

Capurodendron : une course contre la montre

Carlos Boluda
➤ Post-doctorant
UniGE

Camille Christe
➤ Assistante
scientifique

Yamama Naciri
➤ Conservatrice

Laurent Gautier
➤ Conservateur



Ci-dessus
Carlos Boluda à la Pointe
à Larrée (nord-est de
Madagascar) en février
2018

À droite
Cette petite goutte
contient le fruit de 18 mois
de travaux : l'information
génétique de 239 arbres
de Capurodendron

Les genres *Capurodendron*, *Tsebona* et *Bemangidia*, constituent un groupe de *Sapotaceae* (famille d'arbres tropicaux) endémiques de Madagascar, la tribu des *Tseboneae*. Contrairement aux deux autres qui ne contiennent à priori qu'une espèce, le genre *Capurodendron* est extrêmement riche, avec 26 espèces décrites mais un nombre supposé avoisinant les 40. Vraisemblablement originaires des forêts denses humides de la côte Est, ces espèces ont conquis la plupart des biomes, jusqu'aux climats subarides du sud-ouest.

Pour mieux connaître et protéger le genre *Capurodendron*, un projet a démarré aux CJBG en octobre 2016 avec un financement du FNRS. Il a pour but de réviser le genre à l'aide des outils morphologiques, anatomiques et génétiques, et d'aboutir à la publication des catégories de menace selon les critères IUCN pour chacune des espèces, qu'elles soient déjà décrites ou nouvelles pour la science. En effet, de multiples menaces pèsent sur *Capurodendron* : les arbres grandissent lentement et se caractérisent par un bois dur, très apprécié pour ses qualités en charpenterie et en construction. Poussant dans les forêts primaires, il est l'objet de coupes illégales dans les réserves lorsque les autres essences précieuses, telles le bois de rose et les palisandres (*Dalbergia*), ou l'ébène (*Diospyros*), ont tous été coupés. Ainsi, trois nouvelles espèces que nous avons décrites en 2018 ont d'ores et déjà été évaluées comme étant en danger critique d'extinction.

Une course contre la montre a donc commencé pour décrire ces espèces et évaluer leur catégorie de menace afin à pouvoir émettre des recommandations de protection. La première étape a consisté à parcourir le sud-ouest aride (février-mars 2017), le nord sec (avril 2017) et le nord-est humide (janvier-mars 2018) pour compléter l'échantillonnage disponible dans les herbiers. Parmi les 1100 échantillons à disposition, nous en avons sélectionné 239 sur lesquels nous avons prélevé un fragment de feuille pour en séquencer l'ADN. La méthode utilisée, nommée capture de gènes, permet de travailler sur des échantillons d'herbier, même anciens et en mauvais état. Elle consiste à séquencer en mélange plus de 790 gènes, ce qui constitue un saut quantitatif énorme par rapport aux technologies précédentes de séquençage gène par gène. Ce travail, effectué à la fin de l'année passée est actuellement en cours d'analyse. La suite consistera à utiliser des algorithmes mathématiques pour délimiter des groupes d'individus apparentés à l'aide des séquences ADN, à valider ces regroupements (espèces? sous-espèces?) à l'aide de la morphologie, de l'écologie ou de l'anatomie. Une fois les espèces bien délimitées, il sera alors temps de les cartographier, de calculer leur aire potentielle et d'intégrer toutes ces données pour établir la catégorie de menace de chacune. La superposition des cartes de distribution permettra ultimement de définir des aires prioritaires de protection.