

JEAN-FRANÇOIS ARNAUD¹, STEPHANE FENART¹, FREDERIC AUSTERLITZ² AND JOËL CUGUEN¹

¹Laboratoire de Génétique et Évolution des Populations Végétales, UMR CNRS 8016, FR CNRS 1818, Bâtiment SN2, Université des Sciences et Technologies de Lille – LILLE 1, F-59655 VILLENEUVE D'ASCQ CEDEX

²Laboratoire Écologie, Systématique et Évolution, UMR CNRS-UPS-ENGREF 8079, Bâtiment 360, Université Paris-Sud, F-91405 ORSAY CEDEX

Original language: French

LONG DISTANCE POLLEN-MEDIATED GENE FLOW AT A LANDSCAPE LEVEL: THE WEED BEET AS A CASE STUDY

Abstract

Gene flow is a crucial parameter that can affect the organisation of genetic diversity in plant species. It has important implications in term of conservation of genetic resources and of gene exchanges between crop to wild relatives and within crop species complex. In the *Beta vulgaris* complex, hybridisation between crop and wild beets in seed production areas is well documented and the role of the ensuing hybrids, weed beets, as bridges towards wild forms in sugar beet production areas have been shown. Indeed, in contrast to cultivated beets that are biannual, weed beets can bolt, flower and reproduce in the same crop season. Nonetheless, the extent of pollen gene dispersal through weedy lineages remains unknown. In this study, the focus is directed toward weed-to-weed gene flow and we report the results of a pollen dispersal analysis within an agricultural landscape composed of five sugar beet fields with different levels of infestation by weed beets. Our results, based on paternity analysis of 3240 progenies from 135 maternal plants using 10 microsatellites loci, clearly demonstrate that even if weedy plants are mostly pollinated by individuals from the same field, some mating events occur between weed beets situated several kilometres apart (up to 9.6km), with rates of inter-field detected paternities ranging from 11.3% to 17.5%. Moreover, we show that pollen flow appears to be more restricted when individuals are aggregated as most mating events occurred only for short distance classes. The best fit dispersal curves were fat-tailed geometric functions for populations exhibiting low densities of weed beets and thin-tailed Weibull function for fields with weed beet high densities. Thus, weed beets populations characterised by low density with geographically isolated individuals may be difficult to detect but are likely to act as pollen traps for pollen emitted by close and remote fields. Hence, it appears evident that inter-field pollen mediated gene flow between weed beets is almost unavoidable and could contribute to the diffusion of (trans)genes in the agricultural landscape.

FLUX DE GENES A LONGUE DISTANCE VIA LA DISPERSION POLLINIQUE: ETUDE DES BETTERAVES MAUVAISE-HERBE AU SEIN D'UN PAYSAGE AGRICOLE

Résumé

Les flux de gènes sont un des paramètres cruciaux affectant l'organisation de la diversité génétique chez les végétaux. En particulier, les échanges de gènes ont d'importantes implications en termes de conservation des ressources génétiques et d'intégrité génétique au sein des compartiments cultivés et sauvages chez les espèces d'intérêt agronomique majeur. Au sein du complexe d'espèce *Beta vulgaris*, des hybridations non désirées entre formes sauvages et cultivées ont été démontré dans les zones de production de semences. Les formes de betteraves mauvaises-herbes qui en résultent jouent alors un rôle de relais entre formes cultivées et sauvages via des flux de pollen et/ou de graines dans la zone de production de betteraves sucrières. En effet, contrairement aux formes de betteraves cultivées qui sont bisannuelles, les formes mauvaises-herbes peuvent monter à fleur et se reproduire durant la saison de culture. Toutefois, l'étendue des flux polliniques résultant de la formation de ces populations de betteraves mauvaise-herbe n'est absolument pas connue. Ce poster présente donc les résultats d'une analyse de la dispersion pollinique entre formes mauvaise-herbe et à l'échelle d'un paysage agronomique impliquant cinq champs de betteraves sucrières infestés par des formes mauvaise-herbe. Une analyse de paternité a été menée sur 3240 descendances provenant de 135 plantes-mères en utilisant un jeu de dix locus microsatellites. Les résultats indiquent

que même si la plupart des événements de pollinisation se font à l'intérieur d'un même champ, des flux de pollen à longue distance ont pu être répertoriés, certains donneurs de pollen pouvant être localisé à plusieurs kilomètres de distance (jusqu'à 9,6km). Le taux d'échange pollinique entre champs s'échelonne entre 11,3% et 17,5%. Par ailleurs, les flux de pollen sont plus réduits lorsque les betteraves mauvaise-herbe sont agrégées en patch denses d'individus car la plupart des événements de reproduction qui y sont détectés se font sur de faibles classes de distance. Par ailleurs, les courbes de dispersion polliniques s'ajustent sur une fonction géométrique à queue lourde pour les champs présentant de faible densité d'infestation de betteraves mauvaise-herbe, et sur une fonction de Weibull à queue courte pour les champs fortement infestés. Ainsi, les populations de betteraves mauvaise-herbe à faible densité sont difficiles à détecter mais jouent potentiellement le rôle de récepteur à pollen émis par des individus en provenance d'autres champs. Il apparaît donc évident que les flux de pollen entre betteraves mauvaise-herbe situées dans des champs différents sont inévitables et peuvent potentiellement contribuer à la diffusion de (trans)gènes à l'échelle d'un paysage agronomique.

GENFLUSS ÜBER GROSSE ENTFERNUNGEN VIA POLLEN AM BEISPIEL VON UNKRAUTRÜBEN IN DER AGRARLANDSCHAFT

Zusammenfassung

Genfluss ist ein entscheidender Parameter für die Strukturierung genetischer Vielfalt in Pflanzen. Er ist ein wichtiger Faktor sowohl hinsichtlich der Konservierung genetischer Ressourcen als auch bei Studien über Genaustausche zwischen Kulturpflanzen und ihren wildlebenden Verwandten. Innerhalb der Art *Beta vulgaris* finden unerwünschte Kreuzungen zwischen Kultur- und Wildformen in den Gebieten der Samenproduktion statt. Die daraus resultierenden Wild- oder Unkrautrüben repräsentieren in den Rüben-Anbaugebieten eine Art Relais (über Pollen oder Samen) zwischen Kultur- und Wildformen, da letztere im Gegensatz zu den zweijährigen Kulturformen innerhalb einer Vegetationsperiode blühen und Samen produzieren können. Das Ausmaß der Pollenfluktuationen als Folge des Auftretens der Wildkrautrüben ist praktisch unbekannt. Hier zeigen wir die Ergebnisse einer Pollenaustauschanalyse zwischen Wildkrautrüben aus 5 verschiedenen Zuckerrübenfeldern mit unterschiedlichen Kontaminierungsgraden innerhalb eines Anbaugebietes. 3240 Abkömmlinge von 115 weiblichen Pflanzen wurden mit Hilfe von 10 Mikrosatelliten-Markern auf ihre Pollenherkunft untersucht: Auch wenn der grösste Anteil des Pollenaustausches sich innerhalb eines Feldes abspielt, werden dennoch Bestäubungen über größere Entfernungen (bis 9,6 km) beobachtet. Der Anteil der Bestäubungen von Pflanzen aus anderen Feldern liegt zwischen 11,3 und 17,5%. Aufgrund der Favorisierung von kurzen Distanzen ist dieser Prozentsatz relativ geringer, wenn die Wildkrautrüben eine räumliche Konzentrierung zu Gruppen aufweisen. Eine geometrische Kurve der Pollenstreuung zeigt eine „fat-tail“ – Funktion für schwach kontaminierte und eine Weibull-Verteilung für stark kontaminierte Zuckerrübenfelder. Nach unseren Ergebnissen sind kleine Populationen von Wildkrautrüben in schwach kontaminierten Feldern – auch wenn schwer zu entdecken – potentielle Empfänger für Pollen von Individuen aus benachbarten Feldern. Genfluss über Pollen zwischen Wildkrautrüben aus verschiedenen Feldern scheint unvermeidbar und kann zur Verbreitung von (Trans-)Genen beitragen.