

AMÉLIORATION GÉNÉTIQUE DU PALMIER A HUILE

par Tristan **Durand-Gasselin**¹ et Benoît **Cochard**

La production mondiale de corps gras d'origine végétale était en 2014 d'environ 175 millions de tonnes. Les huiles de palme et de palmiste produites par le palmier à huile (*Elaeis guineensis*) représentent 39% de la production d'origine végétale, devant l'huile de soja et celle de colza.

Le palmier à huile est une plante pérenne, dioïque temporelle dont le cycle de culture est généralement de 25 ans. L'amélioration génétique menée par des institutions françaises depuis les années 1920 a connu un essor formidable à la fin des années 1950 avec la mise en œuvre d'un schéma d'amélioration génétique récurrent réciproque adapté de celui utilisé pour le maïs (Gascon et de Berchoux, 1964). Les variétés de palmier à huile sont des hybrides entre familles. Elles sont produites dans des champs semenciers en contrôlant les fécondations inflorescence à inflorescence. PalmElit, filiale du Cirad et de Sofiprotéol, dispose de 9 champs semenciers répartis sur trois continents (Asie, Afrique et Amérique du sud). Ce réseau permet de diffuser très largement nos variétés et de positionner PalmElit en leader mondial dans ce domaine.

La biologie moléculaire apporte des avancées nouvelles dans de nombreux domaines. PalmElit les utilisera pour ses objectifs de sélection prioritaires qui sont la production d'huile, la résistance aux maladies, les caractéristiques de l'huile et leur qualité. Plusieurs génomes ont été séquencés et commencent à être rendus publics (Singh *et al.*, 2013a).

Quatre points sont présentés pour illustrer l'intérêt majeur de travaux réalisés récemment :

- 1) Des méthodes de sélection génomique, dérivées des modèles de génétique animale, doivent permettre d'accélérer la mise à disposition du progrès génétique (Cros, 2014). En appui à la sélection génomique, une méthode de détection de QTL prenant en compte les apparentements, a été récemment exploitée (Tisné *et al.*, 2015) ; ces QTL sont utilisables dans des populations larges aux pedigrees complexes.
- 2) La plupart des palmiers à huile possèdent une lipase endogène qui provoque, dès la récolte des fruits, une acidification des huiles. Chez quelques génotypes cette enzyme n'est pas active. L'identification du gène de la lipase permet de réaliser une sélection précoce et de développer très rapidement une variété à faible activité lipase dont l'huile se dégrade peu (Morcillo *et al.*, 2013).
- 3) On distingue les palmiers selon trois formes du fruit dont l'une est femelle stérile. Cette forme est contrôlée par un seul gène à deux allèles codominants. Les sélectionneurs sont contraints de bien maîtriser cet assemblage puisque la sortie variétale porte uniquement sur la forme hétérozygote. L'identification de ce gène (Singh *et al.*, 2013b) est un outil bien utile aux sélectionneurs à la fois pour une sélection précoce des formes hybrides et pour réaliser un contrôle qualité lors du processus de production de semences.

¹ PalmElit, 2214 Bd de la Lironde. 34980 Montferrier-sur-Lez.
Contact : tristan.durand-gasselin@palmelit.com

- 4) Par culture *in vitro*, il est possible de créer de clones de palmiers à huile pour tirer parti de la variation génétique intravariété qui reste forte. Cependant des variations somaclonales dommageables ont largement ralenti l'essor des variétés clonales. De nouvelles avancées sur la compréhension du rôle de l'hypométhylation d'un transposon dans l'apparition d'une de ces variations épigénétiques pourraient permettre de développer un contrôle qualité et favoriser la diffusion des clones commerciaux (Ong *et al.* (2015).

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- (1) CROS D., 2014. – Étude des facteurs contrôlant l'efficacité de la sélection génomique chez le palmier à huile (*Elaeis guineensis* Jacq.). Thèse de doctorat, SupAgro Montpellier.
- (2) GASCON J. P. et BERCHOUX (de), C., 1964. – Caractéristiques de la production d'*Elaeis guineensis* (Jacq.) de diverses origines et de leurs croisements - Application à la sélection du palmier à huile. *Oléagineux*, **19**, 75-84.
- (3) MORCILLO F., CROS D., BILLOTTE N., NGANDO EBONGUE G.F., DOMONHEDO H., PIZOT M., CUELLAR M. T., ESPEOUT S., DHOUIB R., BOURGIS F., CLAVEROL S., TRANBARGER T.J., NOUY B., ARONDEL V., 2013. – Improving palm oil quality through identification and mapping of the lipase gene causing oil deterioration. *Nature Communications*, **4** (2160) : 8 p.
- (4) ONG-ABDULLAH M., ORDWAY J. M., JIANG N., OOI S.E., KOK S.-Y., SARPAN N., SAMBANTHAMURTHI R. and MARTIENSSEN R.A., 2015. – Loss of Karma transposon methylation underlies the mantled somaclonal variant of oil palm. *Nature Letter* doi: 10.1038/15365.
- (5) SINGH, R., ONG-ABDULLAH, M., LOW, E. T. L., MANAF, M. A. A., ROSLI, R., NOOKIAH, R., ... and SAMBANTHAMURTHI R., 2013a). – Oil palm genome sequence reveals divergence of interfertile species in Old and New worlds. *Nature*, **500**, 7462, p. 335-339.
- (6) SINGH R., LOW E. T. L., OOI, L. C. L., ONG-ABDULLAH M., TING N. C., NAGAPPAN J., ... and MARTIENSSEN R. A., 2013b). – The oil palm SHELL gene controls oil yield and encodes a homologue of SEEDSTICK. *Nature*. **500**, 7462, p. 340-344.
- (7) TISNÉ S., DENIS M., CROS D., POMIÈS V., RIOU V., SYAHPUTRA I., OMORÉ A., DURAND-GASSELIN T., BOUVET J.-M. and COCHARD BI., 2015. – Mixed model approach for IBD-based QTL mapping in a complex oil palm pedigree. *Genomic*, **16**, 798.