

Les différences entre les grands groupes de chênes sont évidentes, même pour un observateur néophyte. Sur le continent américain, les chênes sont dominés par deux grandes lignées sur les huit qui existent aujourd'hui dans le monde : les chênes rouges (*red oaks* en anglais, qui forment ce qu'on appelle la section *Lobatae*) et les chênes blancs (*white oaks*, qui forment la section *Quercus*).

Les chênes rouges ont des feuilles dont les lobes ont des extrémités pointues, alors que celles-ci sont arrondies chez les chênes blancs (et les feuilles des chênes blancs contiennent plus de nutriments et enrichissent ainsi davantage les sols). Leur reproduction se distingue aussi. Le pollen transporté par le vent sur les fleurs femelles ne féconde l'ovule que l'année suivante pour donner naissance à des fruits matures – les glands –, alors que les glands des chênes blancs sont issus de fécondation qui s'est produite l'année même de la pollinisation. Il arrive même que les glands de chênes blancs germent avant de tomber. Les écureuils gris ne s'y trompent pas : ils cachent de préférence les glands de chênes rouges, car ils se conservent mieux que ceux de chênes blancs.

Parmi les autres différences notables, les chênes blancs parviennent mieux que les rouges à faire barrière à la propagation de maladies fongiques telles que le flétrissement du chêne. Due au champignon *Ceratocystis fagacearum*, dont les filaments (le mycélium) se propagent dans les vaisseaux par lesquels circule la sève, cette maladie entraîne la défoliation de l'arbre puis sa mort. Les chênes blancs sont capables d'obstruer efficacement les vaisseaux infectés en produisant des excroissances de cellules qu'on appelle des « thylls ». Ce n'est pas le cas des chênes rouges, qui sont donc beaucoup plus sensibles à cette maladie. Leur bois reste d'ailleurs poreux. C'est aussi la raison pour laquelle les chênes blancs sont utilisés en tonnellerie ou pour la construction des navires, et non les chênes rouges.

Les insectes défoliateurs font d'ailleurs très bien la différence entre ces bois et la plupart ont une préférence pour les uns ou les autres. Même les champignons mycorhiziens, qui permettent aux racines des arbres de profiter des nutriments du sol, semblent distinguer les chênes rouges des blancs et la plupart favorisent des relations symbiotiques spécifiques.

VARIATIONS GÉNÉTIQUES ET HYBRIDATION

Au-delà de ces deux grandes lignées, les espèces de chênes étroitement apparentées sont particulièrement difficiles à distinguer. Les variations au sein d'une même espèce, conséquences de l'évolution des arbres, des variations génétiques entre individus et des réponses au milieu, sont souvent aussi

importantes que celles entre espèces. Sans compter que les chênes s'hybrident souvent entre eux, que ce soit au sein des lignées de chênes blancs ou rouges ou de chacune des six autres grandes lignées. Ces deux facteurs – la variabilité génétique au sein d'une espèce et l'hybridation – compliquent beaucoup la classification des chênes.

Cette hybridation rend également délicate la reconstitution de l'histoire évolutive des chênes, quand les analyses moléculaires classiques ne reposent que sur le séquençage d'un nombre limité de gènes. Car les données issues de gènes individuels retracent souvent des histoires différentes. Par ailleurs, une même espèce peut s'être hybridée avec de nombreuses autres espèces au cours de son passé, de sorte que l'analyse génétique sur différents gènes pris individuellement révèle parfois différentes histoires sur une même aire de répartition géographique. Ainsi, le génome du chêne est une véritable mosaïque façonnée tant par la spéciation que par l'hybridation. Se fonder sur le séquençage d'un seul ou de quelques gènes ne suffit pas pour reconstituer toute l'histoire.

Heureusement, les techniques ont évolué. Il y a deux décennies, nous ne pouvions mener nos recherches qu'à partir de séquences d'ADN de chloroplastes – les structures intracellulaires qui captent la lumière et assurent la photosynthèse – et de quelques gènes nucléaires (c'est-à-dire du noyau cellulaire). Cela suffisait pour discerner les principaux rameaux de l'arbre phylogénétique des différentes espèces de chênes. Mais pas pour atteindre les dernières branches, correspondant aux espèces actuelles.

En 2008, nous nous sommes rendu compte que les nouvelles techniques moléculaires que nous utilisons pour étudier l'hybridation et les différentes espèces de chênes rouges pouvaient également nous servir à retracer l'histoire évolutive des chênes. Depuis, en collaboration avec des collègues du monde entier, nous utilisons cette approche nommée RAD-seq ou « séquençage ciblé de régions génomiques adjacentes à des sites de restriction » : elle permet de lire de courtes séquences d'ADN très largement réparties dans l'ensemble du génome. Nous analysons ces données à l'aide de méthodes statistiques afin de reconstituer l'ordre dans lequel les espèces se sont ramifiées à partir d'ancêtres communs et celles qui se sont hybridées ensuite. En associant ces analyses aux données provenant des fossiles, nous sommes en mesure de remonter aux événements clés de l'évolution des chênes. Ainsi, malgré leur histoire génétique particulièrement complexe, nous avons pu déduire une grande partie de la spéciation des chênes et remonter jusqu'aux origines. Qu'avons-nous découvert ?

Nous ne saurons probablement jamais exactement quand et où les tout premiers ➤



Les feuilles des « chênes rouges » (ici une feuille – verte – de *Quercus rubra*) présentent des lobes dont les extrémités sont pointues ; celles des « chênes blancs » (ici une feuille de *Quercus alba* en couleur automnale) ont des extrémités de lobes de forme arrondie.