

Programme d'amélioration génétique du peuplier

Catherine Bastien

INRA-UAGPF Orléans - France

Pour le GIS "Peuplier"

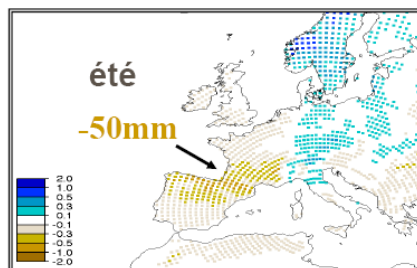


INSTITUT TECHNOLOGIQUE



De nouvelles stratégies d'amélioration en Europe ...

...rendues nécessaires par les changements environnementaux et sociétaux



Des gains génétiques continus pour la production de bois

Stabilité des performances dans des milieux changeants

De nouvelles valeurs ajoutées des produits

Une gestion durable des ressources génétiques

De nouveaux schémas de sélection « améliorés »

Gestion de la diversité génétique

De nouveaux critères de sélection

Déploiement spatial temporel

Interactions ressources Nat. /Cult.

➤ *des recherches pluridisciplinaires à différentes échelles : gène, individu, population, paysage*

Un paramètre commun : la variabilité génétique

Les ressources génétiques

P. deltoides



$n \cong 650$ clones

P. trichocarpa



$n \cong 600$ clones

P. nigra



$n \cong 880$ clones

- Evaluation clonale multicaractère de populations de grandes tailles
- Evaluation de la diversité neutre à l'aide de marqueurs microsatellites

Hybridation interspécifique (AGC, ASC, intra vs inter, V_F , V_{ind})

- plan croisement factoriel 14 x 14

	D ₅	T ₄	N ₅
D ₅			
T ₄			
N ₅	X		

118 FS families
3480 clones

- Croisements Single-pair

DxN : **28** FS families - **1480** clones

DxT : **21** FS families - **830** clones

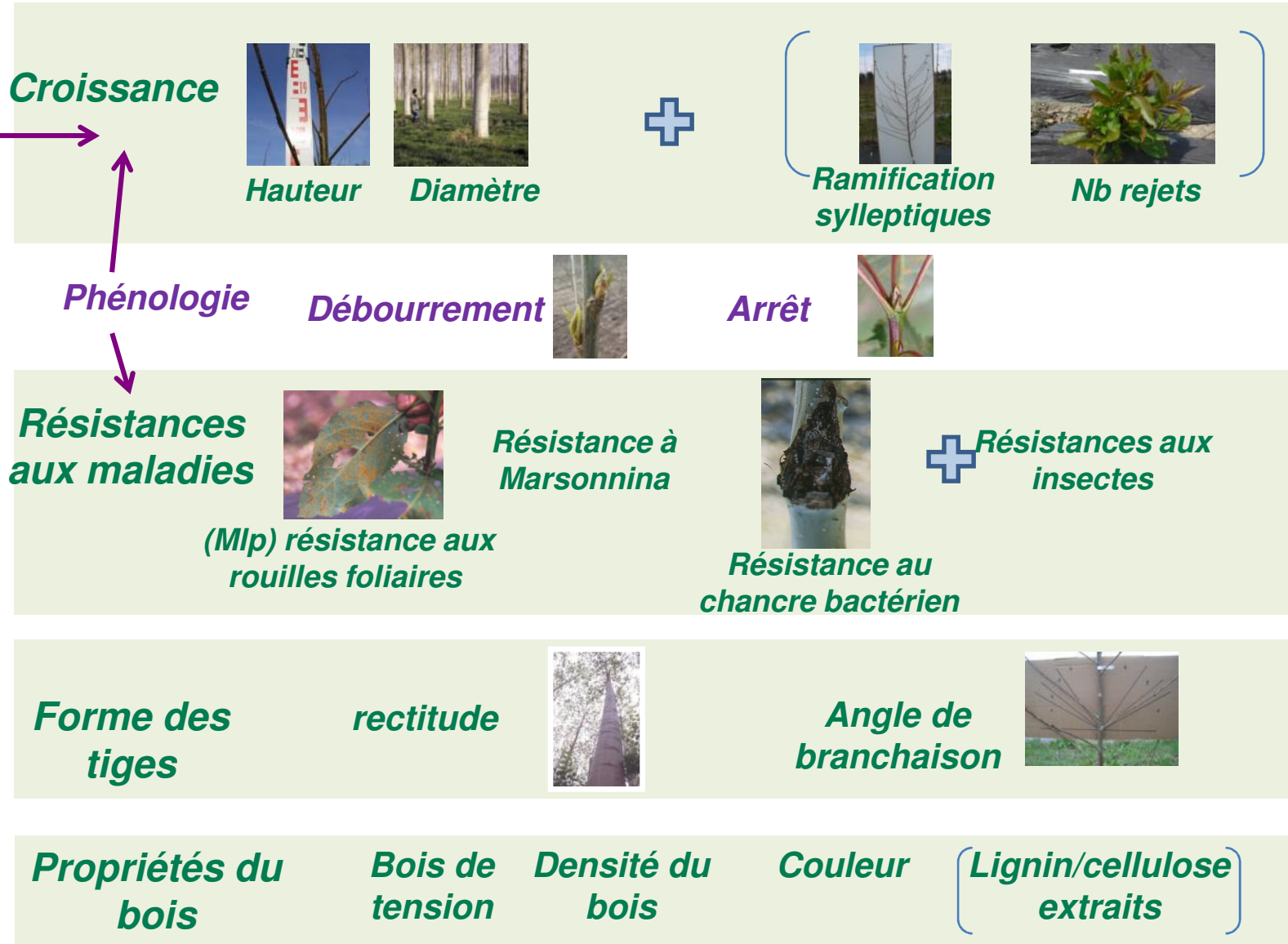
- Rétro-croisements D x (DxT)

plan croisement factoriel 6x4

14 FS families - **1078** clones

INRA
1988-2000

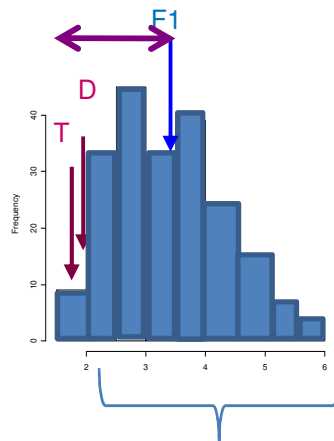
Diversification des critères de sélection



Efficiencie d'utilisation de l'eau (C¹³)

Tolérance à la sécheresse

Heterosis et transgressions...



D x T

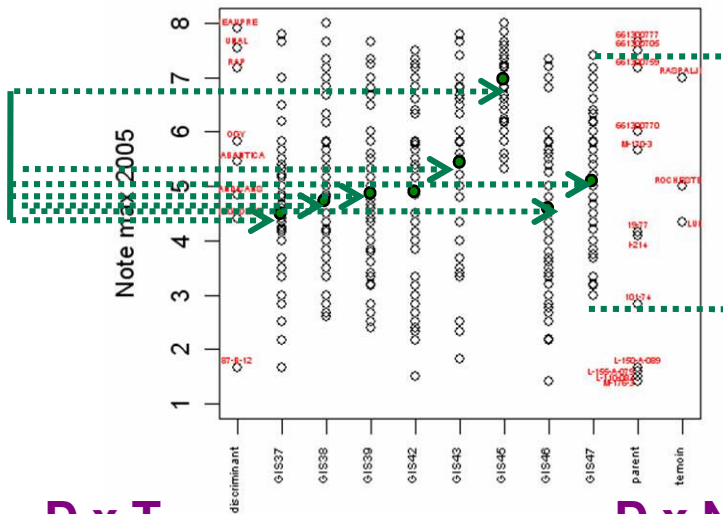
D x N

	Heterosis moyen	Etendue familiale	Heterosis moyen	Etendue familiale
Hauteur	46%	+21% - +61%	32%	+23% - +41%
Diamètre	61%	+43% - +73%	53%	+35% - +68%
Angle branche	0 ns	- 3% - +5%	0 ns	- 7% - +11%
Résistance à la rouille	- 28%	- 35% - -15%	-12%	- 18% - -6%

Composantes de la variabilité génétique chez les hybrides interspécifiques (2)



Variabilité
familiale



variabilité
clonale ...

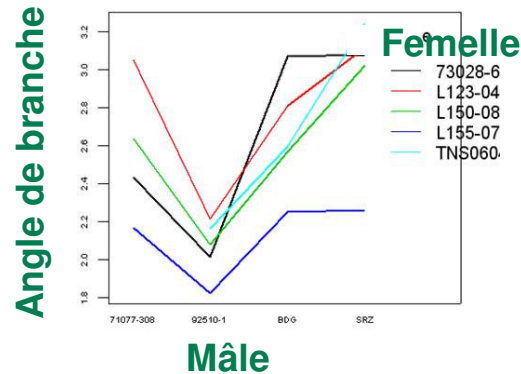
	D x T		D x N	
	% V _F	% V _{inf.fam}	% V _F	% V _{inf.fam}
Hauteur	32%	68%	33%	67%
Diamètre	18%	82%	26%	74%
Résistance à la rouille	36%	64%	41%	59%
Angle branche			34%	66%

➤ forte variabilité individuelle *mais*
des gains génétiques significatifs attendus par une sélection familiale

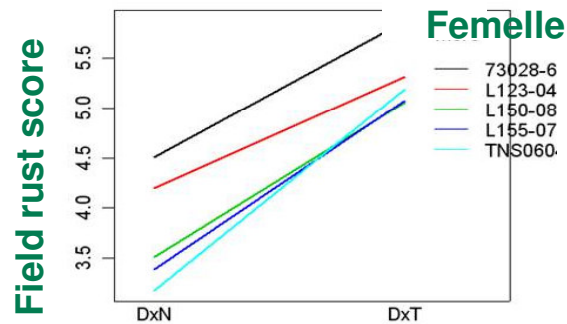


Composantes de la variabilité génétique chez les hybrides interspécifiques (3)

Composantes de la variabilité familiale...

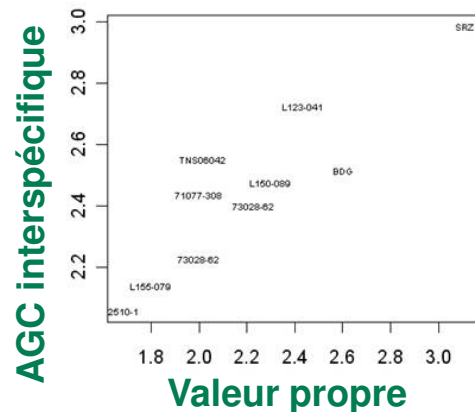


➤ Des effets additifs prédominants des parents et peu d'effets d'ASC **SCA effects** pour la plupart des caractères **sauf la résistance à la rouille foliaire**



➤ des corrélations modérées à fortes entre **AGC intraspécifique** et **AGCs interspécifique** pour tous les caractères

➤ de bonnes corrélations entre **AGCs interspécifiques** (DxN) et (DxT)

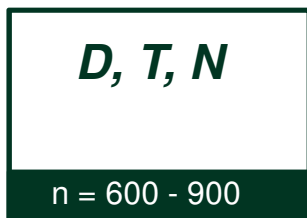


➤ des corrélations élevées entre **AGC et valeurs propres**

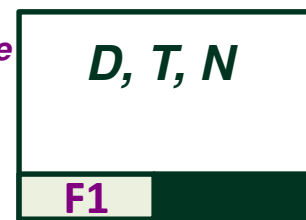
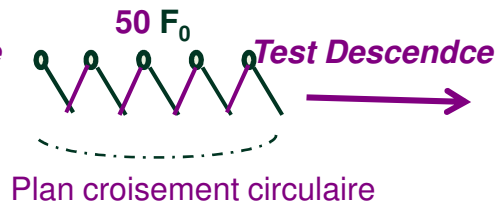
Stratégie d'amélioration du peuplier



Intra-spécifique



Valeur clonale
Diversité neutre

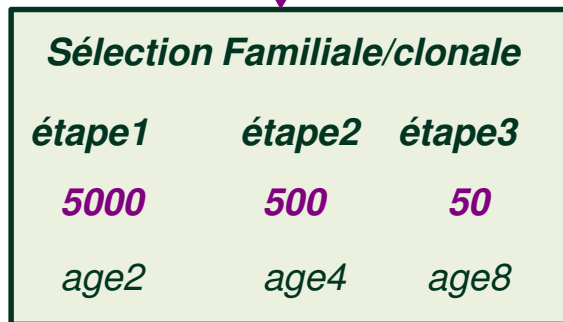


Valeur clonale ↓ Diversité neutre

Inter-spécifique DxT, DxN

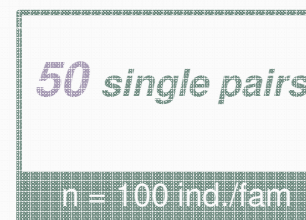


Multiplication
végétative



Déploiement: 10 clones

Inter-spécifique DxT, DxN



14 years

- Optimisation des **capacités de test**
- Utilisation de la **précision** offerte par le **test clonal** dès que possible
 - Compromis entre **diversité génétique** et **gains génétiques**



Sélection assistée par marqueurs et par gènes: un outil puissant pour construire des résistances complexes

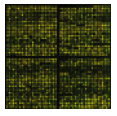
1- Identification du polymorphisme aux loci de résistance



Work in progress...

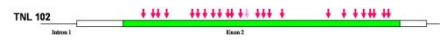
➤ Gènes candidats utilisés

positionnels



expressionnels
transcriptomic
proteomic

Annotation du génome



➤ Identification de Single Nucleotide Polymorphisms (SNP)

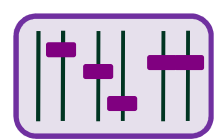
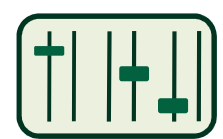
Ecotilling
DNA Pool Sequencing Ind.
PCR product Sequencing

	241				300	
NISQUALLY	TCTATTACCA	GAGAGATAAT	CCAAGCTTTT	CTCTTCAAAG	TGTGGATGAG	ATAATGAAAA
N6R	TCTATTACCA	GAGAGATAAT	CCAAGCTTTT	CTCTTCAAAG	TGTGGATGAG	ATAATGAAAA
NP2R	TCTATTACCA	GAGAGATAAT	CCAAGCTTTT	CTCTTCAAAG	TGTGGATGAG	ATAATGAAAA
N9R	TCTATTACCA	GAGAGATAAT	CCAAGCTTTT	CTCTTCAAAG	TGTGGATGAG	ATAATGAAAA
T9R	TCTATTACCA	GAGAGATAAT	CCAAGCTTTT	CTCTTCAAAG	TGTGGATGAG	ATAATGAAAA
TP2R	TCTATTACCA	GAGAGATAAT	CCAAGCTTTT	CTCTTCAAAG	TGTGGATGAG	ATAATGAAAA
T3R	TCTATTACCA	GAGAGATAAT	CCAAGCTTTT	CTCTTCAAAG	TGTGGATGAG	ATAATGAAAA
T8R	TCTATTACCA	GAGAGATAAT	CCAAGCTTTT	CTCTTCAAAG	TGTGGATGAG	ATAATGAAAA
T5R	TCTATTACCA	GAGAGATAAT	CCAAGCTTTT	CTCTTCAAAG	TGTGGATGAG	ATAATGAAAA
T2R	TCTATTACCA	GAGAGATAAT	CCAAGCTTTT	CTCTTCAAAG	TGTGGATGAG	ATAATGAAAA

➤ Identification d'allèles favorables par études d'association

2- Recombinaison et Sélection

➤ Identification de parents



➤ Identification des meilleurs recombinants

