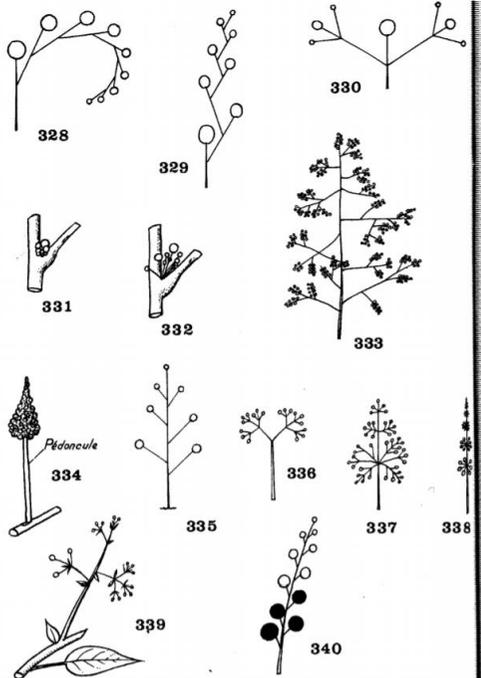
1. Filiforme 5. Elliptique 9. Oblancéolée 13. Circulaire 17. Falciforme
 2. Linéaire 6. Lancéolée 10. Triangulaire 14. Cordiforme 18. Peltée
 3. Rubanée 7. Ovale 11. Losangique 15. Réniforme
 4. Oblongue 8. Obovale 12. Pentagonale 16. Spatulée



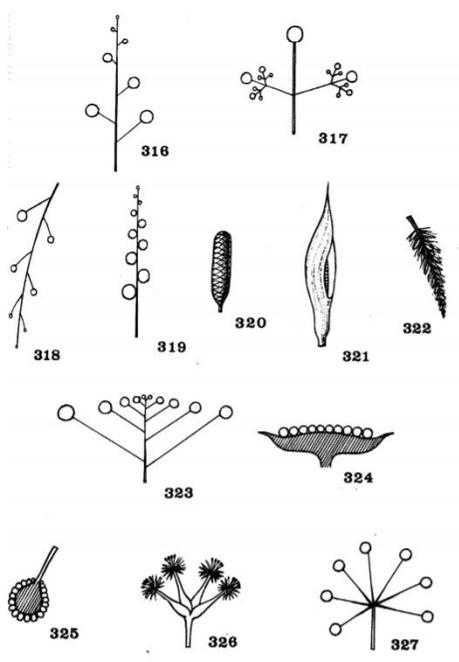
- 188-1.** Acumen à pointe effilée
188-2. Acumen à pointe aiguë
188-3. Acumen à pointe obtuse ou arrondie
188-4. Acumen à pointe tronquée
188-5. Acumen à pointe rétuse
188-6. Acumen à pointe émarginée



- 177.** Feuille entière
178. Bord du limbe incisé ou découpé
178-1. Marge ondulée ou sinueuse
178-2. Marge crénelée
178-3. Marge crénelée
178-4. Marge dentée avec dents droites
178-5. Marge dentée avec dents obliques
178-6. Marge denticulée, à petites dents
178-7. Marge doublement dentée



- 328. Cyme scorpioïde
- 329. Cyme hélicoïde
- 330. Cyme bipare
- 331. Glomérule
- 332. Fascicule
- 333. Panicule
- 334. Pédoncule
- 335. Axes et fleurs alternes
- 336. Axes et fleurs opposés
- 337. Axes et fleurs verticillés
- 338. Fleurs verticillées
- 339. Bractéoles
- 340. Fleurs (cercles) et fruits (ronds noirs)



- 316. Inflorescence indéfinie
- 317. Inflorescence définie
- 318. Grappe ou racème
- 319. Epi
- 320. Spadice
- 321. Spathe
- 322. Chaton
- 323. Corymbe
- 324. Capitule
- 325. Inflorescence en boule
- 326. Ombelle avec fleurs également rayonnantes en extrémité d'une hampe
- 327. Ombelle avec rameaux portant à leur tour des fleurs

Annexe 2: Fiche écologique

N°	Coordonnées		Situation topographique	Code Dawkins
	X	Y		

Situation topographique: A - haut de pente ou plateau, B - Bas de pente ou Replat / axe drainant, C - plaine alluviale ou fond de vallée

Code Dawkins: classe 1- couronne non exposée à lumière directe, classe 2 - couronne exposée exclusivement latéralement à de la lumière directe, classe 3 - couronne en partie exposée verticalement à de la lumière directe, classe 4 - couronne totalement exposée verticalement mais ombragée par des couronnes adjacentes, engendrant un angle d'exposition inférieur à 90°, classe 5 – arbre émergent dont la couronne est exposée dans un cône de 90° autour de la base de la couronne

Annexe 3: Protocole des analyses génétiques

Extraction

- Peser environ 20mg d'échantillon par individu

1. Homogénéiser les échantillons

Après la pesée, centrifuger les plaques à 5600g pendant 1 minute pour tasser le contenu des tubes et éviter d'éventuelles contaminations.

5600 g = 5600 RCF = ~6845 RPM

Ôter les caps et les déposer sur du papier absorbant propre afin de les réutiliser.

A l'aide du distributeur de billes 96 puits, déposer les billes de 3mm dans les deux plaques. Bien refermer les tubes à l'aide des caps.

Mettre les plaques sans couvercle dans l'adaptateur en métal pour le broyeur.

Baigner les 2 plaques une dizaine de secondes l'azote liquide.

Insérer les plaques avec adaptateurs dans le broyeur et lancer pendant 1 minute à 19-20Hz. Changer les plaques d'orientation et relancer à nouveau 1 minute à 19Hz.

Centrifuger les plaques 5 minutes à 5600g. Ranger le matériel pour les billes.

2. Lyse des échantillons avec le tampon PL1

Préparer la solution de lyse RNase + PL1 en mélangeant 500µL de PL1 avec 10µL de RNase pour chaque puits.

Mélanger dans 3 tubes Corning/Falcon, 35mL de tampon PL1 + 0.7mL

Enlever les caps des tubes et les jeter. Verser la solution de lyse dans la barquette puis distribuer 510 µL/puit dans les plaques à l'aide de la micropipette multicanaux.

Fermer les tubes avec les nouveaux caps et secouer vigoureusement les plaques.

Mettre au bain-marie à 65°C pendant 30 à 45 minutes. Toutes les 10-15minutes, remettre les caps et agiter les plaques.

Après la lyse au bain marie, régler ce-dernier à 70°C et préparer un aliquot de ~25mL de tampon PE à préchauffer.

Numéroter les nouvelles plaques + colonnes.

Une fois la lyse terminée, centrifuger les plaques 20 minutes à 5600g et à 4°C .

3. Prélèvement d'ADN et adhésion à la binding plate

Sous la hotte.

Dans une nouvelle plaque MN Square well Block, pré-distribuer 450µL de tampon PC à l'aide de la micropipette multicanaux. Prélever 400µL du surnageant des tubes précédemment centrifugé et mélanger avec le tampon PC en pipetant 3-4 fois.

A l'aide de la micropipette multicanaux, transférer le mélange surnageant + tampon PC (~850µL) sur une Binding plate (avec membrane de silice) posé sur une nouvelle MN Square well Block

Placer un film de protection (Gas-permeable Foil) sur la Binding plate.

Centrifuger 5 minutes à 5600g à température ambiante.

Vider la plaque MN Square well Block dans flacon « déchets solvants chlorés », et la remettre sous la Binding plate.

4. Nettoyage de la binding plate

Sous la hotte.

Distribuer 400µL/puit de tampon PW1 sur la Binding plate.

Placer un film de protection et centrifuger 2 minutes à 5600g à température ambiante.

Vider la plaque MN Square well Block.

Distribuer 700µL/puit de tampon PW2. Placer un film de protection et centrifuger 2 minutes à 5600g à température ambiante.

Vider la plaque MN Square well Block.

Une nouvelle fois, distribuer 700µL/puit de tampon PW2. Placer un film de protection et centrifuger 5 minutes à 5600g à température ambiante pour bien sécher la membrane des résidus d'éthanol.

Vider la plaque MN Square well Block.

Ajouter 100µL (ou 2 x 50µL) de tampon PE préchauffé à 70°C bien au milieu des colonnes directement sur la membrane sans abimé celle-ci. Placer un film de protection et laisser incuber 5 à 10 minutes à l'étuve à 60°C (optionnel).

Centrifuger 3 minutes à 5600g à température ambiante.

Fermer les tubes et mettre les plaques au congélateur.

PCR

Mix 1

PCR MIX	Per sample	Master-Mix	Nr loci
		110	4
H ₂ O	5,15	484	
Multiplex mix	7,5	825	
10x Primer Mix [1.5]			
Primer F (10µM)	0,1	11	44
Primer R (10µM)	0,15	16,5	66
Primer Q1 (10µM)	0,15	16,5	
Primer Q2 (10µM)	0,15	16,5	
Primer Q3 (10µM)	0	0	
Primer Q4 (10µM)	0,15	16,5	
DNA	1,50		
Volume Total	15		
Master mix per well	13,35	13,35	

concentration finale : - Primer F : 0.07 µM - Primer R + Q* : 0.2 µM

PCR PROGRAMME

	° C	Temps	
Premelt	95	5 min	
Denature	95	30 sec	20x
Annealing	57	90 sec	
Extension	72	30 sec	
Denature	94	30 sec	8x
Annealing	53	45 sec	
Extension	72	45 sec	
Final Extension	60	30 min	

Mix1	Size
R9-48_Q4	150-171
R9-19_Q2	109-118
R9-61_Q2	196-234
R9-65_Q1	207-214

Mix 2

PCR MIX	Per sample	Master-Mix	Nr loci
		110	7
H ₂ O	5,15	401,5	
Type it	7,5	825	
10x Primer Mix [1.5]			
Primer F (10µM)	0,1	11	77
Primer R (10µM)	0,15	16,5	115,5
Primer Q1 (10µM)	0,15	16,5	
Primer Q2 (10µM)	0,15	16,5	
Primer Q3 (10µM)	0,15	16,5	
Primer Q4 (10µM)	0,15	16,5	
DNA	1,50		
Volume Total	15		
Master mix per well	13,5	13,5	

PCR PROGRAMME

	° C	Temps	
Premelt	95	5 min	
Denature	95	30 sec	22x
Annealing	57	90 sec	
Extension	72	30 sec	
Denature	94	30 sec	8x
Annealing	53	45 sec	
Extension	72	45 sec	
Final Extension	60	30 min	

concentration

finale : - Primer F : 0.07 µM - Primer R + Q* : 0.2 µM

Mix2	Size
R9-01_Q1	84-120
R9-73_Q1	225-230
R9-07_Q4	107-118
R9-51_Q2	149-180
R9-54_Q4	184-211 (241?)
R9-60_Q2	183-245
R9-53_Q3	170-210

Génotypage

Dans chaque puit :

- 12µL Hidi formamide
- 0,8µL RadiantDye 500
- 1 µL produit PCR

Annexe 4: Fiche de description morphologique des plantules

N°	date relevé	date germi	Cotylédons				Longueur			
			position	couleur	rapport L/l (cm)	Aspect	Epicotyle	Hypocotyle	pétiole	rachis

Pilosité				premières feuilles							Collet
nœuds	folioles face sup	folioles face inf	cotylédons	nb folioles	phyllotaxie	forme folioles sommet	forme folioles base	Forme du sommet des folioles	pétiolule tordu?	points translucides?	pourvu d'appendices?

Position cotylédons: 1. épigés, 2. hypogés

Aspect cotylédons: peu charnus à très charnus, échelle de 1 à 4

Pilosité: A. glabre, B. pubescent

Phyllotaxie: A. opposées, B. Alternes

Forme des folioles : 4. Oblongue, 5. Elliptique, 6. Lancéolée, 7. Ovale, 8. Obvale, 9. Oblancéolée 17. Falciforme

Forme du sommet des folioles: 187. pas d'acumen, 188-1. Acumen à pointe effilée, 188-2. Acumen à pointe aiguë, 188-3. Acumen à pointe obtuse ou arrondie, 188-4. Acumen à pointe tronquée, 188-5. Acumen à pointe rétuse, 188-6. Acumen à pointe émarginée

Annexe 5: détail des résultats de l'analyse bayésienne

Label	k1	k2	Type
DS117pl	0.995	0.005	1
DS256	0.994	0.006	1
DS78pl	0.994	0.006	1
DS172	0.991	0.009	1
DS78	0.991	0.009	1
DS81	0.991	0.009	1
FA10	0.991	0.009	1
QE23	0.990	0.010	1
DS79	0.988	0.012	1
OH6676	0.988	0.012	1
DS140	0.987	0.013	1
DS210pl	0.984	0.016	1
FA07	0.984	0.016	1
OH6685	0.984	0.016	1
DS73	0.983	0.017	1
OH6686	0.983	0.017	1
FA06	0.976	0.024	1
DS192	0.973	0.027	1
DS108	0.967	0.033	1
DS89	0.965	0.035	1
DS146	0.963	0.037	1
DS210	0.961	0.039	1
DS198	0.959	0.041	1
DS156	0.953	0.047	1
DS117	0.946	0.054	1
OH6682	0.944	0.056	1
QE57	0.943	0.057	1
QE55	0.941	0.059	1
DS83	0.940	0.060	1
OH6678	0.926	0.074	1
OH6688	0.904	0.096	1
QE58	0.840	0.160	1
DS176	0.826	0.174	1
DS190	0.813	0.187	1
DS162pl	0.748	0.252	1
DS173	0.676	0.324	3
DS193pl	0.594	0.406	3
DS143	0.382	0.618	3
DS191	0.362	0.638	3
QE28	0.327	0.673	3

DS204	0.308	0.692	3
DC06	0.178	0.822	2
DC13	0.170	0.830	2
OH6674	0.169	0.831	2
QE87	0.168	0.832	2
DS158	0.158	0.842	2
DC18	0.157	0.843	2
OH6687	0.134	0.866	2
FA03	0.107	0.893	2
DS202	0.085	0.915	2
DS161	0.077	0.923	2
QE61	0.060	0.940	2
DS213	0.053	0.947	2
DS141	0.049	0.951	2
QE82	0.043	0.957	2
QE74	0.042	0.958	2
DS71	0.041	0.959	2
DS142	0.039	0.961	2
QE45	0.037	0.963	2
QE36	0.036	0.964	2
DS227	0.035	0.965	2
DS229	0.035	0.965	2
QE80	0.034	0.966	2
DS211	0.033	0.967	2
QE51	0.033	0.967	2
DS151	0.032	0.968	2
DS162	0.032	0.968	2
QE20	0.032	0.968	2
QE21	0.032	0.968	2
DS214	0.029	0.971	2
QE65	0.029	0.971	2
DS125	0.028	0.972	2
DS205	0.028	0.972	2
QE29	0.028	0.972	2
DS203	0.026	0.974	2
QE32	0.024	0.976	2
DS175	0.023	0.977	2
QE54	0.023	0.977	2
DS126	0.022	0.978	2
QE26	0.022	0.978	2
DS209	0.021	0.979	2
QE43	0.021	0.979	2

QE68	0.021	0.979	2
DS174	0.020	0.980	2
DS217	0.020	0.980	2
FA09	0.020	0.980	2
QE46	0.017	0.983	2
QE48	0.017	0.983	2
QE70	0.017	0.983	2
DS133	0.016	0.984	2
QE17	0.015	0.985	2
QE42	0.015	0.985	2
QE56	0.015	0.985	2
QE69	0.015	0.985	2
DS01	0.014	0.986	2
DS194	0.014	0.986	2
DS230	0.014	0.986	2
QE49	0.014	0.986	2
DS100	0.013	0.987	2
DS154	0.013	0.987	2
DS160	0.013	0.987	2
DS77	0.013	0.987	2
FA01	0.013	0.987	2
QE47	0.013	0.987	2
DS107	0.012	0.988	2
DS82	0.012	0.988	2
DS99	0.012	0.988	2
QE38	0.012	0.988	2
QE62	0.012	0.988	2
DS218	0.011	0.989	2
DS224	0.011	0.989	2
QE50	0.011	0.989	2
QE59	0.011	0.989	2
QE64	0.011	0.989	2
QE75	0.011	0.989	2
DS135	0.010	0.990	2
DS171	0.010	0.990	2
DS207	0.010	0.990	2
DS215	0.010	0.990	2
QE40	0.010	0.990	2
QE71	0.010	0.990	2
QE78	0.010	0.990	2
QE81	0.010	0.990	2
QE85	0.010	0.990	2

DS04	0.009	0.991	2
DS139	0.009	0.991	2
DS149	0.009	0.991	2
DS164	0.009	0.991	2
DS165	0.009	0.991	2
DS184	0.009	0.991	2
DS188	0.009	0.991	2
DS206	0.009	0.991	2
DS221	0.009	0.991	2
DS225	0.009	0.991	2
DS75	0.009	0.991	2
QE52	0.009	0.991	2
QE60	0.009	0.991	2
DS119	0.008	0.992	2
DS134	0.008	0.992	2
DS197	0.008	0.992	2
DS199	0.008	0.992	2
DS228	0.008	0.992	2
DS97	0.008	0.992	2
DS98	0.008	0.992	2
QE18	0.008	0.992	2
QE44	0.008	0.992	2
QE67	0.008	0.992	2
DS116	0.007	0.993	2
DS124	0.007	0.993	2
DS131	0.007	0.993	2
DS138	0.007	0.993	2
DS155	0.007	0.993	2
DS166	0.007	0.993	2
DS182	0.007	0.993	2
DS220	0.007	0.993	2
DS223	0.007	0.993	2
DS232	0.007	0.993	2
DS68	0.007	0.993	2
DS76	0.007	0.993	2
QE66	0.007	0.993	2
QE79	0.007	0.993	2
DS103	0.006	0.994	2
DS112	0.006	0.994	2
DS113	0.006	0.994	2
DS114	0.006	0.994	2
DS129	0.006	0.994	2

DS163	0.006	0.994	2
DS178	0.006	0.994	2
DS178	0.006	0.994	2
DS189	0.006	0.994	2
DS201	0.006	0.994	2
DS226	0.006	0.994	2
DS231	0.006	0.994	2
QE19	0.006	0.994	2
QE22	0.006	0.994	2
QE33	0.006	0.994	2
QE37	0.006	0.994	2
QE41	0.006	0.994	2
QE63	0.006	0.994	2
QE72	0.006	0.994	2
QE83	0.006	0.994	2
DS127	0.005	0.995	2
DS193	0.005	0.995	2
DS200	0.005	0.995	2
DS212	0.005	0.995	2
DS216	0.005	0.995	2
DS234	0.005	0.995	2
DS67	0.005	0.995	2
QE16	0.005	0.995	2
QE24	0.005	0.995	2
QE25	0.005	0.995	2
QE27	0.005	0.995	2
QE34	0.005	0.995	2
QE35	0.005	0.995	2
QE39	0.005	0.995	2
QE53	0.005	0.995	2
QE73	0.005	0.995	2
QE76	0.005	0.995	2
QE77	0.005	0.995	2
DS106	0.004	0.996	2
DS128	0.004	0.996	2
DS132	0.004	0.996	2
DS137	0.004	0.996	2
DS183	0.004	0.996	2
DS186	0.004	0.996	2
DS219	0.004	0.996	2
DS222	0.004	0.996	2
DS233	0.004	0.996	2

DS70	0.004	0.996	2
DS72	0.004	0.996	2
QE30	0.004	0.996	2
QE31	0.004	0.996	2
QE84	0.004	0.996	2
QE86	0.004	0.996	2

Annexe 6: Matrice de données morphologiques

ID	type	section	base	h_base	aspect_ecorce	coul_ecorce	ep_tranche	coul_tranche	odeur_tranche	phylotaxie	type_petiole	l_petiole	l_rachis	nbre	coul_sup_fe	coul_inf_fe	forme_fol_som	forme_fol_base	acumen	base_asym	rap_long_larg_som	rap_long_larg_base	l_petiolule
DS08	1	104	95	100	lionsplaques	jaune_kaki	15	jaune_pale	4	1	200	2,1	11,8	12	ert_jaune_fond	ert_jaune_clai	obo	ov	188-2	oui	1,9	1,6	4
DS108	1	104	93	30	tavho	jaune_pale	7	jaune_pale	4	1	200	3,9	16,2	11	ert_jaune_fond	vert_gris_clair	obofalc	ovfalc	188-2	oui	2,0	1,8	8
DS117	1	104	92	0	ho	jaune_pale	5	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS140	1	103	94	25	ho	brun_pale	7	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS146	1	105	94	27	sillonstav	brun_pale	13	jaune_pale	4	1	200	4,4	12,1	9	ert_gris_fonc	ert_gris_clair	obofalc	ov	188-2	oui	2,4	1,8	6
DS156	1	103	94	40	fissures	brun_gris	9	jaune_pale	4	1	198	3,4	14,5	11	NA	NA	ellfalcobo	ov	188-1	non	2,9	2,1	4
DS172	1	103	94	30	fissures	brun_orange	7	jaune_pale	3	NA	NA	NA	NA	NA	ert_jaune_fond	ert_jaune_clai	NA	NA	188-2	oui	NA	NA	6
DS176	1	104	94	15	ho	brun_pale	11	rose_pale	4	1	200	3,4	13,7	11	ert_jaune_clai	ert_jaune_clai	obofalc	ovfalc	188-2	oui	2,2	1,8	6
DS190	1	106	95	60	fissures	brun_pale	9	jaune_pale	4	1	198	NA	NA	12	ert_gris_fonc	ert_jaune_clai	obofalc	ov	188-2	oui	2,4	NA	5
DS192	1	103	92	0	ho	jaune_pale	4	jaune_pale	4	1	200	3,3	18,6	12	ert_jaune_fonc	ert_gris_clair	obofalc	ovfalc	188-2	oui	2,2	1,5	6
DS198	1	103	94	30	sillonsho	brun_pale	8	jaune_pale	4	1	200	1,9	9,1	11	ert_jaune_fonc	ert_gris_clair	falc	ovfalc	188-2	oui	2,5	2,2	5
DS210	1	103	94	55	sillonshotav	brun_gris	14	jaune_pale	4	1	200	3,4	15,7	14	ert_gris_fonc	ert_gris_clair	ellfalcobo	ovfalc	188-2	oui	2,1	1,6	6
DS40	1	104	95	110	fissures	brun_pale	10	jaune_pale	4	1	198	2,3	12	14	ert_gris_fonc	ert_jaune_clai	ellfalcobl	ovfalc	188-2	oui	3,0	2,1	5
DS43	1	103	92	0	ho	brun_pale	4	jaune_pale	4	1	200	4,8	22	12	ert_jaune_fonc	ert_gris_clair	obofalc	ovfalc	188-2	oui	2,7	2,2	5
DS73	1	104	93	10	tavho	brun_pale	6	jaune_pale	4	1	200	3,5	13,9	10	ert_gris_fonc	ert_gris_clair	ellobo	ovfalc	188-2	oui	2,3	2,0	6
DS78	1	104	95	220	sillons	jaune_pale	18	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS79	1	103	94	20	ho	jaune_pale	5	jaune_pale	3	1	200	4,4	13,5	11	ert_jaune_fonc	ert_jaune_clai	ellobolanc	ov	188-2	oui	2,1	1,9	7
DS81	1	103	92	0	fissures	jaune_pale	5	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS83	1	106	94	35	ho	jaune_pale	13	jaune_pale	4	1	200	2,4	12,5	11	ert_gris_clair	ert_gris_clair	ellfalc	ov	188-2	non	2,5	1,7	5
DS89	1	103	92	0	fissures	jaune_pale	5	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS256	1	104	92	0	ho	brun_pale	5	jaune_pale	4	1	200	2,9	12,9	12	ert_jaune_clai	ert_jaune_clai	obo	ovfalc	NA	oui	2,1	2,0	5
FA10	1	104	93	35	tavho	brun_gris	6	jaune_pale	4	1	198	2,6	21,8	15	ert_jaune_fonc	ert_jaune_gris_c	obofalc	ovfalc	188-2	oui	2,5	1,6	5
FA06	1	103	94	30	ho	brun_kaki	8	jaune_pale	4	1	198	4,5	15,5	10	ert_jaune_fonc	ert_jaune_clai	obofalc	ovfalc	188-2	oui	3,0	2,4	5
FA07	1	103	92	0	ho	brun_pale	16	jaune_pale	4	1	200	2,8	14,8	12	ert_jaune_fonc	ert_gris_clair	obofalc	ovfalc	188-3	oui	2,3	1,7	5
DS100	2	103	92	0	lisse	jaune_pale	3	jaune_pale	3	1	200	3,7	18,5	9	ert_gris_fonc	ert_gris_clair	ellobo	ellov	188-2	oui	2,3	1,8	5
DS134	2	104	95	165	sillonsplaques	brun_pale	12	jaune_pale	4	1	200	2,5	17,8	15	ert_jaune_fonc	ert_gris_clair	obo	ov	188-2	oui	2,1	1,7	4
DS135	2	104	95	90	sillonsplaques	brun_gris	7	jaune_pale	4	1	198	3,4	18,1	11	NA	NA	ell	ov	188-2	oui	2,2	2,0	7
DS141	2	106	95	130	sillonsplaques	brun_pale	18	jaune_pale	4	1	200	2,1	14,1	10	ert_jaune_fonc	ert_gris_clair	ellfalc	ovfalc	188-2	oui	2,1	1,6	6
DS151	2	104	94	42	sillons	jaune_pale	9	jaune_pale	4	2	200	2,2	19,3	13	ert_gris_clair	ert_gris_clair	obofalc	ovfalc	188-2	oui	2,6	2,1	6
DS154	2	103	94	33	sillonsplaques	brun_pale	10	jaune_pale	4	1	200	3,7	18,9	12,5	ert_gris_clair	ert_gris_clair	ell	ellov	188-2	oui	2,1	1,9	6
DS155	2	104	92	0	sillons	brun_fonce	12	rose_pale	3	1	198	2,6	NA	NA	ert_jaune_fonc	ert_jaune_clai	ell	NA	NA	non	NA	NA	5
DS160	2	103	95	70	sillons	brun_rouge	14	jaune_pale	3	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS161	2	104	92	0	sillons	brun_fonce	10	jaune_pale	3	1	200	3,1	12,65	10	ert_jaune_fonc	ert_jaune_clai	ellanc	ov	188-2	oui	2,6	2,0	8
DS162	2	103	95	140	sillonsplaques	brun_pale	14	jaune_pale	4	1	200	2	13,5	10	ert_gris_fonc	ert_gris_clair	ell	ellov	188-2	oui	2,3	1,8	6
DS166	2	103	92	0	plaques	brun_gris	6	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS17	2	104	95	140	sillonsplaques	brun_jaune	17	jaune_pale	4	1	200	3,8	25,5	12	ert_jaune_fonc	ert_gris_clair	ellobl	ovfalc	188-2	oui	2,8	2,0	7

DS171	2	103	92	0	fissures	jaune_pale	4	jaune_pale	4	1	200	3,7	24	13	ert_jaune_clair	vert_gris_clair	ell	ellov	188-2	oui	NA	NA	6
DS174	2	103	92	0	fissures	brun_jaune	7	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS18	2	103	95	130	sillonsplaques	brun_pale	10	jaune_pale	4	1	200	3,9	24,1	12	ert_jaune_fonc	vert_gris_clair	ellfalcobo	ov	188-2	non	2,8	2,2	7
DS19	2	103	95	200	sillons	brun_fonce	10	jaune_pale	4	1	200	2,2	11,1	12	ert_jaune_fonc	vert_gris_clair	ell	ellov	188-2	non	2,1	1,8	5
DS193	2	104	95	190	sillonsplaques	brun_jaune	10	jaune_pale	4	1	200	2,2	13,3	11	ert_gris_fonc	vert_gris_clair	ell	ov	188-2	oui	1,9	1,9	5
DS194	2	104	95	175	sillonsplaques	brun_gris	10	jaune_pale	4	1	198	1,9	11	11	ert_gris_fonc	vert_gris_clair	ellfalcoboobl	ovfalc	188-2	oui	2,6	2,0	6
DS197	2	103	92	0	fissures	brun_pale	5	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS199	2	103	95	100	sillonsplaques	brun_gris	10	jaune_pale	4	1	200	2,7	14,2	11	ert_gris_fonc	vert_gris_clair	ellfalc	ovfalc	188-2	oui	2,5	1,8	6
DS20	2	104	95	115	sillons	jaune_pale	11	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS202	2	103	95	115	sillons	brun_gris	17	jaune_pale	4	1	200	2,3	12,6	13	ert_jaune_clair	vert_gris_clair	ellfalc	ovfalc	188-2	oui	2,4	1,8	6
DS209	2	103	92	0	sillonsplaques	brun_kaki	13	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS211	2	104	94	65	sillonsplaques	brun_pale	18	jaune_pale	4	1	200	2,9	11,8	10	ert_jaune_clair	vert_gris_clair	ell	ov	188-2	oui	1,8	1,6	6
DS231	2	103	94	50	sillons	brun_pale	10	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS234	2	103	95	190	sillonsplaques	brun_pale	10	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS25	2	104	95	130	sillonsplaques	brun_orange	9	jaune_pale	4	1	200	3,3	24	15	ert_jaune_fonc	vert_gris_clair	ellfalc	ov	188-1	non	3,1	2,0	6
DS26	2	103	94	40	sillons	brun_fonce	12	jaune_pale	4	1	200	2,7	18,8	NA	NA	NA	ell	NA	188-2	oui	2,1	NA	6
DS27	2	103	95	220	sillons	brun_rouge	10	jaune_pale	4	1	200	3,2	15,5	12	ert_gris_fonc	vert_gris_clair	ell	ov	188-2	non	1,9	1,9	6
DS30	2	104	95	130	sillons	jaune_pale	15	jaune_pale	4	1	200	5,1	22,8	12	ert_jaune_fonc	ert_jaune_clair	ellfalc	ov	188-2	non	2,6	2,3	6
DS34	2	104	95	150	sillonsplaques	brun_pale	12	jaune_pale	4	1	200	2,7	15,5	11	ert_gris_fonc	vert_gris_clair	ellobo	ellov	188-2	non	2,0	2,0	6
DS35	2	104	95	160	sillonsplaques	brun_pale	9	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS38	2	104	95	125	sillonsplaques	brun_pale	12	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	ert_jaune_fonc	ert_jaune_clair	ell	NA	188-2	oui	1,9	1,9	5
DS44	2	104	94	40	fissures	brun_pale	7	jaune_pale	4	1	198	3,5	14,7	10	ert_jaune_fonc	vert_gris_clair	ellfalc	ellov	188-1	non	2,1	1,7	5
DS46	2	103	95	110	sillonsplaques	brun_jaune	9	jaune_pale	4	1	200	2,7	11,8	10	ert_jaune_fonc	vert_gris_clair	ell	ellov	188-2	oui	2,5	2,0	6
DS47	2	103	95	90	sillonsplaques	brun_pale	13	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS48	2	103	95	70	sillonsplaques	brun_rouge	9	jaune_pale	4	1	200	2,7	19,8	11	ert_jaune_clair	ert_jaune_clair	ellobo	ovfalc	188-3	oui	2,4	2,4	6
DS50	2	104	95	190	sillons	brun_pale	12	jaune_pale	4	1	200	2,7	17,7	12	ert_jaune_clair	vert_gris_clair	ellobo	ell	188-2	non	2,4	1,9	5
DS53	2	103	95	140	sillonsplaques	brun_fonce	10	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS59	2	103	95	170	sillonsplaques	brun_pale	11	jaune_pale	3	1	200	NA	NA	14	NA	NA	ellobo	ellov	188-2	non	NA	NA	5
DS75	2	103	94	60	sillonsplaques	jaune_pale	17	jaune_pale	4	1	200	2,7	14,2	11	ert_jaune_fonc	vert_gris_clair	ellfalc	ovfalc	188-2	oui	2,5	1,9	6
DS82	2	104	95	60	sillons	brun_fonce	15	jaune_pale	4	1	200	1,8	12,1	11	ert_jaune_fonc	vert_gris_clair	ellobo	ell	188-2	oui	2,0	2,1	5,5
DS97	2	103	94	35	sillonsplaques	brun_pale	12	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DS99	2	104	92	0	llonsplaques	brun_gris	10	jaune_pale	4	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA
DC06	2	103	95	110	sillonsplaques	brun_rouge	10	jaune_pale	4	1	200	2,3	16,1	10	ert_jaune_fonc	jaune_gris_c	ellobo	ov	188-2	non	2,1	1,8	5
DC13	2	104	95	80	sillonsplaques	brun_gris	12	jaune_pale	4	1	200	2,4	17	12	ert_jaune_fonc	ert_jaune_clair	ell	ov	188-2	oui	2,0	1,6	6
DC18	2	103	95	130	sillonsplaques	brun_rouge	13	jaune_pale	4	1	200	3	15,2	10	ert_jaune_fonc	vert_gris_clair	ellobo	ellov	188-2	non	2,1	1,8	6
FA01	2	103	95	75	sillons	brun_orange	8	jaune_pale	4	1	198	2	8,5	10	ert_jaune_fonc	ert_jaune_clair	ell	ov	188-2	non	3,0	1,8	3
FA03	2	103	92	0	fissures	brun_pale	3	jaune_pale	4	1	200	3,9	17,3	10	ert_jaune_fonc	vert_gris_clair	ell	ellov	188-1	oui	2,9	2,1	6
FA09	2	103	94	45	sillonsplaques	brun_fonce	7	jaune_pale	4	1	200	3,1	13	12	ert_gris_fonc	ert_gris_clair	obofalc	ov	188-2	oui	1,9	1,5	6
DS173	3	103	95	155	sillonstav	brun_pale	13	jaune_pale	3	2	200	3	NA	NA	ert_gris_fonc	ert_jaune_clair	ellobo	ov	188-2	non	2,2	1,7	6
DS191	3	104	95	125	ho	brun_pale	17	jaune_pale	3	1	198	2,8	15,9	12	ert_gris_fonc	ert_gris_clair	ell	ovfalc	188-2	oui	2,2	1,5	6

Annexe 7: Coefficients de la fonction linéaire discriminante des caractères du tronc

Section	Avec méplats	0,022
	Cannelée ou étoilée	-0,945
	Bosselée	0,188
Base du tronc	Epaissie ou conique	-1,411
	Bourrelet ou patte	-0,565
	Contreforts	-1,037
	Hauteur des contreforts	-0,005
Aspect de l'écorce	Bourrelets horizontaux	-2,245
	Lisse	3,348
	Plaques irrégulières	2,421
	Crêtes sinueuses parallèles	4,506
	Crêtes sinueuses parallèles et bourrelets horizontaux	-2,459
	Tavelée, bourrelets horizontaux et crêtes sinueuses parallèles	-1,339
	Plaques irrégulières et crêtes sinueuses parallèles	4,422
	Bourrelets horizontaux, plaques irrégulières et crêtes sinueuses parallèles	1,727
	Tavelée et crêtes sinueuses parallèles	-0,945
	Tavelée et bourrelets horizontaux	-1,411
Couleur de l'écorce	Brun grisâtre	0,350
	Brun jaunâtre	1,353
	Brun kaki	-0,775
	Brun orangé	-0,366
	Brun clair	0,637
	Brun rougeâtre	0,693
	Jaune pâle	-0,412
Tranche	Epaisseur	-0,117
	Couleur rose pâle	-0,252
	Intensité odeur	0,517

Annexe 8: Coefficients de la fonction linéaire discriminante des caractères foliaires

Petiole	Sillonné	-0,979
	Longueur	-1,780
Longueur rachis		0,335
Nombre		-0,316
Couleur supérieure des folioles	Vert grisâtre foncé	1,166
	Vert jaunâtre clair	2,501
	Vert jaunâtre foncé	1,466
Couleur inférieure des folioles	Vert jaunâtre clair	-1,480
	Vert jaune grisâtre clair	-2,117
Forme des folioles du sommet	Elliptiques à falciforme	0,463
	Elliptique à falciforme à obovale	-0,488
	Elliptique à lancéolée	1,715
	Elliptique à obovale	-0,902
	Falciforme	-3,659
	Obovale	-2,176
	Obovale à falciforme	-1,229
Forme des folioles de la base	Elliptique à ovale	1,487
	Ovale	1,481
	Ovale à falciforme	-0,789
Base des folioles	Asymétrique	0,453
Rapport L/l folioles du sommet		-1,365
Rapport L/l folioles de la base		3,232
Longueur du petiolule		0,005

Annexe 9: Résultats du modèle prédictif en spectroscopie dans le proche infrarouge

CODE	ID	TYP E	FACE	Pix ech	Pix Type 1	% Type 1	Pix Type 2	% Type 2	decisio n	Pred
'DQ170365-001-01.mat'	DS210	1	SUP	2202 5	2121 0	96,30	815	3,70	1	1
'DQ170365-001-02.mat'	DS210	1	INF	2171 2	1992 7	91,78	1785	8,22	1	1
'DQ170365-002-01.mat'	DS193	2	SUP	1957 2	390	1,99	1918 2	98,01	2	1
'DQ170365-002-02.mat'	DS193	2	INF	1985 3	242	1,22	1961 1	98,78	2	1
'DQ170365-004-01.mat'	DS82	2	SUP	2608 5	478	1,83	2560 7	98,17	2	1
'DQ170365-004-02.mat'	DS82	2	INF	2642 1	1445	5,47	2497 6	94,53	2	1
'DQ170365-005-01.mat'	DS44	2	SUP	3508 4	427	1,22	3465 7	98,78	2	1
'DQ170365-005-02.mat'	DS44	2	INF	3414 7	649	1,90	3349 8	98,10	2	1
'DQ170365-006-01.mat'	DS83	1	SUP	1678 7	1221 3	72,75	4574	27,25	1	1
'DQ170365-006-02.mat'	DS83	1	INF	1672 5	1338 6	80,04	3339	19,96	1	1
'DQ170365-007-01.mat'	DS43	1	SUP	2561 2	2481 5	96,89	797	3,11	1	1
'DQ170365-007-02.mat'	DS43	1	INF	2601 4	2508 0	96,41	934	3,59	1	1
'DQ170365-008-01.mat'	DS34	2	SUP	1658 6	2528	15,24	1405 8	84,76	2	1
'DQ170365-008-02.mat'	DS34	2	INF	1670 8	4177	25,00	1253 1	75,00	2	1
'DQ170365-009-01.mat'	DS154	2	SUP	2294 9	3681	16,04	1926 8	83,96	2	1
'DQ170365-009-02.mat'	DS154	2	INF	2271 0	1310 3	57,70	9607	42,30	1	0
'DQ170365-010-01.mat'	DS27	2	SUP	1440 9	289	2,01	1412 0	97,99	2	1
'DQ170365-010-02.mat'	DS27	2	INF	1459 6	441	3,02	1415 5	96,98	2	1
'DQ170365-011-01.mat'	FA9	2	SUP	1330 6	153	1,15	1315 3	98,85	2	1
'DQ170365-011-02.mat'	FA9	2	INF	1346 7	280	2,08	1318 7	97,92	2	1
'DQ170365-012-01.mat'	DS176	1	SUP	5025 5	3188 5	63,45	1837 0	36,55	1	1
'DQ170365-012-02.mat'	DS176	1	INF	5031 6	4039 7	80,29	9919	19,71	1	1
'DQ170365-013-01.mat'	DS08	1	SUP	1972 9	1751 2	88,76	2217	11,24	1	1

'DQ170365-013-02.mat'	DS08	1	INF	1959 9	1680 1	85,72	2798	14,28	1	1
'DQ170365-014-01.mat'	DS79	1	SUP	1886 4	1886 3	99,99	1	0,01	1	1
'DQ170365-014-02.mat'	DS79	1	INF	1903 3	1902 2	99,94	11	0,06	1	1
'DQ170365-015-01.mat'	DS192	1	SUP	3075 6	2446 1	79,53	6295	20,47	1	1
'DQ170365-016-01.mat'	DS141	2	SUP	2295 2	106	0,46	2284 6	99,54	2	1
'DQ170365-016-02.mat'	DS141	2	INF	2319 5	129	0,56	2306 6	99,44	2	1
'DQ170365-017-01.mat'	DS194	2	SUP	1709 0	3453	20,20	1363 7	79,80	2	1
'DQ170365-017-02.mat'	DS194	2	INF	1726 9	1982	11,48	1528 7	88,52	2	1
'DQ170365-018-01.mat'	DS18	2	SUP	3772 1	1006 9	26,69	2765 2	73,31	2	1
'DQ170365-018-02.mat'	DS18	2	INF	3781 7	283	0,75	3753 4	99,25	2	1
'DQ170365-019-01.mat'	DS211	2	SUP	2033 9	576	2,83	1976 3	97,17	2	1
'DQ170365-019-02.mat'	DS211	2	INF	2082 1	648	3,11	2017 3	96,89	2	1
'DQ170365-020-01.mat'	DS73	1	SUP	2449 9	2296 5	93,74	1534	6,26	1	1
'DQ170365-020-02.mat'	DS73	1	INF	2413 9	2201 6	91,21	2123	8,79	1	1
'DQ170365-021-01.mat'	DS190	1	SUP	1955 7	1815 9	92,85	1398	7,15	1	1
'DQ170365-021-02.mat'	DS190	1	INF	1947 4	1886 7	96,88	607	3,12	1	1
'DQ170365-022-01.mat'	DS146	1	SUP	2332 6	2052 0	87,97	2806	12,03	1	1
'DQ170365-022-02.mat'	DS146	1	INF	2339 3	2155 1	92,13	1842	7,87	1	1
'DQ170365-023-01.mat'	DS108	1	SUP	4500 8	1658	3,68	4335 0	96,32	2	0
'DQ170365-023-02.mat'	DS108	1	INF	4544 4	6460	14,22	3898 4	85,78	2	0
'DQ170365-024-01.mat'	DS100	2	SUP	5063 6	6517	12,87	4411 9	87,13	2	1
'DQ170365-024-02.mat'	DS100	2	INF	5075 0	1272 7	25,08	3802 3	74,92	2	1
'DQ170365-025-01.mat'	DS19	2	SUP	1907 0	320	1,68	1875 0	98,32	2	1
'DQ170365-025-02.mat'	DS19	2	INF	1928 4	27	0,14	1925 7	99,86	2	1
'DQ170365-026-01.mat'	DS50	2	SUP	1991 1	2540	12,76	1737 1	87,24	2	1

'DQ170365-026-02.mat'	DS50	2	INF	2006 6	1119	5,58	1894 7	94,42	2	1
'DQ170365-027-01.mat'	DS46	2	SUP	2290 6	78	0,34	2282 8	99,66	2	1
'DQ170365-027-02.mat'	DS46	2	INF	2314 5	101	0,44	2304 4	99,56	2	1
'DQ170365-028-01.mat'	DS40	1	SUP	9852	5959	60,49	3893	39,51	1	1
'DQ170365-028-02.mat'	DS40	1	INF	9978	5052	50,63	4926	49,37	1	1
'DQ170365-029-01.mat'	DS198	1	SUP	9941	9227	92,82	714	7,18	1	1
'DQ170365-029-02.mat'	DS198	1	INF	1040 6	9819	94,36	587	5,64	1	1
'DQ170365-030-01.mat'	FA6	1	SUP	2058 7	1918 6	93,19	1401	6,81	1	1
'DQ170365-030-02.mat'	FA6	1	INF	2055 0	1876 5	91,31	1785	8,69	1	1
'DQ170365-031-01.mat'	FA10	1	SUP	2267 2	2010 0	88,66	2572	11,34	1	1
'DQ170365-031-02.mat'	FA10	1	INF	2253 6	2144 6	95,16	1090	4,84	1	1
'DQ170365-032-01.mat'	DS151	2	SUP	1711 4	57	0,33	1705 7	99,67	2	1
'DQ170365-032-02.mat'	DS151	2	INF	1737 6	56	0,32	1732 0	99,68	2	1
'DQ170365-033-01.mat'	DS161	2	SUP	2733 3	2567 2	93,92	1661	6,08	1	0
'DQ170365-033-02.mat'	DS161	2	INF	2737 3	2005 8	73,28	7315	26,72	1	0
'DQ170365-034-01.mat'	FA7	1	SUP	1674 6	6494	38,78	1025 2	61,22	2	0
'DQ170365-034-02.mat'	FA7	1	INF	1679 1	1354 4	80,66	3247	19,34	1	1
'DQ170365-035-01.mat'	DS256	1	SUP	1347 1	1329 0	98,66	181	1,34	1	1
'DQ170365-035-02.mat'	DS256	1	INF	1343 5	1323 5	98,51	200	1,49	1	1
								nb bonne prediction		61
								nb tot		67
								% bonne prediction		91,04%

Annexe 10: Matrice de données des analyses de sol

	type	long	lat	alti	dist_eau	pH_H2O	pH_cohex	delta_pH	CE	CEC	MO	sable	limon	argile	Al	Ca	Fe	K	Mg	Mn	Mo	P	Zn	rapport_CN
DS40_1	1	347112	386233	734	216	4,43	3,67	0,76	52	1,77	5,8	62,6	8,9	28,5	107	63,8	0,05	46,11	28,78	18	0,03	0,3	0,49	10,48
DS73_1	1	345133	387381	705	0	4,24	3,46	0,78	55	4,95	9,5	46,1	8,8	45,1	341	35,1	0,16	32,13	31,77	1,3	0,06	0,34	0,4	11,09
DS78_1	1	345621	386511	718	138	4,28	3,18	1,1	65	3,98	10,5	44,2	8,7	47,1	345	60,6	0,83	63,76	34,5	0,6	0,07	0,26	2,16	13,07
DS79_1	1	345232	386352	718	180	4,07	3,34	0,73	91	4,48	8,3	44,4	9	46,5	311	57,2	0,5	74,29	27,23	5,1	0,06	0,15	1,38	11,28
DS83_1	1	345088	386645	705	195	3,56	2,99	0,57	213	6,06	15	44,3	11,4	44,3	542	20,7	41,8	68,38	18,43	2,7	0,1	1,03	0,7	14,03
DS89_1	1	345543	386511	708	87	4,19	3,38	0,81	72	3,22	11	39,7	9,4	51	316	28,4	0,68	51,77	34,53	2,7	0,07	0,26	1,65	11,06
DS108_1	1	345322	387224	701	154	4,03	3,34	0,69	96	3,7	9,9	51,2	5,7	43,1	312	41,7	2,18	42,04	28,36	9,8	0,06	0,2	1,18	13,53
DS117_1	1	347878	387742	712	180	4,24	3,46	0,78	90	3,05	11	39,4	9,2	51,4	276	49,3	0,05	36,95	24,82	5,6	0,06	0,15	0,86	11,80
DS140_1	1	345621	386852	732	376	3,98	3,4	0,58	118	3,41	10,7	40,5	7,5	52	282	32,3	0,06	53,85	18,41	1,8	0,07	0,2	0,92	10,96
DS156_1	1	345154	386130	722	44	4,26	3,26	1	50	2,54	10,1	45,9	7,1	47	345	13,9	0,84	32,94	13,62	0,5	0,08	0,19	1,52	11,72
DS172_1	1	345408	385631	724	539	4,12	3,45	0,67	67	3,47	7,3	46,9	7	46,2	300	29,1	0,05	53,22	19,89	6,1	0,05	0,28	5,48	10,65
DS176_1	1	345798	385846	711	111	3,66	3,25	0,41	180	4,35	8,8	44,6	6,7	48,7	340	16,9	0,38	14,98	8	0,6	0,08	0,09	0,88	12,37
DS190_1	1	345868	388479	706	207	4,02	3,24	0,78	98	3,71	13,7	43,1	6,7	50,2	354	50,5	2,49	72,72	36,17	2,8	0,07	0,19	0,56	12,61
DS198_1	1	347657	388450	707	31	4,19	3,53	0,66	73	1,73	12	23,5	7,9	68,6	230	17,2	0,05	41,76	15,05	0,4	0,06	0,35	0,54	12,03
DS210_1	1	347056	388211	733	361	4,24	3,44	0,8	68	1,16	7,8	49	7,6	43,4	215	75,3	1,95	55,16	33,52	1,7	0,05	0,33	0,68	10,33
DS19_2	2	346365	386439	736	393	4,44	3,58	0,86	60	1,7	7,9	45	9,2	45,9	181	99,4	0,05	73,44	43,62	5,9	0,05	0,24	1,28	10,94
DS27_2	2	346431	386261	742	463	4,34	3,57	0,77	65	1,72	5,9	54,5	10,3	35,3	161	54	0,05	49,7	29,41	6,3	0,04	0,26	1,79	11,16
DS35_2	2	346634	386112	740	279	4,13	3,37	0,76	74	4,3	8,8	50,5	8,8	40,7	291	44,1	6	67,38	31,42	5,1	0,06	0,55	0,62	11,37
DS47_2	2	347243	386594	741	278	5,01	3,83	1,18	42	3,41	8,1	48,8	7,7	43,5	38	463	0,05	55,95	93,44	12	0,04	0,38	0,47	11,61
DS53_2	2	347370	386074	751	406	4,8	3,75	1,05	78	3,91	9,1	49,6	15	35,4	67	506	0,05	80,74	127,1	14	0,05	0,68	0,62	10,89
DS59_2	2	346609	386270	735	278	4,26	3,46	0,8	121	3,62	9	42,5	10	47,5	200	220	10,6	123,54	76,27	15	0,07	0,6	0,55	11,28
DS75_2	2	345578	387362	728	402	4,29	3,62	0,67	81	2,17	6,7	54,5	6,9	38,7	172	51,4	0,05	40,96	19,29	3,3	0,05	0,16	0,32	9,59
DS99_2	2	347567	387626	716	322	4,15	3,47	0,68	72	3,15	9,8	38,5	9,8	51,7	260	20,1	0,05	29,93	13,27	0,8	0,06	0,16	0,57	11,45
DS100_2	2	346889	387630	732	345	4,57	3,57	1	58	1,84	8,4	48,8	11,2	40	218	19,7	0,05	27,16	12,52	0,3	0,06	0,19	0,5	10,47
DS134_2	2	345867	387651	716	341	4,2	3,42	0,78	60	3,6	7,3	49,6	6,2	44,2	256	29,1	4,07	44,39	20,61	3,3	0,06	0,47	0,5	10,89
DS155_2	2	345453	385977	735	345	4,04	3,31	0,73	90	2,95	10,3	46,7	5,5	47,8	311	65,4	1,74	54,79	23,5	1,5	0,06	0,35	0,97	12,69
DS166_2	2	345820	386157	712	31	4,16	3,28	0,88	59	4,44	11,5	37,5	7,1	55,4	380	22,3	1,1	36,22	27,77	0,4	0,07	0,19	0,36	12,38
DS194_2	2	345468	388417	712	555	4,36	3,55	0,81	79	2,85	8,6	51,8	4,6	43,6	131	107	0,05	68,57	48,26	10	0,04	0,3	0,54	10,78
DS211_2	2	346190	388226	710	62	4,21	3,32	0,89	86	3,15	10,2	46,1	7,4	46,5	261	118	2,37	65,94	47,7	5,7	0,06	0,37	1,56	11,49
DS231_2	2	346045	387943	695	93	3,93	3,34	0,59	119	2,4	11,3	44,3	8,6	47,1	383	59,1	0,73	59,83	26,18	4,5	0,07	0,35	0,72	11,44

Annexe 11: Photos de planches d'herbier portant des fleurs (A et B: planches d'herbier réalisées durant l'étude avec du matériel d'individus de type 2, C et D : planches d'herbier de Wageningen avec du matériel d'individus de type 1)



B



Leguminosae-Detarioideae

Afzelia bipindensis
Harms



Récolté par : Florence Allaer 48

ID individu : DS199

Type génétique : 2

Date de récolte : 23/03/17

Pays + localité : Cameroun, Région de l'Est, Mindourou (Pallisco)

Latitude : 388311

Longitude : 347103

Alt : 733 m

Zone UTM : 33N

Type de formation végétale : Zone de forêt dense humide semi-
sempervirente

Description : Arbre de 36m de haut pour un diamètre de 57cm à 30cm au-dessus des contreforts mesurant jusqu'à 1m de haut. L'écorce présente des crêtes sinueuses parallèles discrètes et se détache en plaques irrégulières. Les feuilles ont 5 à 6 paires de folioles. L'arbre portait des fleurs avec un pétale blanc taché de rose clair.

C

M. Le Testu
7806



HERBARIUM VADENSE (WAG)

7806 HERB. MUS. PARIS ex herbario
musci
parisiensis
Affelia bipindensis Ham
"arbre"
"La fleur a un grand étendard rouge-groselle"
"Roungassa sur Le Biyou, 24 Dec. 1929"
GABON M. G. LE TESTU (1929-1931)
Région de LASTOURSVILLE n° 9806 Reçu le 18 Avril 1932
© J. Floret 1997

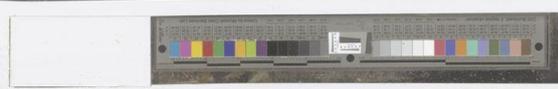
WAG.1638399



Nationaal Herbarium Nederland



WAG0102152



D



HERBARIUM VADENSE (WAG)

ex. herbario
musci
parisiensis
HERB. MUS. PARIS 9367
Azobolus bipindensis Ham
"standard rose"
"Araghè rose", 3 Nov. 1933"
GABON M. G. LE TESTU (1832-1934).
Région entre Ogooué et Cameroun n°9367 Reçu le 19 Mai 1936.
© J. F. Ham 1993

WAG 1639400

Nationaal Herbarium Nederland
WAG0102150

