

Prise en compte de la structure phylogénétique des communautés dans l'inférence des paramètres de la théorie neutraliste de la biodiversité.

Contexte

Un nouveau champ de recherche baptisé « phylogénétique des communautés » vise à analyser la structure phylogénétique¹ des communautés écologiques pour détecter les effets de la compétition et du filtrage environnemental dans la coexistence locale des espèces (cf l'édition spéciale dans la revue *Ecology* « Integrating Phylogenies into Community Ecology », 2006 ou Webb et al., 2002 dans *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics* pour une introduction). L'idée sous-jacente est que des espèces ayant divergé récemment au cours de l'évolution ont plus de chance d'avoir des niches voisines, et donc d'avoir des besoins similaires, mais aussi d'être plus enclines à entrer en compétition pour les mêmes ressources. Ainsi, regarder comment les espèces en coexistence locale se répartissent au sein de la phylogénie du réservoir régional d'espèces (décrivant l'ensemble des espèces pouvant potentiellement immigrer au sein de cette communauté locale), peut en théorie informer sur les mécanismes à l'œuvre pour cette coexistence. Des statistiques pour explorer la structure phylogénétique des communautés ont été développées, pour tester si les assemblages d'espèces observés sont significativement différents de tirages au hasard dans le réservoir régional d'espèces. Mais leur interprétation reste problématique, car le résultat de ces tests sont influencés par le degré de conservatisme des niches au cours de l'évolution, et par l'échelle spatiale à laquelle ces procédures sont appliquées. Ainsi, une structure particulière observée peut être le résultat de plusieurs effets, et leurs rôles respectifs restent difficiles à quantifier.

Travail méthodologique réalisé

Une façon de résoudre ce problème est de formuler des modèles explicites de coexistence d'espèces et de les comparer entre eux suivant leur capacité à expliquer la réalité que l'on observe. Ce travail s'inscrit dans cette démarche : il s'agit de voir comment incorporer l'information sur la structure phylogénétique des communautés pour inférer la valeur des paramètres de la théorie neutraliste de la biodiversité de Hubbell (2001). Cette théorie postule que les espèces sont écologiquement

¹ Une phylogénie d'espèces désigne leurs liens de parenté. On la représente couramment par un arbre phylogénétique dans lequel la proximité des branches de cet arbre représente le degré de parenté entre les taxons, et les nœuds, leurs ancêtres communs.

équivalentes et que leurs abondances respectives résultent d'un équilibre entre immigration depuis le réservoir régional et extinction locale par stochasticité démographique. La structure locale de la diversité dépend alors de deux paramètres décrivant respectivement la diversité régionale et le taux d'immigration au sein de la communauté locale. Nous avons développé une nouvelle méthode d'inférence des paramètres neutralistes (diversité régionale et taux d'immigration locale) basée sur une simulation intensive d'échantillons, qui sont ensuite comparés aux échantillons réellement observés. Nous montrons dans cette étude que la prise en compte de l'information phylogénétique permet une inférence plus précise de la valeur des paramètres de la théorie neutraliste. Notamment, l'inférence des paramètres neutralistes uniquement à partir des abondances d'espèces conduit généralement à un « double pic de vraisemblance » : le premier correspondant à des valeurs de diversité régionale (resp. taux d'immigration) élevée (resp. faible) et le second correspondant à des valeurs de diversité régionale (resp. taux d'immigration) faible (resp. élevé). Cette situation n'est pas satisfaisante car elle signifie que deux interprétations de la réalité complètement différentes sont presque aussi vraisemblables. Notre nouvelle méthode permet de mieux discriminer ces deux pics, et donc potentiellement de résoudre ce problème.

Application biologique en forêt tropicale

L'application de cette méthode à des données de forêts tropicales suggère que la diversité régionale a été sous-estimée jusque-là par les méthodes d'estimation, et que la limitation par la dispersion en forêt tropicale pourrait être beaucoup plus importante (le pic sélectionné par les méthodes basées sur les abondances d'espèces ne serait pas le bon). Cependant, cette méthode nécessite une phylogénie complètement résolue des espèces en coexistence locale, une information non disponible actuellement. Nous avons donc utilisé des phylogénies incomplètes, résolues aléatoirement, ce qui ne permet pas de conclure de manière définitive. Des phylogénies complètement résolues sont en cours de développement pour les forêts tropicales Guyanaises dans notre laboratoire et devraient être disponibles d'ici la fin de l'année.

Perspectives

Notre méthode d'inférence est très flexible, et peut être généralisée à de multiples échantillons. Elle pourrait donc être utilisée pour paramétrer un modèle nul sur la structure phylogénétique des communautés, basé sur des propriétés génériques d'échantillons réels, et de voir ensuite en quoi la structuration fine observée dans ces échantillons est différente des attendues nulles. Cette méthodologie nouvelle en terme de phylogénétique des communautés est particulièrement attractive du fait qu'elle s'applique à des échantillons, et ne nécessite aucune information préalable sur le réservoir régional d'espèces. Par ailleurs, c'est le premier pas vers des modèles plus compliqués prenant en compte explicitement compétition et/ou filtrage par l'environnement.