



**Evaluation collective 2007 : UR 0588 INRA
Amélioration, Génétique et Physiologie Forestières et
USC ONF-INRA Conservatoire Génétique des Arbres
Forestiers**

Jean-Charles Bastien

► **To cite this version:**

Jean-Charles Bastien. Evaluation collective 2007 : UR 0588 INRA Amélioration, Génétique et Physiologie Forestières et USC ONF-INRA Conservatoire Génétique des Arbres Forestiers. 2007. hal-02817195

HAL Id: hal-02817195

<https://hal.inrae.fr/hal-02817195>

Submitted on 6 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



EVALUATION COLLECTIVE 2007 (Période 2004 – 2006)

UR 0588 INRA : Amélioration, Génétique et Physiologie Forestières

USC ONF-INRA : Conservatoire Génétique des Arbres Forestiers

Orléans 26 et 27 juin 2007

**Avenue de la Pomme de Pin
BP 20619
45166 OLIVET Cedex**

Liste des sigles et abréviations

Sigle	Signification
ACP	Agent Chargé de Prévention
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism
AFOCEL	Association Forêt Cellulose
AGC	Aptitude Générale à la Combinaison
AGP	Protéines à ArabinoGalctanes (ArabinoGalactane Proteins)
AGPF	Amélioration, Génétique et Physiologie Forestières (UR INRA 588)
AIP	Action Incitative Programmée
AMAP	UMR Botanique et Bioinformatique de l'Architecture des Plantes (Montpellier)
BIOGECO	UMR Biodiversité, Gènes et Ecosystèmes (Bordeaux Pierroton)
BRG	Bureau des Ressources Génétiques
BV	Département de Biologie Végétale de l'INRA
BVC	GIS Biopôle Végétal Centre
CAPL	Commission Administrative Paritaire Locale
CBM	Centre de Biophysique Moléculaire (CNRS Orléans)
CEFE	Centre d'Ecologie Fonctionnelle et Evolutive – UMR CNRS 5175 (Montpellier)
<i>Cemagref</i>	Institut de recherche pour l'ingénierie de l'agriculture et de l'environnement
CEPIA	Département "Caractérisation et Elaboration des Produits Issus de l'Agriculture" de l'INRA
CES	Contrat Emploi Solidarité
CETEF	Centre d'Etudes Techniques Forestières
CGAF	Conservatoire Génétique des Arbres Forestiers (Unité de recherche de l'ONF associé à l'INRA)
CGB	Commission du Génie Biomoléculaire
CGG	Commission du Génie Génétique
CIRAD	Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement
CIV	Culture In Vitro
CMR	Cancérigènes, Mutagènes et Reprotoxiques (produits)
CNUE	Commission Nationale des Unités Expérimentales
CPER	Contrat de Plan Etat Région
CPFA	Centre de la Productivité Forestière d'Aquitaine
CRB	Centre de Ressources Biologiques
CRGF	Commission des Ressources Génétiques Forestières
CRPF	Centre Régional de la Propriété Forestière
CT	Champ Thématique (d'un département de recherches à l'INRA)
CTC	Comité Technique de Coordination (des vergers à graines de l'état)
CTPS	Comité Technique Permanent de la Sélection
DDAF	Direction Départementale de l'Agriculture et de la Forêt
DG	Direction Générale (de l'INRA)
DGFAR	Direction Générale de la Forêt et des Affaires Rurales
DRAF	Direction Régionale de l'Agriculture et de la Forêt
DS	Direction Scientifique (de l'INRA)
DSF	Département Santé des Forêts
DU	Directeur d'Unité
EA	Département "Environnement et Agronomie" de l'INRA
EDST	Ecole Doctorale Sciences et Technologies (Université d'Orléans)
EEF	UMR "Ecologie et Ecophysiologie Forestière" (INRA Nancy)
EFPA	Département "Ecologie des Forêts, Prairies et milieux Aquatiques" de l'INRA
ENGREF	Ecole Nationale du Génie Rural, des Eaux et des Forêts
ENITA	Ecole Nationale d'Ingénieurs des Travaux Agricoles
ESE	Laboratoire Ecologie, Systématique et Evolution (UMR CNRS-ENGREF)
ESEM	Ecole Supérieure d'Etudes des Matériaux (Université d'Orléans)
EST	Expressed Sequence Tag
ETAH	"Ecosystèmes Terrestres et Action de l'Homme" Spécialité du master Sciences et Technologies de l'Université d'Orléans
ETP	Equivalent Temps Plein
EUFORGEN	European Forest Genetic Resources Programme

FFN	Fonds Forestier National
FIF	Formation des Ingénieurs Forestiers
GAP	Département "Génétique et Amélioration des Plantes" de l'INRA
GDR	Groupement de Recherche
GDS	Génome, Diversité, Sélection (Groupe thématique du département EFPA de l'INRA)
GIE	Groupement d'Intérêt Economique
GIS	Groupement d'Intérêt Scientifique
GRED	Groupe de Recherche et de Réalisation pour l'Eco Développement
GSST	Génomique fonctionnelle et Structure des protéines appliquées à la Signalisation et à la Transcription (GIS – plateforme de génomique structurale en Région Centre)
HDR	Habilitation à la Direction de Thèse
IDF	Institut pour le Développement Forestier
IFN	Inventaire Forestier National
IPGC	International <i>Populus</i> Genomic Consortium
IRD	Institut de Recherche pour le Développement
ISS	Intensive Study Site (site d'étude labellisé dans le projet européen EVOLTREE)
ITA	Ingénieurs- Techniciens – Administratifs
IUFRO	International Union of Forest Research Organisations
LBLGC	Laboratoire de Biologie des Ligneux et des Grandes Cultures (Université d'Orléans)
LERMAB	Laboratoire d'Etudes et Recherche sur le Matériau Bois (Nancy)
LIFO	Laboratoire d'Informatique Fondamentale (Université Orléans)
LRBB	Laboratoire de Rhéologie du Bois (INRA-CNRS-Université Bordeaux I, Pierroton)
MFR	Matériel Forestier de Reproduction
MICCES	Mission Changement Climatique et Effet de Serre (Animateur : B. Seguin INRA Avignon)
OHB	Occupational Hazard Band (échelle de danger à 5 niveaux utilisée dans l'évaluation des risques sanitaires)
ONF	Office National des Forêts
ORE	Observatoire Régional de l'Environnement
PAI	Programme d'Actions Intégrées
PAC	Politique Agricole Commune
PCRP	Personne Compétente en Radio Protection
PDAF	Physiologie du Développement des Arbres Forestiers (Groupe thématique du département EFPA de l'INRA)
PEFC	Pan European Forest Certification (Programme de Reconnaissance des Certifications Forestières)
PLGN	Plan Loire Grandeur Nature
PMF	GIS "Pin Maritime du Futur"
QTL	Quantitative Trait Locus
RMT	Réseau Mixte Technologique
RRFMNAL	Renforcement des Recherches sur les Forêts, les Milieux Naturels et les Activités qui leur sont Liées
SAD	Département Systèmes Agraires et Développement de l'INRA
SAM	Sélection Assistée par Marqueurs
SCEES	Service Central des Enquêtes et Etudes Statistiques
SERFOB	Service Régional de la Forêt et du Bois
SGBD	Système de Gestion de Base de Données
SIG	Système d'Information Géographique
SIP GECC	Système d'Information Phénologique pour la gestion du Changement Climatique (GDR)
SNP	Single Nucleotide Polymorphism
SPE	Département "Santé des Plantes et Environnement" de l'INRA
SSD	Schéma Stratégique de Département
SSR	Single Sequence Repeat
STIR	Section Technique Inter Régionale (de l'ONF)
TPV	Département "Transformation des Produits Végétaux" de l'INRA
UC	Unités de Conservation (de ressources génétiques)
UE	Unité Expérimentale
UMR	Unité Mixte de Recherche
UMRGV	Unité Mixte de Recherche Génomique Végétale (Evry)
UR	Unité de Recherche
UREFV	Unité de Recherches sur les Espèces Fruitières et la Vigne (INRA Bordeaux)
USC	Unité Sous Contrat
VFA	Variétés Forestières Améliorées

SOMMAIRE

RAPPORT D'ACTIVITE

.....	7
1. INTRODUCTION.....	1
1.1. HISTORIQUE ET PRÉSENTATION GÉNÉRALE DES UNITÉS.....	1
1.2. POSITIONNEMENT DE LA RECHERCHE EN GÉNÉTIQUE ET EN AMÉLIORATION DES ARBRES FORESTIERS À L'INRA D'ORLÉANS DANS LE CONTEXTE FORESTIER ET SCIENTIFIQUE	2
1.3. RAPPEL DES OBJECTIFS FIXÉS AUX UNITÉS.....	4
1.4. ÉVOLUTIONS DEPUIS LA DERNIÈRE ÉVALUATION COLLECTIVE (OCTOBRE 2003).....	5
1.5. INSERTION DES UNITÉS DANS LES DISPOSITIFS D'ENSEIGNEMENT.....	7
1.6. PARTENARIATS.....	8
2. PRÉSENTATION DES TRAVAUX ET RÉSULTATS OBTENUS DEPUIS LA DERNIÈRE ÉVALUATION 15	
2.1. GROUPE FORMATION DES PAROIS DES CELLULES LIGNIFIÉES	15
2.2. GROUPE CAMBIUM.....	17
2.3. GROUPE DURAMINISATION.....	19
2.4. GROUPE MÉTHODOLOGIE DE LA SÉLECTION ET CRÉATION VARIÉTALE.....	23
2.5. GROUPE INTERACTION DES VARIÉTÉS AVEC L'ÉCOSYSTÈME.....	31
3. PERSPECTIVES ET PROJET D'UNITÉS.....	38
3.1. PHYSIOLOGIE MOLÉCULAIRE DU DÉVELOPPEMENT VÉGÉTATIF DE L'ARBRE ET DE LA FORMATION DU BOIS.....	39
3.1.1. Développement végétatif de l'arbre.....	39
3.1.2. Formation du bois.....	42
3.2. L'AMÉLIORATION GÉNÉTIQUE : UN OUTIL DE GESTION DURABLE DE LA DIVERSITÉ DES ESPÈCES FORESTIÈRES	46
3.2.1. Nouvelles perspectives offertes par l'analyse de l'organisation de la diversité génétique des espèces forestières.....	46
3.2.2. Architecture génétique de caractères complexes liés au développement de l'arbre	49
3.2.3. Développement de stratégies innovantes en matière d'amélioration génétique des arbres forestiers.....	50
3.3. GESTION DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES DANS L'ÉCOSYSTÈME	52
3.3.1. Description de la variabilité génétique pour la mise en place des réseaux de conservation in/ex situ.....	53
3.3.2. Impact des régimes de reproduction et de la démographie juvénile sur la diversité en régénération naturelle.....	54
3.3.3. Interaction entre compartiments de l'écosystème.....	58
3.4. DÉVELOPPEMENT ET VALORISATION.....	61
3.4.1. Innovation variétale et transfert de technologies.....	62
3.4.2. Choix et suivi d'unités conservatoires de ressources génétiques.....	71
3.4.3. Intégration d'infrastructures de recherche au niveau Européen.....	72
4. LES STRUCTURES D'APPUI À LA RECHERCHE ET LES OUTILS D'ANALYSE.....	76
4.1. LES LABORATOIRES.....	76
4.2. L'UNITÉ EXPÉRIMENTALE 995 "AMÉLIORATION DES ARBRES FORESTIERS ORLÉANS" (DIR. M. VERGER).....	82
5. MODE D'ORGANISATION ET FONCTIONNEMENT DES UNITÉS.....	84
5.1. ANIMATION INTERNE ET EXTERNE.....	84
5.2. GESTION DES RESSOURCES ET DES MOYENS.....	84
5.2.1. Ressources humaines.....	84
5.2.2. Ressources financières.....	86
6. CONCLUSION.....	87
ANNEXES.....	89
FICHES DESCRIPTIVES SYNTHÉTIQUES DES PROGRAMMES D'AMÉLIORATION DES ESPÈCES.....	89

<i>Programme d'amélioration génétique du DOUGLAS.....</i>	<i>90</i>
<i>Programme d'amélioration génétique du PIN SYLVESTRE.....</i>	<i>93</i>
<i>Programme d'amélioration génétique du FRENE.....</i>	<i>94</i>
<i>Programme d'amélioration génétique du MERISIER.....</i>	<i>95</i>
<i>Programme d'amélioration génétique du PEUPLIER.....</i>	<i>96</i>
<i>Caractéristiques des populations d'amélioration gérées à l'Unité AGPF d'Orléans sur au moins un cycle de sélection.....</i>	<i>98</i>
DOSSIER DESCRIPTIF.....	99
I. STRUCTURATION ET MOYENS DES UNITÉS.....	100
<i>I.1. Identité des unités.....</i>	<i>100</i>
<i>I.2. Moyens matériels et financiers</i>	<i>110</i>
<i>I.3. Ressources humaines.....</i>	<i>117</i>
II. BILAN QUANTITATIF DES PRODUCTIONS DES UNITÉS.....	124
<i>II.1. Publications scientifiques.....</i>	<i>124</i>
<i>II.2. Documents à vocation de transfert (enseignement, développement, expertise, innovation, valorisation) ou relatifs à l'animation de la recherche.....</i>	<i>137</i>
<i>II.3. Les autres productions des unités.....</i>	<i>142</i>

RAPPORT D'ACTIVITES

1. Introduction

1.1. Historique et présentation générale des unités

La présente évaluation collective porte sur deux unités de recherche du pôle forêt du Centre INRA d'Orléans¹ :

- UR 588 – AGPF : unité de recherche propre INRA "Amélioration, Génétique et Physiologie Forestières".
- CGAF : "Conservatoire Génétique des Arbres Forestiers", unité sous contrat ONF / INRA.

Le Département Ecologie des Forêts, des Prairies et des milieux Aquatiques (EFPA) est structuré en 4 Champs Thématiques (CT). L'activité scientifique de ces deux unités rattache les chercheurs très majoritairement au CT3 (Adaptation des organismes et des populations à leurs milieux) et dans une moindre mesure au CT2 (Interactions entre espèces au sein des écosystèmes).

Compte tenu des convergences thématiques et des synergies que ces deux unités vivent au quotidien, ainsi que de la volonté de définir des objectifs communs, c'est dans un souci de cohérence qu'un rapport unique a été rédigé pour la présente évaluation. La précédente évaluation date d'octobre 2003. La présente évaluation couvre la période novembre 2003 – mars 2007.

L'unité Amélioration, Génétique et Physiologie Forestières :

Durant les quatre dernières décennies, l'unité AGPF a apporté une contribution significative à l'innovation variétale forestière pour le reboisement à basse et moyenne altitude en France entière, hors région méditerranéenne, en vue d'une production de bois d'œuvre. Cette contribution s'est traduite par la création de variétés améliorées (vergers à graines / clones) ou par des recommandations de sources de graines "sauvages" performantes aux plans de l'adaptation et de la production qualitative et quantitative de bois. L'unité AGPF d'Orléans conduit des programmes d'innovation variétale sur 6 espèces majeures des reboisements en France : trois espèces ou genres résineux (douglas, mélèze et pin sylvestre) et trois espèces ou genres feuillus (frêne, merisier, peuplier). Son champ d'investigation s'est élargi à l'étude des interactions des variétés améliorées avec la composante sauvage de l'écosystème.

Jusqu'au début des années 1990, les travaux en physiologie du développement visaient à lever les verrous contraignant la conduite des programmes de sélection et de diffusion du progrès génétique. Ils étaient centrés principalement sur les mécanismes de la reproduction sexuée et de la multiplication végétative. Au milieu des années 1990, ces verrous ont été considérés en grande partie levés, à l'exception notable de l'embryogenèse somatique des gymnospermes qui fait toujours l'objet de besoins pour la diffusion de certains génotypes élités. Les techniques de bouturage et d'induction de la floraison ont été transférées aux partenaires en charge de la diffusion des variétés (*Cemagref* et GIE "Semences Forestières Améliorées" notamment). A la faveur du recrutement de nouveaux chercheurs, et du développement des outils de biotechnologie, les activités dans le domaine de la Physiologie du Développement ont été depuis 1998 et jusqu'en fin 2006 réorientées sur l'étude des mécanismes contribuant à l'élaboration des éléments du bois et sur l'étude du déterminisme de quelques propriétés essentielles de ce matériau (densité, homogénéité, couleur, etc.).

¹ Pour mémoire, le "pôle forêt – bois" du Centre INRA d'Orléans comporte, outre les deux unités mentionnées ci-dessus deux autres unités INRA (UR 0633 "Zoologie Forestière", rattachée au CT 2 du Département EFPA et l'UE 0995 "Amélioration des Arbres Forestiers") et l'association ARBOCENTRE association interprofessionnelle de la filière forêt bois en Région Centre.

L'unité AGPF regroupe actuellement (mars 2007) 34 agents permanents (15 chercheurs, 7 ingénieurs, 12 techniciens et administratifs) auxquels s'ajoutent 6 doctorants, 3 étudiants de Master et 2 chercheurs étrangers.

Le Conservatoire Génétique des Arbres Forestiers de l'Office National de Forêts :

En créant à Orléans le Conservatoire Génétique des Arbres Forestiers (CGAF) en 1995, l'ONF décidait de développer des capacités autonomes de recherche appliquée et de développement en matière de diversité génétique des essences forestières, dans le double but de renforcer le potentiel scientifique travaillant dans ce domaine, et de faire progresser l'établissement dans la prise en compte de la diversité génétique dans la gestion (l'ONF est gestionnaire de plus de 4 millions d'ha de forêts en France métropolitaine). Très rapidement, en 1996, le CGAF est devenu par voie de convention l'une des quatre unités sous contrat (USC) du département Forêts de l'INRA, aujourd'hui Département EFPA. L'USC s'inscrit dans la durée (contrats de quatre ans) et vise à formaliser des collaborations de recherche à l'échelle du département. Ces dix années de collaboration ont mis en évidence pour les deux établissements l'intérêt d'une telle association. Sa mission est de répondre aux questions de recherche des gestionnaires sur l'impact de leurs pratiques sylvicoles sur les ressources génétiques forestières.

Le CGAF comporte deux ingénieurs chercheurs et trois techniciens.

L'ensemble formé par l'UR AGPF et le CGAF, appuyé localement par l'UE 995 "Amélioration des Arbres Forestiers", possède 3 originalités au sein du département EFPA :

- 1- C'est le seul qui rassemble des compétences en génétique (quantitative et des populations), génomique et physiologie appliquées à une même classe d'objets : les arbres forestiers. Il est ainsi en situation de contribuer à l'émergence de la biologie intégrative à l'INRA
- 2- Il a une mission particulière et, de fait, lourde (parce que diversifiée en termes de nombre d'espèces couvertes), de gestion de ressources génétiques et d'amélioration de plusieurs espèces forestières
- 3- Il est structurellement articulé à un partenaire professionnel majeur, l'ONF.

1.2. Positionnement de la recherche en génétique et en amélioration des arbres forestiers à l'INRA d'Orléans dans le contexte forestier et scientifique

Enjeux socio-économiques

Dans un contexte mondial d'augmentation constante de la demande en bois et produits à base de bois, la fonction de production ligneuse reste, pour des raisons économiques, une fonction essentielle, sinon principale, assignée aux forêts. A ce jour, ce sont en effet les ressources tirées de la vente du bois qui ont principalement permis d'assurer les autres fonctions de la forêt, notamment environnementales et sociales. La compétitivité de la forêt est donc bien un instrument de sa gestion durable. Le rapport prospectif sur la "filière bois" en France, réalisé sous la coordination de l'INRA en 1998, a par ailleurs clairement souligné l'importance du couplage forêt – industrie. Il est en effet vital, pour le secteur industriel (et par conséquent l'emploi) de pouvoir disposer d'une ressource ligneuse aux caractéristiques connues et appropriées aux transformations en divers types de produits envisagés.

Les chocs pétroliers successifs nous ont également fait prendre conscience de la place prise par l'énergie dans notre développement et des menaces qui pèsent sur sa disponibilité. Valorisation

principale de la forêt au plan mondial, le bois est également perçu par le citoyen des pays développés comme une source d'énergie directement accessible, écologique et bon marché. Actuellement, le bois représente 20 % du chauffage domestique. Dans l'avenir, et de façon plus novatrice, le bois pourra être utilisé pour produire des biocarburants.

On peut donc s'attendre à ce que la demande globale de bois en France reste soutenue et même qu'une certaine forme de concurrence pour la demande en biomasse ligneuse apparaisse entre des industries fortement consommatrices (panneaux, industrie papetière, bois énergie, biocarburants). Dans ce contexte, même si le recours aux innovations variétales pour la régénération des peuplements ou pour le boisement de terres agricoles s'oppose actuellement aux principes d'une nouvelle « sylviculture plus proche de la nature », il reste néanmoins une solution efficace pour répondre aux besoins quantitatifs et qualitatifs croissants en arbres producteurs de bois.

Amélioration génétique des espèces ligneuses

L'amélioration génétique des arbres forestiers a été initiée en France dans les années 1960 pour venir en appui d'une politique volontariste de repeuplements artificiels, visant elle-même à réduire un très important déficit de la balance commerciale "bois". Les reboisements réalisés depuis 1960, notamment, grâce au soutien du Fonds Forestier National (FFN), ont permis à la surface forestière française métropolitaine de passer de 12,5 à plus de 15 millions d'ha. Pour faire face aux besoins élevés de l'époque en matériels forestiers de reproduction (MFR), un vaste programme de création de vergers à graines nationaux a été lancé au début des années 1970, conjointement par le Ministère de l'agriculture (DGFAR), l'INRA, le Cemagref et l'ONF. L'objectif de ce programme était de rendre la France autosuffisante en graines pour les principales essences forestières résineuses² à l'horizon 2000. En 20 ans, ce programme a abouti à la création de 350 ha de vergers à graines.

La suppression du FFN au début des années 1990 (résultats de la mise en place de la PAC) a considérablement diminué l'engouement pour les repeuplements artificiels et fait chuter la demande en MFR pendant une dizaine d'années (environ 6% par an). Depuis la tempête de décembre 1999, cette demande est repartie à la hausse. Néanmoins, il est clair que la stratégie forestière nationale (orientée sans doute par les conséquences de certains excès de l'agriculture), sans nier la fonction économique de la forêt, met encore davantage l'accent sur ses fonctions écologiques et sociétales.

Dans ce contexte, la production potentielle des vergers à graines (entrés entre temps en phase de production commerciale) dépasse, pour certains, les besoins actuels du marché. Il s'agit cependant d'une ressource précieuse qui permettra le cas échéant de faire face aux besoins grandissants qui pourraient émerger lorsque la première génération de plantations réalisée après la seconde guerre mondiale sera exploitée. Il existe néanmoins un déficit chronique en plants de variétés améliorées de merisier, de mélèze hybride et de cultivars de peupliers.

Une étude conduite en 2004 – 2005, dans le cadre d'une action conjointe INRA – IDF, a montré que les utilisateurs attendent des variétés forestières qu'elles leur assurent une prise minimale de risques et une rentabilité maximale de leurs reboisements. Ils attendent en particulier:

- Une réduction des coûts. En plantant une variété améliorée, un reboiseur attend en effet une réduction du montant des investissements induits par le repeuplement artificiel : réduction du nombre de plants initiaux, des entretiens, des tailles de formation, etc.

² Les espèces résineuses soumises au Code Forestier, concernées à l'origine par le programme "Verger à graines de l'état" sont : Epicéa commun, mélèzes d'Europe et hybride, douglas, pins laricio de Corse et de Calabre, pin maritime et pin sylvestre.

- Une grande rusticité du peuplement vis à vis des agresseurs biotiques ou abiotiques. L'adaptabilité des variétés au changement climatique est une préoccupation majeure des reboiseurs.
- Le maintien d'une certaine diversité nécessaire dans une optique de gestion multi usages de la forêt.
- Une réduction de la durée de la révolution, facteur clé du taux interne de rentabilité du reboisement vu sous un angle spéculatif et facteur de réduction du risque d'exposition aux aléas climatiques (tempête, sécheresse).
- La production d'un bois de qualité de valeur marchande élevée. Dans un contexte de différentiel croissant entre le prix du bois et le coût de la main d'œuvre en forêt, l'utilisateur d'une variété forestière améliorée recherchera un objectif de production à haute valeur ajoutée pour des usages diversifiés.

Essor de la génomique et développement d'une biologie intégrative

Le développement des outils de la génomique permet d'identifier un grand nombre de gènes impliqués dans les caractères d'intérêt économiques ou écologiques. En permettant d'accéder aux fonctions et aux modes de régulation des gènes, la génomique peut être déployée selon différents axes complémentaires apportant des connaissances et des améliorations sensibles (précision, rapidité, fiabilité ...) à la création variétale. Ce sont par exemple :

- les bases génétiques, physiologiques et moléculaires du fonctionnement intrinsèque de l'arbre et en interaction avec les facteurs environnementaux
- l'identification de la fonction des gènes en cause
- les conséquences du polymorphisme de ces gènes sur la variabilité des caractères
- l'identification de QTL ou de gènes candidats et le développement de la sélection assistée par marqueurs (SAM) ou par gènes
- l'analyse de la diversité génétique, des régimes de reproduction et des flux de gènes.

Dans un souci d'efficacité, compte tenu des moyens techniques et humains disponibles, il était indispensable de concentrer les efforts sur un nombre limité d'espèces modèles. Au sein du Département EFPA, le pin maritime et le peuplier sont les 2 espèces modèles. Le nombre de caractères étudiés est potentiellement élevé. Néanmoins les recherches se sont concentrées sur les caractères dont l'expression est tardive, notamment les propriétés du bois, et / ou dont l'appréciation est complexe ou coûteuse, en particulier la tolérance aux contraintes hydriques ou la résistance aux bio-agresseurs. Les connaissances acquises sur ces espèces permettront de progresser plus rapidement sur d'autres espèces forestières, pour lesquelles pourront être développées des études complémentaires en fonction des caractères spécifiques.

Au sein de ce dispositif, la bioinformatique joue un rôle central en permettant d'exploiter de manière systématique des volumes énormes de données (séquences, données physiologiques, données agronomiques, etc.) pour comprendre les mécanismes sous-jacents.

Au-delà de leur nature cognitive, ces recherches doivent conduire à mieux explorer et valoriser les potentialités génétiques des espèces forestières cultivées, en vue de proposer des voies innovantes pour l'amélioration variétale.

1.3. Rappel des objectifs fixés aux unités

Le collectif constitué par l'UR INRA AGPF et l'USC ONF-INRA CGAF, appuyé localement par l'UE "Amélioration des Arbres Forestiers" focalise globalement ses travaux sur l'étude intégrée de la valeur adaptative et socio-économique des ressources génétiques forestières. Cet intitulé peut lui-même se décliner suivant trois **objectifs** :

- Comprendre le déterminisme génétique des caractères d'intérêt qui participent au développement de l'arbre, à son adaptation (principalement résistance aux maladies et tolérance au stress hydrique) et à la formation du bois.
- Acquérir des connaissances sur la structure et la dynamique de la diversité génétique des espèces forestières, en vue de les intégrer dans la conservation et la valorisation des ressources génétiques forestières.
- Contribuer à la sélection et la création de variétés forestières dans le cadre d'une gestion durable des forêts, prenant en compte les enjeux écologiques, économiques et sociaux qui y sont liés.

La réalisation de ces objectifs fait appel à différents **domaines de recherche** :

- Analyse des ressources génétiques forestières et de leurs modes de conservation
- Structure et régulation fonctionnelle du génome d'une espèce modèle : le peuplier
- Méthodes de physiologie moléculaire pour la description du développement végétatif des gymnospermes
- Méthodes de génétique quantitative pour la création de variétés forestières adaptées au milieu et pour une production améliorée de biomasse ligneuse au plan quantitatif et / ou qualitatif.
- Méthodes d'évaluation des conséquences agri environnementales induites par la culture de variétés forestières améliorées.

Ce collectif de recherche contribue comme suit aux axes stratégiques et objectifs opérationnels de l'INRA :

- Gérer les ressources génétiques (A3)
- Concevoir et mettre au point les systèmes de production (A4)
- Etudier la génomique fonctionnelle et la physiologie des organismes (D3)
- Elaborer les stratégies génétiques pour adapter les végétaux à un environnement écologique et sociologique contraignant (E1)
- Maîtriser et valoriser les processus biologiques contribuant à la production végétale (E4)

1.4. Evolutions depuis la dernière évaluation collective (octobre 2003)

Au cours des trois années qui ont précédé la dernière évaluation collective, cet ensemble a connu **3 évolutions majeures**.

1) Dans un contexte général de diminution de l'effort national de reboisement et d'incertitude sur l'évolution de la demande en matériel forestier amélioré, l'UR AGPF a entrepris de focaliser ses recherches en amélioration sur un nombre réduit d'espèces et de renforcer ses compétences méthodologiques. Ceci, joint à la baisse des moyens financiers et humains, a soulevé des difficultés pour le maintien d'une nécessaire veille sur les autres espèces et la gestion des collections et des dispositifs en relation avec l'UE "Amélioration".

2) Parallèlement, l'UR AGPF a réorienté sa composante physiologique sur une fonction d'intérêt majeur, la formation du bois. Sur ce thème, des collaborations diversifiées se sont mises en place, à différents niveaux d'intensité, avec l'Université de Tours (USC « Facteurs de transcription et ingénierie métabolique des végétaux ») ainsi qu'avec des équipes du CNRS (Centre de biologie moléculaire d'Orléans). L'unité AGPF est devenue au sein du département EFPA une équipe de référence en matière de physiologie moléculaire et d'étude du déterminisme génétique des propriétés du bois.

3) Enfin, l'évaluation de 2003 a stimulé des réflexions conjointes entre l'UR AGPF et le CGAF qui se sont concrétisées par des projets conduits de concert sur des thématiques et des espèces communes.

Au plan **organisationnel**, les trois dernières années ont été consacrées à intensifier les interactions entre les généticiens et les physiologistes de l'UR AGPF. En effet, sortant d'une structure bipolaire (Génétique et amélioration / Physiologie, 2 programmes de l'ancien département FMN évalués indépendamment avant 2003), l'UR AGPF s'est structurée en 2004 suivant un organigramme fonctionnel, fondé sur les axes du projet d'unité (voir fiche I.1.1.1 du dossier descriptif). Cinq groupes thématiques, pilotés chacun par un animateur, ont donc été créés début 2004 pour favoriser les synergies entre groupes de chercheurs évoquées plus haut :

- trois groupes structurés autour de 3 thématiques liées à la formation du bois :
① Formation des parois, ② Fonctionnement du cambium et ③ Duraminisation
- deux groupes structurés autour de la gestion et valorisation des ressources génétiques
④ Méthodologie de la sélection, ⑤ Interaction des variétés avec l'écosystème.

Dans cette structure, l'activité d'un chercheur ou d'un ingénieur pouvait élargir à un ou plusieurs groupes thématiques. Dans la perspective de la présente évaluation, le bilan du fonctionnement pendant 3 ans en groupes thématiques a été dressé et a fait apparaître qu'il présentait plus d'inconvénients que d'avantages. L'appartenance de certains chercheurs / ingénieurs à plusieurs groupes nuisait à la lisibilité de l'organigramme. Par ailleurs, certaines activités ou certains projets, à l'interface entre des groupes (notamment ④ et ⑤) rendaient flous les contours de ces derniers. Enfin, des messages d'alerte des CSS, dirigés vers certains chercheurs du groupe ③ ont amené le DU, en concertation avec le Chef de Département, à réexaminer le positionnement de ces chercheurs et donc l'activité de ce groupe de recherche.

Fin 2006, les réflexions destinées à élaborer le projet d'unité ont abouti à restructurer l'UR AGPF **trois équipes** de recherche animées chacune par un Directeur de Recherche :

- **Xylème** regroupant les chercheurs du groupe ①
- **ME.R.I.STEM.ES** regroupant les chercheurs émergeant aux groupes ② et ③
- **Génétique** regroupant les chercheurs émergeant aux groupes ④ et ⑤.

Dans cette configuration (plus classique et de fait plus lisible) un chercheur ou ingénieur appartient à une (et une seule) équipe. Ces équipes de recherche s'appuient sur un ensemble de **5 laboratoires** placés chacune sous la responsabilité d'un ingénieur ou chercheur: Biologie Moléculaire, Biochimie, Bioinformatique, Culture in Vitro, Histologie. La gestion des ressources génétiques et l'expérimentation en forêt relève de la responsabilité de l'UE "Amélioration". Un **organigramme** de ce collectif de recherche est présenté dans le dossier descriptif (fiche I.1.1.2)

Il faut signaler enfin que jusqu'en fin 2006, l'unité AGPF a hébergé la cellule technique du GIS "Coopérative de données sur la croissance des peuplements forestiers". Ce GIS a pour mission de recueillir et mettre en commun des données scientifiques sur la croissance des peuplements forestiers, destinées à l'établissement de modèles de croissance et de références techniques. Fin 2006, au départ en retraite de l'ingénieur d'étude (Max Bedeneau), composant à lui seul cette cellule technique, les activités de cette dernière ont été transférées au Laboratoire Forêt Bois de Nancy (UMR INRA-ENGREF). Les activités du GIS "Coopérative de données...", dont la thématique étaient à la marge de celles des deux unités évaluées, ne sont pas intégrées dans le présent rapport.

Le rapport de la précédente commission d'évaluation, réunie en octobre 2003 autour des chercheurs de l'UR AGPF et du CGAF, a mis en évidence les points suivants :

- *Validation des axes structurants du projet commun des deux unités centrés sur les recherches génériques sur la diversité et le génome des arbres forestiers pour la création variétale et l'intégration des variétés dans l'écosystème forestier.*
- *Validation du choix, engagé depuis plusieurs années, de focaliser les recherches en amélioration sur un petit nombre d'espèces et de maintenir une veille pour les autres tout en incitant les généticiens 1) à envisager les questions posées par le regain des méthodes de régénération naturelle des forêts et 2) actualiser régulièrement une prospective sur la demande en matériel forestier de reproduction qui tienne compte de l'évolution de la politique forestière française.*
- *Le peuplier est l'espèce pilote qui doit fédérer une grande partie des efforts de recherche avec deux critères cible d'étude : la qualité du bois et la résistance aux maladies (notamment la rouille).*

La commission d'évaluation a en outre fait les recommandations suivantes :

- *Compte tenu de la lourdeur des approches de génomique fonctionnelle, l'UR AGPF est incitée à réfléchir collectivement à la coordination de ses approches sur les divers modèles d'étude qu'elle considère (fonctionnement du cambium, formation du bois de tension, duraminisation).*
- *Le CGAF et l'UR AGPF sont incités à mieux intégrer leurs travaux et à tirer parti de leur proximité pour mobiliser le réseau des généticiens forestiers du département EFPA (Avignon, Bordeaux, Kourou et Orléans) dans des actions coordonnées de développement et de transfert.*
- *L'UR AGPF a intérêt à renforcer sa capacité d'encadrement doctoral, son implication structurée dans l'enseignement supérieur (prise en charge de modules complets plutôt que vacations ponctuelles sous forme de conférences) et à formaliser ses collaborations avec le Laboratoire de Biologie des Ligneux et des Grandes Cultures de l'Université d'Orléans (LBLGC).*
- *L'UR AGPF et l'UE Amélioration ont intérêt à définir une politique globale de gestion des ressources vivantes et expérimentales qu'elles manipulent (ressources génétiques et génomiques, bases de données, etc.).*
- *L'UR AGPF est incitée à poursuivre le renforcement de ses relations avec des équipes du département GAP, aussi bien sur des questions méthodologiques que sur des objets d'étude partagés (projet sur les « arbres à double fin »), et avec des équipes des départements BV et CEPIA (ex TPV) pour ce qui concerne les approches de génomique fonctionnelle centrées sur la formation du bois.*

Les travaux conduits depuis la dernière évaluation ont tenté de suivre ces recommandations. Ils font l'objet du chapitre 2 du présent rapport "Présentation des travaux et résultats obtenus depuis la dernière évaluation".

1.5. Insertion des unités dans les dispositifs d'enseignement

L'annexe II.4 du dossier descriptif fait le bilan des enseignements dispensés par les chercheurs et ingénieurs des deux unités.

La contribution de l'unité AGPF et du CGAF dans l'enseignement supérieur en Région Centre s'est intensifiée sur le master "Sciences et Technologie" présenté par l'université d'Orléans et habilité fin 2003. Ce master comporte en particulier une spécialité "Recherche" intitulée « Ecosystèmes Terrestres et Action de l'Homme » (ETAH). Cette dernière répond à une logique naturelle et économique régionale, soutenue par la forte implantation de l'INRA et de l'IRD à Orléans, formant, avec les équipes universitaires de la spécialité, un pool de 62 chercheurs (26 HDR). La spécialité ETAH répond également à une suggestion de mise sur pied de masters orientés vers la gestion des écosystèmes, faite par un rapport d'audit sur la forêt et la filière bois en Région Centre, réalisé à la demande du Conseil Régional³. Orléans occupe en effet une situation très originale en France, caractérisée par la présence de la plus grande forêt domaniale française d'un seul tenant, joutée par une des zones agricoles les plus étendues et les plus productives d'Europe, au sein d'une région traversée par le plus grand fleuve de France, l'ensemble façonné depuis très longtemps par l'homme. La spécialité ETAH s'appuie sur ces particularités pour présenter une formation unique en France sur les caractéristiques et les conséquences de l'anthropisation des écosystèmes terrestres. L'objectif pédagogique général est de donner à l'étudiant une culture générale approfondie sur la structure et le fonctionnement des écosystèmes terrestres et leurs relations (historiques et fonctionnelles) avec les activités humaines, assortie d'une double spécialité : forêts et grandes cultures. Une approche intégrative a été développée en considérant diverses échelles de fonctionnement, du gène au paysage, en passant par l'individu.

La spécialité ETAH accueille selon les années 8 à 15 étudiants. Les chercheurs et ingénieurs des 2 unités contribuent pour environ 50 heures d'enseignement par an et deux chercheurs de l'unité AGPF (G. Pilate et JC Bastien) sont membres de l'équipe pédagogique : sélection des étudiants en début d'année de master 2, participation aux jury d'examens. La spécialité ETAH a été proposée à une réhabilitation pour le prochain quadriennal enseignement. Le master "Sciences et Technologie" de l'université d'Orléans comporte également une spécialité "Professionnelle" intitulée "Techniques Bio Industrielle" à l'enseignement de laquelle les chercheurs de l'UR AGPF contribuent à hauteur de 15 heures par an en moyenne.

A long terme (>2011), il est vraisemblable que l'UR AGPF et le CGAF demanderont leur rattachement au master Végétal Grand Ouest qui se met en place entre les universités des Régions Basse-Normandie, Bretagne, Centre, Pays de Loire et Poitou-Charentes. Si ce master est habilité, une contribution aux enseignements sera apportée par les deux unités dès ce quadriennal.

Les deux unités reçoivent les visites régulières d'étudiants de diverses formations : Master d'autres universités, Formation des Ingénieurs Forestiers, ENGREF ...

Au cours de la période couverte par l'évaluation, l'unité AGPF et le CGAF de l'ONF ont accueilli 11 étudiants de master 2 et un total de 11 doctorants. Sur les 4 dernières années 4 thèses ont été soutenues. Ce bilan est détaillé dans le dossier descriptif (fiches 1.3.2., 1.3.3. et 1.3.4.).

1.6. Partenariats

Intra Département EFPA, les liens scientifiques se sont renforcés dans les cinq thématiques suivantes :

- Flux de gènes et diversité des populations naturelles et artificielles avec l'unité de Recherche Forestière Méditerranéenne (URFM) d'Avignon et l'équipe de génétique de l'UMR INRA - Université de Bordeaux 1 "BIOGECO" : participation conjointe à des

³ Rapport Beignet "La filière forêt bois, une chance pour la Région Centre", mai 2002.

contrats de recherche européens (Réseau d'excellence EVOLTREE) ou nationaux (ECOGER, BRG)

- Déterminismes physiologiques, génétiques et moléculaires des propriétés du bois avec l'équipe de génétique de l'UMR BIOGECO, l'UMR ENGREF/INRA/Nancy I "Etudes et Recherche sur le Matériau Bois" (LERMAB) et l'UMR "Interaction arbres - microorganismes (IAM) au travers de la participation conjointe à des contrats de recherche (Biotech pin maritime, GEMA) et à des actions de transversalité (LIGNOME et GENOPLANTE).
- Déterminisme génétique de la tolérance aux bio-agresseurs avec l'unité de pathologie forestière de l'INRA de Nancy et l'équipe de pathologie de l'UMR BIOGECO : participation conjointe à des contrats de recherche (ECOGER).
- Embryogenèse somatique chez le pin maritime avec l'UMR BIOGECO (et l'AFOCEL) dans le cadre de contrats de recherche soutenus par la région Aquitaine
- Bases écophysiologiques de la tolérance des peupliers au stress hydrique avec l'UMR INRA - Université de Nancy I EEF "Ecologie et Ecophysiologie Forestières"

Intra-INRA hors EFPA, des collaborations ont été nouées ou poursuivies avec des équipes des départements suivants :

- **BV** (Unité de Biologie Cellulaire de Versailles) : Biologie, Génomique, Biotechnologies, Transformation sur Arabidopsis.
- **EA** (UMR PIAF de Clermont-Ferrand et UMR EGC Grignon).
 - Etude des facteurs environnementaux et endogènes sur la formation du bois – ECOGENE
 - Caractérisation des propriétés biomécaniques du bois de tension de Peuplier
 - Etude sur la sédimentation du pollen de peuplier – projet innovant EFPA
- **GAP** (UR espèces fruitières et vigne de Bordeaux, UR espèces fruitières et ornementales d'Angers, UR espèces fruitières et maraîchères d'Avignon, UMR [Génomique végétale](#) d'Evry) :
 - Projet inter département de collaboration sur des espèces ligneuses à doubles fins forestières et fruitières (noyer, châtaignier, merisier). Recherche et séquençage de gènes impliqués dans la floraison précoce, la vascularisation et la croissance radiale du Noyer.
 - Ressources génétiques et étude des flux de gènes entre compartiments cultivés (cerisier) et sauvage (merisier).
 - Identification de QTL de résistance aux maladies cryptogamiques et stratégies de SAM pour la construction de résistances durables.
 - Séquençage d'ADNc pleine longueur, localisation d'un gène de résistance aux rouilles par criblage de banques BAC, séquençages d'allèles de gènes candidats dans des populations naturelles de peuplier.
- **CEPIA** (unité de Chimie Biologique de Grignon, UMR FARE Fractionnement des Agro Ressources et Emballage de Reims) : lignification et formation du bois de tension.
- **AGRI OBTENTIONS** : réflexion sur la mise en place d'une filière de production bulk de plants de mélèze hybride. Le fait marquant a été le **dépôt d'une "marque"** intitulée **INRA-FORET**. Initialement demandée pour commercialiser trois cultivars de merisier inscrits au catalogue des plantes cultivées, cette marque, étendue à l'ensemble de l'Europe, pourra être utilisée pour labelliser toutes les VFA dont l'INRA est l'obtenteur.
- **BIOGEVES** : Identification et traçabilité variétale (peuplier, mélèze hybride).

Au niveau Régional une substantielle aide financière est obtenue de façon récurrente de la Région Centre sous forme de participation à l'acquisition d'équipements et à l'attribution de bourses de thèses (Cf. fiche 1.2.2. du dossier descriptif). Il convient de noter également que la Région Centre attribue des bourses d'accueil pour des chercheurs confirmés au travers d'une structure régionale originale : le STUDIUM. Grâce au STUDIUM, l'unité AGPF a pu accueillir en 2005 et 2006 deux chercheuses (canadienne et slovaque) sur la thématique "embryogenèse somatique des conifères".

Entre organismes, le partenariat est structuré au travers de GIS et la création de groupes de recherche ou d'unités sous contrat :

Le GIS "**Génomique fonctionnelle et Structure des protéines appliquées à la Signalisation et à la Transcription**" (GSST), a pour objectif de construire en Région Centre une plateforme technique de génomique structurale, avec le soutien financier du Conseil Régional. Ce GIS regroupe 4 membres : l'INRA (Orléans et Tours), le CNRS et les universités d'Orléans et de Tours. Il est animé par un chercheur du CNRS d'Orléans (C. Zelwer).

En janvier 2003, une USC "**Facteurs de Transcription et Ingénierie Métabolique Végétale**" a été créée entre l'INRA et l'EA 2106 "Biomolécules et Biotechnologies Végétales" de l'Université de Tours (Directeur de l'USC : Pascal Gantet). L'objectif scientifique était à terme d'identifier des marqueurs de sélection ou des outils moléculaires destinés à améliorer la production de certains métabolites secondaires d'intérêt par les végétaux ligneux ou par des cultures cellulaires cultivées *in vitro*, ou à inhiber leur biosynthèse lorsqu'ils sont indésirables. Pour l'UR AGPF, il s'agissait de mieux comprendre la formation du duramen ou bois de cœur chez le noyer (*Juglans*). Deux thèses ont été dirigées en cotutelle (G. Montiel et S. Hedhili) entre 2003 et 2006. Malheureusement, le départ à Montpellier de Pascal Gantet, fondateur et véritable porteur de l'USC, associé à un certain désengagement du côté INRA, s'est traduit par la décision bilatérale de mettre fin à la convention (décembre 2006).

Il est prévu à court terme (2007) de créer une autre USC INRA – Université d'Orléans (Laboratoire de Biologie des Ligneux et des Grandes Cultures, Dir. F. Delmotte) autour de la thématique "Réponse des arbres aux contraintes environnementales". La collaboration entre le LBLGC et l'UR AGPF est très ancienne et n'a jamais été formalisée. Faute de pouvoir constituer une UMR (principalement en raison d'une plus grande hétérogénéité thématique du LBLGC) il a été préféré la constitution d'une USC avec l'équipe d'écophysiologie du LBLGC (dir. Franck Brignolas) en vue de rendre plus visible cette collaboration et faciliter dans une certaine mesure le partenariat au sein de contrats de recherche. Deux thèses ont été dirigées en co-tutelle au cours de la période sur laquelle porte la présente évaluation (R. Monclus – thèse soutenue et Régis Fichot – thèse en cours).

L'UR AGPF et l'USC CGAF sont membres d'un **cluster de compétences**, créé en 2006 à l'initiative du Président du Centre INRA d'Orléans, Dominique King. Dans le cadre du futur Contrat de Projets Etat-Région (CPER) 2007-2013, des équipes appartenant à une dizaine d'organismes de recherche et d'enseignement supérieur de la Région Centre⁴ se sont en effet concertées pour élaborer un projet sur le thème de la **connaissance, la valorisation et la protection des ressources naturelles concernant prioritairement l'eau, les sols et les écosystèmes forestiers**. Ce projet, nommé "**ResoNat**", a pour objectif de : (i) mettre en valeur la multifonctionnalité de ces ressources (agronomiques, industrielles, environnementales, sociales...), (ii) développer des moyens de surveillance et de réhabilitation des milieux dégradés et

⁴ ResoNat associe : INRA, Cemagref, IRD, BRGM, CNRS, Université d'Orléans, Université de Tours, ONF-CGAF, IFEN, IFN

(iii) prévoir l'évolution des ressources sous l'impact des changements du climat et/ou de l'intensification de leur usage. Les ressources naturelles « eau-sols-forêts » apparaissent désormais comme des éléments clés de l'environnement et méritent l'attention des sociétés. La région Centre possède un potentiel important d'organismes impliqués dans le domaine des ressources naturelles et ayant des responsabilités de gestion des informations géographiques aux échelles nationales et européennes. Ce potentiel est unique en France (voire en Europe) et il s'agit de le rendre lisible en constituant un **pôle d'excellence d'ambition européenne**. Les organismes du cluster ResoNat se sont engagés sur des moyens financiers propres pour mettre en oeuvre **quatre actions** :

Action 1 – Développer et mutualiser les réseaux d'information

Action 2 – Elaborer les futurs systèmes d'inventaire et de suivi des ressources

Action 3 – Réunir les moyens expérimentaux pour comprendre et simuler

Action 4 – Construire des infrastructures immobilières

En apportant leur expertise en matière de gestion des ressources génétiques (notamment peuplier noir), les 2 unités sont aussi partenaires du **Plan Loire Grandeur Nature** (PLGN), un autre projet adossé au CPER 2007-2013. Le bassin de la Loire et de ses affluents s'étend sur 9 régions, 29 départements et concerne plus de 10 millions d'habitants. Une des ambitions du PLGN est de faire du bassin de la Loire une référence européenne en matière de gestion durable d'un grand fleuve et de son bassin versant, de ses sources à son débouché dans l'océan en vue de préserver le bien commun que sont la ressource en eau, les espaces naturels et les espèces patrimoniales.

Signalons enfin que deux chercheurs de l'unité sont membres de conseils d'administration d'associations en Région Centre :

- **ARBOCENTRE** : interprofession des acteurs de la filière forêt bois en Région Centre (JC Bastien). Il est à noter qu'en février 2006, la cellule d'animation d'ARBOCENTRE et de PEFC Centre (5 personnes) s'est installée dans les murs du bâtiment forêt de l'INRA d'Orléans.
- **BIOTECHNOCENTRE** : association scientifique créée pour regrouper les chercheurs en Sciences de la Vie en vue de promouvoir le développement des Biotechnologies en Région Centre (C. Breton).

Au niveau national, divers partenariats existent au sein **d'accords cadre** dans lesquels l'une ou l'autre des deux unités évaluées est impliquée via, notamment, des participations conjointes à des projets de recherche :

- **Cemagref – INRA** : Ressources Génétiques Forestières.
- **CIRAD - INRA** : Approche génétique de la formation du bois de cœur et de ses propriétés.
- **AFOCEL-INRA** : Biotechnologies du pin maritime - embryogenèse somatique, transformation génétique, génomique.
- **ONF-Cemagref** : développement et conseil technique « Ressources génétiques forestières »

L'unité AGPF est par ailleurs fortement impliquée dans la participation et l'animation du **groupement d'intérêt scientifique (GIS) Peuplier**. Ce GIS regroupe 3 membres : l'INRA, le Cemagref et l'AFOCEL. Présidé par l'AFOCEL, le GIS Peuplier cible ses projets de recherche sur la création de variétés de peuplier et l'étude des *bio-agresseurs*. Les projets de recherche sont subventionnés sur fonds du Ministère de l'Agriculture et font largement appel à l'expertise et aux moyens de la pépinière forestière de l'état de Guéméné Penfao.

Le **GIS Variétés Forestières Améliorées (VFA)** regroupe 6 membres : l'INRA, l'AFOCEL, le Cemagref, l'ONF, le GIE "Semences Forestières Améliorées" et le Syndicat des pépiniéristes producteurs de plants forestiers. Jusqu'en 2004, le GIS VFA a coordonné des travaux de recherche et développement sur l'étude de la diversité des ressources génétiques forestières et sa valorisation en innovation variétale (hors peuplier et pin maritime). Comme le GIS Peuplier, les projets de recherche étaient subventionnés sur fonds du Ministère de l'Agriculture. Faute de ce soutien depuis 3 ans, ce GIS a cessé de fonctionner. Il y aurait lieu de le réactiver selon une formule renouvelée n'incluant que les partenaires "recherche", autour de projets pluriannuels définis sur un nombre restreint d'espèces.

Quelques contrats de recherche ont été réalisés en partenariat direct avec des **industriels**. Signalons par exemple :

- La multiplication de plants d'*Abies Nordmanniana* par embryogenèse somatique dans le but de produire et commercialiser d'arbres de Noël ayant tous un phénotype conforme à la demande (Ets Vilmorin)
- Analyse quantitative des tannins ellagiques du bois de chêne par dosage colorimétrique (Ets Tonnelleres Radoux)

Les deux unités évaluées sont membres du **GDR SIP GECC**, coordonné par Isabelle Chuine (CNRS – CEFÉ – Montpellier) et B. Seguin (animateur de la MICCES). Les objectifs de ce GDR sont de constituer une base de données des observations phénologiques réalisées en France par divers organismes depuis 1880 jusqu'à nos jours, poursuivre les observations sur des espèces et en des sites choisis sur la base des données existantes et de l'importance sociétale et économique de ces espèces. Ces observations seront ensuite utilisées dans diverses activités de recherche⁵ et pour initier un projet pédagogique. Les partenaires de ce GDR appartiennent à une communauté très variée : laboratoires de recherche (CNRS, INRA, CNES) travaillant dans les domaines des Sciences de la Vie et des Sciences de l'Univers ; associations loi 1901 (Réseau national de Surveillance Aérobiologie, Centre de Recherche sur les Ecosystèmes d'Altitude), instituts et centres techniques.

Une partie importante des échanges avec les partenaires se fait lors de la participation (voire l'animation) à des réunions de différentes instances nationales : CTPS, CTC des vergers à graines de l'état, CRGF, Comités scientifiques, réseaux, etc.; pour une liste exhaustive voir dossier descriptif chapitre 3.4. Les chercheurs et ingénieurs contribuent donc significativement à apporter une **expertise** auprès du Ministère en charge de l'Agriculture, notamment pour l'inscription au catalogue des variétés ou l'animation de réseaux de conservation de ressources génétiques.

Signalons enfin l'étude conduite entre 2003 et 2005 par un ingénieur recruté en CDD par l'IDF, Alice Gauthier, ayant pour objectif l'identification des facteurs déterminant l'utilisation des variétés forestières améliorées par les sylviculteurs français en vue de la mise en œuvre d'actions de valorisation adaptées. Alice Gauthier, basée à Orléans, était rémunérée par l'INRA dans le cadre des mesures prises pour le renforcement des recherches forestières (RRFMNAL). Un compte rendu ce travail réalisé en partenariat IDF-INRA est présenté dans le chapitre 2.

Au niveau international, le partenariat est essentiellement développé dans le cadre de contrats communautaires. Au cours de la période couverte par l'évaluation, les unités ont été

⁵ 1) Évolution du climat, 2) Modèles de fonctionnement de la végétation, 3) Modèles de fonctionnement des cultures, 4) Modèles de biogéographie basés sur les processus, 5) gestion des peuplements forestiers dans un contexte de changement climatique, 6) Relations phénologie, croissance, qualité du bois, 7) prévision de la floraison des plantes allergisantes

impliquées dans diverses actions COST et surtout dans 5 projets du 5^e et 6^e PCRD. Deux de ces projets sont **coordonnés** par des chercheurs de l'unité AGPF :

- **TREEBREDEX** (coord. Luc Pâques) : projet européen de mise en réseau d'infrastructures liées aux travaux d'amélioration génétique et de création variétale chez les arbres forestiers. Son objectif principal est de créer un Centre Européen d'Amélioration Génétique des Arbres Forestiers, visant à organiser et stimuler les activités de R&D en amélioration génétique (programmes d'amélioration coopératifs) et à renforcer les échanges avec la filière forestière. Ce projet associe 28 instituts forestiers européens de 18 pays.
- **GEMA** (coord. Philippe Rozenberg) : mise en réseau de 33 mobilités entre 10 pays d'Europe et d'Amérique latine sur la génétique du bois. Treize de ces projets sont développés au sein de l'UR AGPF qui partage la coordination scientifique avec l'Université de Talca (F. Zamudio).

En réponse à l'appel à proposition "Novel Tree Breeding" du 7^e PCRD et sous la **coordination** de Catherine Bastien (DR2 – UR AGPF) un projet intitulé "NovelTree" a été soumis début mai 2007. L'objectif est de mettre en place des outils de sélection optimisés combinant des informations sur la diversité génétique des espèces et sur l'architecture génétique de caractères complexes.

La coopération internationale résulte également de projets bilatéraux initiés dans le cadre de Programmes d'Actions Intégrées (PAI) du Ministère des Affaires Etrangères, notamment avec l'Espagne, le Portugal, l'Italie et la Pologne. En dehors du cadre des PAI, des projets de recherche dans le domaine du déterminisme génétique, physiologique et moléculaire des propriétés du bois ont été réalisés en collaboration avec différentes universités ou instituts de recherche : Allemagne, (université de Tübingen), Canada (Service Canadien des Forêts, BC Forest Service - université de Colombie Britannique), Chine (Académie Forestière de Chine - Pékin), Japon (Université de Tokyo), Nouvelle Zélande (NZFRI), Slovaquie (Académie des Sciences Nitra), Suède (université d'Umeå), USA (US Forest Service -université de Purdue), etc. Plusieurs de ces projets se traduisent par des co-encadrements d'étudiants en thèse.

Au sein de l'IUFRO, quatre chercheurs de l'unité AGPF sont animateurs de groupes de travail :

- Ressources génétiques du pin sylvestre – C. Bastien
- Ressources génétiques du mélèze – L. Paques
- Variabilité naturelle des propriétés du bois – P. Rozenberg
- ... ou d'une Task Force : Forest Biotechnology – G. Pilate

Deux chercheurs sont membres de groupes de travail du réseau EUFORGEN (feuillus précieux - B. Musch Demesure et peuplier noir - M. Villar),

Un chercheur est membre de l'IPGC (G. Pilate)

* * * * *

Le plan de ce rapport comporte quatre chapitres. Le premier présente le bilan des activités conduites par les deux unités évaluées et, pour l'unité AGPF, selon les **axes thématiques** du précédent projet d'unité. Un deuxième chapitre est consacré aux perspectives, présentées par

thématiques scientifiques, telles qu'elles s'inscrivent dans la politique scientifique du Département EFPA de l'INRA et celle de l'ONF. Cette partie correspond au "projet d'unité" pour les quatre années qui viennent. Le chapitre suivant sera consacré à une description des structures d'appui à la recherche : l'unité expérimentale "Amélioration" et les laboratoires de l'unité AGPF. Enfin, les aspects d'animation, de moyens et de structures seront abordés dans un dernier chapitre.

2. Présentation des travaux et résultats obtenus depuis la dernière évaluation

2.1. Groupe Formation des parois des cellules lignifiées

Le groupe « Formation des parois des cellules lignifiées » est composée de 3 chercheurs (Annabelle Déjardin, Jean-Charles Leplé, et Gilles Pilate), 2 ingénieurs (Françoise Laurans et Marie-Claude Descauses) responsable respectivement des laboratoires d'histologie et de biologie moléculaire, deux techniciens, Nadège Millet et Alain Moreau intervenant respectivement dans les laboratoires de culture *in vitro* et d'histologie. Jusqu'en 2005, Daniel Cornu (DR2) faisait également partie de notre équipe où il s'est notamment occupé jusqu'à son départ en retraite des aspects administratifs liés aux essais de peupliers transgéniques au champ.

Objectifs des recherches, enjeux et intérêts socio-économiques

Les activités du groupe se sont concentrées sur l'étude de la formation du bois, un axe thématique fort de notre Unité, et plus particulièrement sur la différenciation des parois des cellules lignifiées en mettant en œuvre des approches de génomique fonctionnelle. Cette démarche est basée sur l'identification en masse de gènes, l'étude globale de l'expression de ces gènes, la localisation dans le bois, pour un set de gènes choisis, des protéines correspondantes, et enfin l'évaluation de leur fonction dans la formation du bois et dans l'élaboration des propriétés du bois. Ce dernier point est développé par une approche multidisciplinaire impliquant des collaborations avec des laboratoires extérieurs.

L'effet de l'environnement sur la formation du bois a été particulièrement étudié, notamment l'effet des contraintes mécaniques et plus récemment des contraintes hydriques. Au cours de ces trois années, l'équipe a notablement progressé dans les différents stades de sa démarche : production et exploitation de collections matérielles (banque d'ADNc) ou immatérielles (assemblage de séquences), développement de techniques d'analyse globale d'expression sur biopuces, mise en place d'une production en routine de protéines recombinantes (avec le laboratoire de biochimie et en collaboration avec l'équipe d'Hélène Bénédicti (CBM-CNRS)) et de vecteurs pour la production de plantes transgéniques, développement des techniques immunologiques pour la localisation dans le bois de protéines spécifiques. C'est notamment grâce à ces réalisations, que nous sommes reconnus au sein du GIS GSST comme plateau de transcriptomique.

Le modèle d'étude initial est le bois de tension chez le peuplier, un bois formé sous contrainte mécanique qui permet à l'arbre de réorienter ses axes en réponse à la gravité ou la lumière. Ce bois est bien différent du bois normal, notamment dans l'orientation des microfibrilles de cellulose dans la paroi des fibres. Depuis 2 ans, dans un souci de rapprochement avec les études développées au LBLGC Université d'Orléans dans l'équipe de Franck Brignolas, nous étudions également le bois formé sous une contrainte hydrique modérée.

Activités de recherche et principaux résultats obtenus

- 1) Caractérisation du bois de tension aux niveaux anatomiques, biomécaniques et biochimiques, ces deux derniers aspects étant abordés via des collaborations (UMR PIAF Clermont-Ferrand, LERMAB Nancy, UMR FARE Reims)
- 2) Identification systématique de gènes exprimés dans le bois et les feuilles d'arbres stressés par séquençage d'EST (projet ForEST), Séquençage de 500 à 1500 ADNc pleine longueur (AIP séquençage 2006).
- 3) Etude globale d'expression par microarrays avec confirmation des résultats obtenus par d'autres techniques RT-PCR ou analyse de Northern. Ces études globales d'expression sont réalisées au cours de la formation du bois dans différentes conditions, sur des arbres témoins ou ayant leur métabolisme des lignines modifiés par transgénèse.

- 4) Participation active à la construction des bases de données ForEST et ForGenes, utilisables en interne et bientôt par Internet, cette réalisation étant dirigée par Isabelle Bourgait.
- 5) Choix de gènes candidats, pour des études plus approfondies : i) localisation immunologique, rôle dans la physiologie de l'arbre par évaluation de peupliers transgéniques modifiés pour l'expression de ces gènes, étude de leur régulation. Les gènes candidats actuellement étudiés sont :
 - des gènes fortement régulés lors de la formation du bois, tels que certains des gènes codant des protéines à arabinogalactanes (AGP)
 - des gènes exprimés dans le bois et dont la fonction est inconnue
 - des gènes codant des protéines régulatrices et notamment des facteurs de transcription (FT)

Résultats marquants

- Très forte expression de nombreuses AGP dans le bois au cours de la mise en place de la paroi secondaire. Certaines AGP présentant un domaine fascicline sont très fortement régulées dans le bois de tension et sont localisées principalement à la face interne de la couche G, une couche surnuméraire caractéristique de la paroi secondaire des fibres G. De manière plus générale beaucoup de gènes régulés pendant la formation des fibres de bois de tension codent pour des protéines impliquées dans des interactions entre éléments du cytosquelette, membrane plasmique et matrice extracellulaire, ce qui suggère un rôle de ces protéines dans l'orientation des microfibrilles de cellulose
- Etude des facteurs de régulation de la formation du bois de tension et plus particulièrement de la famille des protéines à domaine LIM dont certains membres, sur d'autres modèles biologiques, sont des navettes entre noyau et cytosquelette.

Perspectives

- 1) Afin de se rapprocher de nos collègues de l'Université d'Orléans et dans la perspective de la création future d'une UMR, la même approche de génomique fonctionnelle sera développée pour étudier la formation des parois des cellules de bois en conditions hydriques limitantes. Des travaux préliminaires ont permis de i) caractériser au niveau histologique les modifications anatomiques du bois chez des arbres soumis à une sécheresse modérée ; ii) construire des banques d'ADNc à partir de tissus de feuilles et de bois prélevés sur des arbres en stress hydrique et de séquencer plus de 15000 EST, qui sont en cours d'analyse et iii) enfin de réaliser une étude globale d'expression au cours de la formation du bois sur des arbres en stress hydrique
- 2) Grâce à une collaboration avec l'équipe de D. Locker du CNRS à Orléans, qui utilise en routine la technique d'immunoprécipitation de chromatine (ChIP) sur drosophile, une approche intégrative complémentaire aux études globales d'expression est en cours de développement et permettra d'identifier les cibles de facteurs de transcription soigneusement choisis pour leur rôle dans la régulation de la formation du bois.
- 3) En collaboration avec nos collègues généticiens de l'UR, la diversité génétique des gènes candidats les plus pertinents sera évaluée chez des génotypes de *P. nigra* et *P. deltoides* tranchés pour leurs propriétés du bois (cf axe 2 du projet d'unité).
- 4) Enfin, les peupliers à lignines modifiées élevés en champ depuis 12 ans seront évalués pour d'autres propriétés du bois (déroulage, placage, production de bioénergies...), si nous réussissons bien sur à obtenir des financements.

Moyens mobilisés par le groupe :

Contrats de recherche	- AIP Séquençage INRA ForEST (séquençages de 25000 EST issus de banques d'ADNc construite à partir du bois et des feuilles d'arbres sous stress mécanique et stress hydrique) - ANR Génoplane POPSEC (étude globale d'expression au cours de la formation du bois sur des arbres en stress hydrique) - AIP Séquençage 2006 (séquençage d'ADNc pleine longueur)
-----------------------	--

	- Soutien de programme Région Centre (Production de protéine recombinantes et de vecteurs de transformation pour des facteurs de transcription impliqués dans la formation du bois)
Moyens humains	2 thèses encadrées : D. Arnaud, R. Fichot 1 post doc : M. Takeuchi
Collaborations	- France : B. Chabbert (UMR FARE Reims), J.-L. Julien et C. Coutand (UMR PIAF Clermont-Ferrand), C. Assor et P. Perré (LERMAB Nancy), B. Clair (LMGC, Montpellier), D. Locker et M. Decoville (CBM-CNRS, Orléans) - Japon : A Yoshinaga (Université de Kyoto) analyse quantitative <i>in situ</i> des lignines dans le bois de peupliers modifiés génétiquement. - Suède : J Hjaten, étude de l'impact écologique des essais en champ de peupliers transgéniques modifiés pour certaines propriétés du bois. Contribution à l'effort international d'analyse et d'exploitation de la séquence du génome de peuplier.

2.2. Groupe CAMBIUM

Intitulé du groupe : Caractères d'Adaptation au Milieu dans la formation du Bois par la différenciation des cellUles Méristématiques (C.A.M.B.I.U.M.)

Le groupe CAMBIUM est composé de 3 chercheurs (Philippe Label Marie-Anne Lelu-Walter et Philippe Rozenberg), un ingénieur (Isabelle Bourgait) et un technicien (Michel Vallance). Sont en outre associés aux activités du groupe les membres suivants du LBLGC de l'université d'Orléans : Guy Khalem (PRU), Domenico Morabito (MCU), Sabine Carpin (MCU), Christiane Depierreux (MCU), Françoise Chefedor (IR).

Thèmes de recherche développés et principaux résultats obtenus

- Cambium et croissance secondaire.

- Activité cambiale et carence hydrique chez le peuplier en culture hydroponique. La disponibilité en eau est souvent le principal facteur limitant la croissance des arbres. Le système de culture de pousses en hydroponique mis au point au LBLGC offre la possibilité de mesurer la croissance radiale en continu. L'étude des protéines impliquées dans la réponse du cambium de peuplier à la carence hydrique est entreprise grâce aux compétences de nos collègues universitaires. Le principal résultat a été la publication des conditions de croissance en hydroponie des plants de peuplier hybride (*Populus canescens*) pour l'obtention de l'activité cambiale et le suivi en continu de la croissance en diamètre des tiges en réponse à une carence hydrique expérimentalement imposées dans ces conditions hydroponiques (Morabito et al . 2006).

- Biologie de l'activité cambiale chez le peuplier et chez le noyer. Microdissection des initiales cambiales chez le peuplier. Analyse transcriptomique des gènes exprimés par type d'initiale cambiale. Obtention et caractérisation de la croissance secondaire en conditions hydroponiques. Les deux principaux résultats obtenus sont issus de la thèse de Nadia Goué (2005) et représentent d'une part la description des gènes exprimés dans les initiales radiales et les initiales fusiformes chez le peuplier beaupré (Manuscrit en cours de soumission à New Phytol.) et d'autre part la mise au point d'une méthode nouvelle de microdissection des initiales cambiales dans le cambium à partir de coupes sériées et lyophilisées (Manuscrit en rédaction entre quatre laboratoires).

- Embryogenèse somatique du pin sylvestre et du pin maritime.

- Etude de l'initiation des embryons somatiques (facteurs génétique, milieu de culture).
- Optimisation et simplification de l'embryogenèse somatique du pin maritime (Lelu-Walter *et al.* 2006).
- Recherche et étude des facteurs affectant la différenciation des embryons somatiques de pin maritime (disponibilité en eau, régulateurs de croissance).

- Intégration de l'embryogenèse somatique aux programmes d'amélioration.
 - mélèze hybride (Luc Pâques): du matériel INRA amélioré est maintenant disponible (famille INRA H1). Obtention et cryoconservation de lignées embryogènes (constitution d'une banque cryocongelée de matériel amélioré). Production de plants par embryogenèse somatique pour évaluation.
 - pin sylvestre (Catherine Bastien), production de plants : 34 clones pour la réalisation de tests en forêt (comportement), un clone afin de tester le pouvoir pathogène de différentes souches de rouille (*Melampsora pinitorqua*).
- Dendroplasticité, ou l'étude du contrôle génétique de l'enregistrement bois de la réponse plastique des arbres aux variations de leur environnement.
 - Acquisition, analyse et interprétation génétique et écophysologique de profils radiaux de variation de propriétés de base du bois (microdensité et anatomie).
 - Analyse de la variation génétique en populations artificielles et naturelles. Etudes méthodologiques dans le domaine du bois.
- Bioinformatique, recherche de combinaisons de motifs cellules-spécifiques dans les séquences promotrices des gènes exprimés dans les initiales cambiales de peuplier. Le principal résultat est constitué par l'isolement de motifs de séquences dans les promoteurs des gènes exprimés par type cellulaire. Ces motifs montrent notamment un regroupement pour la réponse à la lumière dans le groupe de gènes spécifiques des initiales radiales dans lesquelles on a découvert indépendamment près de 80 gènes impliqués dans la mise en place de la photosynthèse. Ces travaux sont actuellement développés en collaboration avec le Dr Elizabeth Tapia de l'Université de Rosario.

Perspectives

Les contours de ce groupe ayant été profondément remaniés à l'occasion de la présente évaluation collective, nous ne reprendrons ici que les perspectives qui concernent des actions reprises et soutenues dans la nouvelle équipe ME.R.I.STEM.ES.

Développement des études hormonales et moléculaires de la physiologie cellulaire au cours de l'embryogenèse somatique chez le pin et le mélèze.

Tous les travaux concernant le pin maritime se trouvent soutenus et renforcés par le Partenariat AFOCEL-INRA, convention signée le 18/02/04 (2004-2006), projet intégré de recherche en biotechnologies du pin maritime (embryogenèse somatique, transformation génétique, génomique). Etude de la différenciation des embryons somatiques de pin maritime : Marqueurs protéiques du développement embryonnaire. En collaboration avec D. Morabito, Université Orléans, et avec la plateforme protéomique de Bordeaux.

Etudes physiologiques de l'aptitude à l'embryogenèse somatique. Initiation à partir de matériel âgé ; études des pertes des capacités de régénération des lignées embryogènes : méthylation de l'ADN. En collaboration avec S Maury, Université Orléans.

Intégration de l'embryogenèse somatique aux programmes d'amélioration mélèze hybride : mise en place de tests clonaux. Enrichissement de la cryobanque. Vérification à l'aide de marqueurs neutres, de l'absence de sélection par embryogenèse somatique (en collaboration avec CGAF).

Pin maritime (Annie Raffin, AFOCEL): mise en place de tests de démonstration (conformité des plants) dans le cadre du GIS Pin Maritime du Futur ⁶.

Sur un petit nombre de familles de gènes d'intérêt présentant une expression différentielle selon le type de cellule cambiale : clonage de la séquence complète des gènes exprimés dans le cambium et identification des promoteurs associés. Isolement et caractérisation *in silico* des motifs associés à la spécificité cellulaire dans les initiales cambiales de peuplier.

Moyens mobilisés par le groupe :

⁶ Note : Toute production de plants devrait désormais être prise en charge par l'Unité Expérimentale. Cela nécessite pour Marie-Anne Lelu-Walter le transfert des méthodologies (embryogenèse somatique, cryoconservation) sous réserve de la disponibilité de technicien à l'UE.

Contrats de recherche	- ANR-Genoplante 2006-2008 (Genomics of wood formation and molecular tools for breeding wood quality in maritime pine) - ANR-Genoplante 2007-2009 (Molecular bases of acclimation and adaptation to water deficit in poplar) - Pôle de compétitivité Région Aquitaine 2006-2008 - Projets bilatéraux : GALILEO (Italie), AFCRST (Chine), PESSOA (Portugal) - Projets européens : TREEBREEDER, GEMA - Projets innovants EFPA : 2004 (Isolement et caractérisation de gènes sélectionnés dans les initiales cambiales de peuplier), 2005 (Marqueurs neutres et apparentement pour l'estimation de la variation génotypique adaptative en forêt), 2006 (Les gènes impliqués dans la duraminisation sont-ils activés dès la différenciation cambiale ?)
Moyens humains	Thèses encadrées ou co-encadrées: N. Goué, R. d'Errico, T. Durant, C. Marion, D. Pot, L. Bouffier, MH Gauchat, A Martinez 3 Post-Doc encadrés ou co-encadrés : N. Sanchez (Mexique), JC Villardi et B. Saidman (Argentine) 6 stagiaires de divers niveaux
Collaborations	- Amérique latine : Université de Talca (Chili), INTA Bariloche (Argentine) - Canada : Dr. Krystyna Klimaszewska, Dr. Yill-Sung Park (Service Canadien des Forêts), Université de Colombie-Britannique - Chine : Profs Meng-Zhu Lu (Académie Forestière de Chine) et Cui Ke-Ming (Université de Pékin) - France : Prof. S. Hawkins (Université Lille), Dr. C. Riou-Khamlichi (Université Limoges), UMR BIOGECO INRA Bordeaux, CIRAD Forêts Montpellier - Italie : IVALSA (Florence) - Portugal : IICT-ISA Lisbonne - Slovaquie : Dr. Therezia Salaj Académie des Sciences Nitra

2.3. Groupe Duraminisation

Le Groupe "Duraminisation" est composé de 2 chercheurs (Caroline Teyssier, Christian Breton), 1 ingénieur (Jean-Paul Charpentier) responsable du laboratoire de biochimie et de 2 techniciennes (Nathalie Boizot, Rozenn Théréne décédée en mars 2007) intervenant respectivement dans les laboratoires de biochimie et de culture *in vitro*.

Objectifs des recherches, enjeux et intérêts socio-économiques

Chez de nombreuses espèces, **le bois de cœur** est la partie centrale et foncée du tronc ayant la plus grande valeur mais les mécanismes contrôlant sa formation restent encore très mal connus. Le groupe "Duraminisation" a mis en oeuvre des **approches multidisciplinaires** (biochimie des composés phénoliques et des protéines, histologie, biologie moléculaire) pour comprendre cette étape finale de différenciation des cellules du bois qui a lieu au niveau de la **zone de transition aubier/bois de cœur (ZT)**. Nos recherches ont porté plus particulièrement sur 4 thématiques :

- L'élucidation et l'étude de la voie de biosynthèse de la juglone
- L'analyse des gènes exprimés durant l'expansion du bois de cœur
- La caractérisation et l'utilisation des extractibles du bois
- L'étude du déterminisme génétique de la duraminisation et de la durabilité naturelle

Activités de recherche et principaux résultats obtenus

a) Elucidation et étude de la voie de biosynthèse de la juglone (C. Teyssier, C. Breton)

La **juglone** est une naphthoquinone spécifique des juglandacées qui joue des rôles prépondérants au niveau de la coloration du bois et dans les mécanismes de résistance vis-à-vis des microorganismes pathogènes. **La voie de synthèse de ce composé est inconnue** chez les plantes mais nous avons pu montrer que des enzymes de la famille des beta-glucosidases (BG) purifiés à partir de cotylédons hydrolysaient spécifiquement l'hydrojuglone glucoside pour produire de la juglone (Duroux et coll. 1998). La purification et la détermination des caractéristiques biochimiques de ces enzymes au niveau des différents tissus du bois ont été réalisées (C. Teyssier, N. Boizot). Des dosages ont révélé un pic d'activité BG dans la ZT en novembre. La caractérisation de ces protéines par spectrométrie de masse est en cours (Martine Cadène, CNRS-Orléans et Valérie Labas, INRA-Nouzilly). Parallèlement, nous

avons obtenu des anticorps spécifiques et clonés des ADNc correspondant exprimés dans le bois (S. Catalano, C. Breton). Ces derniers nous servent actuellement de marqueurs sur nos puces à ADN pour confirmer l'expression coordonnée de l'ensemble des gènes que nous pensons impliqués dans la voie de synthèse de la juglone (cf. § suivant). **Deux articles sont en cours de rédaction.** Ils concernent les résultats des études biochimiques et de biologie moléculaire.

b) Analyse des gènes exprimés durant l'expansion du bois de coeur (C. Breton)

La thèse d'Isacco Beritognolo (2001) a permis de mettre au point l'extraction d'ARN à partir de la ZT et de cloner un ensemble de gènes marqueurs du métabolisme phénolique impliqués dans les processus de coloration du bois. L'analyse de l'expression de ces gènes sur une période d'un an a permis de corréler leur transcription avec l'accumulation de flavonoïdes dans la ZT lors de l'expansion du bois de coeur durant la période hivernale (Beritognolo *et al.* 2002). En nous basant sur ce calendrier, nous avons construit une banque d'ADNc représentative des gènes exprimés dans ce tissu en Octobre. 2208 « **Expressed Sequence Tags** » (ESTs) obtenus lors d'une mission de longue durée au HTIRC (C. Breton et C. Michler, Purdue University, 2001-2002) ont été annotés individuellement et réorganisés pour effectuer des analyses d'expression. Depuis, environ 7000 ESTs supplémentaires ont été obtenues (projet ForEST) et intégrées dans la base de donnée locale (gérée par I. Bourgaït).

Cinq membranes « **macroarrays** » sont en cours d'utilisation pour quantifier l'expression des gènes dans les différents tissus du bois au cours des saisons (M. Ruiz-Diaz, MC Lesage-Descausses et I. Bourgaït). Deux de ces membranes rassemblent **l'ensemble Unigène** (1460 clones) et les **gènes fortement exprimés** (202 clones) issus de l'assemblage des ESTs avec Stackpack. Les autres membranes rassemblent des EST regroupés en fonction de l'annotation fonctionnelle. Ils codent pour des protéines potentiellement impliquées dans le **métabolisme phénolique** (78 clones) et notamment la juglone (5 gènes dont un co-facteur de transcription), les processus d'**apoptose** (176 clones) ou des **facteurs de transcription** (136 clones). Des comparaisons été/hiver devraient nous permettre de sélectionner et de caractériser des gènes préférentiellement exprimés au niveau de la ZT en expansion afin de mieux en comprendre la physiologie. **La rédaction d'un ou deux articles est prévue à la suite des analyses statistiques d'expression de gène.**

c) Caractérisation et utilisation des extractibles du bois (JP Charpentier, N. Boizot, C. Breton)

Du fait de nombreuses **propriétés biologiques** (antioxydante, colorante, antimicrobienne, fluorescence) de certains composés extractibles du bois, nous nous sommes attachés à purifier et caractériser certaines molécules présentes dans le bois de coeur de différentes essences (noyer, mélèze, robinier,...) afin d'en promouvoir d'éventuelles **utilisations industrielles**.

- Validation d'une méthode rapide d'évaluation de la durabilité naturelle des bois par Spectrométrie Proche Infrarouge (SPIR) en établissant des corrélations entre les contenus en extractibles, la durabilité naturelle mesurée et la couleur du bois sur 4 essences d'arbres tropicales et tempérées (collaboration bilatérale INRA-CIRAD Montpellier, H. Baillères, Gilles Chaix, P. Vigneron, et projet d'échange *PAI Pessoa* 2005-2006 avec JC. Rodrigues, Portugal)

- Mise au point d'un processus d'extraction préindustriel de la juglone pour diverses industries (chimique, phytosanitaire, cosmétologie). Collaboration avec l'IUT d'Orléans (H. Fauduet, Chimie des Procédés) (projet GIS Biopôle, **1 publication en prévision**).

- Evaluation quantitative et qualitative du contenu en ellagitannins du bois de chêne pour la tonnellerie sur un échantillonnage de toutes les forêts de France. Mise en corrélation avec les mesures SPIR dans l'objectif final d'intégrer cette technologie dans le processus de fabrication des merrains pour la tonnellerie et copeaux de bois pour la vinification des vins. Contrat avec Tonnellerie Radoux (confidentiel mais **3 publications en cours de rédaction** : scientifique, professionnel bois, professionnel vin).

- Valorisation d'extraits de bois en tant qu'antioxydants pour améliorer l'utilisation des huiles végétales en tant que biolubrifiant (contrat l'ADEME (AGRICE 2004-2005) avec un partenaire industriel IGOL).

- Valorisation d'extraits bruts de bois de noyer et de robinier ou de molécules purifiées (juglone, robinétine, dihydrorobinétine) dans le cadre d'essais de lutte biologique sur des pathogènes du pommier (feu bactérien) et du peuplier (rouilles foliaire). Des tests in vitro sur des cultures de pathogènes et des inoculations de feuilles ont eu des effets inhibiteurs très importants sur la croissance des pathogènes. **Des applications sont envisagées dans le cadre de la lutte biologique** (collaboration avec C. Bastien, UAGPF, M. Ménard, INRA Angers).

d) Etude du déterminisme génétique de la duraminisation et de la durabilité naturelle du bois chez le mélèze (collaboration avec Luc Pâques, Projet EFPA duraminisation et Projet européen Alpha-GEMA).

- Etablissement du calendrier annuel et interannuel d'expansion du bois de cœur chez le mélèze d'Europe, du Japon et hybride, organisation de son architecture intra-arbre, variabilité génétique du contenu en bois de cœur au niveau population et individuel et contrôle génétique de ce caractère. (Luc Pâques et Jean-Paul Charpentier, Projet EFPA duraminisation et Projet européen Alpha-GEMA).

- Modification du protocole d'extraction d'ARN de ZT du fait de la présence de résine (prétraitement au pentane des poudres de bois) et clonage de gènes candidats par RT-PCR (N. Boizot, C. Breton).

- Variabilité et contrôle génétique de la durabilité naturelle du bois chez l'hybride : rôle des espèces pures, caractérisation des extractibles (teneur et identification des molécules) et du niveau de variabilité génétique existant, recherche de prédicteurs indirects (biochimiques, couleur, SPIR).

Nos objectifs sont maintenant de terminer d'ici deux ans nos efforts d'analyse du transcriptome par l'annotation des dernières ESTs et l'analyse des macroarrays afin de sélectionner des candidats pour des expériences de transgénèse ou de marquage génétique à partir de populations de noyer noir dont la qualité du bois est analysée (collaboration: K. Woeste, Purdue University). Pour ces gènes candidats, les analyses pourront être complétées au niveau protéique et métabolique en nous basant sur le savoir faire que nous avons acquis lors de nos expérimentations sur les beta-glucosidases. **Les directions que nous envisageons de développer vont principalement dans 3 sens :**

1) Caractériser les gènes définissant et contrôlant le schéma de synthèse de la juglone. Les efforts d'annotations de la banque d'ADNc de ZT de noyer que nous avons mis en oeuvre nous ont permis de découvrir un ensemble de gènes codant pour les enzymes ainsi que des facteurs de transcription contrôlant la biosynthèse de la juglone. Des génotypes présentant de plus fortes teneurs en bois de cœur et en juglone pourront être utilisés pour caractériser des marqueurs génétiques (collaboration K. Woeste, Purdue et F. Delort, INRA Bordeaux). Des lignées d'embryons somatiques modifiés génétiquement pourront être utilisés pour tester le rôle des deux principaux gènes régulateurs dans le contrôle de cette voie de synthèse.

2) Valoriser les molécules issues des métabolismes activés lors de la formation du bois de cœur

- Aspects phytosanitaires: Les activités biologiques antimicrobiennes de différents extraits de bois et de composés purifiés (juglone, robinétine, dihydrorobinétine) ont déjà été testées positivement contre des pathogènes du peuplier et du pommier. Nous pensons étendre nos travaux sur la taxifoline et le dihydrokaénférol du mélèze.

- Aspects cosmétique et pharmacologique: Du fait de leurs activités antimicrobiennes et fluorescentes, certaines molécules du noyer et du robinier intéressent dorénavant et déjà le directeur du pôle de compétitivité régional « Cosmetic Valley » (Jean-Luc Ansel) et un partenaire industriel (Florent

Yvergnaux, responsable R&D Solabia, BioEurope Research, Dreux). Ces molécules pourraient être utilisées dans des produits cosmétiques comme conservateurs (cadre REACH) ou colorant fluorescent notamment : incorporation dans maquillage ou vernis (flaconnage).

3) valoriser les informations sur le contrôle génétique des caractères liés à la couleur et la durabilité naturelle dans les programmes d'amélioration et de sélection chez le mélèze (L. Pâques) et le noyer (K. Woeste, Purdue)

- développement d'une méthode d'évaluation en routine (SPIR) basé sur la corrélation des gammes de durabilité naturelle et des teneurs en extractibles, optimisation de l'âge de sélection (tests précoces), mise en place d'un système d'évaluation individuel pour classer chaque arbres en fonction de leur durabilité et optimiser leur utilisation.

- développement des outils de sélection assistée par marqueurs chez le mélèze sur la base de gènes candidats caractérisés chez le noyer. En relation avec les résultats des analyses biochimiques (dosages, SPIR) nous pensons focaliser notre étude sur la caractérisation des gènes impliqués dans la synthèse de la taxifoline et du dihydrokaénférol.

- choix des géniteurs en recombinaison interspécifique.

Moyens mobilisés par le groupe :

Contrats de recherche	INRA EFPA : projets innovants 2005 (<i>Déterminants biochimiques et génétiques de la durabilité naturelle et de la coloration du bois de coeur chez le mélèze et le noyer</i>) et 2006 (<i>Les gènes impliqués dans la duraminisation sont-ils activés dès la différenciation cambiale ?</i>) AIP INRA (2004-2006) : FOREST : catalogue de 150 000 ESTs pour identifier les gènes impliqués dans l'adaptation des arbres forestiers à leur milieu (coord. C Plomion) Projet INRA/Afocel (2004) : Biotechnologie du pin maritime (coordination: Marie-Anne Lelu-Walter, UAGPF) Projet INRA inter-département GAP/FMN (2003) : Production de noyers à double fin (bois/fruit) et séquençage de 5.000 ESTs de la banque de ZT (coordination: Frédéric Laigret, UREFV, INRA Bordeaux). Projet DRAF Région Limousin (2004) : Optimisation de l'enracinement de boutures de mélèze hybride (coordinateur: Guy Costa, Université de Limoges). Projet GIS/Biopôle végétal (2004-2005) : Etude du métabolisme de la juglone chez le noyer et valorisation économique de polyphénols (coordination: Caroline Teyssier) Projet Bilatéral INRA-CIRAD (2003-2005) : Approche génétique de la durabilité des bois de feuillus basée sur l'implication du métabolisme des flavonoïdes et le développement d'une méthode de mesure non destructive "SIPR"(coordination JP Charpentier et P. Vigneron) Projet AGRICE (ADEME) (2004-2005) : Amélioration des propriétés de biodégradabilité et stabilité des biolubrifiants par la substitution d'antioxydants d'origine naturelles aux antioxydants d'origine pétrochimique. (coordonné par D. Prerin et JP.Charpentier) Projet PAI Pessoa (Portugal) (2005-2006) : Comparaison de la SPIR et de la microdensité indirecte aux rayon X pour la mesure des variations de la densité du bois (coordonné par P. Rozenberg)
Moyens humains	Thèses encadrées ou co-encadrées : G. Montiel (2003), S. Hedhili (2007) Projet européen Alpha GEMA (2004-2007) : « <i>Genetica de la Madera</i> », échange et formation d'étudiants avec l'Amérique du Sud (coordonné par P. Rozenberg): M. Ruiz-Diaz (11 mois) et S. Catalano (6 mois), Laura Giarocco (6 mois) COST E28 European forest genomics network : Functional genomics of tree maturation and reproduction
Collaborations	<u>France :</u> - Xavier Sabau (CIRAD-Amis Biotrop, Montpellier) : macroarrays et transcriptomique. - Prof. J. Crèche et V. Burlat (USC « Facteurs de Transcription et Ingénierie Métabolique Végétale », Université de Tours): Caractérisation fonctionnelle et histolocalisation de facteurs de transcription. - Francis Delort (INRA Bordeaux): Amélioration génétique du noyer (<i>J. regia</i>) - Prof. D. Chriqui (Laboratoire CEMV, Université Paris VI): Analyses morphologiques et histologiques. - G. Costa (Glycobiologie Forestière, Université de Limoges): Clonage de facteur de transcription chez le mélèze et transformation génétique. - Henri Baillères, Gilles Chaix, Nadine Amusant (CIRAD Forêt-Bois, Montpellier) : SPIR, extractibles, durabilité naturelle - Dominique Perrin (LERMAB Nancy): activité antioxydante des molécules du bois - Innova-Protemics (entreprise de protéomique et biotechnologie, dir. C. Pineau) : Production de protéines d'intérêt thérapeutique par des plantes (Contrat de confidentialité signé).

	<u>Etranger :</u> - P. San Miguel, Charles Michler et Keith Woeste (Purdue University): <i>transcriptomique et marqueurs génétiques de la formation du bois de cœur chez le noyer noir. Conception d'une puce à ADN noyer de type « macroarray ».</i> - Prof. Elisabeth Magel (Hamburg Universität): <i>collaboration bilatérale sur la durabilité sur la base d'une proposition commune: Integrating the genetic and physiology of heartwood formation to resolve wood natural durability).</i> - José Carlos Rodríguez (IICT Lisbonne, Portugal): <i>SPiR</i>
--	--

2.4. Groupe Méthodologie de la sélection et création variétale

Le Groupe "Méthodologie de la sélection est composé de 6 chercheurs (C. Bastien Dr2, V. Jorge, CR 1, L.E. Pâques CR1, P. Rozenberg CR1, L. Sanchez CR1, F. Santi CR1) et 2 ingénieurs (J.C. Bastien IR0 et J. Dufour IR1) soit environ 4 ETP.

Objectifs des recherches, enjeux et intérêts socio-économiques

- Poursuivre les travaux visant à mieux connaître la diversité génétique des espèces forestières tempérées et sa structuration géographique,
- Développer les connaissances sur le déterminisme génétique de caractères complexes : adaptation au milieu, résistance aux agents biotiques, croissance, architecture et propriétés du bois,
- Développer des outils et des stratégies d'amélioration permettant d'exploiter plus efficacement cette variabilité, y compris sur le long terme,
- Exploiter ces connaissances dans la conduite des programmes d'amélioration,
- Créer des variétés nouvelles,
- Contribuer au développement des outils de production en masse des variétés améliorées.

Contexte :

A ce jour, le Groupe gère les programmes d'amélioration de 3 essences résineuses (douglas, mélèzes et pin sylvestre) et de 3 essences feuillues (peupliers, merisier et frêne) et participe à la mise en conservation des ressources génétiques de l'épicéa commun dans le cadre d'un projet avec l'UE (EPIQUE).

La gestion à proprement parler de ces programmes, qui demande un suivi au jour le jour (gestion des collections, plan de croisements, gestion scientifique des réseaux expérimentaux, analyses des données, sélection et création variétale, expertise extérieure) rencontre de plus en plus de problèmes :

- humains : nombre d'améliorateurs insuffisants (plus de responsable du programme Douglas, ¼ ETP sur le programme Pin sylvestre), baisse des effectifs du personnel technique, restructuration des UE, etc.),
- financiers : financements irréguliers, aléatoires et insuffisants,
- structurels : quasi-abandon des activités liées à l'amélioration par le Cemagref, perspectives incertaines pour les pépinières administratives.

A cela s'ajoute le partage délicat entre activités de recherche *sensu stricto* et activités de conduite des programmes eux-mêmes.

A cette fragilité, s'ajoute l'implication que l'on peut juger excessive de tous les chercheurs de l'équipe dans la recherche de financements aux niveaux régionaux, nationaux et européens, qui réduit d'autant leur activité scientifique.

Ainsi hormis pour le programme le mieux doté (Peuplier), ce contexte nuit grandement à l'efficacité des processus d'amélioration et de sélection alors que de nombreux besoins nouveaux émergent en création variétale dans le cadre des changements climatiques annoncés (choix et priorités

des critères de sélection, re-exploration de la variabilité des essences dans leurs aires naturelles, sélection de nouvelles variétés mieux adaptées au climat et/ou à des utilisations nouvelles) et des besoins de repositionnement de notre équipe dans le cadre européen.

Une présentation de nos activités au sein de leurs programmes d'amélioration respectifs assurerait à notre avis une plus grande lisibilité et cohérence. L'abandon de cette présentation masque en effet de nombreuses activités qui trouvent par exemple leur pleine légitimité dans le cadre du programme où elles sont conduites –mais qui peuvent paraître obsolètes ou pas assez innovantes pour d'autres programmes.

Activités de recherche et principaux résultats, projets et collaboration

A. EXPLORATION DE LA VARIABILITÉ NATURELLE DES ESPÈCES : DESCRIPTION - STRUCTURATION

Deux volets sont identifiés dans le contexte de l'exploration des ressources génétiques naturelles auxquels s'ajoute une mesure de sauvegarde du patrimoine génétique d'une espèce dont le programme d'amélioration a été arrêté.

(i) Développement de méthodologies de lecture de la diversité en milieu naturel

- Analyse par simulation (développement d'un modèle Monte Carlo) des facteurs démographiques et génétiques ayant un rôle dans la définition de la stratégie d'échantillonnage et dans la constitution des collections *in situ* et *ex situ* de la diversité naturelle : l'objectif de cette étude est d'une part de déterminer l'échantillonnage optimal à mener pour estimer au mieux la variabilité génétique intra et inter populations d'une espèce donnée et d'autre part, de définir l'échantillonnage optimal des individus à faire pour constituer une collection *ex situ* d'une taille donnée représentant, à un temps donné, le maximum de diversité génétique de l'espèce. Un des résultats principaux montre que *les facteurs prépondérants à prendre en compte pour capturer au mieux la diversité génétique d'une espèce et sa structuration entre populations est le nombre de populations et le nombre d'individus échantillonnés. Le nombre de loci a un effet moins important.*
- Estimation de l'héritabilité « en forêt » : Les outils récents d'estimation de la variation génétique sans contrôle du pedigree et de l'environnement à l'aide de marqueurs moléculaires neutres (typiquement microsatellites nucléaires) peuvent se révéler extrêmement utiles pour les arbres forestiers, car ils pourraient se substituer aux dispositifs expérimentaux d'évaluation de la variabilité génétique. A partir de la description de la structure d'apparement de populations d'arbres en forêt, ils permettent d'obtenir une idée de la variabilité génétique de caractères essentiels comme les caractères d'adaptation. L'objectif était de tester cette approche sur arbres forestiers. Sur base d'une étude de cas (*forêt de chêne de la Petite Charnie*), *les résultats ont permis de révéler que malgré une structuration génétique peu favorable (faible niveau moyen d'apparement entre individus et faible variabilité du niveau d'apparement dans la population rencontrée dans cette population), des héritabilités élevées et significatives pour des caractères connus par ailleurs pour être effectivement très héritables (phénologie et caractères physiques et chimiques du bois). Cependant, les caractères connus pour avoir des héritabilités faibles ou moyennes (croissance) se retrouvent tous avec des valeurs estimées positives mais non significativement différentes de zéro.*

(ii) Etude de la diversité et de la variabilité génétique en forêt.

- Variabilité géographique du frêne commun : cette étude basée sur un échantillonnage de populations de l'aire naturelle et leur comparaison en tests de provenances/descendances vise à évaluer l'organisation géographique de la diversité naturelle du frêne commun à l'échelle de la France et de l'Europe. *Elle a déjà permis de mettre en évidence la très forte variabilité inter- et intra population pour les caractères de vigueur, de forme et de phénologie du débourrement végétatif.*
- Mise en évidence et quantification de l'hybridation entre les deux espèces *Fraxinus excelsior* et *Fraxinus angustifolia* en France : ce travail étudie les caractères phénologiques, morphologiques et moléculaires de plusieurs dizaines de populations en conditions naturelles principalement le long de trois transects (Loire, Saône et Vallée du Tech)
- Etude de la variabilité génétique intra-peuplements de merisier. Cette étude vise à quantifier l'importance du drageonnage dans deux populations naturelles de merisiers. *Elle montre entre autre que suite à ce phénomène, la variabilité génétique de ces populations se trouve donc plus ou moins réduite puisque ces peuplements sont formés d'une juxtaposition de tâches de drageonnage de surface variable. Ces résultats réduisent fortement la portée d'une des critiques majeures faites au développement des variétés multiclonaux de merisier, à savoir, leur faible variabilité génétique par rapport à celle, supposée forte, des peuplements naturels.*

(iii) Mise en conservation des ressources génétiques de l'épicéa commun

Le programme de cette espèce étant arrêté depuis les années 1990, il a été décidé de le mettre en veille et de préserver un patrimoine génétique très riche accumulé aux cours des dernières décennies en installant en plantations conservatoires de petites populations d'amélioration constituées à partir de sélections faites dans le vaste réseau expérimental. Des mesures complémentaires ont été conduites en 2006 et les premières sélections ont été réalisées (165 clones de 6 populations de l'aire Hercyno-Carpatique) en vue de leur mobilisation par greffage.

B. MÉTHODOLOGIE DE LA SÉLECTION

B1. Gestion des populations d'amélioration

- Identification de clones d'élite – constitution d'une population d'amélioration de Douglas : l'objectif de ce travail est de constituer une population d'amélioration pour cette espèce en valorisant le travail considérable de collection (1000 descendances) et d'évaluation de descendances récoltées dans l'aire naturelle. *Une sélection multi critère et multi-site, combinée individu – famille a permis de mettre en évidence une interaction génotype – environnement d'ampleur modérée uniquement sur le caractère de croissance en hauteur. Cette étude confirme également une structuration géographique de la variabilité génétique dans l'aire naturelle. Elle est en particulier très nette pour la précocité du débourrement végétatif le long d'un gradient latitudinal. 250 individus ont été sélectionnés durant cette période portant à 600 le nombre total de clones de la population d'amélioration. La recombinaison de ces clones est maintenant engagée depuis 2004 sous forme d'un plan de croisement circulaire (double pair mating) et une réflexion sur les inflexions à donner à la stratégie d'amélioration multi-génération est engagée.*
- Structuration des populations d'amélioration et gestion des recombinaisons en vue de leur gestion sur le long terme : optimisation gain génétique – diversité : l'objectif est ici de développer un simulateur de la dynamique des populations soumises à la sélection artificielle. Il s'agit d'un outil de décision essentiel qui permet de mieux définir la mise en place de stratégies d'amélioration génétique robustes et efficaces. Une nouvelle approche analytique a été développée (algorithmes d'optimisation permettant d'obtenir un échantillon aléatoire de populations à valeur constante d'une variable descriptive donnée) et diverses stratégies de

structuration et de gestion de populations d'amélioration ont été testées, en particulier en suivant l'évolution de la variabilité génétique sur le long terme. *Une des stratégies testées (sélection basée sur une technique de 'recuit simulée' maximisant le gain génétique sous des contraintes explicites sur l'apparement) semble prometteuse et applicable dans le programme d'amélioration français.*

- Interaction Génotype- Environnement chez le merisier : conséquence pour la gestion de la population d'amélioration et la création variétale : l'objectif de cette étude vise à évaluer l'importance des interactions GxE des clones de merisier sélectionnés dans la France entière en fonction de leur région d'origine de manière à réfléchir à la manière de structurer la population d'amélioration et orienter la création variétale. En effet, une idée fréquemment reçue est qu'il faut privilégier chez le merisier -comme d'ailleurs chez d'autres espèces- un matériel d'origine locale pour les reboisements. *Les résultats montrent que dans l'ensemble des régions où nous disposons de tests, les clones locaux ne se sont pas révélés mieux adaptés (ni moins bien d'ailleurs) que les autres dans leur propre région. Cela a incité à constituer une seule population d'amélioration et à prévoir des variétés valables pour l'ensemble de la France, en bénéficiant d'un taux de sélection élevé.*

B2. Amélioration de l'efficacité de la sélection

- Recherche de prédicteurs précoces et/ou indirects pour l'étude des caractères complexes

Deux approches sont suivies selon les espèces et les types de caractères étudiés : la première repose sur une décomposition de caractères morphologiques ou physiologiques complexes en caractères indirects plus simples ou plus précoces et la valorisation de leurs liaisons en sélection ; la seconde vise à étudier l'architecture génétique des caractères par une approche de biologie moléculaire.

a) Décomposition de caractères complexes

- Etude de la variabilité génétique de la réponse aux contraintes environnementales en vue de la caractérisation de la valeur adaptative des génotypes : Approche 'bois enregistreur des variations du climat' : une meilleure connaissance de la plasticité phénotypique des génotypes vis-à-vis des conditions climatiques et sa prise en compte dans les programmes d'amélioration sont devenus un enjeu majeur face aux changements climatiques. *L'originalité de la méthode proposée est d'évaluer à partir de profils microdensitométriques classiques et anatomiques (en développement) la variabilité de la réponse intra- et interannuelle des génotypes aux conditions du milieu (climat – site) et d'identifier les diverses stratégies conduisant soit à l'affaiblissement de l'arbre, voire à sa mortalité, soit à un évitement du stress. Deux thèses et un post-doc ont été engagés sur ce thème sur le douglas, les mélèzes et le pin ponderosa.*
- Variabilité génétique pour la teneur en bois de cœur (duramen) du mélèze et sa durabilité naturelle : cette étude vise à déterminer l'importance quantitative (architecture) et qualitative (couleur, durabilité) du bois de cœur chez le mélèze et à étudier les possibilités d'amélioration de ces propriétés. En outre, il s'agit de rechercher une méthode indirecte non destructive pour évaluer la durabilité naturelle (approche biochimique SPIR). *Cette étude a mis en évidence de réelles possibilités d'amélioration par voie génétique de la quantité de bois de cœur. Tant au niveau population, que familial et clonal, une variabilité du même niveau que celle de la croissance a été observée avec des niveaux d'hérédité élevés ($H^2 = 0.63-0.99$). Par ailleurs la liaison est souvent favorable avec la croissance radiale. Une grande variabilité existe aussi entre espèces et populations pour la durabilité naturelle et le contenu en matières extractibles.*
- Variabilité génétique pour le module d'élasticité évalué sur arbre debout : validation sur le mélèze : Le développement d'un dispositif de mesures en routine du module d'élasticité (MOE)

des arbres sur pied (rigidimètre) permet désormais de mesurer de manière non destructive cette propriété importante qui mesure l'élasticité du bois. *Une validation de cette estimation indirecte a été faite en la comparant avec le MOE évalué en laboratoire sur différents types d'éprouvettes issues de ces arbres (planches – éprouvettes normalisées) par méthode vibratoire (BING). Par ailleurs les résultats montrent que contrairement à la densité du bois, la variabilité individuelle et génétique pour le module est élevée avec des niveaux d'héritabilité également élevés (>0.60). Aucune liaison significative entre croissance et module n'a été trouvée au niveau familial mais cette liaison est légèrement négative au niveau clonal.*

- Etude de la tolérance aux rouilles à *Melampsora larici-populina* du peuplier : ce paramètre est une composante majeure dans la construction d'une résistance durable chez le peuplier. Elle mesure l'aptitude d'un génotype à maintenir une plus grande part de son potentiel de croissance à même intensité de colonisation par l'agent pathogène. Elle est encours d'évaluation et d'analyse sur 2 pedigrees hybrides F1 (*P. deltoides* x *P. nigra* et *P. deltoides* x *P. trichocarpa*) cultivés en pépinière. Elle sera mise en relation avec les niveaux de résistances qualitative et quantitative.
- Prise en compte de critères de sélection indépendants de la variabilité de l'agent pathogène *Melampsora larici-populina* du peuplier : Comparaison de la structure anatomique des feuilles (nombre et surface des stomates, épaisseur de la feuille, épaisseur des épidermes inférieur et supérieur) des espèces pures et de leurs hybrides (F1 et F2) : *Cette étude exploratoire a mis en évidence une variabilité significative entre les clones étudiés, mais sans lien évident avec le type botanique ou le niveau de résistance à Mlp.* Cette étude doit être élargie à un plus grand nombre de génotypes.

b) Approche moléculaire : Cartographie – recherche de QTL en vue d'une meilleure compréhension des mécanismes susceptibles de conférer une plus grande durabilité de la résistance aux maladies chez le peuplier

L'interaction peuplier – *Melampsora larici-populina* (Mlp) offre un modèle d'étude intéressant du fait du contraste important observé entre peupleraies cultivées et peupleraies sauvages. La stratégie choisie vise à identifier des solutions permettant de limiter les pressions de sélection exercées sur les populations de Mlp grâce à une meilleure connaissance des bases génétiques et moléculaires de l'interaction peuplier – Mlp, des niveaux de variabilité génétique présents dans les populations de la plante hôte, et de la stabilité d'expression des facteurs de résistance dans différents fonds génétiques intra et interspécifiques. De façon originale et pour une meilleure valorisation en création variétale, les études se sont concentrées sur les résistances quantitatives pour lesquelles les bases moléculaires sont probablement différentes de celles impliquées dans les relations gène pour gène associées aux résistances qualitatives.

- Vers une valorisation des résistances quantitatives héritées de *P. trichocarpa* et *P. nigra* et contraintes posées par les résistances qualitatives de *P. deltoides* : *mise en évidence d'une variabilité génétique chez les trois espèces pures pour deux composantes de la résistance quantitative s'exprimant après pénétration du champignon : la latence et la taille des urédosores. Malgré une variabilité génétique individuelle importante, les hybrides P. deltoides x P. trichocarpa montrent une transgression défavorable pour différentes composantes de la résistance quantitative avec une nette incidence sur la croissance en diamètre.*
- Relations entre résistances qualitatives et quantitatives au sein de plusieurs familles interspécifiques : *les résultats montrent qu'il est fréquent que la présence d'une résistance qualitative contournée influe significativement sur le niveau de résistance quantitative qui s'en trouve très souvent améliorée. Néanmoins, ces résultats ne permettent pas encore d'inférer la nature du lien génétique entre résistance qualitative et résistance quantitative, à savoir pléiotropie*

du locus de résistance qualitative ou simple liaison physique avec un locus majeur de résistance quantitative. Une étude dans ce sens est en cours.

- Cartographie comparée de résistances qualitatives et quantitatives dans trois pedigrees interspécifiques : une démarche de détection de QTL sur un pedigree de référence a permis de confirmer le rôle majeur d'un facteur de résistance quantitative à Mlp hérité du génotype *Populus trichocarpa* 101-74 identifié dans différentes familles intra et interspécifiques. Ce facteur R_{US} peut réduire de 60% le niveau de sporulation après inoculation contrôlée et a un effet significatif en conditions naturelles d'infection. Par ailleurs, il est montré que de nombreux QTL contrôlant la résistance quantitative ne co-localisent pas. Ce résultat est encourageant du point de vue de la création variétale, car il montre qu'il existe des facteurs de résistance quantitative indépendants et potentiellement complémentaires.
- vers le clonage positionnel du facteur R_{US} : cartographie fine : la localisation du locus R_{US} sur la carte génétique a été précisée à la fois par l'addition de nouveaux marqueurs génétiques et par l'augmentation de la taille de la famille de référence
- Travail d'identification de gènes exprimés dans la résistance complète et la résistance partielle : le polymorphisme nucléotidique (SNP) de ces gènes est étudié au sein de populations naturelles de *P. trichocarpa* et de *P. nigra* : une trentaine de gènes a été amplifiée dans un panel de 10 individus de chaque espèce et le séquençage des fragments amplifiés est en cours ; d'autre part, la technique d'EcoTILLING a été développée en parallèle pour pouvoir identifier rapidement des SNP.
- organisation des résistances à différents agresseurs au sein du génome de différentes espèces de peuplier : les résultats montrent une absence de colocalisation de QTL impliqués dans la résistance à Mlp, à *Melampsora medusae*, au chancre bactérien et aux insectes phyllophages (chrysomèles).

- Gestion des liaisons défavorables en amélioration : simulation et recherche de méthodes de sélection plus efficaces

Les arbres forestiers présentent quelques cas remarquables de corrélations génétiques défavorables entre caractères adaptatifs, comme entre la croissance et la forme ou la croissance et la densité du bois. La nature de ces corrélations, pour la plupart inconnue, peut avoir des implications profondes sur la sélection à caractères multiples. Cette étude vise à étudier la gestion optimale des antagonismes entre caractères sélectionnés à l'aide d'un simulateur de la dynamique des populations d'amélioration. Les résultats indiquent que l'existence de corrélations défavorables entre caractères sélectionnés peut produire un accroissement substantiel de l'imprédictibilité de la réponse pour les caractères soumis à sélection. Cette dernière est due à la fixation d'allèles pléiotropiques. Plusieurs stratégies de sélection ont été étudiées et proposées de manière à limiter ce risque.

- Bases génétiques (et écophysiologiques) de l'hétérosis chez les hybrides interspécifiques (F1, F2) : Cas du mélèze

L'étude vise à mettre en évidence le déterminisme génétique de l'hétérosis chez l'hybride interspécifique (*L. decidua* x *L. kaempferi*) en vue de définir une stratégie d'amélioration rationnelle pour la création d'hybrides. Elle porte sur la voie F1 et sur la voie F2.

- Vers une meilleure compréhension du rôle respectif des espèces parentes et leur complémentarité dans le déterminisme des caractères chez l'hybride : à partir de plans de croisements adaptés, il a été mis en évidence le rôle prépondérant du mélèze du Japon pour les caractères d'architecture (rectitude du tronc, élancement, branchaison), et du mélèze d'Europe (race Sudètes) pour les propriétés du bois. Beaucoup de caractères sont sous effets génétiques additifs mais pour certains, les effets non additifs (rectitude du tronc, proportion de duramen, module d'élasticité,

croissance à un âge très juvénile) sont significatifs et parfois importants. L'étude sera poursuivie en incluant d'autres populations de mélèze d'Europe (alpine) et d'autres caractères d'intérêt économique (extractibles du duramen en liaison avec la durabilité naturelle et plasticité),

- Détermination du niveau de la vigueur hybride (hétérosis) et de son expression : à partir d'un diallèle 18*18 intra/interspécifique multi-sationnel, *il est montré à un stade juvénile un hétérosis global favorable et fort (survie, phénologie, croissance en hauteur et en diamètre) ou très fort (volume tige) pour tous les caractères sauf pour la rectitude de la tige (hétérosis défavorable). Par contre, au niveau familial une très forte variabilité existe pour tous les caractères y compris pour la forme. Par ailleurs, nous avons pu observer une expression différentielle des caractères selon la rigueur des sites : gradient positif pour la survie avec la rigueur du site, positif pour le débourrement végétatif avec la continentalité, très légèrement positif avec la fertilité pour la croissance.* Deux études seront prioritairement poursuivies : étude des possibilités de prédiction de familles hétérotiques, développement des modèles de Li et Wu pour une identification plus appropriée des effets additifs et non additifs en hybridation interspécifique.
- Etude des bases physiologiques de l'hétérosis : deux approches sont en cours : d'une part, une décomposition des rythmes de croissance et de ses composantes pour évaluer la vigueur hybride à un stade juvénile et d'autre part une approche par analyse fine des profils microdensitométriques en liaison avec les composantes environnementales pour étudier les différentes stratégies des taxa vis-à-vis des stress climatiques.
- Etude de l'intérêt des hybrides de 2^{ème} génération et d'une stratégie 'composite breeding' : cette étude vise à étudier l'influence du niveau de consanguinité des parents sur la vigueur hybride en 2^{ème} génération et la possibilité d'utiliser une stratégie récurrente sur population hybride. Elle est en cours et repose sur un plan de croisement diallèle 15 x 15 entre géniteurs hybrides F₁ avec différents niveaux d'apparentement.

B3. Impact de la sélection de gènes majeurs sur la diversité

L'utilisation de la sélection assistée par gènes peut fournir des gains génétiques considérables à court terme. Cependant, la sélection d'un nombre réduit de gènes avec un effet majeur sur le caractère d'intérêt peut réduire l'intensité de la sélection appliquée au niveau des gènes non identifiés (polygènes) et la taille efficace de la population. L'étude vise à déterminer comment dans le contexte d'une population sélectionnée où la fixation d'un gène connu est désirée augmenter la fréquence du gène cible de sorte que la perte de variation polygénétique utile soit réduite au minimum. Des études récentes de simulation en sélection assistée par gènes indiquent que cet équilibre entre gènes identifiés et polygènes pourrait être obtenue en appliquant une intensité de sélection constante sur les gènes identifiés, de leur identification à leur fixation dans le programme de sélection. *Il a été montré que ce développement récent n'est pas l'optimal. Une nouvelle approche a été proposée : minimisation du carré de l'intensité de sélection sur les gènes identifiés, légèrement mais fonctionnellement différente de celle basée sur une intensité de sélection constante.*

C. DIFFUSION DES VARIÉTÉS

C1. Ingénierie de la production de matériel forestier amélioré

- Brassage génétique dans différentes modalités d'installation d'un verger à graines expérimental de merisier : l'INRA a engagé avec ses partenaires une étude préliminaire de faisabilité d'un verger à graines intensif de merisier sous serre et l'analyse de la qualité du brassage génétique dans 3 modalités de gestion : i) verger en plein air intégral, ii) verger hors gel avec introduction simultanée de tous les clones et iii) verger hors gel mais avec introduction différées des clones en fonction de leur tardiveté de floraison de façon à augmenter la période de recouvrement des floraisons. *L'observation du comportement des arbres et des abeilles en serre, et les résultats génétiques sur les descendances ont conduit à orienter la création d'un nouveau verger à*

graines commercial en pleine terre mais avec une conduite très intensive et un nombre de copies par clone faible.

C2. Intégration de l'embryogenèse somatique aux programmes d'amélioration

Les progrès significatifs réalisés durant cette période (taux d'initiation élevés, maîtrise de la cryoconservation, etc.) permettent maintenant sérieusement de prendre en compte cette technique dans le programme d'amélioration du mélèze hybride : d'une part pour améliorer la précision d'évaluation des génotypes et d'autre part, peut-être pour la diffusion de matériel amélioré en liaison avec une autre technique de diffusion par voie végétative (bouturage bulk). Une réflexion est entamée à ce sujet.

C3. Homologation de variétés, Transfert de méthodologies

Inscription au Catalogue national des MFR

a) Variétés de merisier : inscription en 2006 en catégorie testée de 7 nouveaux cultivars au catalogue des plantes cultivées et confirmation de l'inscription (1994) de 3 anciens sur base de leur vigueur, faible sensibilité à la cylindrosporiose, forme du fût et de la branchaison et stabilité multi-site des performances ; création d'un nouveau verger à graines constitués de 36 clones à Avesac (Loire-atlantique) en 2005 ; inscription en 2006 de deux vergers à graines en catégorie qualifiée (Cabreret (Lot) et Absie (Deux-Sèvres) ; mise en place en 2006 et 2007 de 2 dispositifs de démonstration de cultivars clonaux ont été mis en place.

b) Variétés de douglas : évaluation de 400 parmi 1470 clones composant les vergers à graines entreprise en 1995 conjointement par le CEMAGREF et l'INRA ; homologation en catégorie testée de 2 vergers à graines de l'Etat (Luzette et Darrington) ; réalisation d'une éclaircie génétique dans le verger de la Luzette ; homologation en catégorie qualifiée de 2 autres vergers de Douglas de l'Etat (VG clones Washington et VG clone français du Limousin)

c) Variétés de mélèze : Une nouvelle variété de mélèze hybride (parents de familles) a été homologuée (REVE-VERT) en catégorie testée. Par ailleurs, les deux vergers de mélèze d'Europe (Sudètes) du Theil et de Cadouin ont été homologués en catégorie qualifiée. Une évaluation des composantes de ces vergers en tests de descendance est partiellement en cours. Elle sera complétée par de nouveaux dispositifs d'évaluation. Les résultats permettront à terme une éclaircie génétique dans ces vergers.

d) Variétés de pin sylvestre : Une nouvelle variété de pin sylvestre (verger à graines de clones) a été homologuée en catégorie qualifiée en décembre 2006. Elle permet la diffusion de matériel végétal d'origine autochtone authentifiée 'Haguenau'. Une première récolte commerciale a été réalisée fin 2006. Le passage en catégorie testée de ce verger est prévu lorsque les éclaircies génétiques sur la base de résultats en tests de descendance seront réalisées (hiver 2007-2008).

Transfert de méthodologies

Le transfert de la méthode de détermination du taux d'hybrides en verger d'hybridation de mélèze par marquage moléculaire développé par notre équipe a été réalisé auprès du GEVES et de nouveaux marqueurs diagnostics (ADN nucléaires) ont été développés avec l'Université de Lyon I dans un but de détermination des hybrides de 2^{ème} génération. Par ailleurs, des marqueurs morphologiques ont été développés, permettant d'identifier à un stade juvénile les différents taxa de mélèze et faciliter éventuellement le tri spécifique en pépinière.

Moyens mobilisés par le groupe :

Contrats de recherche	Département EFPA - Projets Innovants : - Modélisation : outil d'aide au choix des stratégies optimales, pour la gestion des populations d'amélioration et la constitution de réseaux de conservation des ressources génétiques (2004), - Marqueurs neutres et apparentement pour l'estimation de la variation génotypique adaptative en forêt (2005), - Déterminants biochimiques et génétiques de la durabilité naturelle et de la coloration du bois de coeur chez le mélèze et le noyer (2005), - EPIQUE : conservation du patrimoine génétique de l'épicéa commun (2006) Projets CTPS 2003-2005 'Détermination de la pureté hybride chez le mélèze', Projet ANR ECOGER : INTERPOGER fin 2005-fin 2008 (coord. C. Bastien) Projet BRG 2004-2006: Modélisation et comparaison de la diversité neutre et non neutre dans les collections et les populations naturelles de deux espèces ligneuses: le peuplier noir et le merisier Projet BRG 2005-2006 : Adaptation locale, phénologie et changement climatique : applications au frêne Projets DGFAR (GIS peuplier et GIS Variétés forestières améliorées) Projet IFB 2003-2006 : Dynamique de recolonisation du frêne oxyphylle et d'hybridation avec le frêne commun face aux changements globaux Projets Européens : RAP, LARCH (coord.L.E. Pâques), GEMA (coord. Ph. Rozenberg), POPYOMICS, TREEBREEDEX (coord.L.E. Pâques)
Moyens humains	Thèses encadrées ou co-encadrées : MH Gauchat, A Martinez (Argentina) Master 2 G. Dalla Salda Sanchez 4 Post-Doc encadrés ou co-encadrés : P. Gérard, N. Sanchez (Mexique), JC. Villardi et B. Saidman (Argentine), Lee Y. (Chine) Stagiaires de divers niveaux : M.C. Garcias (Mexique), N. Rasse (BTS)
Collaborations	<u>France :</u> Département EFPA (URGV-Evry, UR Pathofo Nancy, Biogeco-Pierroton): Agri-Obtentions BioGeves Cemagref Université Lyon-I (Génome et Evolution des Plantes Supérieures) : Université Paris XI (UMR CNRS/ENGREF Laboratoire Ecologie, Systématique et Evolution) : hybridation entre <i>Fraxinus excelsior</i> et <i>angustifolia</i> ONF CRPF Pépinières forestières de Guémené-Penfao et de Peyrat-Le-Château <u>Etranger :</u> Principales Unités de recherches en génétique et amélioration génétique européennes dans le cadre des projets européens Research Branch du MINISTRY OF FOREST (Colombie Britannique, Canada), Université de Wien (BOKU, Autriche) Station de Recherches forestières de Gembloux (B) G. Newcombe, T. Bradshaw, J. Tuskan Hedeselskabet (DK)

2.5. Groupe Interaction des variétés avec l'écosystème

Le groupe "Interaction des variétés avec l'écosystème forestier" est composé de 6 chercheurs INRA (C. Bastien, A. Dowkiw, V. Jorge, M. Villar, F. Santi et L. Sanchez) et de deux ingénieurs chargés d'étude du CGAF (B. Musch et A. Valadon).

Objectifs des recherches, enjeux et intérêts socio-économiques

La sylviculture et l'aménagement des forêts mettent en jeu des opérations techniques qui toutes à des degrés divers agissent sur le niveau et l'organisation spatiale de la diversité génétique (transfert de graines ou régénération naturelle, éclaircies, fragmentation,...). Plusieurs projets de recherche s'intéressent à décrire, voire prédire l'impact de l'utilisation de variétés améliorées sur les ressources génétiques "naturelles" d'espèces forestières en peuplements de production ou en plantations conservatoires. Les ressources "naturelles" résultent des processus naturels de brassage et de sélection autant que des interventions humaines (brassage et sélection) inconscientes, innombrables et anciennes au cours de la construction et de la modification des paysages agricoles et forestiers. Elles occupent le compartiment qualifié de «sauvage», par opposition au compartiment «cultivé» qui regroupe aussi bien le matériel domestiqué à des fins non forestières que les variétés améliorées obtenues par sélection dirigée. Une bonne caractérisation des interactions entre ces deux compartiments sous forme de **flux de gènes à moyenne et longue distance** apparaît aujourd'hui indispensable. Cette thématique très récente dans notre unité permet d'accompagner le déploiement de variétés améliorées forestières dans des écosystèmes multifonctionnels, et d'ajuster les **stratégies de conservation des ressources génétiques**. Elle permet également de consolider les liens privilégiés avec l'USC « Conservatoire Génétique des Arbres forestiers » de l'Office National des Forêts.

Le maintien depuis plusieurs décennies d'une mosaïque paysagère hétérogène conduit à s'intéresser à d'autres formes d'interactions intra et inter organismes à l'échelle du peuplement et du paysage. Nous nous intéressons ainsi plus particulièrement aux **pressions de sélection exercées par les cultivars de peuplier sur les populations de *Melampsora larici-populina* (Mlp)**, agent de la rouille foliaire.

Activités de recherche et principaux résultats obtenus

1. Flux de gènes entre variétés améliorées et ressources génétiques naturelles

Deux espèces naturelles en France, mais différentes pour leurs traits de vie, leur histoire et leur place actuelle en forêt et dans les milieux naturels associés ont été choisies comme support à ces études :

- le **peuplier noir**, espèce majeure des ripisylves souvent à proximité des zones populières dans lesquelles ont été introduits un cultivar particulier de la même espèce, le peuplier d'Italie (*P. nigra* var. '*Italica*'), et des hybrides interspécifiques combinant d'autres espèces avec lesquelles les échanges de gènes sont possibles.
- le **pin sylvestre**, essence sociale majeure qui depuis très longtemps a subi comme de nombreuses *Pinacées* ou *Fagacées* des introductions de matériel allochtone pour qui se pose la question de la restauration d'une ressource naturelle fortement décimée par la tempête de 1999.

Pour ces deux modèles, le nombre de reproducteurs et leur répartition spatiale dans les différents compartiments sont des éléments majeurs pouvant influencer la nature et l'intensité des flux de gènes.

Flux de gènes du compartiment cultivé vers les ressources naturelles chez le peuplier :

Les peupliers occupent dans le paysage français trois compartiments caractérisés par des ressources biologiques, des modes de gestion et des perceptions sociétales différentes. Le projet vise à mieux connaître l'impact de cette mosaïque paysagère sur la diversité génétique des populations naturelles du peuplier noir. Outre une quantification des flux de gènes du compartiment cultivé vers le compartiment sauvage, on s'attachera à identifier les facteurs biologiques et les composantes du paysage conditionnant l'efficacité de ces flux.

- **Estimation du niveau d'introgression** par le peuplier d'Italie. Douze marqueurs microsatellites ont été utilisés pour l'identification d'hybrides de première génération (F1) issus du cultivar *P. nigra* cv '*Italica*' et de plus de 550 peupliers noirs sauvages collectés ces dernières années. L'analyse montre que 6% des individus de la collection et 4.4% des individus des nouvelles collectes sont des hybrides

F1 avec le cv '*Italica*' (V. Jorge, M. Villar, publication en préparation avec VIB Ghent). Pour les marqueurs utilisés, *P. nigra* cv '*Italica*' ne présente pas d'allèle privé (ou rare). De nouvelles collectes le long de la Loire, nous permettront d'estimer ces taux d'hybridation à une plus petite échelle.

- **Quantification des flux de pollen du compartiment cultivé vers les peuplements naturels** (cas de sites naturels). Une caractérisation plus fine des flux de pollen à moyenne distance a été engagée en 2006 dans le cadre d'un projet multidisciplinaire soumis à l'appel d'offres ECOGER. Un premier site expérimental naturel (11.5 ha) situé à Saint Ay (Loiret) nous permet d'étudier à la fois les flux de pollen entre peupliers noirs sauvages (*P. nigra* L.) et les flux de pollen depuis le peuplier noir d'Italie.

En 2006, d'importants efforts d'inventaire, de caractérisation génétique et phénotypique, et d'observation nous permettent de disposer:

- d'un inventaire exhaustif et d'une représentation spatialisée des 494 individus de peupliers noirs et des 13 peupliers d'Italie présents sur le site ;
- de données physiques précises telles que la topographie ou les données météorologiques (température, vent) ;
- d'un suivi régulier de la floraison 2006 (7 passages) permettant un sexage (229 femelles et 255 mâles) et la mise en évidence d'une forte variabilité pour la date moyenne de floraison ;
- de plus de 18 000 graines récoltées sur un échantillon de 96 arbres femelles ;
- d'échantillons de feuilles permettant le génotypage des 96 arbres femelles échantillonnées et de l'ensemble des arbres mâles du site.

Un deuxième site expérimental situé à Bonny sur Loire (Loiret) a été choisi au printemps 2007 pour caractériser les flux de pollen entre hybrides interspécifiques de la peupleraie cultivée (2 cultivars) et peuplier noir sauvage. Le suivi régulier de la floraison 2007 a permis la récolte de descendance maternelles sur une vingtaine de peupliers noirs femelles situées en bordure de peuplement et géoréférencées.

- identification des **déterminants biologiques conditionnant l'efficacité de ces flux de pollen** chez le peuplier. Afin d'estimer l'ordre de grandeur de la différence de floribondité entre cultivars de peupliers et peupliers noirs sauvages, nous avons réalisé des comptages de bourgeons floraux sur 3 individus après abattage : un peuplier d'Italie (14m de haut, 902mm de circonférence à 1.30m), un cultivar euraméricain 'I45-51' (20m de haut, 1160mm de circonférence à 1.30m), un cultivar interaméricain 'Unal' (20m de haut, 1180mm de circonférence à 1.30m). Ces premières mesures mettent en évidence une floribondité de *P. nigra* cv '*Italica*' 7 fois plus élevée que celles des cultivars hybrides.

Afin d'étudier de probables phénomènes de compétition entre pollens de mâles différents, nous avons réalisé, en 2006, 4 croisements contrôlés avec mélanges de pollens. Quatre femelles *P. nigra* sauvages du site de Saint Ay ont été pollinisées avec un mélange à poids égaux de pollens de *P. nigra* cv '*Italica*' et de 3 mâles sauvages du site de Saint Ay. Les graines obtenues feront l'objet d'une analyse de paternité au cours de l'année 2007.

Dans le cadre d'un projet innovant EFPA initié fin 2006, une méthode de mesure de la vitesse de sédimentation des pollens (V_s) développée sur maïs par l'INRA Grignon (UR EGC) est en cours d'application sur peuplier. Cette vitesse est un paramètre clé des modèles physiques de dispersion des pollens puisqu'elle détermine la distance de transport par le vent. Ce projet a pour double objectif de tester la transférabilité du système mis au point par Grignon vers le peuplier et d'autres essences forestières, mais également d'évaluer son intérêt pour la mise en évidence de variabilité génétique pour V_s .

Flux de gènes (pollen et graines) à moyenne et longue distance chez le pin sylvestre.

En France, les seules ressources naturelles de pin sylvestre de plaine correspondent à de très vieilles parcelles du massif d'Haguenau (Alsace) isolées dans des reboisements dont les plus anciens datent de l'occupation allemande de 1870. La tempête de 1999 a détruit à plus de 80% cette ressource naturelle, déjà menacée par des problèmes de pollution génétique. A l'heure de la reconstitution de ce massif, il convient de s'interroger d'une part sur la possibilité de maintien d'une ressource autochtone par régénération naturelle compte tenu des échanges de gènes avec les populations introduites et d'autre part sur l'intérêt, pour un renouvellement par plantations, qu'apporte une variété améliorée issue de la recombinaison, en verger à graines, de plus de 150 géniteurs identifiés dans la population autochtone voilà 15 ans. Ces travaux, conduits en étroite partenariat avec le CGAF-ONF, ont été inclus dans un projet de recherche s'intéressant à la qualité génétique de jeunes peuplements issus de régénération naturelle et financé par le BRG en 2004 et 2005. Ils se poursuivent dans le cadre d'une thèse, cofinancée par l'ONF et la Région Centre depuis décembre 2005 qui inclut également l'analyse des flux de graines à moyenne et longue distance en peuplement mixte pin sylvestre-chênes.

Une comparaison de la nature et de l'intensité des flux de pollen a été entreprise à partir de récolte de descendances maternelles en forêt avant et après tempête sur les mêmes arbres reproducteurs. L'analyse de la diversité génétique des nuages polliniques à l'aide de 3 microsatellites nucléaires et 6 microsatellites cytoplasmiques permet d'avancer l'hypothèse de flux de gènes en provenance de semenciers de parcelles voisines non autochtones, ces derniers étant plus importants après tempête. Une première approche statistique spatialisée des données de diversité neutre est en cours afin de caractériser du mieux possible la dispersion du pollen à longue distance et l'influence de la densité locale en reproducteurs.

L'analyse préliminaire de la diversité génétique (2 microsatellites nucléaires) de semis naturels et de semis issus de MFR (peuplement sélectionné local et verger à graines de même origine) permet : d'avancer une nouvelle fois l'hypothèse de flux de gènes en provenance de parcelles non autochtones voisines (régénération naturelle, graine issue de récolte en peuplement sélectionné) ; de mettre en évidence une structuration spatiale de la diversité génétique de semis jeunes ; et de souligner la bonne représentativité de la diversité neutre de la graine améliorée produite en verger à graine.

L'analyse des courbes de dispersion de graines à moyenne (30m) et longue distance (>100m) a été initiée en 2006 en situation mono spécifique sur le site d'Haguenau et en 2007 dans un peuplement mélangé Chêne-pins de la forêt d'Orléans. Ces analyses associent méthodes de piégeage, génotypage de graines et de jeunes semis naturels, et analyse de parenté dans des dispositifs où l'ensemble des parents potentiels ont été géoréférencés.

2- Pressions de sélection exercées par les cultivars de peuplier sur les populations de *Mlp*

Les stratégies de sélection du peuplier développées en Europe depuis 30 ans sont exclusivement orientées vers la valorisation de résistances qualitatives apportées par une espèce parente (*P. deltoides*) n'ayant jamais subi la pression de *Mlp* dans son aire d'origine et probablement contrôlées par un cluster de gènes (Lefèvre *et al.* 1998, Dowkiw *et al.* 2004). Plusieurs contournements de résistance aux conséquences économiques majeures sont les témoins d'une évolution rapide et marquée des populations de l'agent pathogène en réponse aux déploiements variétaux peu diversifiés des zones cultivées. Les populations de *Mlp* récoltées en zone populiicole se caractérisent en effet par une diversité de pathotypes plus grande et par des pathotypes plus complexes (Frey *et al.* 2005). En étroite collaboration avec nos collègues pathologistes de Nancy, nous abordons la question de l'adaptation des populations pathogènes à de nouvelles constructions de résistance, associant différentes résistances qualitatives et quantitatives.

Depuis le printemps 2005, un dispositif expérimental incluant 12 clones combinant différents facteurs de résistance qualitative et quantitative non encore déployés en populiculture fait l'objet d'un

suivi annuel du niveau d'infection naturelle par *Mlp*. Durant les étés 2005 et 2006, 3 mesures de sensibilité à la rouille foliaire ont été réalisées. Le classement des différents types de constructions de résistances évaluées révèle un très net avantage aux génotypes porteurs de résistances qualitatives même contournées. Les génotypes porteurs de ces résistances qualitatives et de la résistance quantitative R_{us} présentent un état sanitaire significativement meilleur. Des populations de *Mlp* ont été récoltées en Août 2006 en différents points du dispositif. Leur pathotypage prochain ainsi que l'estimation de leur niveau d'agressivité vis-à-vis de génotypes porteurs de R_{us} devraient nous donner prochainement des informations sur le niveau de sélection exercé sur les populations pathogènes.

L'étude de R_{us} , facteur majeur de résistance quantitative à la rouille du peuplier à *Mlp* identifié dans le cadre des activités du groupe « Méthodologie de la sélection », nous a conduits à rejeter plusieurs des hypothèses censées conférer une plus grande durabilité aux résistances de type quantitatif. Le rejet de l'hypothèse d'indépendance génétique entre résistance qualitative et résistance quantitative a déjà été évoqué. L'étude d'une souche particulière de *Mlp* dont le développement ne semble pas perturbé par la présence de R_{us} conduit également à rejeter l'hypothèse d'absence de souche-spécificité de ce type de résistance et par là même, d'absence de pression de sélection sur les populations de l'agent pathogène. La recherche d'autres souches capables de « contourner » R_{us} est en cours au sein de populations naturelles de *Mlp*, l'objectif étant d'en déterminer la fréquence mais également d'identifier leurs éventuelles caractéristiques phénotypiques (virulences) ou génétiques communes. Une collection de 72 isolats ayant formé de gros urédosores sur des génotypes de peupliers hybrides porteurs de R_{us} a été récoltée en 2006 et sera étudiée en 2007.

3. Optimisation de la gestion de la diversité génétique au sein de collections conservatoires

En France, la conservation des ressources génétiques forestières *ex situ* se fait dans différents types de collections : plantations de provenances ou descendances, vergers à graines, arboretums. Ces collections sont mises en place en utilisant comme critères d'échantillonnage soit des critères phénotypiques (économiques ou esthétiques), soit des critères géographiques et/ou écologiques. C'est ainsi que deux collections nationales de référence ont été rassemblées pour le merisier (*Prunus avium* L.) et le peuplier noir (*Populus nigra* L.) sans connaissance *a priori* de la variabilité naturelle. La mise en place de Centres de Ressources Biologiques et une meilleure cohérence des stratégies de conservation à travers les réseaux *in* et *ex-situ* nous ont conduits à nous intéresser aux questions suivantes :

(i) quel échantillonnage démographique et génétique faire pour constituer collections *ex situ* et réseaux *in situ* lorsque seules sont connues les différenciations génétique neutre (F_{st}) et adaptative (Q_{st}) des populations ? Une approche par simulation a été réalisée dans des métapopulations présentant des couples de valeurs (F_{st} , Q_{st}) variables.

(ii) Les diversités adaptatives et neutres présentes dans les collections de référence de peuplier noir et de merisier sont-elles représentatives des mêmes diversités observées dans plusieurs populations naturelles françaises ?

Approche théorique par simulation. La création des métapopulations soumises à différentes modalités d'échantillonnage est résumée dans la figure 1. 30 métapopulations constituées de 10 populations de 200 individus ont été créées, pour chaque couple de valeurs fixées des critères de différenciation F_{st} (20 loci neutres) et Q_{st} (3 caractères adaptatifs à 20 loci), chaque métapopulation étant obtenue par optimisation itérative de « recuit simulé » de ces valeurs. 10 000 échantillonnages aléatoires de populations (2, 4 ou 8), d'individus (5%, 20% ou 80%) et de loci (4, 10 ou 16) sont alors simulés, et les valeurs de F_{st} , Q_{st} , H (hétérozygotie espérée), A (nombre d'allèles) et A_e (nombre d'allèles efficaces) y sont estimées, afin d'apprécier biais et précision par rapport aux valeurs fixées de la métapopulation théorique « vraie ».

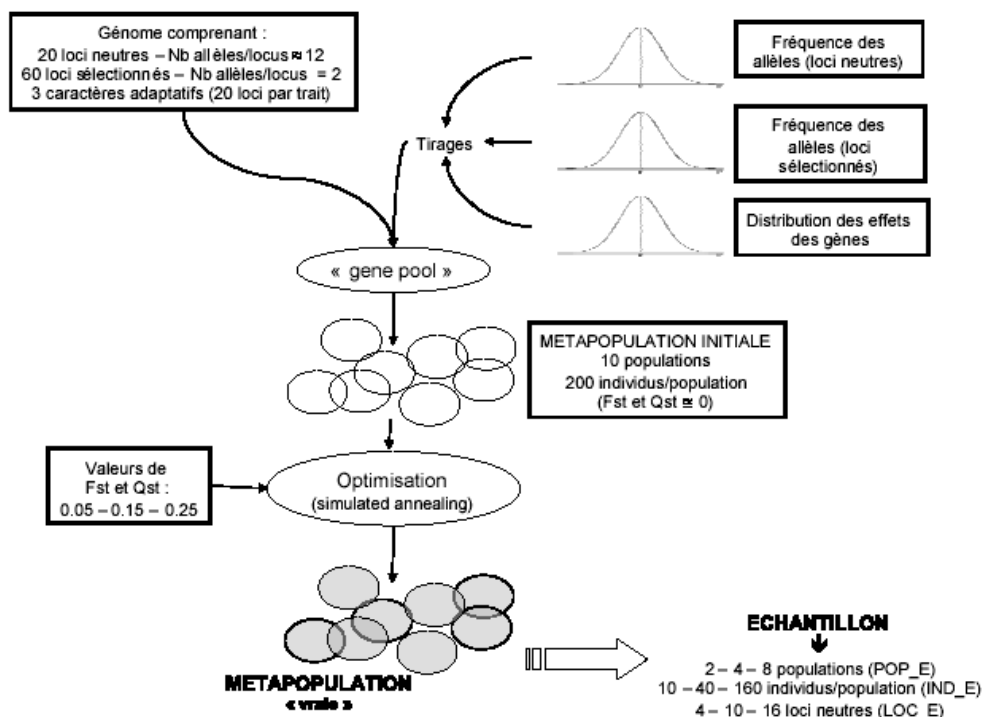


Figure 1 : Représentation schématique du modèle d'échantillonnage. Dans les encadrés accentués, les paramètres fixés sont indiqués avec leurs valeurs. La distribution des fréquences alléliques aux loci neutres est supposée uniforme ou asymptotique et peut varier entre loci. Les valeurs de F_{st} sont fixées pour le génome entier (cas a) ou par locus (cas c). Les valeurs de Q_{st} sont fixées par trait. A : nombre total d'allèles, A_e : nombre efficace d'allèles.

L'analyse des stratégies d'échantillonnage montre qu'il est important d'optimiser nombre de populations et nombre d'individus échantillonnés pour capturer au mieux la diversité génétique d'une espèce et sa structuration entre populations. Le nombre de loci, lui, n'a un effet que lorsqu'il existe de la variance entre loci mais ce dernier reste moins important que les facteurs d'échantillonnage démographique. Le nombre de populations échantillonnées a un effet d'autant plus fort sur le F_{st} et le A_e que la structuration de la métapopulation considérée est plus forte. Le nombre d'individus échantillonnés est important lorsque la structuration de la diversité n'est pas très marquée entre populations, comme c'est le cas généralement chez les espèces forestières.

Approche expérimentale sur le peuplier noir et le merisier. Les collections (302 et 315 individus) et 6 populations naturelles (7 à 57 et 21 à 117 individus) de peuplier noir et merisier ont été analysées avec 12 marqueurs microsatellites, plus le marqueur d'incompatibilité gamétophytique pour le merisier. La collection et les populations naturelles de peuplier noir échantillonnées ont été caractérisées en test clonal pour la résistance à la rouille foliaire, la surface foliaire massique et le sexe. La collection de merisier a été évaluée en test clonal pour la résistance à l'anthracnose, la rectitude du tronc, la finesse des branches et la précocité de la floraison alors que les populations naturelles ont été évaluées *in situ* pour ce seul caractère de floraison. Un niveau élevé de polymorphisme est observé pour de nombreux marqueurs tant dans les populations naturelles que dans les collections (A proche de 19 pour le peuplier et de 13 pour le merisier). Une faible différenciation est observée entre populations naturelles, et entre populations naturelles et collections ($F_{st} = 0,05$ pour le peuplier, $F_{st} = 0,10$ pour le merisier). Il est à noter un polymorphisme plus important et une différenciation plus faible pour le locus d'incompatibilité gamétophytique chez le merisier. Chez le peuplier, une variabilité génétique individuelle élevée a été observée sur l'ensemble des caractères de croissance, de morphologie foliaire et de résistance aux rouilles avec une différenciation très faible entre populations naturelles et collection ($Q_{st} < 0,001$). Chez le merisier, une fréquence anormalement élevée d'individus triploïdes est observée dans la collection (11 individus différents sur 315, contre 0 sur 298 individus échantillonnés en populations naturelles). Ce

résultat reflète le biais possible de la sélection phénotypique d'arbres '+' réalisée pour constituer cette collection.

La comparaison des résultats théoriques et expérimentaux permet de constater que la stratégie d'échantillonnage de la diversité naturelle, adoptée pour les deux espèces à faible différenciation génétique, conduit simultanément à une bonne estimation de la différenciation inter - populations et de la richesse allélique intra - population.

Le développement d'outils de simulation devrait permettre sous peu d'optimiser les méthodes d'échantillonnage de la diversité naturelle lors de la création de collection *ex situ* de taille restreinte. En parallèle, les études de diversité naturelle et de sa structuration se poursuivent chez le peuplier noir, espèce menacée par l'aménagement des fleuves et l'introgression avec les peupliers cultivés. 24 nouvelles populations (13 sur le cours de la Loire dans le cadre du projet POPLoire ; sites plus marginaux ou en extrémités d'aire naturelle : altitude, îles, Manche, Provence) ont été échantillonnées et vont faire l'objet d'évaluation de la diversité neutre et adaptative (morphologie foliaire, efficience d'utilisation de l'eau en collaboration avec le laboratoire LBLGC de l'Université d'Orléans).

Moyens mobilisés par le groupe :

Contrats de recherche	Soutien de programme- Région Centre : 2005-2006 Soutien DGFAR Réseau de conservation peuplier noir 2004-2005-2006 Projet BRG « régénérations naturelles et diversité » 2004-2006 Projet BRG « Collection ex situ et diversité naturelle » 2004-2006 Projet régional POPLoire 2006-2007 Projet Innovant EFPA 2006 Soutien DRAF Pays de Loire 2006 Projet ECOGER : INTERPOGER fin 2005-fin 2008 (coordination)
Moyens humains	1 thèse en cours (Pascal Aspe 2006-2008) 4 Masters 2 ^e année (I. Mardaré, J. Beschereau, A. Marjoux, M. Juteau) 1 CDD IE (J. Levrat)
Collaborations	INRA-IAM Nancy – P. Frey, J. Pinon, interactions peuplier/ <i>Mlp</i> INRA-Biométrie Avignon – E. Klein, D. Allard – modèles de dispersion INRA-Grignon– B. Loubet – vitesse de sédimentation du pollen VIB Gent – INBO Belgique – Flux sauvage cultivé chez le peuplier Réseau des Réserves naturelles de France (peuplier noir) Pépinière forestière de Guémené-Penfao (peuplier noir) ENGREF (S. Brachet) ; CEMAGREF puis INRA Bordeaux (S. Mariette) diversité génétique en collection LBLGC-Université Orléans- diversité peuplier noir et efficience d'utilisation de l'eau.

3. Perspectives et projet d'unités

Valorisation des ressources génétiques forestières en vue d'une production durable de bois d'œuvre et de biomasse ; impact écologique des populations domestiquées sur l'écosystème dans un contexte climatique changeant

Le projet de recherche du prochain quadriennal exposé dans ce chapitre se place dans la ligne scientifique du précédent projet d'unité. L'essentiel de ce projet est d'ailleurs déjà inscrit à échéance de 3 ans dans la contribution de l'unité AGPF et du CGAF à des projets en cours ou soumis évoqués plus haut au chapitre 1.6.

En matière de **connaissance sur le génome**, l'unité AGPF concentrera ses efforts sur l'analyse du déterminisme de caractères adaptatifs tels que la résistance aux rouilles foliaires et l'efficacité d'utilisation de l'eau, ou de caractères à fort intérêt économique tels que la formation et la composition chimique (lignine, cellulose) du bois et certains aspects du développement (embryogenèse somatique). Il s'agira d'isoler et caractériser les gènes impliqués dans la variation observée de ces caractères, en préciser leurs fonctions et les conditions d'expressions à différentes échelles (cellule – arbre) et d'en explorer le polymorphisme au sein de populations naturelles ou d'amélioration. Une expertise collective dans le domaine de la biologie intégrative sera construite avec différents partenaires (écophysiologistes, pathologistes). L'exploitation de la connaissance du génome du Peuplier et l'intégration de la bioinformatique devraient enrichir la stratégie de recherche.

En matière de connaissances et d'applications sur le **développement végétatif des gymnospermes**, l'unité AGPF fera porter ses efforts sur la maîtrise de l'embryogenèse somatique du pin maritime en développant notamment une stratégie de biologie intégrative pour expliquer la maturation des embryons somatiques de pin maritime et l'induction de l'embryogenèse somatique à partir de matériel végétal adulte. Ces travaux seront construits en partenariat avec l'UMR BIOGECO de l'INRA de Bordeaux et le secteur privé de recherche et industriel avec pour principal objectif le déploiement végétatif de génotypes élités issus des programmes d'amélioration génétique.

En matière d'étude de la **diversité génétique** des espèces forestières, un premier objectif est d'associer génétique moléculaire, génétique des populations et génétique quantitative afin d'identifier les polymorphismes nucléotidiques et les effets alléliques à l'origine de la variabilité phénotypique de plusieurs caractères d'intérêt. La recherche d'empreintes moléculaires de la sélection naturelle portera principalement sur des caractères adaptatifs tels que la phénologie du débourrement végétatif et de l'arrêt de croissance, l'efficacité d'utilisation de l'eau, la morphologie foliaire et la résistance aux rouilles foliaires. Les études relatives à la formation du bois et à ses propriétés chimiques se limiteront à une évaluation du polymorphisme nucléotidique de plusieurs gènes candidats expressionnels et positionnels ainsi qu'à une estimation des effets alléliques en situations intra et interspécifiques. Un deuxième objectif est de préciser chez plusieurs espèces autochtones d'intérêt (peuplier noir, pin sylvestre, frêne, mélèze) l'organisation spatiale de la diversité naturelle et l'importance des flux de gènes à moyenne et longue distance. Les résultats obtenus devraient fournir des guides au renouvellement de ces ressources par régénération naturelle et conforter la politique de conservation menée au sein des réseaux *in situ* et *ex situ* actuels.

En matière de **méthodologie de la sélection et d'innovation variétale**, l'unité AGPF poursuivra et ajustera sa démarche sur un nombre limité d'espèces d'importance majeure dans les repeuplements artificiels (peuplier, douglas), d'espèces moins utilisées mais à fort potentiel (mélèze)

ou à haute valeur ajoutée de leur bois (merisier, frêne). Rappelons qu'il n'existe en France, hormis pour le pin maritime et peuplier, aucun autre opérateur public ou privé que l'INRA en matière de création de VFA. L'unité AGPF devrait également jouer un rôle moteur au niveau européen, en matière de méthodologie de la sélection d'espèces forestières. Dans un contexte de changement climatique rapide, les efforts de recherche porteront sur une meilleure connaissance des bases génétiques de la plasticité phénotypique et de leur valorisation dans des stratégies de sélection adaptées. Le développement d'outils de génotypage à haut débit devrait permettre le développement de méthodes de sélection assistée par marqueurs ou par gènes associant meilleure prédiction des valeurs génétiques pour les caractères cibles et gestion raisonnée de la diversité génétique sur plusieurs générations.

La présentation du projet des 2 unités, suit un plan qui a pour objectif de mettre en évidence les synergies entre équipes et l'articulation avec notre partenariat. Ce projet est détaillé ci-après suivant 3 axes de recherche et un axe de valorisation :

- Axe 1 : Physiologie moléculaire du développement végétatif de l'arbre et de la formation du bois
- Axe 2 : L'amélioration génétique : un outil de gestion durable de la diversité des espèces forestières
- Axe 3 : Gestion des ressources génétiques dans l'écosystème
- Axe 4 : Développement et Valorisation

3.1. Physiologie moléculaire du développement végétatif de l'arbre et de la formation du bois

Les recherches dans cet axe s'appliquent à développer la biologie intégrative autour de deux fonctions physiologiques très importantes pour le fonctionnement de l'arbre et pour son adaptation à un environnement changeant : le développement végétatif de l'arbre et la formation du bois. Les études se situent principalement aux échelles moléculaire (les gènes, les protéines, les métabolites) et cellulaire avec une intégration au niveau de l'arbre entier et une ouverture vers les applications : production clonale de génotypes élités, « élaboration » des propriétés du bois. Une approche de génomique fonctionnelle est mise en oeuvre, avec en particulier le développement de la transcriptomique, la protéomique et de la bioinformatique avec une emphase sur le fonctionnement du génome et sur les régulations par les facteurs du milieu.

3.1.1. Développement végétatif de l'arbre

- Contexte

Les études de physiologie du développement que nous effectuons visent à contribuer à la maîtrise du développement de l'appareil végétatif des arbres. Les applications viennent en appui des programmes d'amélioration pour la reforestation par des génotypes élités. La principale application porte sur l'embryogenèse somatique chez le pin maritime pour la période d'activité 2007-2010 et aborde aussi la rhizogenèse et son contrôle chez le peuplier. Ces travaux œuvrent pour la production renouvelable de biomasse d'espèces forestières.

Progresser vers une plus grande maîtrise du développement des embryons somatiques est particulièrement important pour le pin maritime qui, tout en étant l'espèce forestière de prédilection pour la production de biomasse et l'exploitation forestière intensive, est néanmoins encore un ordre de grandeur en dessous des performances du mélèze hybride, par exemple, pour ce qui est de la capacité de production de plants (en nombre et en vitesse de développement) par embryogenèse somatique. D'autre part, nous investissons aussi une partie de nos ressources dans des recherches plus

exploratoires visant à mettre au jour ce qui détermine l'aptitude physiologique de tissus à l'embryogenèse somatique.

A ce jour nous éprouvons une incapacité à pouvoir multiplier par embryogenèse somatique des arbres matures. Or, la maîtrise d'une méthode performante de propagation clonale des arbres matures est importante pour optimiser les gains génétiques, car ce sont bien les arbres en âge d'être sélectionnés qui sont la véritable cible de l'améliorateur. Ces arbres sont obtenus à chaque cycle d'amélioration après établissement de tests clonaux et évaluation des performances individuelles. Pour faciliter la diffusion des nouvelles variétés constituées de génotypes élités, le passage par des méthodes de multiplication végétative en masse est alors souhaité.

La production de plants par embryogenèse somatique repose essentiellement sur le clivage par polyembryogenèse dans les masses embryogènes. Parfois, la perte de la capacité de régénération se traduit par la diminution, voire l'arrêt, de la production d'embryons somatiques par les masses embryogènes. Chez certaines espèces comme les pins, cette variation des capacités de régénération peut se manifester très rapidement (quelques mois) après induction de l'embryogenèse somatique. Néanmoins le phénomène est complexe, car on a constaté aussi une prolifération excessive des masses embryogènes au détriment du développement des embryons somatiques. Il s'agit alors d'une compétition dans la masse embryogène entre le clivage des embryons somatiques et le développement des embryons somatiques déjà formés. Au point qu'on peut observer une reprise de la polyembryogenèse alors que l'embryon somatique est en phase de développement cotylédonaire (la maturation).

- Objectifs

Si le processus d'embryogenèse somatique a été très bien étudié d'un point de vue cultural, il nous manque à ce jour des descripteurs/marqueurs moléculaires du développement. En effet, ce développement des embryons somatiques demeure complexe car faisant interagir de nombreux facteurs du milieu de culture (hormonaux, potentiel hydrique, potentiel osmotique...). Nous devons donc développer notre compréhension des **mécanismes moléculaires impliqués dans le développement des embryons somatiques**, notamment pour éclaircir la relation entre disponibilité en eau et développement des embryons somatiques. Directement lié à cet objectif, nous éprouvons la nécessité de mieux **caractériser l'aptitude physiologique des tissus à l'embryogenèse somatique**. Bien que ce second objectif aborde des questions plus difficiles du point de vue de la physiologie moléculaire et pose des problèmes, pour l'instant insurmontables, dans les techniques culturales. Nos actions de recherches y sont doubles. D'une part, nous devons progresser vers l'**obtention d'embryons somatiques à partir de tissus âgés** dans la plante. D'autre part, même lorsque l'embryogenèse somatique est possible à partir de tissus juvéniles, il survient, fréquemment chez le pin, une perte de cette aptitude à l'embryogenèse somatique qui pose problème pour la production de plants en routine. Nous devons donc étudier **comment maintenir cette aptitude à l'embryogenèse somatique chez le pin maritime**.

Le développement du plant forestier repose aussi sur une rhizogenèse efficace et de qualité. Il y a encore à travailler sur cette question, notamment pour valoriser les connaissances acquises. Cette action s'appuie sur les connaissances acquises autour des gènes homéotiques de type AGL12. L'objectif de ce travail repose sur une question simple : **les gènes homéotiques de type AGL12 peuvent-ils être utilisés pour contrôler le développement de la racine ?**

Les questions sur lesquelles porteront nos travaux sont structurées en quatre items :

- i) Maîtrise du développement des embryons somatiques
- ii) Obtention d'embryons somatiques à partir de tissus âgés
- iii) Maintien de l'aptitude à l'embryogenèse somatique
- iv) Rôle des gènes homéotiques dans le contrôle de la rhizogenèse

- Approche et Méthodologies

Ces travaux liés au développement des embryons (item i) font appel à des approches de physiologie moléculaire et de génomique fonctionnelle (biochimie, protéomique, transcriptomique, bioinformatique) impliquant en particulier la description des relations entre ABA, stress hydrique, disponibilité en eau et potentiel hydrique. Les inventaires quantitatif et qualitatif des transcrits et des protéines produits lors du développement des embryons somatiques sont attendus. Si le matériel végétal est suffisamment abondant l'équivalent sera envisagé pour les embryons zygotiques pour permettre une **comparaison de l'expression des gènes du développement des embryons somatiques et zygotiques**. Nous travaillons aussi à la description physiologique de la relation entre disponibilité en eau et stress hydrique (ABA et potentiel hydrique). Ces travaux seront réalisés sur des embryons de pin maritime et de mélèze hybride.

L'obtention d'embryons somatiques à partir de tissus âgés (item ii) est un verrou important pour l'application de cette méthode de propagation végétative. Pour commencer, nous visons la caractérisation des premiers stades de l'embryogenèse somatique en développant d'abord des essais de culture *in vitro* par des variations à partir de protocoles existants. Mais nous envisageons aussi des approches de physiologie moléculaire par l'exploration de l'expression de gènes entre masses embryogènes et cal non embryogènes dans le but d'identifier des gènes associés à cette induction. Les espèces concernées sont le pin maritime et le mélèze hybride.

Le maintien de l'aptitude embryogène (item iii) est abordé de façon très pragmatique. La cryoconservation pourrait être une réponse indirecte et pratique à ce problème. En effet, ne pas pouvoir maintenir l'aptitude embryogène dans des lignées tissulaires issues de génotypes élités peut être contourné en arrêtant totalement la physiologie cellulaire par cryoconservation de masses suffisantes et en réintroduisant en culture des masses embryogènes dès que cette aptitude montre des signes de faiblesse dans la culture du cycle précédent. Néanmoins, nous devons approfondir notre connaissance des mécanismes physiologiques de l'aptitude à l'embryogenèse somatique dans le but de contrôler le phénomène. Pour ce faire, nous commençons à étudier les mécanismes épigénétiques de régulation de la dédifférenciation des cellules en abordant le lien avec le degré de méthylation de l'ADN. Les démarches exploratoires que nous entreprenons, en collaboration avec Stéphane Maury du LBLGC, visent donc à décrire l'état de méthylation global de cultures embryogènes aux différents stades de différenciation cellulaire (polyembryogenèse, maturation, germination). Nous proposons également d'explorer l'expression de gènes associés à la division cellulaire et à la compétence à la division cellulaire par un travail exploratoire sur le clonage du gène nucléaire *SRD2* contrôlant l'expression de gènes du cycle cellulaire. Ces résultats s'appuieront sur des approches de physiologie moléculaire (culture *in vitro*, protéomique, transcriptomique, épigénétique) en focalisant, dans un premier temps, sur le mélèze hybride, espèce modèle dont la culture est la mieux maîtrisée.

Le rôle des gènes homéotiques dans le contrôle de la rhizogenèse (item iv) s'appuie sur un corpus expérimental développé initialement chez le noyer. Nous envisageons d'utiliser des promoteurs tissu-spécifiques plutôt que des promoteurs constitutifs pour répondre à cette question de recherche. Le travail portera plus sur l'étude du développement de la racine plutôt que sur la rhizogenèse adventive. Les approches développées feront principalement appel à de la transgénèse et de la biologie fonctionnelle. L'espèce étudiée sera le peuplier.

- Modèles biologiques

La principale espèce étudiée est le pin maritime. Le mélèze hybride et le peuplier constituent également des modèles de référence pour progresser dans nos recherches.

- Equipes concernées, partenariat et moyens mobilisés

Outre l'implication majoritaire des chercheurs du groupe ME.R.I.STEM.ES, les collaborations étroites avec les collègues de l'Université d'Orléans (LBLGC) autour de la protéomique et du potentiel hydrique (Domenico Morabito) et des analyses biochimiques (Stéphane Maury) valorisent les compétences locales. A court terme, une thèse CIFRE en collaboration avec l'AFOCEL est en préparation pour étudier la physiologie moléculaire du développement embryonnaire chez le pin maritime. Soulignons que nos recherches générant des applications industrielles, il serait souhaitable qu'un poste d'ingénieur soit intégré à l'équipe ME.R.I.STEM.ES. Cet ingénieur aura pour mission de prendre en charge la production des plants pour les programmes d'amélioration et d'assurer la R&D (transfert de méthodologies, contrats de licence) en direction des partenaires industriels. L'étude de l'aptitude des tissus à l'embryogenèse somatique nécessitera un plus long investissement (au moins cinq ans) du fait de la difficulté de la thématique et de l'aspect exploratoire des analyses transcriptomiques. Le recrutement d'un chercheur en génomique fonctionnelle, nous permettrait de renforcer cette activité. Notre travail sur la physiologie moléculaire du pin maritime complète la collaboration déjà existante dans le cadre du GIS PMF (Patrick Pastuska) visant à maîtriser l'embryogenèse somatique couplée à la cryoconservation et à intégrer cet outil biotechnologique pour l'amélioration du pin maritime et implique l'INRA de Bordeaux (Christophe Plomion, Annie Raffin) dans une solide collaboration de long terme. Pour l'identification des protéines d'intérêt, la plateforme de séquençage de Bordeaux est notre interlocuteur naturel. De même, concernant nos études de transcriptomique, nous exploiterons des puces à ADNc développées en Autriche (PICME, ARC) majoritairement sur la base des EST publiés par l'INRA de Bordeaux.

Au niveau international, de nombreuses collaborations constituent aujourd'hui un véritable réseau notamment avec les spécialistes de l'embryogenèse somatique des pins (Park et al. 2006). Nos premières expérimentations d'initiation à partir de matériel âgé, seront réalisées dans le cadre d'une collaboration internationale déjà initiée entre Canada (Dr Krystyna Klimaszewska), Nouvelle-Zélande (Dr Cathy Hargreave) et France (AFOCEL, Luc Harvengt).

Les moyens actuels sont de trois types : le pôle de compétitivité région Aquitaine (2006-2008) ciblé sur la création variétale du pin maritime pour caractériser et valoriser sa diversité génétique ; le programme ANR Génoplante (GNP05013C, 2006-2008) ; et un tout récent projet innovant (EFPA 2007) pour la mise en place d'une recherche de biologie intégrative sur l'embryogenèse somatique des gymnospermes. Signalons également le projet Européen TreeBreedex (2006-2010, coordination Luc Pâques) qui fait appel à la multiplication végétative et propose de dresser l'état de l'art de l'embryogenèse somatique en Europe, d'identifier les besoins, les avancées, les verrous. Enfin, soulignons des projets d'application avec des partenaires industriels dont les plus actuels sont avec Vilmorin (en cours de négociation) et le CRITT Agroenvironnement de la région Bourgogne (en cours d'élaboration).

3.1.2. Formation du bois

- Objectifs

Le bois est une ressource renouvelable de toute première importance, à la fois matériau et source d'énergie. Les arbres feuillus possèdent un bois de structure complexe, constitué principalement de fibres, de vaisseaux et de rayons. Le bois ou xylème joue un rôle primordial dans le soutien mécanique et dans la conduction de la sève brute, permettant aux arbres de développer des axes de grande taille. Sa formation résulte du fonctionnement du cambium. La paroi des cellules de xylème est composée de plusieurs couches, elles-mêmes constituées d'un réseau de microfibrilles de cellulose cimenté dans une matrice d'hémicelluloses et de lignines. Ces différentes couches diffèrent par leur épaisseur, leur degré de lignification et l'orientation des microfibrilles de cellulose. L'accessibilité de la cellulose dans la paroi des cellules de bois, un critère essentiel pour la **production de bioéthanol** à partir fibres lignocellulosiques, dépend principalement des

caractéristiques de la matrice, notamment de la qualité des lignines, et également bien sûr du ratio entre lignines et cellulose. La paroi des cellules de bois est comparable à un matériau composite comprenant une matrice de lignines, d'hémicelluloses et de cellulose amorphe, renforcée par les longs faisceaux de microfibrilles de cellulose cristalline. Les modèles dérivés de la mécanique des matériaux composites ont mis en évidence **l'importance de l'angle des microfibrilles, du degré de cristallinité de la cellulose et des propriétés mécaniques de la matrice**, pour expliquer les **variations macroscopiques des propriétés mécaniques du bois**.

L'objectif de notre travail est d'avancer dans la compréhension des mécanismes contrôlant ces caractères, par une démarche de **biologie intégrative**, en identifiant plus particulièrement les gènes et les réseaux de gènes impliqués. Ces gènes constituent autant de candidats pertinents pour des QTLs d'intérêts liés à certaines propriétés du bois, pour des applications « bois matériau » ou « bois énergie ». La variabilité de ces gènes candidats sera évaluée dans l'axe 2.

Les objets sur lesquels nous focaliserons nos efforts sont :

- i) le fonctionnement du méristème cambial sous l'angle de **la production des initiales cambiales radiales et fusiformes**.
- ii) les mécanismes responsables de **l'orientation des microfibrilles de cellulose** dans la paroi, si importante pour les propriétés mécaniques du bois.
- iii) les mécanismes responsables de la **qualité des lignines** des parois et, d'un point de vue quantitatif, du **ratio entre lignines et cellulose**, critères primordiaux pour la production de bioéthanol.
- iv) les phénomènes associés à la **duraminisation**.
- v) les mécanismes impliqués dans la **formation du bois** quand l'arbre est soumis à **une contrainte hydrique et/ou mécanique**.

Notons que les mécanismes décrits sont parfois chevauchant : ainsi l'angle des microfibrilles de cellulose (item ii) est fortement lié à la réponse de l'arbre à une contrainte mécanique (item v). Les 3 premiers items correspondent à l'approfondissement d'études déjà engagées (cf. rapport d'activité §2.1, 2.2 et 2.3) L'item iv (duraminisation) fera l'objet d'une valorisation sous forme de publications des résultats acquis dans le précédent quadriennal. Le cinquième item est un nouveau projet initié en collaboration avec nos collègues écophysiologistes du LBLGC de l'Université d'Orléans, et en interaction avec les généticiens de l'unité (cf. axe 2 du présent projet d'unité).

- Approche et Méthodologies

L'approche de génomique fonctionnelle développée depuis plusieurs années dans notre unité sur la formation du bois chez le peuplier sera poursuivie. Rappelons que cette approche se décline en quatre étapes :

- 1) séquençage systématique d'EST correspondant à des gènes exprimés dans le bois,
- 2) étude globale d'expression sur microréseaux d'ADNc,
- 3) localisation cellulaire de protéines candidates par immunohistochimie
- 4) approche de la fonction de ces quelques protéines candidates par génétique inverse (modification de l'expression des gènes correspondants par transgénèse).

Il existe bien sûr des interactions entre ces différentes étapes. Ainsi, les deux premières étapes globales, qui nécessitent un important traitement statistique et bioinformatique sur un nombre considérable de données mènent à l'identification de gènes co-exprimés, voir co-régulés, et ainsi au choix de gènes candidats les plus pertinents sur lesquels développer des études complémentaires (étapes 3 et 4). Les études globales d'expression permettent potentiellement d'identifier des réseaux géniques de régulation transcriptionnelle, notamment en prenant en compte la présence de motifs de

régulation en cis détectés *in silico*. De même, des études globales d'expression (étape 2) sur le bois de peupliers transgéniques (issus de l'étape 4) permettent également d'identifier des réseaux d'interaction génique et/ou métabolique et ainsi compléter nos modèles fonctionnels.

Une fois le choix des gènes candidats décidés (passage des étapes 1-2 à 3-4), il est nécessaire de produire des peupliers modifiés pour l'expression du gène candidat et la protéine recombinante correspondante. Cette protéine recombinante sera précieuse pour déterminer d'éventuelles interactions avec d'autres protéines ou avec l'ADN dans le cas d'un facteur de transcription. Cette protéine est utilisée pour la production d'anticorps indispensables pour une étude de localisation en immunocytochimie. Dans le cas d'un facteur de transcription, cet anticorps permet également de réaliser une immunoprécipitation de chromatine. Cette technique que nous sommes en train d'adapter sur le peuplier grâce à une collaboration avec le CBM-CNRS d'Orléans, permet d'identifier *in vivo* les ADN cibles du facteur de transcription étudié. Une telle approche permettra de compléter/confirmer les modèles de régulation obtenus par ailleurs à l'issue d'études globales d'expression (étape 2). Des données complémentaires seront fournies par l'évaluation de la diversité génétique dans les populations naturelles (développées dans l'axe 2) et par des études de phylogénie. Pour être complète, notre démarche nécessite une intégration de l'ensemble des données réunies grâce à ces différentes approches, première étape de la modélisation du fonctionnement de nos objets d'études. Dans cette perspective, nous prévoyons de mettre en place de nouvelles collaborations avec des équipes spécialisées en modélisation. Mais, nous sommes bien conscients que notre démarche pour aboutir nécessite qu'une personne capable d'appréhender à la fois les aspects biologiques de la formation du bois et les aspects mathématiques nécessaires à une modélisation pertinente s'investisse à temps plein sur le sujet et fasse vivre ces collaborations. Aussi, il nous apparaît nécessaire qu'un **ASC** soit recruté à court terme dans ce domaine.

Les étapes 1 à 4 sont déjà largement engagées pour les items ii) et iii) du précédent paragraphe tandis que seules les étapes 1 et 2 sont amorcées pour les items i), iv) et v).

Concernant l'item i) (fonctionnement du méristème cambial) la démarche est centrée autour de la nouvelle discipline de la biologie *in silico* et fait appel aux outils de la bioinformatique. A la suite des travaux développés dans le cadre de la thèse de Nadia Goué et poursuivis par Roger D'Errico, nous disposons d'une description très fine de listes de gènes exprimés en fonction du type cellulaire dans le cambium de peuplier. Le travail débutera par la recherche des motifs présents dans les promoteurs de gènes "différentiellement" exprimés dans les cellules du cambium de peuplier. La description des motifs connus ouvrira la voie vers la description de combinaisons de motifs associés à une spécificité cellulaire. Pour déboucher sur l'exploration *in silico* d'hypothèses sur des éléments de régulation. A terme, cette exploration devrait déboucher sur des études de validation expérimentales.

La validation fonctionnelle de gènes candidats dans la production de bois chez le pin maritime (item iii) a pour objectif l'identification et la caractérisation de gènes impliqués dans les propriétés du bois pour une application papetière. Ce travail évolue actuellement vers l'étude de la fonction des gènes candidats sélectionnés, par transformation génétique. Les premiers essais de transformation génétique, ont été réalisés avec le promoteur de la coniferyl coenzyme A *o*-methyltransferase, promoteur qui permettrait l'expression dans les cellules de xylème de la tige de l'arbre. Chez le pin maritime, nous avons pu montrer son expression dans les embryons somatiques (Trontin et al. 2007 Transgen. Plant J. sous presse). Ce travail se poursuit actuellement par la mise en place de la transformation génétique par stratégie de répression post-transcriptionnelle du type ihpRNA (intron-spliced hairpin RNA) ; celle-ci étant rapportée comme plus performante que les stratégies antisens. Ce travail utilise pleinement les moyens de l'embryogenèse somatique couplée à la transgenèse des gymnospermes.

- Modèles biologiques

Le modèle d'étude choisi est le peuplier, ce qui permet de profiter pleinement à la fois des ressources génomiques découlant du séquençage du génome du peuplier et des ressources génétiques associées au programme d'amélioration du peuplier et à celui de la conservation de la diversité génétique du peuplier noir. Nous continuons d'étudier certains mécanismes tels que l'angle des microfibrilles de cellulose liés à des propriétés mécaniques du bois, sur le modèle « bois de tension » développé depuis plusieurs années dans notre Unité, tandis que nous élaborons en relation avec le LBLGC de l'Université d'Orléans un modèle de formation du bois sous une contrainte hydrique suffisamment modérée pour ne pas entraîner un arrêt de l'activité cambiale. Enfin, malgré un contexte peu favorable, nous maintenons notre capacité à mener des essais en champ de peupliers génétiquement modifiés, indispensables pour évaluer l'effet de l'expression d'un gène à la fois sur la physiologie de l'arbre dans des conditions naturelles de développement, et sur les propriétés macroscopiques du bois produit.

Pour une moindre part, nous avons également vu que le pin maritime fait l'objet d'études liées aux propriétés du bois en vue d'applications papetières.

- Equipes concernées, partenariat et moyens mobilisés

L'équipe Xylème est concernée principalement par les études sur les items ii), iii) et v) menées sur le peuplier, tandis que l'équipe Méristème traite de l'item i) et les aspects de l'item iii) développés sur le Pin. Quant à l'item iv) sur la duraminisation, nous n'avons que peu de moyens disponibles à y consacrer ces deux prochaines années. Mais, il nous paraît souhaitable de réinvestir rapidement sur ce sujet qui reste très important pour l'ensemble de l'unité.

La plupart des travaux menés sur le peuplier sont développés en collaboration avec d'autres équipes spécialisées dans des disciplines complémentaires à la nôtre (génomique : URGV à Evry, écophysiologie : LBLGC de l'université d'Orléans, biologie structurale : UMR-FARE à Reims ; biomécanique : UMR-PIAF à Clermont-Ferrand, LMGC à Montpellier, LERMAB à Nancy, immunoprécipitation de chromatine : CBM-CNRS à Orléans) sans oublier les interactions avec les généticiens de l'unité (cf. axes 2 et 3). Quant aux travaux sur la formation du bois chez le pin maritime, ils impliquent des partenariats entre l'équipe ME.R.I.STEM.ES et l'AFOCEL à Nangis en ce qui concerne la transgénèse, ainsi que l'INRA de Bordeaux notamment concernant l'évaluation des propriétés du bois et la sélection génétique.

Les moyens mobilisés sont, pour l'item i) sur la production des initiales cambiales radiales et fusiformes, sous forme de temps chercheur et ingénieur visant à développer la biologie *in silico* et s'appuyant sur les outils de la bioinformatique. Au sein du groupe ME.R.I.STEM.ES, une collaboration avec l'Université de Rosario (Dr Elizabeth Tapia, Argentine) est également en place sur ce sujet. La poursuite de l'étude des mécanismes responsables de l'orientation dans la paroi des microfibrilles de cellulose (item ii) est en partie dépendante d'une demande de post-doc Haigneré et de notre participation à un projet européen CellApp soumis en mai 2007. Par ailleurs, nous contactons actuellement des équipes susceptibles de participer au montage d'un projet ANR blanche sur le sujet à soumettre en 2008. Concernant l'étude sur les lignines (item iii) les moyens sont dépendants de notre participation à un autre projet européen EnergyPoplar soumis également en mai 2007. En outre, pour le présent et le futur proche, un projet ANR-Génoplane (2006-2008) intitulé "Genomics of wood formation and molecular tools for breeding wood quality in maritime pine" ouvre des perspectives sur l'identification de gènes d'intérêt dans la formation du bois d'un gymnosperme. Enfin, l'étude des mécanismes impliqués dans la formation du bois chez un arbre soumis à des contraintes hydriques et/ou mécaniques (item v) est actuellement soutenue par un projet ANR Génoplane « PopSec » qui débute cette année pour une période de trois ans et par une thèse en

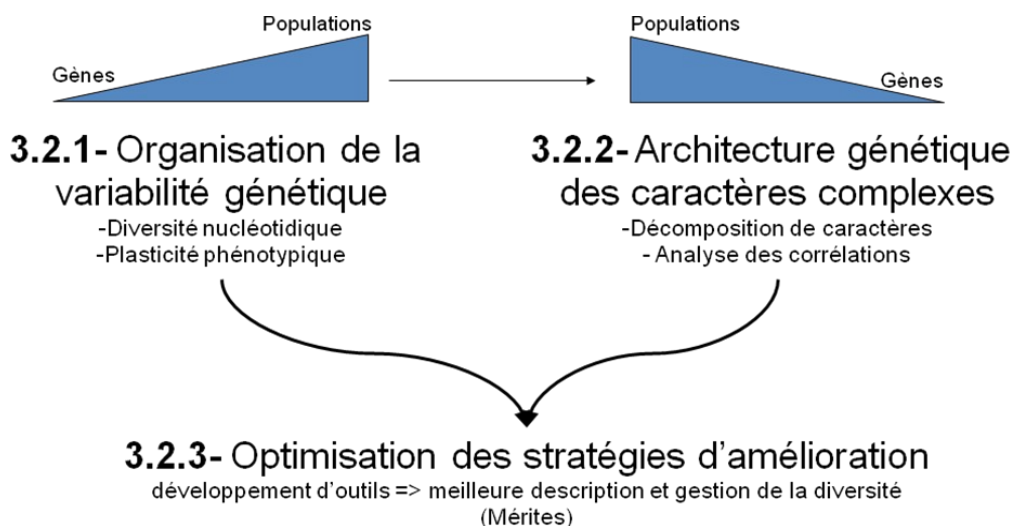
codirection avec l'université d'Orléans. Ce programme PopSec rassemble d'ailleurs des chercheurs de notre unité appartenant aux équipes XYLEME et ME.R.I.STEM.ES.

3.2. L'amélioration génétique : un outil de gestion durable de la diversité des espèces forestières

Les perspectives de ce projet d'Unité en matière de méthodologie d'amélioration génétique sont présentées dans le schéma ci-dessous. Elles reposent sur les fondements de l'amélioration génétique moderne où variabilité génétique reste la clé du progrès génétique et où l'acquisition d'information au niveau, ou à proximité, des gènes permet de préciser les effets d'une sélection dirigée. Nous continuerons à nous intéresser à la structuration spatiale et temporelle de la diversité génétique dans les populations naturelles (3.2.1). Cette organisation de la diversité génétique est due en grande partie à la diversité des environnements rencontrés et à l'histoire démographique des populations. Nous chercherons plus particulièrement à révéler les polymorphismes génétiques isolés par la sélection naturelle pendant l'évolution des espèces en profitant du caractère peu domestiqué de nombreuses espèces forestières. Nous devons également prendre en compte la plasticité phénotypique qui vient moduler l'expression de la variabilité génétique dans des milieux plus que jamais changeants.

Nous poursuivrons également nos efforts de décomposition des caractères complexes en composantes simples, à fort déterminisme génétique et plus facilement mesurables dans des populations de grande taille (Cf. §3.2.2). Nous nous intéresserons plus particulièrement aux relations génétiques et phénotypiques entre toutes les composantes d'intérêt afin de prendre en compte les effets d'interaction entre gènes, souvent négligés dans le processus de sélection.

Nous chercherons à intégrer les informations acquises dans les deux volets précédents à travers la mise en place d'outils de sélection optimisés (Cf. §3.2.3).



3.2.1 Nouvelles perspectives offertes par l'analyse de l'organisation de la diversité génétique des espèces forestières

Dans le contexte des changements climatiques, de fortes contraintes biotiques et abiotiques vont affecter les niveaux et patrons de diversité génétique et phénotypique des populations d'arbres forestiers, sur une échelle de temps similaire ou plus courte que leur temps de génération. La colonisation de nouveaux habitats ne sera pas toujours possible. Il s'agit de savoir (i) si ces espèces auront la capacité de s'adapter à ces changements, et (ii) comment la création et le déploiement de nouvelles variétés améliorées peuvent permettre le maintien de forêts de production à moyen et long

terme. Pour répondre à ces questions, nous avons choisi de développer deux volets de recherche qui tous deux reposent sur d'importantes collections représentatives de la diversité génétique d'espèces forestières d'intérêt et sur les réseaux de tests multi-stationnels associés (test de provenances-descendances, tests clonaux) :

- Organisation de la diversité nucléotidique de gènes candidats liés à différents caractères d'intérêt chez le peuplier
- Mesure de la plasticité phénotypique et des capacités d'adaptation des arbres forestiers face aux variations du milieu

a- Organisation de la diversité nucléotidique de gènes candidats liés à différents caractères d'intérêt chez le peuplier

Contexte et objectifs : Plusieurs sources d'information nous permettent de disposer d'un grand nombre de gènes candidats expressionnels ou positionnels pour des caractères adaptatifs et économiques importants chez le peuplier: l'annotation de la séquence (<http://genome.jgi-psf.org/Poptr1/>), le séquençage massif d'étiquettes de séquences exprimées (EST), le criblage différentiel de transcrits et la cartographie de QTLs. Dans le pool de gènes disponibles, le problème est d'identifier ceux qui affectent réellement la variation de caractères d'intérêt et de découvrir plus finement les allèles ou mutations responsables de cette variation.

Méthodologie et partenariats : L'analyse statistique des patrons de diversité nucléotidique intra espèce constitue un puissant moyen d'étude de la sélection naturelle au niveau moléculaire et permet d'apporter des éléments de réponse à ces questions (Kreitman 2000⁷). Des études récentes mettent ainsi en évidence une structuration géographique de la diversité naturelle du peuplier noir (*P. nigra* L.) pour des caractères de phénologie végétative, de morphologie foliaire ou d'efficacité d'utilisation de l'eau. Cette structuration semble surtout avoir été modelée par des pressions de sélection environnementales fortes (température, photopériode, disponibilité en eau) plus que par des facteurs démographiques. Nous nous proposons de poursuivre les études d'association initiées dans un projet financé par le BRG en 2006-2007 et l'AIP séquençage 2007, dans le cadre de projets européens récents (EVOLTREE) ou soumis (NOVELTREE). Les recherches s'appuient sur une collection de peuplier noir de 600 à 1100 individus clonés, sur laquelle se concentrent depuis deux ans les activités de génotypage microsatellite (12 marqueurs) et SNP, ainsi que les activités de phénotypage en test clonal pour les caractères précités à savoir phénologie du débourrement végétatif et de l'arrêt de croissance, morphologie foliaire et efficacité d'utilisation de l'eau. Ces actions se font en étroite partenariat avec le laboratoire LBLGC de l'Université d'Orléans, l'unité d'écophysiologie forestière de l'INRA Nancy, ainsi que différentes équipes étrangères (VIB-Gent, Universités d'Udine et de Tuscia en Italie).

L'étude du polymorphisme nucléotidique de gènes candidats liés aux résistances aux rouilles foliaires à *Mlp* est réalisée par une approche EcoTILLING (Comai *et al.* 2004⁸) en étroite partenariat avec l'unité URGV d'Evry. Dans une première étape, nous travaillons sur l'espèce *P. trichocarpa*, afin de bénéficier de l'annotation du génotype Nisqually et de la banque BAC réalisée sur le génotype 101-74 pour lequel nous disposons d'une carte génétique et de localisation de plusieurs QTLs. Enfin, nous possédons une collection de plus de 350 individus issus de plusieurs populations de l'aire naturelle en cours de phénotypage pour différentes composantes de la résistance à plusieurs souches de l'agent pathogène. Les polymorphismes nucléotidiques qui expliquent la variation phénotypique observée seront recherchés par génétique d'association. Dans une deuxième étape,

⁷ Kreitman M (2000) Methods to detect selection in natural populations with applications to the human. *Ann Rev Genom Genet* 1: 539-559

⁸ Comai L, Young K, Till BJ, Reynolds SH, Greene EA, Codomo CA, Enns LC, Johnson JE, Burtner C, Odden AR, Henikoff S (2004). Efficient discovery of DNA polymorphisms in natural populations by ecotilling. *Plant Journal* 37 (5), 778-786.

nous étendrons l'étude au peuplier noir, dont l'aire de répartition naturelle est sympatrique avec celle de *Melampsora larici-populina*.

Afin de valoriser les importants acquis en matière de génomique de la formation du bois chez le peuplier, nous nous intéresserons au polymorphisme nucléotidique de gènes candidats expressionnels dans des collections de géniteurs *P. deltoides*, *P. trichocarpa* et *P. nigra*. Nous profiterons de l'existence de plusieurs croisements utilisant ces géniteurs pour évaluer les effets alléliques des différents variants identifiés en collection. Ces activités ont été inscrites dans le programme de deux projets européens soumis récemment (NOVELTREE, ENERGYPOPLAR).

b- Mesure de la plasticité phénotypique et des capacités d'adaptation des arbres forestiers face aux variations du milieu

Contexte et objectifs : Le potentiel de réaction à court terme des populations d'arbres forestiers aux changements rapides du climat est principalement déterminé par le niveau de plasticité phénotypique des individus qui la composent. Le potentiel d'évolution à plus long terme est lui lié aux possibilités d'évolution des fréquences alléliques sous l'effet de la sélection naturelle ou d'une sélection dirigée. Les tests comparatifs de provenances / descendances / clones installés sur plusieurs sites contrastés sont aujourd'hui des outils précieux de lecture du niveau de plasticité des populations et des individus et des possibilités d'adaptation offertes par la variabilité génétique disponible. L'analyse des données recueillies sur ces réseaux multi stationnels est une activité importante que nous maintiendrons sur l'ensemble des espèces forestières étudiées à l'UAGPF (mélèzes, douglas, pin sylvestre, peupliers, merisier et frêne), en cherchant à améliorer la description des conditions environnementales rencontrées.

Méthodologie et partenariats : Nous développerons l'utilisation de courbes de réponse ou normes de réaction afin de décrire la variation de réponse de génotypes à une variation continue de paramètres environnementaux (photopériode, températures, ressources en eau). La variabilité génétique des paramètres individuels de ces courbes de réponse sera évaluée prioritairement à partir de tests clonaux multisites (peupliers, douglas, merisier) ou de tests conduits en conditions contrôlées. L'établissement de courbes de réponse pour les variétés améliorées actuelles ou prochainement disponibles offrira un outil de décision précieux pour un déploiement optimal de ces variétés (douglas).

La réponse à une sélection dirigée dépend de la direction et de l'intensité de sélection utilisée, mais aussi des variances covariances génétiques (matrice G) qui résument les relations génétiques entre caractères cibles ou non cibles. Nous utiliserons cette matrice G pour résumer l'expression différentielle de la variabilité génétique d'un caractère donné dans différents milieux. Nous la mettrons en relation avec les descripteurs climatiques et écologiques les plus pertinents afin d'optimiser les stratégies de sélection.

Dans la suite du précédent projet d'unité, nous utiliserons plusieurs caractéristiques physiques et anatomiques du bois comme descripteurs de la réaction du cambium à des variations locales de milieu. L'observation des cernes accumulés dans le tronc donne accès à l'étude de la réaction du cambium à des variations locales du milieu. La microdensité ou l'anatomie décrivent ainsi la réponse présente et passée des arbres, sur une durée directement fonction de leur âge. Toutes sources de variations confondues, c'est dans le cerne que l'on observe la réaction la plus forte. A cette échelle, la variabilité génétique observée pourra être associée aux conditions climatiques particulières de l'année, ou à la conduction de la sève brute comme par exemple la résistance à la cavitation (Collaboration UMR-PIAF Clermont-Ferrand et LBLGC Université d'Orléans). L'acquisition de données pluriannuelles sur un même échantillon et d'échantillons multisites pour un même génotype permettra d'obtenir des courbes de réponse plus précises en démultipliant le nombre de conditions environnementales analysées.

Nous nous intéresserons également à un cas particulier de plasticité phénotypique, la tolérance à la compétition. Une mesure de cette tolérance pourra être obtenue à partir de l'information spatialisée présente dans les tests génétiques à structure d'apparement connue (collaboration génétique animale au Roslin Institute – projet NOVELTREE, ERANET-Pinecomp).

3.2.2. Architecture génétique de caractères complexes liés au développement de l'arbre

a- Décomposition de caractères complexes

Contexte et objectifs : Les caractères qui font l'objet de l'amélioration chez les arbres forestiers sont généralement longs/difficiles à mesurer et peu héritable car ils intègrent un grand nombre de processus qui les rendent extrêmement complexes. Nous ciblerons la démarche sur des caractères clefs face aux nouveaux enjeux du changement climatique et de l'utilisation de la biomasse forestière : phénologie (peuplier, douglas, mélèze), propriétés du bois (peuplier, mélèze, douglas), résistance et tolérance aux maladies (peuplier), efficacité de l'utilisation de l'eau (peuplier, douglas). L'objectif est ici de disséquer ces caractères pour en tirer des composantes permettant de se rapprocher de la fonction des gènes mais aussi de préciser les effets des différents allèles présents dans les populations disponibles.

Méthodologie et partenariats : La recherche de composantes pertinentes est tout d'abord conduite au niveau phénotypique en étroite collaboration avec les spécialistes disciplinaires (écophysiologie, pathologie, anatomie du bois, physiologie du développement). Elle passe nécessairement par le développement et la mise en œuvre de méthodes de mesures haut débit. En parallèle, seront explorées des techniques d'évaluation indirecte, non ciblées sur des hypothèses fonctionnelles mais connues pour leur haut débit. A ce titre, les analyses en spectrométrie proche infrarouge (NIRS) se révèlent particulièrement intéressantes pour différentes propriétés du bois : dosage de lignine et cellulose, composition du bois de cœur. Elles seront développées dans le cadre de projets européens récemment soumis (EnergyWood, EnergyPoplar).

Nous poursuivrons l'approche QTL sur les composantes pertinentes identifiées afin d'élaborer une sélection assistée par marqueurs ou par gène. Chez le peuplier, nous souhaitons insister sur les améliorations suivantes:

1. Approches multi pedigree. La détection de QTL se fera *de novo*, grâce à l'analyse simultanée de familles de plein frères connectées selon un plan de croisement factoriel (MCQTL). Cette approche permettra à la fois, de mieux séparer les effets additifs et non additifs des allèles et d'évaluer la stabilité des QTLs. Dans le cas de pedigree indépendants, la cartographie comparée et la projection de QTL bénéficieront de la disponibilité de la séquence annotée du génome et seront poursuivies dans le cadre de collaborations établies dans des projets nationaux et européens (ANR-Genopoprust, ANR-GénoQTL, POPYOMICS, EVOLTREE, NOVELTREE).
2. Validation du polymorphisme nucléotidique (SNP) comme source de variation phénotypique de caractères d'intérêt en situation interspécifique. Le choix des nouveaux pedigree de validation sera rendu possible par la présence de nombreux géniteurs dans les études d'association intra spécifiques. Cette validation comprendra l'estimation d'effet allélique au SNP.
3. Recherche de gènes candidats fonctionnels. En collaboration avec l'UMR- IAM (Nancy), nous utiliserons la démarche eQTL (QTL d'expression), ciblée sur la résistance quantitative à la rouille foliaire.

Ces démarches nécessiteront des efforts de marquage moléculaire supplémentaires et s'appliqueront prioritairement aux caractères liés à la résistance quantitative aux rouilles et à la

phénologie. A plus long terme, le développement rapide et à coût réduit de méthodes de génotypage haut débit nous permettra d'envisager de développer une approche « génome entier », qui associera l'analyse QTL avec un marquage intra et inter génique régulier le long du génome. De même ce balisage dense du génome permettra de s'intéresser à l'hétérozygotie comme cause possible de la plasticité.

b- Analyse des corrélations génétiques

Nous établirons les relations et les corrélations entre composantes dans l'objectif d'une part d'établir des modèles décrivant le caractère complexe (ex : Path analysis) et, d'autre part, de révéler les *trade-off* entre caractères et caractères-milieus afin d'identifier les compromis possibles en matière de sélection multi caractère. On cherchera à préciser également si ces corrélations sont dues à des effets de liaison ou de pléiotropie en valorisant les informations multi-génération et/ou multi pedigree. Ces points sont particulièrement importants pour les schémas de sélection multi caractères (Douglas, mélèze, peuplier, merisier) susceptibles de se diversifier vers la production de biomasse forestière (projets européens EnergyWood, EnergyPoplar).

Nous aurons besoin également de continuer les efforts d'analyse des corrélations juvénile-adulte pour certains caractères comme ceux associés aux propriétés du bois.

3.2.3. Développement de stratégies innovantes en matière d'amélioration génétique des arbres forestiers

Contexte et objectifs :

Deux défis majeurs pour l'amélioration génétique forestière vont vraisemblablement déterminer un point d'inflexion dans l'évolution de nos programmes de sélection. Le premier défi concerne l'ajustement rapide du matériel végétal à des besoins changeants (évolution climatique, production étendue à de nouveaux milieux, diversification des produits). L'autre défi concerne l'absence de synergie effective entre les développements en génomique forestière et la génétique quantitative classique destinée à l'amélioration. Malgré les efforts considérables et récents dans l'identification de polymorphismes utiles à l'amélioration des rendements forestiers, aucun programme actuel au niveau international ne peut prétendre intégrer véritablement l'information acquise au niveau moléculaire.

Grâce à sa composition mixte, sa longue expérience dans l'amélioration génétique et sa position consolidée dans la génomique du peuplier, notre unité est bien placée pour développer de nouveaux outils de sélection. Notre objectif est de pondérer raisonnablement les risques et les bénéfices d'une sélection intégrant de nombreux caractères et différents polymorphismes génétiques (neutres et non neutres). L'utilisation d'outils de simulation sera généralisée pour guider cette intégration. Nous partirons du concept de **mérite**, issu de la théorie des indices de sélection et initialement défini comme la part additive de la valeur génétique des candidats à la sélection. Nous étendrons sa définition à une mesure intégrant non seulement cette valeur génétique additive pour plusieurs caractères mais aussi la contribution de cet individu à la diversité génétique de la population à laquelle il appartient. Nous nous intéresserons à développer des mérites permettant d'optimiser le processus d'amélioration génétique en présence de plusieurs contraintes : longueur du processus d'évaluation, difficulté de mesure, antagonismes entre objectifs de sélection, perte rapide de variabilité génétique. Ces différents mérites seront mis en œuvre dans des situations réelles de sélection conduites sur les espèces étudiées dans l'unité.

Nous nous intéresserons prioritairement aux mérites :

- qui maximisent la **précision de la sélection** par l'intégration de toute l'information moléculaire et phénotypique disponible sur plusieurs générations. Cette situation intègre la sélection assistée par gènes (SAG) et/ou par marqueurs (SAM). Une dérivation de l'évaluation multi-génération

assistée par marqueurs (MA-BLUP) utilisé en tests de descendance chez les bovins (Boichard *et al.* 2002⁹) sera utilisée pour la première fois chez le peuplier pour sélectionner des résistances durables aux rouilles foliaires. Outre un gain de précision dans la construction de génotypes résistants, il s'agit aussi de mieux contrôler la variabilité génétique non ciblée par la sélection dirigée.

- qui permettent la **gestion des antagonismes**, ou *trade-off*, tels que les corrélations défavorables (Sanchez *et al.* 2007¹⁰), ou la compétition entre individus (Muir 2005¹¹). Ce mérite est basé sur la connaissance approfondie de la matrice des corrélations génétiques entre caractères (Kingsolver et Gomulkiewicz 2003¹²) ou individus. Il est bien adapté aux stratégies de sélection à court terme telle que la sélection clonale associant embryogenèse somatique et cryoconservation (mélèze).
- qui comportent un **compromis entre les gains génétiques à court terme et la diversité à long terme** (Meuwissen 1997¹³). Ce mérite est basé sur la maximisation du gain multi-génération et le maintien de la diversité génétique. La gestion de cette diversité génétique pourra associer suivi d'appareillages et génotypage moléculaire (peuplier, douglas). Chez le merisier où les croisements contrôlés sont longs et coûteux, nous évaluerons l'intérêt d'analyse *a posteriori* de l'appareillage (marqueurs moléculaires) dans des descendance obtenues par pollinisation libre.
- qui maximisent la **réponse à l'hybridation** des espèces manifestant de la vigueur hybride (peupliers, mélèzes). Cette stratégie combinerait l'information phénotypique obtenue en tests de descendance et une estimation de la distance génétique entre parents (information issue de croisements précédents et information moléculaire). Une importance spéciale sera donnée à l'exploration de voies alternatives aux programmes classiques d'hybridation F1 (mélèze et peuplier), coûteux en temps et en infrastructures. Les premiers résultats observés en F2 montrent dans certains cas un maintien de vigueur hybride exploitable en sélection.

Ces développements seront conduits dans le cadre de projets acceptés et soumis à différents appels d'offres nationaux et européens (GIS-VFA, GIS Peuplier, TREEBREEDX, NOVELTREE). Ils permettront de stimuler les échanges avec nos collègues améliorateurs des domaines animal (Roslin Institute, INRA- Génétique animale Bovins) et végétal (INRA-GAP arbres fruitiers et méthodologie de la sélection).

De ce programme de recherche ambitieux visant à une meilleure description et valorisation de la variabilité génétique disponible, il est à noter le développement croissant, sur plusieurs espèces (peuplier, douglas, mélèzes), d'études portant sur les réponses des individus et populations aux contraintes hydriques. Ce travail est mené en collaboration étroite avec le LBLGC de l'Université d'Orléans, l'UMR-EEF de l'INRA Nancy et l'UMR PIAF de Clermont-Ferrand. L'enjeu de ces recherches justifie qu'un nouveau Chargé de Recherches, généticien de formation, puisse renforcer

⁹ Boichard D, Fritz S, Rossignol MN, Boscher MY, Malafosse A, Colleau JJ (2002). Implementation of Marker Assisted Selection in French Dairy Cattle Breeding. Session 22-03, 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 19-23 August, Montpellier, France.

¹⁰ Sanchez L., Yanchuk AA., King JN. (2007). Gametic models for multitrait selection schemes to study variance of response and drift under adverse correlations. *Tree Genetics and Genome* (in press)

¹¹ Muir W (2005). Incorporation of competitive effects in forest trees and animal breeding. *Genetics* 170(3): 1247-1259

¹² Kingsolver JG and Gomulkiewicz R (2003). Environmental variation and selection on performance curves. *Integr. Comp. Biol.* 43: 470-477

¹³ Meuwissen THE (1997). [Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding](#). *Journal of Animal Science* 75 (4): 934-940

cette collaboration en développant, à temps plein, un projet de recherches à l'interface entre la génétique et l'écophysiologie.

Notre unité souhaite jouer un rôle majeur au niveau national et européen en matière de développement de stratégies de sélection innovantes et de mise en œuvre d'outils spécifiques aux espèces forestières. Nous nous sommes engagés récemment dans la coordination de réseau (TREEBREDEX) et projets nationaux et européens (GIS, NOVELTREE). Le transfert des avancées méthodologiques acquises serait significativement facilité par le recrutement d'un Ingénieur de Recherches, par ailleurs responsable de la conduite de programmes de sélection (cf axe 4 de ce projet d'unité).

3.3. Gestion des ressources génétiques dans l'écosystème

Dès le début des années 1990, le souci de protection des forêts en Europe s'est traduit par une série de conférences internationales dont la première fut celle de Strasbourg (1992) qui conduisit à une résolution (S2) consacrée à la conservation des ressources génétiques. Les conférences internationales de Helsinki (1993), Lisbonne (1998) et Vienne (2003) ont également affirmé l'importance de ce point. Au niveau national, diverses initiatives de chercheurs et d'associations ont contribué à la mise en place des premiers réseaux de conservation *in situ* dès 1986 (hêtre, sapin pectiné), anticipant ainsi la définition d'une véritable politique nationale de gestion des ressources génétiques forestières formalisée par la circulaire DERF/SDF/N.91/n°3011 du 09-09-1991 et animée par la Commission des Ressources Génétiques Forestières (CRGF) créée en 1992. Cette commission associe entre autres les représentants des ministères en charge des forêts et de l'environnement, des organismes de recherche (INRA, Cemagref), des propriétaires forestiers, de l'ONF et des associations de protection de la nature.

Loin de restreindre les ressources génétiques forestières aux seuls peuplements naturels autochtones, notre approche considère l'ensemble des peuplements forestiers. Ainsi, nous traitons conjointement de la gestion des ressources génétiques :

- du **peuplier noir**, espèce autochtone menacée à la fois par la raréfaction de ses zones de régénération naturelle et par le déploiement d'espèces allochtones ;
- du **pin sylvestre**, espèce autochtone dont les ressources génétiques restent mal connues dans les régions de moyenne montagne de la moitié Sud de la France où il est parfois en sympatrie avec le pin à crochets et dont la seule ressource naturelle de plaine est menacée par l'introduction de provenances allochtones ;
- du **douglas**, espèce allochtone introduite d'Amérique du nord, dont les premières plantations arrivent à maturité et pour laquelle se pose la question d'une éventuelle régénération naturelle.

Nous avons bien sûr pour ambition de poursuivre le travail d'inventaire et de caractérisation de la diversité génétique neutre et adaptative de ces espèces. Nous souhaitons cependant développer une approche novatrice qui prenne en compte l'aspect spatialisé et dynamique de cette problématique. Pour cela, les thèmes de recherche développés aux § 3.3.1, 3.3.2 et 3.3.3 mettent respectivement l'accent sur :

- la nécessaire prise en compte de l'ensemble des habitats des espèces étudiées dans leur aire de répartition française ; certaines zones ayant jusque là été délaissées car considérées comme plus marginales, moins dynamiques ou trop susceptibles d'avoir été colonisées par le compartiment cultivé.
- l'impact des changements climatiques et des modes de gestion (pratiques sylvicoles, organisation spatiale des peuplements forestiers et des zones de régénération potentielles)

sur les régimes de reproduction, la démographie juvénile, et donc sur la dynamique de la diversité génétique.

- les interactions entre compartiments de l'écosystème, en particulier les flux de gènes sauvage x cultivé, les flux d'agents pathogènes et les modifications physico-chimiques de l'environnement.

L'objectif final est de raisonner la gestion des ressources génétiques et leur localisation dans l'espace, ce qui sera développé dans l'axe 4 du projet d'unité relatif aux actions de développement et de valorisation.

3.3.1. Description de la variabilité génétique pour la mise en place des réseaux de conservation *in/ex situ*

Peuplier noir et pin sylvestre sont deux espèces modèles de l'INRA Orléans qui ont en commun de voir leurs populations naturelles menacées : raréfaction des zones de régénération pour la première, tempêtes, incendies et dépérissements pour la seconde, déploiement d'espèces ou provenances exotiques pour toutes deux. Depuis de nombreuses années, l'INRA d'Orléans s'est impliqué dans la description de la variabilité de caractères adaptatifs chez ces deux espèces à des fins essentiellement d'amélioration. L'avènement relativement récent des marqueurs moléculaires, en particulier microsatellites, a permis d'initier l'étude de la diversité génétique neutre et de sa structuration à l'échelle de l'aire naturelle et les progrès en géoréférencement ont permis d'en préciser l'organisation spatiale.

Peuplier noir

Le programme de conservation des ressources génétiques du peuplier noir présente deux modes de conservation, une conservation *ex situ* (la Collection nationale) et une conservation plus récente *in situ*. La Collection nationale actuelle du peuplier noir comprend 300 individus récoltés depuis 1971. Le mode d'échantillonnage qui a privilégié les zones non popuicoles (pour limiter les risques d'introgression) a d'abord conduit à sur-représenter les zones d'altitude ; cette collection a ensuite été élargie à quelques zones de plaines (populations de Loire et individus isolés des bassins du Rhin, Rhône et de la Garonne). Elle a fait l'objet d'une évaluation de diversité à l'aide de 12 marqueurs microsatellites et de plusieurs caractères adaptatifs (cf. § 3.2.5). La conservation *in situ* se concentre sur des sites alluviaux naturels présentant une régénération efficace tant du point de vue qualitatif (maximisation de la diversité génétique) que quantitatif. Elle est basée sur un réseau de sites naturels (Réserves Naturelles, sites Natura 2000, sites de Conservatoire d'Espaces Naturels...). Grâce à un double soutien financier de la DGFAR et du Plan Loire Grandeur Nature, 34 sites ont déjà été inventoriés et échantillonnés, dont 13 populations naturelles le long des 1000 Km de l'estuaire à la source de la Loire. La diversité de ces populations est en cours d'évaluation à l'aide de 12 marqueurs microsatellites et d'observation en pépinière de caractères adaptatifs (résistance à la rouille à *Melampsora larici-populina*, vigueur, forme, morphologie foliaire, phénologie foliaire). Elle sera complétée par des observations de phénologie florale *in situ*.

De nouvelles populations seront prospectées en prenant en compte la représentativité géographique et la diversité des habitats.

La description de la variabilité génétique des deux collections se poursuivra par l'étude de nouveaux caractères adaptatifs étudiés en partenariat avec l'Université d'Orléans (LBLGC, F. Brignolas), et l'INRA de Nancy (UMR EEF, E. Dreyer) : l'efficacité d'utilisation de l'eau, la thermotolérance et la tolérance à la sécheresse. De nouveaux marqueurs localisés dans des gènes d'intérêt (type SNP) sont en cours de développement dans notre Unité et à l'URGV d'Evry.

Pin sylvestre

A l'échelle de la France, seules les populations naturelles de pin sylvestre de basse altitude du quart Nord-Est (Haguenau, Bitche, Wangenbourg) peuvent être rattachées à la partie continue de l'aire naturelle et considérées comme des populations quaternaires ayant évolué depuis environ 100 générations. En revanche, les populations naturelles du Massif Central, du Sud des Alpes et des Pyrénées peuvent être considérées comme des reliques d'âge tertiaire s'étant réfugiées à des altitudes supérieures à 1000m durant les périodes interglaciaires et redescendues plus récemment. L'important morcellement de cette partie Sud de l'aire naturelle française peut s'expliquer également par des contraintes édaphiques et hygrométriques fortes mais aussi par une action humaine ancienne beaucoup plus marquée. Ainsi 11 des 14 habitats naturels (typologie Européenne CORINE Biotope) à pin sylvestre en France sont situés dans la moitié Sud du pays. Les populations naturelles de pin sylvestre qui y sont présentes peuvent avoir connu des évolutions très différentes sur des distances parfois faibles à l'échelle d'un massif montagneux. Elles pourraient ainsi avoir développé des spécificités adaptatives d'intérêt. Si les populations de plaine de la partie continue de l'aire naturelle du pin sylvestre ont fait l'objet de nombreuses études de diversité (tests de provenances, marqueurs génétiques), aucun inventaire précis des ressources génétiques naturelles présentes dans la moitié Sud de l'aire naturelle française n'a été entrepris jusqu'ici. Seules quelques analyses de composés secondaires des aiguilles (terpènes et phénols) soulignent l'originalité de peuplements naturels du Massif Central. Nous ne connaissons rien de leur structuration génétique exacte.

La description de la variabilité des populations naturelles du Sud de l'aire (chaîne pyrénéenne, Alpes du Sud et Massif Central) sera d'abord basée sur une représentativité géographique en grands bassins orographiques afin de tenir compte d'une éventuelle structuration géographique de la diversité génétique due au relief. La caractérisation des habitats naturels présents dans chaque population constituera une approche supplémentaire et indirecte de la mesure de la variabilité génétique du pin sylvestre à l'échelle du territoire national (adaptation à la gamme des conditions pédoclimatiques décrites par le type d'habitat naturel). Elle sera complétée par des données stationnelles classiques (altitude, exposition, pente,...). Enfin, la diversité neutre sera caractérisée à l'aide de marqueurs moléculaires polymorphes, nucléaires et chloroplastiques (6 au total). Le nombre de populations prévues à ce stade de l'étude peut être estimé à une cinquantaine. Le bassin versant (= population) constitue l'unité de base pour laquelle le régime de reproduction est supposé panmictique. Un échantillonnage intra bassin versant permettra d'évaluer l'hétérogénéité de la diversité génétique à cette échelle géographique.

Ce travail sera mené en étroite relation entre l'UR AGPF et le CGAF, il recevra le soutien de la CRGF (financement DGFAR). Les deux unités font partie du réseau d'excellence EVOLTREE et pourront à ce titre bénéficier de mise au point de marqueurs moléculaires liés à des caractères adaptatifs tant pour le pin sylvestre que pour le peuplier noir.

3.3.2. Impact des régimes de reproduction et de la démographie juvénile sur la diversité en régénération naturelle

Nous connaissons assez bien la dynamique de recolonisation post glaciaires des essences forestières qui s'est faite à un pas de temps de plusieurs milliers d'années dans un paysage n'offrant pas de contraintes particulières à leur progression. Il a fallu par exemple 2000 ans au chêne pour traverser la France du Sud vers le Nord. Les modèles climatiques actuellement disponibles prévoient une augmentation des températures moyennes de 1,4 à 5,8°C d'ici 2100. Ce pas de temps est extrêmement court vis-à-vis du cycle de régénération des arbres forestiers (maturité sexuelle à 8 ans chez le peuplier, à 80 ans chez le chêne en peuplement). Cette situation inédite nécessite une approche nouvelle et pluridisciplinaire associant climatologues, écologues, écophysiologistes,

généticiens et forestiers ; c'est le choix du réseau d'excellence européen EVOLTREE (EVOLution of TREEs as drivers of terrestrial biodiversity).

Trois mécanismes permettent aux espèces d'évoluer dans un contexte climatique changeant :

- la **plasticité**, qui permet à un génotype d'exprimer des phénotypes différents selon l'environnement, permettant ainsi la réponse à l'échelle d'une génération,
- l'**adaptation**, phénomène cumulatif, qui permet à une population d'évoluer face au changement sur plusieurs générations,
- la **migration** qui permet aux populations de suivre le déplacement de leurs niches climatiques.

Plasticité et adaptation sont étudiées dans le cadre de l'axe 2 du présent projet d'unité (cf §3.2). Adaptation et migration ont en commun le recours à la reproduction sexuée. Nous avons choisi d'étudier l'impact des changements climatiques et des modes de gestion sur cette reproduction et sur les premières phases de sélection. Cette étude ne peut pas faire abstraction de l'anthropisation du milieu et des obstacles mis à ces processus naturels : morcellement de l'habitat, aménagements, raréfaction des zones de régénérations naturelles...

3.3.2.1. Régime de reproduction

Les trois paramètres majeurs qui déterminent la probabilité que deux individus s'hybrident et concourent à la génération suivante sont le synchronisme de floraison, la distance qui les sépare et la proximité aux sites favorables à l'installation des graines. Le premier renvoie à la notion de phénologie de floraison qui est une fonction des températures, et qui risque donc de subir des modifications profondes dues au changement climatique. Le second est uniquement lié à la gestion des milieux tandis que le troisième résulte de la combinaison des facteurs climatiques et de l'aménagement du territoire.

Les trois thématiques de recherche envisagées sont :

- Phénologie et synchronisme de floraison (peuplier noir, pin sylvestre et complexe pin sylvestre / pin à crochets)
- Structuration des nuages polliniques par la distance (peuplier noir, pin sylvestre et complexe pin sylvestre / pin à crochet)
- Pouvoir de dissémination des graines (pin sylvestre)

Peuplier noir

Un peuplement naturel de peupliers noirs situé à Saint-Ay (Loiret) a fait l'objet de suivis de floraison en 2005, 2006 et 2007. La caractérisation de la population adulte (plus de 500 individus) pour 12 marqueurs microsatellites est en cours. L'étude des descendance récoltées sur ce site (plus de 10000 graines), enrichie des données de phénologie, de géoréférencement et de météorologie conduira à une identification des paramètres physiques et biologiques qui conditionnent les flux de pollen de cette espèce. Cette étude entre dans le cadre du projet INTERPOGER (cf § 3.3.3.1).

Pin sylvestre

L'objectif principal sur cette espèce est d'assister le gestionnaire lors des préparations des coupes de régénération en peuplement pur ou peuplement mixte chêne-pin. Sont prioritairement étudiés les rôles respectifs du nombre d'arbres reproducteurs et de leur répartition spatiale sur la diversité génétique de la jeune régénération mise en place (semis de l'année).

Sur le site d'Haguenau correspondant à un peuplement pur présentant un gradient prononcé de densité de reproducteurs induit par la tempête de 1999, cette approche associe :

- (i) caractérisation de la diversité génétique de la population de reproducteurs et de son organisation spatiale à l'aide de 9 marqueurs microsatellites (3 nucléaires et 6 chloroplastiques à hérité paternelle) et de différents descripteurs de floraison et de fructification ;

- (ii) analyse de la diversité génétique de descendances maternelles issues de pollinisation libre ;
- (iii) analyse de la diversité génétique et de l'organisation spatiale de jeunes semis *in situ*.

La caractérisation des courbes de dispersion de pollen et de graines à moyenne et longue distance reposera sur l'utilisation conjointe d'une méthode d'assignation de parenté (méthode directe) et de la méthode TwoGener (méthode indirecte mesurant la distance génétique entre nuages polliniques).

La présence dans la descendance (graines ou semis) d'allèles absents de la population de reproducteurs (exhaustivement caractérisée) permettra de préciser l'importance des flux de gènes interparcellaires (flux allochtone → autochtone).

Sur le site d'Orléans correspondant à un peuplement mixte chêne-pin, les observations porteront essentiellement sur la dissémination des graines (dispositif de piégeage) et sur l'estimation d'un éventuel effet écran de la part des chênes. L'assignation des graines piégées à une source potentielle sera réalisée dans un premier temps à l'aide de marqueurs morphologiques (forme, taille et couleur des ailes, couleur de la graine). Elle sera complétée à l'aide de marqueurs moléculaires.

Dans les populations naturelles de montagne en particulier dans les peuplements pyrénéens, l'objectif principal est de quantifier l'importance des flux de gènes entre pin sylvestre et pin à crochet, où ces deux espèces sont en sympatrie dans un gradient altitudinal. Ces résultats permettraient de mieux délimiter les zones de récolte de graines en vue de la régénération des peuplements locaux. Les différents marqueurs microsatellites disponibles chez le pin sylvestre ont été testés sur le pin à crochet, avec succès pour la plupart. Il existe un marqueur chloroplastique discriminant pin à crochet et pin sylvestre. La caractérisation de la diversité génétique de plusieurs échantillons d'arbres reproducteurs et de leurs descendances issues de pollinisation libre est en cours en zone et hors zone de sympatrie. Cette analyse moléculaire s'accompagne d'un suivi du synchronisme des floraisons *in situ* mâles et femelles des deux espèces et de l'analyse de la réussite de croisements contrôlés combinant des individus des deux espèces (plan factoriel et polycross intra et interspécifiques). Des collaborations sont en cours avec nos collègues espagnols de l'INIA-Madrid qui étudient cette situation d'introgression sur le versant espagnol des Pyrénées.

3.3.2.2. Démographie juvénile

En régénération naturelle, les densités atteignent souvent des dizaines de milliers de jeunes semis à l'hectare la première année alors qu'au stade adulte, ces mêmes peuplements ne comptent plus que quelques dizaines ou centaines d'individus par hectare. La plus grande partie de cette réduction d'effectifs s'effectue lors des premières années de vie des semis voire dès la germination.

Peuplier noir

Le peuplier noir, inféodé aux ripisylves, est très dépendant des fluctuations hydriques de la nappe et de la dynamique des cours d'eau. Cette exigence est particulièrement vraie pour la phase juvénile qui nécessite au préalable un transport des graines par l'eau, la présence de sédiments frais apportés par la dynamique fluviale et la présence d'une nappe toujours disponible pour la croissance racinaire. De ce fait, elle constitue une espèce modèle pour étudier l'impact des changements climatiques en termes de température et de disponibilité en eau. Dans le cadre d'une collaboration tripartite Université d'Orléans/INRA Orléans/INRA Nancy, nous avons montré récemment sur trois populations en conditions expérimentales de pépinière qu'il existe une grande variabilité génétique intra et inter populations chez le peuplier noir pour l'efficacité de l'utilisation de l'eau, mesurée via la discrimination isotopique vis-à-vis du carbone (ΔC^{13}). Nous proposons de continuer ces travaux

sur le peuplier noir en conditions naturelles et pendant la phase juvénile d'installation du peuplement. Nous allons tester l'hypothèse de l'existence d'une sélection naturelle dans les cohortes de jeunes semis de peuplier noir. Les caractères qui seront suivis sont l'efficacité d'utilisation de l'eau et la thermotolérance du photosystème II.

Cette étude sera réalisée sur des semis de peuplier noir sur une île de Loire située à Mareau aux Prés dans la Réserve Naturelle de Saint-Mesmin (Loiret). Cette île est le site d'étude (ISS) choisi pour représenter un écosystème de forêt alluviale dans le réseau européen d'excellence EVOLTREE qui finance cette étude. Ce site de 18 ha comprend entre autres des cohortes de jeunes semis installés au cours des années 2005 et 2006, ainsi que des cohortes âgées de 10 ans. Il fera l'objet d'une description détaillée aussi bien au niveau de semis géolocalisés qu'au niveau de leur environnement sédimentaire et microclimatique.

La caractérisation de la variabilité des facteurs écophysologiques sera faite grâce à la mesure des paramètres suivants :

- température de surface de feuille
- efficacité d'utilisation de l'eau par mesure (ΔC^{13}) et par échanges de gaz (W_i)
- thermotolérance par fluorescence de la chlorophylle.

Ces mesures seront associées à l'étude de :

- la diversité phénotypique en termes de phénologie foliaire, hauteur et circonférence de la tige feuillée, surface foliaire
- la structuration génétique des cohortes, dérive et apparemment entre les semis à l'aide de marqueurs neutres de type microsatellites, mais aussi de marqueurs SNP développés à partir de gènes d'intérêt.

Douglas

La problématique que nous souhaitons développer sur le douglas doit répondre à une interrogation des gestionnaires à l'arrivée à maturité de nombreuses plantations de douglas : existe-t-il un risque à renouveler cette espèce introduite par régénération naturelle ? Cette espèce ayant été introduite depuis au plus une génération, elle nous offre l'opportunité de comprendre comment et à quelle vitesse évolue une population sous un climat différent de celui d'origine.

Si différents scénarios de régénération naturelle de boisements de douglas font actuellement l'objet d'études au plan des techniques sylvicoles et des coûts, la diversité génétique et la valeur adaptative de ces régénérations constituent des sujets nouveaux.

Un site expérimental, partiellement isolé d'autres boisements, a été retenu début 2006 (FD La Vergne-19). Il est constitué d'une plantation mélangée douglas - sapin pectiné - mélèze du Japon (essences objectifs du gestionnaire) âgée de 80 ans dont la régénération naturelle est apparue après la tempête de 1999. La récolte de données a commencé en 2006, avec l'inventaire et le géoréférencement des reproducteurs dans et aux alentours de la parcelle expérimentale, les prélèvements d'aiguilles sur tous les adultes des 3 espèces objectifs en vue de leur génotypage et la récolte de descendance open sur 30% environ des adultes de ces 3 taxons.

Le plan de travail, sur 3 ans, se décompose selon les étapes suivantes :

- Mesure de la diversité neutre des adultes des sites expérimentaux par génotypage des adultes présents avec 6 marqueurs microsatellites hypervariables répartis sur la carte génétique du Douglas et analyse de l'organisation spatiale de cette diversité;
- Mesure de la diversité neutre des descendance maternelles issues de pollinisation libre et des semis *in situ* déjà installés pour analyse des flux de pollen et graines (échantillonnage stratifié selon l'âge des semis)
- Mesure de la diversité neutre de lots de graines commerciaux à l'aide des mêmes 6 marqueurs microsatellites ;

- Etude comparée de la valeur adaptative de ces descendance maternelles et des lots commerciaux en pépinière et en plantation (phénologie, croissance juvénile).

3.3.3. Interaction entre compartiments de l'écosystème

Les variétés forestières améliorées se trouvent fortement imbriquées dans des mosaïques paysagères qui incluent leurs homologues sauvages et de nombreux autres compartiments de l'écosystème. Les échanges entre ces compartiments sont inéluctables et se traduisent par des flux de gènes, d'agents pathogènes, de matières, etc.

3.3.3.1. Introgression sauvage-cultivé et impacts sur la diversité

Les flux de gènes sauvage ↔ cultivé sont déjà étudiés depuis longtemps au sein de l'unité AGPF pour la quantification des pollutions génétiques extérieures en vergers à graines. La thématique plus récente de conservation des ressources génétiques naturelles nécessite de mesurer l'impact des variétés améliorées sur ces ressources, et donc l'étude des flux inverses. La question des conséquences évolutives de ces flux se pose de façon d'autant plus pressante que l'amélioration forestière recourt à des espèces ou provenances allochtones. Les contrastes sauvage/cultivé qui s'expriment pour certains caractères adaptatifs clés (résistance aux maladies, précocité de débourrement, tolérance à la sécheresse, etc.) laissent présager un impact non négligeable sur la diversité et sur les dynamiques évolutives des peuplements naturels dans le cas d'introgessions sauvage x cultivé (intégration définitive de gènes d'une espèce dans une autre).

Nombreux sont les modèles potentiels d'étude de cette thématique au sein de l'unité AGPF : pin sylvestre (provenances autochtones vs. provenances polonaises), mélèze (provenances allochtones ou hybrides interspécifiques vs. provenances autochtones), peuplier (peupliers cultivés vs. peuplier noir). Deux modèles ont été retenus : le pin sylvestre, dans le cadre d'une thèse co-encadrée par le CGAF et l'Unité AGPF, et le peuplier suite au recrutement d'un CR en 2005.

Peuplier

Le peuplier constitue un modèle idéal du fait qu'il permet l'étude conjointe de l'introgession sauvage x cultivé et des pressions de sélection sur l'écosystème développées dans le § 3.3.3.2. Deux sources d'introgession vers les peupliers noirs sauvages (*Populus nigra*) sont étudiées : les peupliers hybrides utilisés en populiculture et le peuplier d'ornement d'Italie (*Populus nigra* var. *Italica*). Les variétés utilisées en populiculture sont en très grande majorité des hybrides interspécifiques associant l'espèce *Populus deltoides*, originaire de l'est du continent Nord-américain, à *P. nigra* (hybrides euraméricains) ou à *Populus trichocarpa* originaire de l'ouest américain (hybrides interaméricains).

Les travaux envisagés doivent permettre de :

- **quantifier** le phénomène d'introgession dans quelques situations contrastées en termes de proximité des compartiments sauvage et cultivé, en commençant par les situations qui semblent les plus favorables
- **identifier** les facteurs biologiques et physiques qui conditionnent l'efficacité des flux géniques, par la mesure de paramètres *a priori* déterminants (synchronisme de floraison, distance) et leur intégration dans des **modèles** de simulation.
- **évaluer l'impact** évolutif et fonctionnel du phénomène d'introgession sauvage x cultivé à travers un caractère adaptatif particulier, la résistance à la rouille foliaire à *Melampsora larici-populina* (*Mlp*).

Ces objectifs nécessiteront le développement de marqueurs moléculaires neutres et adaptatifs, travail qui a déjà été initié dans le cadre de plusieurs projets collaboratifs et qui va se poursuivre avec de nouveaux projets en cours (INTERPOGER) ou à venir (NOVELTREE) en collaboration avec

l'URGV d'Evry, l'UMR IAM de l'INRA Nancy et l'UMR Biogeco de l'INRA Bordeaux. Les travaux de modélisation seront conduits en lien avec l'UR Biométrie de l'INRA Avignon. Nous envisageons de renforcer notre collaboration avec le Service Canadien des Forêts de Québec qui conduit des études d'introggression chez le peuplier et l'IBW de Grammont en Belgique qui possède une maîtrise de l'hybridation interspécifique et des phénomènes de compétition pollinique chez le peuplier.

Pin sylvestre

Depuis plusieurs siècles des transferts importants de graines ont été effectués à travers l'Europe, mélangeant parfois de manière imbriquée des populations allochtones et autochtones. Etant donné la forte capacité d'hybridation entre espèces de pins et le mélange parfois intime entre populations autochtones et non autochtones, il s'avère primordial d'étudier les flux de pollen à l'échelle du massif afin de suivre voire d'orienter la dynamique des ressources génétiques dans le paysage forestier. En effet, la part croissante prise par la régénération naturelle dans le renouvellement de peuplements purs ou mixtes amène à se questionner sur la qualité de ce mode de régénération pour la gestion et la conservation à long terme des ressources biologiques.

Une première approche se situe en forêt de Haguenau où l'on s'intéressera à :

- l'impact de la structure du peuplement et des variations temporelles sur le régime de reproduction (flux de pollen), la structuration de la diversité et la qualité génétique des graines (hétérozygotie, parenté,...), la phénologie de la floraison,
- l'impact de la qualité génétique sur la valeur phénotypique des semis (date de germination, date d'arrêt de croissance...)

L'aspect spatialisé de cette thématique, le fait qu'elle implique l'étude de sites naturels et la multiplicité des données à acquérir nécessitera un investissement humain et matériel en Bases de Données et Systèmes d'Information Géographiques (SIG). Un premier investissement a été effectué en 2006 par l'acquisition de deux stations de travail et de logiciels appliqués au SIG (ArcGis) à l'occasion de l'embauche d'un Ingénieur SIG sur contrat (contrat DIREN Centre « Peuplier noir ») et d'un stage de master II Géomatique (Université d'Orléans, projet INTERPOPPER). L'implication des CR en charge cette thématique sur ces aspects SIG étant forcément ponctuelle et limitée, elle ne pourra suffire à pérenniser cet effort. Le recrutement d'un Ingénieur d'Etude sur cette compétence pour ainsi dire absente de notre Unité nous paraît indispensable au maintien d'un niveau digne des standards internationaux.

3.3.3.2. Pressions de sélection exercées par le compartiment cultivé

En plus d'un impact direct dû aux flux de gènes, les variétés forestières améliorées peuvent interagir indirectement avec leurs homologues sauvages via la modification d'autres composantes de l'écosystème. Le trio « peuplier cultivé – rouille foliaire à *Melampsora larici-populina* (*Mlp*) – peuplier noir sauvage » constitue un modèle d'étude scientifiquement intéressant et économiquement justifié. En effet, les peupleraies cultivées et les peupleraies sauvages semblent interagir de façon fortement contrastée avec *Mlp*, problème phytosanitaire majeur de la peupleraie française. Alors que le compartiment cultivé, longtemps sélectionné pour une résistance complète à *Mlp* héritée de l'espèce américaine *P. deltoides*, est à l'origine de l'émergence de nouveaux variants de l'agent pathogène porteurs de nouvelles virulences, le peuplier noir sauvage ne possède que des résistances de type quantitatif et héberge des isolats de *Mlp* moins complexes en termes de virulences. Plusieurs questions se posent :

- les pressions de sélection exercées par les peupliers cultivés sur les populations de *Mlp* peuvent-elles influencer sur la diversité génétique du peuplier noir sauvage?
- le peuplier noir sauvage agit-il comme tampon de l'évolution de *Mlp*?

- héberge-t-il au contraire un réservoir d'adaptabilité pour *Mlp* ?

L'approche choisie pour l'étude de cette problématique repose sur une décomposition du phénomène :

- pressions de sélection exercées par les **cultivars de peuplier sur les populations de *Mlp***
- pressions de sélection de ***Mlp* sur les populations naturelles de peuplier noir**

Peuplier cultivé $\square$ ***Mlp***. Nous proposons de mettre en œuvre deux types d'approches pour l'étude de ces questions. La première approche est dite « historique », elle reposera sur une cryothèque unique au monde contenant plus de 1000 isolats de *Mlp* constituée depuis 1982 par l'équipe Pathofoor (UMR IaM Nancy) avec qui nous sommes en interaction forte sur cette thématique. Nous envisageons une étude commune qui viserait à quantifier l'évolution de l'agressivité d'une partie de ces isolats, en tenant compte de leur composition en virulences et du délai écoulé depuis l'apparition de la virulence la plus récente dont ils sont porteurs. Cette évolution serait mesurée à la fois sur les variétés commerciales ayant provoqué l'émergence des nouvelles virulences et sur un échantillon représentatif de peupliers noirs sauvages.

La seconde approche est dite « prospective ». Suite à la découverte d'une résistance quantitative majeure héritée de l'espèce *P. trichocarpa* qui limite la taille des urédosores mais qui semble inefficace vis-à-vis de quelques rares souches de l'agent pathogène, nous souhaitons évaluer précisément la fréquence des souches capables de « contournement ». Cette fréquence sera évaluée dans différentes populations issues des compartiments cultivé et sauvage. Ces populations seront inoculées sur des génotypes hôtes porteurs vs. non porteurs du facteur de résistance étudié, de manière à détecter les souches manifestant une agressivité supérieure. Ces souches particulières seront ensuite pathotypées afin d'étudier l'hypothèse d'un lien entre cette aptitude et la composition en virulences. Elles seront conservées et inoculées sur une large gamme de génotypes de peuplier en vue d'évaluer le caractère général ou spécifique de leur agressivité élevée.

***Mlp* $\square$ peuplier noir sauvage**. Via l'étude comparative de populations naturelles de peuplier noir inoculées en laboratoire avec des populations de *Mlp* prélevées en peupleraie cultivée, en peupleraie sauvage ou sélectionnées en laboratoire dans le cadre de l'étude ci-dessus, nous souhaitons évaluer l'impact attendu de flux pathogènes entre compartiments sur l'agressivité de *Mlp* vis-à-vis de *P. nigra*.

Cette thématique repose bien entendu sur la poursuite d'une étroite collaboration avec l'UMR IAM de l'INRA Nancy, l'UMR Biogeco de l'INRA Bordeaux et l'URGV d'Evry. Elle nécessite en outre la mise en place et le suivi de tests pathologiques selon une méthodologie maîtrisée au sein de notre Unité. Cependant, nos avancées récentes sur l'étude du déterminisme génétique de la résistance quantitative à *Mlp* ont montré combien, parmi les composantes de la résistance quantitative étudiées, la taille des urédosores est primordiale. Notre capacité de phénotypage à haut débit, qui serait pourtant utile à toute étape de ce projet, bute malheureusement sur le temps nécessaire à la mesure précise de ce caractère. Elle bute également sur notre difficulté à entretenir en qualité et en quantité des collections d'isolats pathogènes. Seule une augmentation du niveau de technicité de notre « laboratoire » de phytopathologie, aujourd'hui paradoxalement dépourvu de personnel dédié malgré l'importance de cette thématique, le recours à des techniques d'analyse d'image ou de comptage de particules permettrait de relever ce défi et de maintenir notre avance reconnue dans ce domaine. Le recrutement d'un Ingénieur d'Etude spécialisé en phytopathologie serait nécessaire pour franchir cette nouvelle étape.

3.3.3.3. Impact de peupliers génétiquement modifiés sur les communautés associées

Les études menées dans cet axe sur les flux de gènes entre compartiment sauvage et cultivé (cf § 3.3.3.1) apportent des informations qui peuvent être utiles pour estimer les risques d'introgression depuis des arbres génétiquement modifiés. En revanche, il semble illusoire de chercher à évaluer l'impact de ces introgressions sur les populations naturelles et les écosystèmes sans que ces travaux ne portent sur les transgènes eux-mêmes. Par principe de précaution, l'impact sur la diversité des populations naturelles ne peut pas être mesuré en situation réelle. Ainsi, les essais OGM en plein champ menés à l'unité AGPF sont conduits de façon à empêcher tout flux de gènes dans l'environnement (élimination des fleurs, labour, désherbage,...). Ces essais permettent néanmoins d'envisager l'étude de l'impact des transgènes sur la dynamique des populations microbiennes associées.

En relation avec les études réalisées sur la formation du bois (cf. § 3.1), l'UR AGPF est responsable de la gestion des 2 seuls essais d'arbres OGM en France. Ces derniers sont constitués de peupliers modifiés au niveau des lignines, composants essentiels du bois. Si les modifications obtenues ont des répercussions parfois importantes sur les propriétés technologiques du bois, il est fort probable qu'elles aient également un effet au niveau de la dégradation du bois dans le sol. Les lignines étant en effet le constituant le moins biodégradable des cellules du bois, il est probable que des variations dans leur composition aient des conséquences sur les dynamiques des populations microbiennes impliquées dans leur décomposition. Une telle évaluation est l'objet d'un projet ANR déposé au printemps 2007 et impliquant des collaborations avec des équipes capables d'évaluer les effets des arbres à lignines modifiées sur la matière organique et sur les populations microbiennes du sol (UMR FARE, Reims). D'autre part, les lignines jouent un rôle de barrière contre les agents pathogènes. L'effet de la modification des lignines sur cette fonction sera évalué dans le cadre d'un projet international qui débute en 2007 (Swedish University of Agricultural Sciences, Umeå, Northern Arizona University, USA, University of Wisconsin, USA).

3.4. Développement et valorisation

Les acquis méthodologiques obtenus dans les axes précédents seront valorisés dans le cadre du développement des **programmes d'amélioration et de sélection *sensu stricto*** et de **conservation des ressources génétiques**. Les 6 essences concernées ont un intérêt économique ou patrimonial majeur à l'échelle de la France et de l'Europe : le merisier, le frêne, le peuplier, le douglas, le mélèze et le pin sylvestre.

Ces programmes visent *a priori* à la création de variétés à large spectre d'utilisation en reboisement plutôt qu'à la création de variétés améliorées pour un milieu ou un produit donnés. Outre l'adaptation au milieu dans lequel ces essences trouvent leur optimum, sont prises en compte la résistance aux agents biotiques, la croissance, l'architecture de la tige et, de plus en plus, les propriétés de base du bois. La création de variétés plus spécialisées n'est cependant pas exclue dans des contextes particuliers (bois énergie par exemple). Une attention particulière sera portée au comportement des variétés dans une optique de changements climatiques.

Les stratégies d'amélioration adoptées sont raisonnées plutôt à court terme, hormis pour les peupliers et le douglas, pour lesquels une stratégie multi-génération est envisagée. Néanmoins, de manière à ne pas hypothéquer l'avenir par des stratégies à trop courte vue, il a été et il est veillé à disposer, pour toutes les essences, de populations d'amélioration à base génétique large ainsi que d'un contrôle des apparentements et d'un suivi des pedigrees lors des phases de recombinaison-sélection.

La création variétale est faite autant que possible en tenant compte des intérêts des gestionnaires forestiers sans que cela soit toujours évident (besoins non exprimés). La mise en place

des matériels forestiers de reproduction correspondants se fait en interaction avec la filière graines et plants. Elle est soutenue financièrement presque exclusivement par la DGFAR. L'abandon de certaines activités du *Cemagref* dans ce domaine est fortement regretté.

Lorsque, pour certaines essences comme le mélèze, des verrous dans la diffusion des variétés améliorées restent une préoccupation, des travaux sont poursuivis pour développer les outils de production en masse et les transférer auprès des utilisateurs. Un effort est également consacré (toutes essences confondues) à une meilleure vulgarisation du progrès génétique auprès des professionnels (filiale graines et plants, gestionnaires forestiers).

Enfin, compte tenu des évolutions récentes (écologiques, économiques, humaines) dans le contexte de travail des améliorateurs forestiers, il semble de plus en plus vital d'inscrire nos travaux de recherche et de développement dans une dimension européenne en participant activement à la mise en place de réseaux de recherche coopératifs durables, de programmes conjoints, voire à la création de ce qui pourrait être un Centre Européen d'Amélioration Génétique Forestière.

3.4.1. Innovation variétale et transfert de technologies

3.4.1.1. Gestion des programmes d'amélioration et création variétale

Programme Douglas

a) Innovation variétale et diversification

La constitution de la population d'amélioration du Douglas étant achevée, le gros de l'effort sera porté sur la recombinaison des clones qui la constituent. Les 1000 descendances maternelles dans lesquelles ces clones (600 au total) ont été sélectionnés ont été installées sur le terrain en 5 tranches annuelles de 200 descendances chacune, liées entre elles et entre années par une série de témoins (voir fiche Douglas en annexe). Une analyse conjointe de l'ensemble du réseau de tests (20 tests, 200 ha, 180 000 arbres) doit être réalisée pour confirmer et ajuster les sélections réalisées pour le moment au sein des 5 tranches individuelles. L'objectif, à l'issue de cette étude est de réduire d'environ un tiers le nombre de clones de la population d'amélioration. Des études théoriques montrent que quelques centaines de clones (300 – 400) représentent une taille de population suffisante pour atteindre plus de 90% du gain génétique maximum possible, fixer les allèles favorables et maintenir, avec une probabilité de 90%, un allèle neutre rare pendant plus de 30 générations.

Le principe général adopté pour l'amélioration génétique à long terme du Douglas repose sur la sélection douce et progressive de la population d'amélioration via une structuration et un schéma de recombinaison garantissant le maintien de la variabilité et de la diversité génétique. La création variétale repose, elle, sur la valorisation à chaque génération de cette diversité grâce à une sélection intensive de quelques dizaines de clones pour créer par exemple des vergers à graines ou même une population "élite" qui sera elle même conduite sur 1 ou 2 générations dans un objectif exclusif de transfert d'un gain génétique maximum vers une sortie variétale.

Le premier objectif étant de gérer l'apparition de relations d'apparentement au sein de la population d'amélioration, le choix d'une structuration de cette dernière en lignées semble le plus indiqué. Les lignées sont des sous-groupes d'amélioration dans lesquels les individus peuvent être apparentés mais entre lesquelles il n'existe pas de relation d'apparentement. L'apparition de relations d'apparentement dans chaque lignée sera gérée grâce à un outil d'optimisation mathématique. Il en sera de même pour orienter le schéma de recombinaison de chaque nouvelle population élite.

b) Place du Douglas en France dans le contexte des changements globaux

Le douglas a acquis en France une réputation d'essence très plastique, qui peut être utilisée sur de nombreuses stations forestières. Toutefois, les événements climatiques extrêmes et récurrents

que la France a connus depuis 2003 commencent à avoir des effets inquiétants sur l'état sanitaire et la vigueur de certains peuplements de douglas. Aujourd'hui, les forestiers, propriétaires et gestionnaires se posent explicitement la question (1) de l'évolution possible du potentiel de production des peuplements en place, (2) du choix du matériel de renouvellement pour les peuplements qui arrivent à terme, (3) des risques de dépérissements consécutifs aux aléas climatiques extrêmes.

En collaboration avec le Laboratoire d'Ecologie et Ecophysiologie Forestière de l'INRA de Nancy (Nathalie Breda), et avec le soutien financier de la Région Centre, une thèse sera engagée fin 2007 qui comportera 3 volets complémentaires :

1- Etude des modèles de productivité élaborés dans l'aire naturelle du douglas aux Etats Unis et transposition en France, sous climat actuel et futur.

2- Etude dendroécologique de dépérissements avérés de douglas en France en lien avec une description stationnelle, une analyse climatique et un calcul de bilan hydrique détaillé.

3- Etude des réponses au climat et en particulier aux événements extrêmes des provenances de douglas et des variétés synthétiques introduites dans des plantations comparatives en France entière.

A l'issue de ce travail, nous proposerons des cartes de vulnérabilité face aux aléas climatiques pour les plantations de douglas en France. Nous proposerons également un classement des provenances et variétés de douglas en fonction de leur résistance et de leur réponse aux accidents climatiques. Nous proposerons enfin des indicateurs permettant de raisonner les compromis performance vs. résistance que les propriétaires et producteurs de douglas devront à l'avenir gérer de manière à anticiper les risques potentiels de pertes de production voire de dépérissement.

c) **Homologation de variétés**

Actuellement sur les 100 ha de vergers à graines de Douglas de l'Etat, 62 sont homologués en catégories 'contrôlée' ou 'qualifiée'. Les tests de descendances des clones des vergers Luzette et Darrington permettront d'affiner la valeur génétique des clones parents et éventuellement de pratiquer une deuxième éclaircie génétique si le besoin s'en fait sentir.

A court terme (2007) deux nouveaux vergers seront proposés à une homologation en catégorie qualifiée :

- Cendrieux, verger de 8,5 ha composés de 140 clones sélectionnés sur index multi caractère dans un test monosite de descendances maternelles US Washington.

- Californie : verger de 5,5 ha composé de 108 clones issus d'une sélection phénotypique dans des tests de provenances californiennes en région méditerranéenne. La production commerciale de ce verger est très attendue par les utilisateurs de Douglas du sud du Massif Central qui ont à faire face à des problèmes de dépérissement dus à l'évolution du contexte climatique.

A moyen terme (2010), l'ensemble des vergers de Douglas sera homologué au minimum en catégorie qualifiée. Grâce aux inductions florales pratiquées chaque année pour la production commerciale de ces vergers il a été possible de récolter des graines individualisées par clones sur certains vergers non encore testés (dont le verger californien). L'installation des tests de descendances permettant d'homologuer ces vergers en catégorie contrôlée et de préparer les éclaircies génétiques est dépendante de moyens que le Ministère de l'Agriculture et / ou le GIE "Semences Forestières Améliorée" voudront bien dégager.

Programme Mélèzes

Le mélèze est une essence encore peu utilisée mais qui offre un très grand potentiel en terme de vitesse de croissance, de duraminisation du bois, de tolérance à la sécheresse et de propriétés de bois originales (densité, durabilité naturelle). Le programme d'amélioration du mélèze concerne deux espèces : le mélèze d'Europe et le mélèze du Japon, mais se focalise surtout sur leur hybride interspécifique. Le mélèze est une espèce modèle pour plusieurs thématiques originales : l'étude de l'hétérosis ou vigueur hybride, la dynamique de duraminisation et la durabilité naturelle de son bois, la valorisation possible de la voie clonale pour la diffusion des variétés hybrides dont les perspectives offertes par l'embryogenèse somatique. Les travaux envisagés sont :

a) Gestion et évaluation des populations d'amélioration

Trois opérations sont en cours ou proposées :

- Evaluation de la valeur génétique des clones des 3 populations d'amélioration de mélèze d'Europe (Sudètes, Centre Pologne, Alpes) de manière d'une part à permettre l'éclaircie sur base génétique des vergers à graines existants (Theil et peut-être Cadouin), à préparer le passage à la génération suivante et à terme, la sélection et la création de nouvelles variétés (*Sudetica* et *Polonica*) et enfin à améliorer l'efficacité des recombinaisons en interspécifique pour la création d'hybrides.

- Enrichissement des populations '*Polonica*' et '*Alpes*' par de nouveaux clones sélectionnés soit en tests de descendance existants (Centre Pologne, forte croissance, résistance au chancre) soit dans l'aire naturelle (Alpes françaises, tolérance à la sécheresse).

- Evaluation des composants de la population d'amélioration de mélèze du Japon (noyau de 100 clones) de manière à améliorer l'efficacité des recombinaisons en interspécifique pour la création d'hybrides.

b) Connaissance des hybrides de 1^{ère} génération

- Evaluation du réseau français de tests de descendance d'hybrides F1 (plus de 700) et des variétés hybrides européennes de manière à connaître les conditions stationnelles optimales et contraignantes d'utilisation des hybrides : positionnement du mélèze vis-à-vis des perspectives de changement climatique, évaluer les performances des combinaisons hybrides pour différents caractères d'intérêt économique et environnemental, positionner nos hybrides par rapport aux variétés étrangères (B, D, DK, GB, NL, S), sélectionner des combinaisons intéressantes pour créer de nouvelles variétés hybrides plus performantes ,

- Etude des bases génétiques et physiologiques de la vigueur hybride : disposer des éléments pour choisir plus efficacement les géniteurs (population, individu) de combinaisons hybrides performantes : l'accent est mis sur les caractères adaptatifs, d'architecture et de certaines propriétés du bois dont la durabilité naturelle.

c) Evaluation de la voie F2 (hybrides de 2^{ème} génération)

Il s'agira positionner les différents types d'hybrides de 2^{ème} génération en fonction de leur niveau de consanguinité et type de croisements (rétro croisements, hybrides doubles) par rapport aux hybrides de 1^{ère} génération et aux espèces parentes. Il conviendra également d'examiner la valeur de cette filière pour la production en masse de semences hybrides et, enfin, de préparer une population d'amélioration pour engager une filière de recombinaisons intra hybrides (composite breeding).

d) Homologation de variétés

Mélèzes d'Europe :

La fragilité du dispositif français de production de semences de mélèze d'Europe (trois vergers : 2 de mélèze '*sudetica*' (Theil et Cadouin) dont un déperissant et 1 verger '*polonica*'

(Sivens) disparu lors de la canicule 2003) nous oblige à repenser avec la filière graines et plants le mode de diffusion de ces variétés et à réinstaller dans l'urgence au moins un verger 'sudetica' et un verger 'polonica' : pour le premier, il peut s'agir d'une copie du verger existant ; dans le second, une sélection préalable dans les tests de descendance existants (collection de mélèze 'polonica' 1987) sera nécessaire.

Une éclaircie génétique sera proposée dans le verger du Theil dès que les résultats des tests de descendance pourront être exploités.

Mélèze hybride :

Compte tenu de la très grande variabilité observée pour les différents caractères d'intérêt parmi les descendance hybrides créées par l'Unité (plus de 700 descendance) depuis 1979, la sélection de variétés plus performantes (vigueur – forme) ou spécialisées pourra être envisagée suivant les besoins. Différentes spécialisations peuvent être dès à présent envisagées car les outils de diagnostics existent : résistance mécanique, durabilité naturelle du bois, couleur.

Pour l'hybride, la technique optimale de diffusion des variétés reste à définir : les options actuelles portent sur la voie générative : supplémentation pollinique en verger F1 ou verger F1/F2 et la voie végétative par bouturage 'bulk' ou embryogenèse somatique ou une combinaison des deux : toutes les solutions proposées pèchent d'une manière ou d'une autre soit à cause du caractère encore aléatoire de la production, soit à cause du coût. Dans tous les cas, un appui très fort au transfert des technologies auprès de la filière graines et plants est indispensable.

Programme pin sylvestre

Le pin sylvestre, essence autochtone, occupe en France la 5^{ème} place des essences résineuses utilisées en reboisement. Les échecs de transfert de provenances de montagne en plaine ont conduit dans les années 1980 au développement d'un programme d'amélioration génétique reposant sur la valorisation de la variabilité génétique individuelle du pin sylvestre présente au sein de son aire naturelle, particulièrement vaste en Eurasie. Un deuxième objectif prioritaire concerne la sauvegarde des ressources naturelles menacées, en particulier suite à la tempête de 1999. Il est clair que l'engagement d'un nouveau cycle de sélection ne se fera qu'en réponse à une demande sociale ; par contre notre devoir en tant que gestionnaire principal de populations d'amélioration est de maintenir ce matériel, réaliser les recombinaisons entre sélections G₀ et accumuler l'information génétique afin que l'obtention de gains génétiques futurs ne souffre pas de l'inertie liée à la maturité sexuelle tardive de l'espèce et au temps nécessaire à l'évaluation génétique du matériel.

Stratégies choisies et perspectives à court et moyen termes

Pour le pin sylvestre, le suivi du réseau de tests de provenances, échantillonnées sur une grande partie de l'aire européenne, a permis de fournir des réponses à court terme en actualisant les recommandations en matière de choix d'origines génétiques les plus adaptées. A moyen terme, la diffusion de variétés améliorées repose sur l'entrée en production en 2006 de 2x10 hectares de vergers à graines de clones échantillonnés dans deux populations différentes. Nos efforts de recherche ont porté sur l'identification des meilleurs prédicteurs précoces de la croissance en volume, de la qualité extérieure des tiges, de la résistance aux ravageurs (*Melampsora pini torqua* et insectes) et de la plasticité environnementale. La synthèse sur 12 ans des évaluations génétiques en tests de descendance multi-site nous a permis en 2006 de présenter à la profession différents scénarios d'éclaircie génétique dans les vergers à graines de l'Etat, permettant de combiner gains génétiques et diversité neutre appréciée à l'aide de marqueurs microsatellites. Les scénarios retenus en concertation seront mis en application durant l'hiver 2007/2008. La réalisation de plans de croisement cognitifs, non seulement intra- mais aussi inter-population, permet aujourd'hui d'évaluer à 10 ans l'ampleur

d'effets génétiques non additifs, en particulier pour les caractères de forme et de résistance. Ils donneront des premiers éléments sur la valeur adaptative des hybrides entre populations dans les populations issues de régénération naturelle, de plus en plus pratiquée dans les zones d'introduction du pin sylvestre. La comparaison de valeurs d'aptitude générale et spécifique à la combinaison à la dépression de consanguinité observée en régime d'autofécondation permet de mettre en évidence l'importance du fardeau génétique dans la population d'amélioration G0 rassemblée. Il est à noter que ce fardeau semble plus faible pour la population d'origine Haguenau située en extrémité d'aire naturelle que dans la population polonaise située au cœur de l'aire naturelle de distribution de l'espèce.

Programme frêne

L'objectif principal du programme d'amélioration du frêne commun (*Fraxinus excelsior*) est de fournir aux forestiers un matériel végétal répondant au mieux à leurs besoins. En effet, les premières plantations réalisées ont souvent données de médiocres résultats, notamment en raison de la mauvaise qualité du matériel végétal utilisé (plants plus ou moins hybridés avec le frêne oxyphylle et mauvaise forme du fut due à la présence de fourches). Le programme d'amélioration du frêne est actuellement « limité » à la mise en évidence et à l'exploitation de la variabilité génétique naturelle à partir des résultats d'un réseau de plantations comparatives de provenances-descendances. Les résultats de ce réseau doivent permettre, à terme, de redéfinir les régions de provenances et de faire passer un certain nombre de provenances dans la catégorie testée.

L'installation du réseau a débuté en 2001 à partir des récoltes de peuplements naturels effectuées en France entre 1996 et 1999. A l'heure actuelle, environ 20000 plants sont en cours d'élevage en pépinière pour une nouvelle série de plantations comparatives en 2008 et 2009.

Perspectives à court et moyen terme :

Au cours des différents élevages en pépinière (2001-2002 et 2007-2008), 31 provenances françaises de frêne commun ont été et seront observées et comparées à un ou plusieurs témoins « oxyphylle ». Ces observations permettront de certifier le degré de pureté spécifique de ces peuplements et de localiser en France les zones suspectes d'hybridation entre les deux espèces. D'autre part, la tardiveté du débourrement végétatif de ces différentes provenances sera également observée à ce stade. Les différents peuplements classés seront donc évalués pour ce caractère important qui conditionne en partie l'apparition de fourches. Des recommandations pourront être faites pour le choix des provenances. Le classement en catégorie testée de certaines d'entre elles est possible à partir de 2012. De même, les premiers résultats des dispositifs (projet avec la région Normandie) destinés à évaluer le verger à graines des Ecoulouettes (verger privé) seront disponibles au mieux vers 2013.

A plus long terme, on peut envisager, si le besoin s'en fait sentir, de créer un verger à graines de semis en utilisant les meilleures descendances sélectionnées dans le réseau de plantations comparatives.

Programme merisier

Le programme d'amélioration du merisier, initié en 1978, a pour objectif principal de mettre à la disposition des forestiers, un matériel végétal adapté à la réalisation des plantations. Deux types de variétés ont été ou sont en cours de sélection :

1/ **Une variété multiclonale** constituée d'un mélange de cultivars sélectionnés :

A partir des 350 clones issus de sélection phénotypique en forêt et mobilisés à la pépinière d'Orléans, un premier tri a été effectué en exploitant la variabilité naturelle de l'espèce. Cette sélection a été réalisée grâce aux résultats d'un réseau de plantations comparatives de clones installé

entre 1982 et 1998 (50 dispositifs). Les clones issus de cette sélection constituent donc une première génération de cultivars testés (inscription au catalogue 1994 et 2006). L'exploitation des résultats des derniers dispositifs installés (1998) devrait permettre d'évaluer 60 à 70 clones supplémentaires et d'inscrire de nouveaux cultivars au catalogue.

2/ Une variété issue de graines produite dans des vergers à graines de clones :

Les résultats d'un plan de croisement demi-diallèle réalisé en 1986 ayant mis en évidence une bonne corrélation entre valeur clonale et valeur en croisement, il a été possible de créer 2 vergers à graines (Cabreret 1997 et Avesac 2005) constitués des meilleurs clones testés de première génération.

Perspectives d'homologation de variétés

Dans les années à venir, l'inscription de nouveaux cultivars de merisier au catalogue des plantes cultivées est envisagée de quatre façons :

- à partir des résultats des derniers tests clonaux installés à partir de 1998,
- en opérant une sélection dans les produits du plan de croisement semi circulaire réalisé entre 1998 et 2001 pour créer des cultivars de deuxième génération. Dans un premier temps, un tri très sévère en pépinière à 4 ans des meilleurs individus dans les meilleures familles sera effectué (2007 2008). Les caractères pris en compte seront la résistance à la cylindrosporiose, la forme du fut et des branches et, dans une moindre mesure, la vigueur. Les individus retenus lors de cette première phase ainsi que quelques sélections issues du plan de croisement demi-diallèle 14x14 réalisé en 1986 seront multipliés et feront l'objet d'une sélection provisoire en pépinière à 6 ans et définitive à 10 ans en conditions forestières,

- la création de cultivars de deuxième génération est également envisagée en recombinaison les clones sélectionnés en 2006 et qui figurent donc dans le verger d'Avesac en plusieurs ramets judicieusement mélangés pour favoriser des croisements variés. Les descendances maternelles de ce verger seront obtenues en mélangeant un aliquote des descendances de tous les ramets d'un même clone, et seront testées en pépinière en 4 ans. Quelques descendants par mère seront sélectionnés, mais avec un contrôle généalogique du parent mâle grâce à nos marqueurs microsatellites, afin de veiller à l'équilibre des contributions.

- le tri d'individus triploïdes à partir des descendances des 12 individus triploïdes présents dans notre collection.

Programme peuplier

Le peuplier cultivé concerne environ 250 000 ha de plantations monoclonales. Il assure la seconde production en volume de bois d'œuvre feuillu après les chênes. Les stratégies de sélection développées en Europe depuis 30 ans sont exclusivement orientées vers la valorisation de résistances spécifiques apportées par une espèce parente (*P. deltoides*) n'ayant jamais subi la pression de *Melampsora larici-populina* (*Mlp*) agent pathogène responsable des importantes attaques de rouille foliaire. Plusieurs contournements de résistance aux conséquences économiques majeures montrent les limites de ces stratégies. En mars 2001, les équipes de recherche françaises, impliquées dans la sélection du peuplier, à savoir, l'AFOCEL, le CEMAGREF et l'INRA, ont été réunies en un groupement d'intérêt scientifique dénommé « Génétique, Amélioration et Protection du Peuplier ». L'élaboration d'une stratégie de création variétale adaptée et la gestion des populations d'amélioration ont été confiées à l'INRA.

Stratégies choisies et perspectives à court et moyen termes

La diversité des conditions écologiques et sanitaires de la populiculture française conduit à poursuivre le travail de sélection du peuplier dans différents types botaniques simultanément (espèces pures et hybrides interspécifiques plus ou moins complexes). L'importante variabilité génétique

disponible dans la population de base *P. deltoïdes* (n=1030) offre des bases solides au développement de cultivars *P. deltoïdes* pour la moitié Sud de la France (6 clones sont actuellement en cours d'homologation). L'exceptionnelle vigueur exprimée jusqu'ici par les hybrides interaméricains justifie une poursuite des efforts de sélection sur des combinaisons entre *P. deltoïdes* et *P. trichocarpa*. L'impossibilité d'éradiquer les rouilles foliaires à *Mlp* et de se prémunir contre l'apparition de nouveaux pathotypes nous conduit à privilégier des génotypes cumulant différentes résistances complètes, bon niveau de résistance partielle et surtout un niveau de tolérance élevé (perte de production faible). De nouveaux croisements, explorant une base génétique plus large, ont été réalisés dans ce sens en 2001 et 2002. L'étude de rétro croisements vers le parent *P. deltoïdes* aux performances sanitaires plus satisfaisantes a été initiée en 2003. Les premières observations réalisées en 2005 et 2006 sont plutôt encourageantes et mettent en évidence une forte variabilité pour les niveaux de résistance. Du fait de l'incertitude de combiner résistances durables aux ravageurs et forte productivité dans des hybrides interaméricains, les efforts de sélection portent également sur des hybrides euraméricains entre *P. deltoïdes* et *P. nigra*, cette dernière espèce coévoluant avec l'agent de la rouille foliaire dans son aire d'origine. Un plan de croisement factoriel 5x4 ainsi qu'une première collection de 22 croisements single-pair permettent actuellement de préciser le déterminisme génétique de la résistance aux rouilles à *Mlp* dans cette formule interspécifique. A l'issue d'une première étape de sélection combinant résistance quantitative aux rouilles foliaires, croissance juvénile et qualité de branchaison, 96 des 1395 clones testés ont été installés en plantation multisite (2-3) pour évaluation plus approfondie. Parallèlement, ils seront évalués en 2007 et 2008 pour leur résistance à *Marssonina brunea* et au chancre bactérien. Les prochaines années de croisement devraient être consacrées à des recombinaisons intra spécifiques permettant d'élargir la base génétique des géniteurs *P. deltoïdes*, *P. trichocarpa* et *P. nigra*.

Intégration de l'embryogenèse somatique aux programmes d'amélioration

L'embryogenèse somatique (ES) est un outil moderne et puissant pour la propagation en masse de matériel cloné. Sa place et sa valorisation au sein des programmes d'amélioration reste à définir. Couplée à la cryoconservation, elle offre des possibilités nouvelles non seulement pour propager en masse des individus sélectionnés (*a priori* (matériel adulte) ou *a posteriori* (remobilisation de souches cryoconservées après sélection) en foresterie clonale mais aussi pour améliorer l'estimation de la valeur génétique des génotypes dans le processus de l'évaluation.

L'intégration de l'ES aux programmes d'amélioration présuppose néanmoins d'une part la démonstration de la conformité phénotypique et génétique des plants issus de ES et d'autre part, la maîtrise et le transfert des différentes techniques permettant une production en routine de plants. Il est ainsi proposé de :

- vérifier la conformité phénotypique des plants en montrant qu'un plant obtenu par ES a un comportement "normal" en terme de croissance et d'architecture ; des essais de démonstration seront installés pour comparer sur le long terme semis et plants issus d'embryons somatiques à partir de familles ou de génotypes déjà repérés pour leurs performances. De par nos activités passées, des essais en forêt ont été récemment mis en place (2007) avec des clones de pin sylvestre, provenance Haguenau, afin de comparer la valeur phénotypique de plants issus d'embryogenèse somatique à celle de semis. Des tests similaires sont prévus pour le mélèze hybride et pour le pin maritime (Bordeaux).
 - vérifier la conformité génétique à l'aide de marqueurs moléculaires (microsatellites)
- Tous les résultats qui seront obtenus, **quelle que soit l'espèce**, sont autant d'informations nécessaires à une meilleure compréhension et **acceptabilité** du matériel régénéré par embryogenèse somatique.
- préparer du matériel végétal amélioré pour l'installation de dispositifs expérimentaux et assurer le transfert de la méthodologie : Pour le mélèze hybride, du matériel INRA amélioré est maintenant disponible (famille INRA H1). Une banque cryocongelée de lignées embryogènes obtenues à partir de ce matériel amélioré a été constituée (40 lignées). Il faudra d'une part continuer à

enrichir la cryobanque (200-300 lignées), d'autre part réaliser des tests clonaux afin de faire le tri pour sélectionner les clones les plus performants ce qui va nécessiter la régénération de plants. L'appui viendra soit de notre Unité Expérimentale soit d'un relais par un organisme type CRITT.

3.4.1.2. Transfert de méthodologies et de connaissances

Objectif : La finalité des programmes d'amélioration est évidemment la création et la diffusion des variétés améliorées. Un effort particulier sera mis également dans le transfert de méthodologies mais aussi de vulgarisation des connaissances.

Les travaux proposés visent :

- à transférer des méthodologies nouvelles de production en masse de ces variétés,
- à développer des outils modernes de traçabilité et de contrôle des MFR,
- à vulgariser l'information relative à ces variétés.

a. Marquage variétal et traçabilité

Traçabilité géographique des plants et bois de chênes

L'INRA, au sein de l'UMR BIOGECO, a acquis un savoir-faire important dans le domaine de l'identification génétique des arbres par test ADN. Une série de publications a permis de valoriser les travaux effectués sur la traçabilité géographique du bois de chênes (Deguilloux et coll. 2002, 2003, 2004 ; Petit, Dumas & Feuillat 2005). Le principe retenu est celui d'un test de conformité avec l'origine géographique supposée, par comparaison avec des bases de données. Par ailleurs, des travaux menés au laboratoire ont abouti à la détection de marqueurs microsatellites nucléaires ayant un fort pouvoir discriminant entre chêne sessile et chêne pédonculé. La caractérisation en France de plusieurs massifs forestiers importants utilisés pour la production de merrains (chêne pédonculé et/ou sessile) a été réalisée à la demande de l'Office National des Forêts. Les résultats indiquent une bonne stabilité de cette distinction spécifique d'un massif à l'autre, permettant d'utiliser cette technique pour identifier l'espèce sur des lots de plants (ou de bois).

Une base de données moléculaires sur les principales chênaies françaises a été initiée ; les peuplements ciblés sont ceux utilisés comme source de graines pour le reboisement (présence de peuplements sélectionnés) ou réputés pour le bois de merrain.

Ce savoir-faire a été transféré au CGAF en 2006. Nous voulons d'une part continuer à renseigner la base de données de tous les peuplements sélectionnés, initiée par l'UMR BIOGECO afin d'avoir une référence en cas de fraude et d'autre part, être en mesure de qualifier la pureté spécifique des lots de glands commercialisés par le service Graines et Plants de l'ONF à La Joux.

Détection de la pureté spécifique chez le Mélèze hybride et identification des taxa

Des marqueurs diagnostics ADN cytoplasmiques ont été développés par l'Unité AGPF pour permettre une identification en routine de la pureté spécifique des lots de graines (ou de plants) issus de vergers d'hybridation. Plusieurs aspects restent à explorer :

- réduire le coût de la mise en œuvre pour permettre une utilisation en routine (collaboration avec le GEVES),
- déterminer la période optimale de diagnostic pour la filière graines avant récolte (collaboration avec Hedeselskabet (DK)),
- mettre au point des critères morphologiques pour tri en pépinière,
- développer des marqueurs ADN nucléaires pour diagnostiquer des productions hybrides de 2^{ème} génération (travail commencé avec Univ. Lyon 1),
- suivre la composition spécifique de plantations hybrides en vue de déterminer le seuil de pureté spécifique minimal à exiger des lots de graines commerciaux.

Développement de critères DHS chez le Merisier

En Octobre 2004, le Règlement Technique pour l'inscription de clones de merisier en catégorie testée a été modifié. Aux termes de ce nouveau règlement, les cultivars proposés à l'inscription doivent être décrits et identifiés selon une procédure de détermination phénotypique portant sur des critères de Distinction, d'Homogénéité et de Stabilité, dite analyse DHS. Cette disposition, classique dans la réglementation européenne pour les plantes cultivées et pour les peupliers, n'existe que dans la réglementation française pour le merisier.

Un protocole d'établissement de ces critères DHS pour le merisier va donc être testé dès 2007 dans trois pépinières forestières, publiques et privée. Ce protocole utilisera en grande partie les critères mis au point pour les cerisiers cultivés et les porte-greffes du genre *Prunus*, mais de nouveaux caractères ainsi que des marqueurs moléculaires seront testés.

b. Vulgarisation

Diffusion du progrès génétique auprès des reboiseurs

La stratégie de diffusion du progrès génétique auprès des gestionnaires forestiers est actuellement le point faible des programmes d'amélioration, comme l'a souligné le rapport de A. Gauthier sur la « Diffusion des variétés forestières améliorées ». Une des raisons principales est le manque de financement spécifique et de relais auprès des partenaires forestiers proches du terrain. Cette stratégie de diffusion du progrès génétique passe par plusieurs supports :

- installation et/ou élargissement de réseaux de parcelles de démonstration/validation (nouveaux clones de merisiers, descendances de vergers (merisier, mélèzes hybrides français et étrangers, douglas), validation de nouvelles techniques de production (bulk mélèze, embryons somatiques mélèze)) en collaboration étroite avec l'IDF et les organismes forestiers régionaux,
- étude particulière visant à mettre en évidence des taches clonales dans des peuplements « naturels » de merisier et permettant de comparer la composition génétique en milieux naturel et planté,
- documentation d'essais génétiques bien adaptés à la vulgarisation,
- vulgarisation écrite (plaquettes AgriObtentions, point et conférence presse INRA, page spécifique sur le site INRA Orléans, articles, ...)
- réunions de vulgarisation organisées par la filière professionnelle.

Actions de formation/vulgarisation du CGAF vers les gestionnaires forestiers

Elles s'intègrent dans l'effort de formation prévu dans l'action n° 5 du « Plan d'Action Forêt » de la « Stratégie Nationale Biodiversité » (Informer et former), notamment grâce aux résultats des travaux de recherche propres au CGAF, à l'INRA d'Orléans et aux données rassemblées dans le cadre de synthèses bibliographiques. Les filières de formation technique (BTS, FIF) seront plus particulièrement visées, en partenariat avec les autres organismes membres de la CRGF. Elle s'appuiera en priorité sur les publications internes ONF (Rendez Vous Techniques, Dossiers Forestiers, guides techniques). Sont programmées :

- la publication en 2008, après validation par la CRGF, et sous forme d'un numéro des Dossiers Forestiers, de la synthèse bibliographique menée en 2006-2007 sur les impacts de la gestion forestière sur la diversité génétique. Cette synthèse, tout comme le hors série n° 1 des Rendez Vous Techniques servira de base à la rédaction d'articles plus ciblés sur des sujets techniques précis et alimentera le contenu de formations continues et initiales.

- la publication en 2008 d'un guide sur la filière Graines et Plants parmi la série de guides prévus pour renouveler l'actuel guide « Biodiversité » et la contribution génétique à d'autres guides de cette série autant que nécessaire.
- la publication d'au moins 2 articles par an dans les Rendez Vous Techniques.
- restitution par une entrée espèce ou thématique, des résultats de recherches récemment achevés et en cours au CGAF sur merisier, pin sylvestre et douglas.
- restitution des travaux de recherche conduits par des partenaires scientifiques et financés par l'ONF (chênes blancs par ex.).
- restitution des travaux de recherche conduits par d'autres équipes de recherches, hors partenariat ONF, dès lors que leurs résultats peuvent être mis en application par les gestionnaires techniques.
- information des personnels techniques sur les réseaux de conservation *in situ* et les actions de conservation *ex situ* menées dans les forêts publiques.

3.4.2. Choix et suivi d'unités conservatoires de ressources génétiques

Ce volet correspond à la valorisation des actions de recherche développées au § 3.3. La sauvegarde d'une espèce et de sa diversité peut être faite de manière statique via la conservation *ex situ* (collections en plantation ou cryoconservation), ou de manière dynamique via un réseau de conservation *in situ*. Le premier type de sauvegarde est surtout mis en oeuvre lorsque les espèces sont en danger dans leur milieu d'origine, en conservant à l'identique les individus. Le second type de conservation présente l'avantage de conserver la dynamique d'évolution des espèces mais ne se justifie que lorsque le danger de perte de diversité est faible.

Projets de valorisation orientés vers la conservation *ex situ* du peuplier noir

Il conviendra, à l'aide de l'ensemble des données acquises et futures, de rationaliser la Collection nationale. Il faudra l'enrichir de nouveaux génotypes issus des 34 populations naturelles en cours d'étude, pour maximiser la représentativité géographique et la diversité des milieux et éliminer les individus introgressés par le compartiment cultivé (cf. § 3.3.2).

En terme de valorisation, cette Collection sera la base de trois variétés régionales multiclones (Plaine Loire, Rhin et Garonne dans un premier temps) à des fins non forestières. En effet, une demande de plus en plus pressante émane d'aménageurs et d'architectes paysagers (berges, canaux, jardins...), qui souhaiteraient planter du peuplier noir autochtone. Or la législation européenne et française actuelle n'autorise à la commercialisation en ornement que les variétés clones homologués que sont le Peuplier d'Italie et les cultivars hybrides. Ces cultivars ne présentent pas la diversité ornementale demandée et sont de plus une source de gènes non désirée dans les populations naturelles (cf § 3.3.2). Une réflexion initiée par la CRGF est en cours sur ce point particulier d'homologation de variétés à des fins non forestières pour les espèces (dont le peuplier) soumis à une réglementation européenne et française.

De plus, la Collection nationale sera la source de géniteurs potentiels du programme d'amélioration (dans le programme d'hybridation interspécifique *Populus deltoïdes* x *P. nigra*).

Réseau de conservation *in situ* du peuplier noir

Une fois les travaux de génotypage réalisés (Cf. § 3.3.1.), l'analyse de la différenciation génétique des populations échantillonnées sera menée intra et inter bassins versants. Les résultats permettront de caractériser et d'évaluer le degré de structuration spatiale de la diversité neutre et de mesurer le niveau de diversité génétique de chaque population. Une attention particulière sera apportée au niveau de différenciation génétique intra bassin versant. Les résultats obtenus par les

études présentées au § 3.3.2 sur les flux de gènes entre compartiments et sur l'impact des rouilles sur le compartiment sauvage seront pris en compte pour définir ces unités de conservation (UC). Outre la diversité génétique requise, les UC devront se positionner dans des espaces naturels protégés où existe une morphodynamique fluviale. Cette dynamique permet en effet de libérer les espaces indispensables à la régénération de l'espèce. Le suivi de ces UC devra se faire en partenariat avec les gestionnaires de ces espaces protégés et par un accord de coopération entre le Ministère de l'Agriculture (via la CRGF) et le Ministère de l'Ecologie (gérant les espaces). Ce suivi nécessitera un effort de communication auprès des services de l'Etat chargés de l'entretien du lit des fleuves. Une action de communication de ce type est actuellement en cours sur la Loire.

Critères de sélection des individus et populations pour les deux modes de conservation

Préalablement à la constitution de la nouvelle Collection nationale et du réseau *in situ*, plusieurs choix devront être raisonnés concernant les caractères à privilégier (tolérance à la rouille foliaire à *Mlp*, efficience d'utilisation de l'eau, phénologie foliaire, phénologie florale, sexe...), les marqueurs génétiques pertinents et les poids respectifs à accorder à chacun.

Proposition d'un réseau *in situ* de pin sylvestre:

Une fois le génotypage des arbres adultes réalisé, l'analyse de la différenciation génétique des populations échantillonnées sera menée intra et inter bassins versants. Les résultats permettront de caractériser et évaluer le degré de structuration spatiale de la diversité neutre et de mesurer le niveau de diversité génétique de chaque population. Une attention particulière sera apportée au niveau de différenciation génétique intra bassin versant. Les résultats obtenus par l'étude des flux à moyenne et longue distance disponibles à partir de l'étude sur des massifs d'Haguenau et d'Orléans permettront de préciser les dispositions techniques du futur cahier des charges de gestion des UC de pin sylvestre.

Dans l'état actuel des connaissances une conservation *ex situ* n'est pas envisagée pour cette espèce.

3.4.3. Intégration d'infrastructures de recherche au niveau Européen

Treebreedex est un projet européen de mise en réseau d'infrastructures de recherche liées à la génétique forestière et à l'amélioration génétique des arbres forestiers. L'objectif du projet est de mettre en réseau par différents moyens modernes de communication les différentes infrastructures liées aux collections végétales, dispositifs expérimentaux, facilités expérimentales et méthodologies ; de réaliser des états de l'art sur différents thèmes liés à l'amélioration génétique des arbres forestiers ; d'identifier des besoins de recherches communs et surtout de préparer les bases d'une part d'un futur Centre Européen d'Amélioration Génétique des arbres forestiers et d'autre part, des programmes coopératifs d'amélioration pour certaines essences. Quatre champs principaux d'investigation ont été retenus : 'Diversité génétique et définition de breeding zones à l'échelle européenne', 'Gestion raisonnée à long terme des populations d'amélioration', 'Optimisation des méthodes d'amélioration et sélection' et 'Techniques de production et de diffusion des variétés améliorées'. Il regroupe les principales équipes européennes travaillant en amélioration génétique (28 partenaires). Il est coordonné par notre Unité (L.E. Pâques) pour une durée de 4 ans.

Evoltree est un réseau d'excellence qui regroupe 25 partenaires de 15 pays, coordonné par l'unité Biogeco (INRA Bordeaux) dont l'objectif est de comprendre, évaluer et prédire la diversité génétique, la structure et la dynamique d'écosystèmes, en associant 4 disciplines majeurs : la génomique, la génétique, l'écologie et l'évolution. Trois éléments majeurs des écosystèmes, en interaction, sont étudiés : les arbres, les insectes phytophages et les champignons mycorrhiziens. Le rôle fonctionnel des arbres dans le pilotage de la biodiversité est étudié au travers de l'évaluation de

leur diversité adaptative, de leur rôle structurant et de leur évolution en réponse aux stress environnementaux.

Ce réseau capitalise sur les ressources et les résultats obtenus dans des projets collaboratifs précédents en intégrant ces données dans un « laboratoire sans mur », mais il installe et consolide également des infrastructures expérimentales, des systèmes d'information et des ressources en bioinformatique.

L'UR AGPF est impliqué dans 2 activités d'intégration de ce réseau : 1- la construction et la gestion d'une base de données du matériel vivant support des activités de recherche ; 2- La gestion d'un « Intensive Study Site ». Les ISS sont de larges portions du paysage dans lesquels un effort particulier de référencement, génotypage et phénotypage est effectué. Un réseau de 7 ISS a été constitué, parmi lesquels l'ISS Ripiloire géré par l'AGPF.

- *Equipes concernées, partenariat et moyens mobilisés*

Les différents travaux liés à la conduite technique des programmes d'amélioration font largement appel aux ressources et compétences des différentes *Unités expérimentales du département EFPA*, d'Orléans bien sûr mais aussi de Nancy, Bordeaux et Avignon. L'aide des *gestionnaires privés et publics (CRPF, ONF)* pour la mise à disposition des terrains expérimentaux, la mise en place des essais au champ et leur gestion technique est toujours décisive. Pour la diffusion des variétés améliorées, les partenaires traditionnels des améliorateurs sont évidemment les *professionnels privés et publics de la filière 'Graines et Plants'*, à travers la participation aux différentes instances (CTPS, CTC vergers à graines) et des contacts directs. La collaboration des *pépinières administratives (Peyrat-Le-Château et Guéméné-Penfao)* en expérimentation est devenue indispensable pour la production de matériel expérimental, la mise en place de productions-pilote, le maintien de collections de référence ou d'archives, etc.

Les aspects réglementaires liés à la diffusion des matériels forestiers de reproduction sont traités plus spécifiquement via le *Cemagref* ainsi que l'évaluation des variétés. Le désengagement du Cemagref dans l'ingénierie des variétés ainsi que la fermeture du Laboratoire 'graines' de l'INRA à Nancy constituent désormais un frein majeur dans la diffusion des variétés.

Les autres partenaires traditionnels des améliorateurs sont l'*Afocel* pour la gestion commune ou rapprochée de certains programmes (Peupliers, douglas), *BioGeves* pour la mise en œuvre d'outils moléculaires d'identification/certification, l'*IDF* et *Agri-Obtentions* pour leurs travaux de communication et vulgarisation du progrès génétique.

Enfin, comme indiqué en introduction et au § 3.4.4., une collaboration de plus en plus étroite entre équipes d'améliorateurs européens s'est mise en place surtout grâce à la participation et/ou la coordination de projets de recherches européens (Eudirec, Larch, RAP, Popyomics, etc.). Une étape supplémentaire a été franchie avec la coordination ou participation à différents réseaux d'infrastructures (TREEBREDEX) ou d'Excellence (Evoltree) et avec la coordination ou participation au montage de réseaux de recherche (NOVELTREE, Energywood, etc.).

Les travaux d'amélioration et de sélection *sensu stricto* sont soutenus presque exclusivement par des financements publics (DGFAR) obtenus à travers les GIS 'Peuplier' et 'Variétés Forestières Améliorées'.

Le tableau ci dessous récapitule les effectifs exprimés en équivalent temps plein chercheurs et ingénieurs de l'UR AGPF et du CGAF qui seront affectés aux différents axes et actions de recherche décrits ci-dessus.

Tableau récapitulatif des axes et actions de recherche

Axes de recherche	Actions de recherche	Equivalents temps pleins chercheurs et Ingénieurs par équipe					
		AGPF Xylème	AGPF MERISTEMES	AGPF Génétique	CGAF	TOTAL Actions	TOTAL Axes
<u>Axe 1</u> : Physiologie moléculaire du développement végétatif de l'arbre et de la formation du bois	1.1. Développement végétatif de l'arbre		3,1	0,4		3,5	7,6
	1.2. Formation du bois	2,7	0,7	0,7		4,1	
<u>Axe 2</u> : L'amélioration génétique : un outil de gestion durable de la diversité des espèces forestières	2.1. Nouvelles perspectives offertes par l'analyse de l'organisation de la diversité génétique des espèces forestières	0,5	0,2	1,8	0,1	2,6	6,2
	2.2. Architecture génétique de caractères complexes liés au développement de l'arbre			1,8		1,8	
	2.3. Développement de stratégies innovantes en matière d'amélioration génétique des arbres forestiers		0,1	1,7		1,8	
<u>Axe 3</u> : Gestion des ressources génétiques dans l'écosystème	3.1. Méthodologie de la mise en place des réseaux de conservation in/ex situ			0,4	0,4	0,8	2,6
	3.2. Impact des régimes de reproduction et de la démographie juvénile sur la diversité en régénération naturelle			0,3	0,4	0,7	
	3.3. Interaction entre compartiments de l'écosystème	0,1		1,0		1,1	
<u>Axe 4</u> : Développement et valorisation	4.1 Innovation variétale et transfert de technologies	0,1	0,1	1,6	0,2	2,0	3,6
	4.2. . Choix et suivi d'unités conservatoires de ressources génétiques			0,2	0,2	0,4	
	4.3. Intégration d'infrastructures de recherche au niveau Européen			1,2		1,2	
<u>AUTRE</u> (enseignement, gestion,...)		0,6	0,4	2,5	0,5	4,0	

Le tableau ci-dessous récapitule la liste des compétences que l'UR AGPF souhaite recruter pour le quadriennal couvert par le projet d'unité.

1- Chercheurs : les postes sont ordonnées par ordre de priorité

N° ref.	Corps	Axes du projet	Profils
GENECO	CR	2, 3	Généticien spécialisé dans les caractères écophysiologiques, sur plusieurs espèces (peuplier, mélèze et douglas)
MODEL	ASC	1	Modélisateur en biologie et physiologie intégrative.
GENFON	CR	1	Génomique fonctionnelle équipe ME.R.I.STEM.ES.

2- Ingénieurs et techniciens

Le poste ci-dessous est mentionné pour mémoire car il correspond au remplacement de celui laissé vacant par le décès de Rozenn Therene.

N° ref.	Corps	Axes du projet	Profils
CIV	TR	1	Technicien en culture in vitro <u>et transgénèse</u> . Entretien et suivi du matériel végétal, mise en place et suivi des expérimentations de transgénèse, premières analyses des plantes transgéniques (PCR, Southern, Gus...)

2.1 Recrutement à prévoir sur le court terme, correspondant aux priorités N°1 exprimées par l'UR AGPF. En nombre, ces postes correspondent aux départs en retraites prévisibles d'ici 2011.

N° ref.	Corps	Axes du projet	Profils
INFORES	TR	tous	Responsable de la gestion du parc des matériels et logiciels de micro informatique, de leur évolution et de leur maintenance. Il assistera les utilisateurs dans la mise en oeuvre et l'exploitation de leur environnement informatique.
SELECT	IR	2, 4	Méthodologie de la sélection et gestion de programmes d'amélioration
SIG	IE	3	Spécialiste en SIG chargé de la mise en oeuvre de méthodes pour des applications à la gestion des ressources génétiques, flux de gènes, etc.
BIOCH	TR	1	Technicien de laboratoire, responsable d'analyses biochimiques des protéines

2.2 Recrutement à prévoir sur le moyen terme (par ordre de priorité décroissante), correspondant à des besoins de développement des activités de l'Unité AGPF.

N° ref.	Corps	Axes du projet	Profils
RESIST	AI	2, 3	Spécialiste chargé d'assurer le fonctionnement d'un labo de phytopathologie : gestion de stocks d'inoculum, gestion de chambres climatiques, surveillance sanitaire, mise au point et réalisation de protocoles.
ADMIN	IE	tous	Ingénieur systèmes, responsable de l'administration système de 3 serveurs (serveur de bases de données, serveur Web, serveur de calcul), de la mise en ligne de produits logiciels, de leur intégration et de la mise en service de systèmes et produits nouveaux.
IMAGE	TR	1, 2	Spécialiste en analyse d'image chargé de la mise en oeuvre d'outils logiciels pour des applications dans le domaine de l'histologie et de l'anatomie du bois.
TRANSFO	TR	1	Responsable d'analyses moléculaires, conception et réalisation de vecteurs de transformation.
VARDEV	AI	1, 4	Production de plants et pré développement de variétés issues de propagation végétative

4. Les structures d'appui à la recherche et les outils d'analyse

4.1. Les laboratoires

4.1.1. Biologie Moléculaire (M.C. Lesage)

Mis en service en 1995, il se compose de différentes salles et d'équipements de plus en plus nombreux et performants :

- le laboratoire proprement dit
- une salle d'électrophorèse
- une salle réservée exclusivement à la manipulation de radioéléments (^{32}P et ^{33}P)
- une pièce noire équipée de 2 appareils pour la lecture et la saisie des gels d'électrophorèse (dédiée Bromure d'ethidium)
- une chambre froide
- une pièce climatisée contenant entre autres 3 congélateurs à -80°C , 2 centrifugeuses dont une pour plaque 96 puits.

Le laboratoire possède également tous les matériels nécessaires à la mise en œuvre des principales techniques de biologie moléculaire en format individuel ou en format 96 puits:

- extraction d'ADN ou d'ARN à partir de différents tissus avec broyeur à billes utilisables pour tubes (2 x 24 tubes) ou pour plaques 96 (2 x 96)
- PCR : 6 thermocycleurs 96 puits dont un à gradient de température sont disponibles
- clonage et constructions de banques (une dizaine de banques ont été réalisées en 2005 et 2006 sur des tissus de bois de peuplier majoritairement et noyer)
- hybridations : 2 fours à hybridation disponibles pour la réalisation de Southern Blot de Northern Blot ou de macroarrays.

Plusieurs techniques de génotypage ont été développées : RFLP avec l'utilisation de sondes radioactives et AFLP, technique pour laquelle nous disposons de 4 cuves à électrophorèse 96 puits. L'acquisition d'un séquenceur 16 capillaires (avec l'Unité INRA de Zoologie forestière et l'Université d'Orléans) a permis le développement à haut débit et semi automatisé de marqueurs plus performants tels que les microsatellites et les SNP. Les besoins grandissants de séquençage sont également largement satisfaits. Ainsi, en 2005 et 2006, respectivement 44060 et 31760 échantillons ont été séquencés ou génotypés grâce à ce séquenceur dont 12540 et 12700 pour les équipes de l'UR AGPF. Le reste concerne les équipes de l'ONF pour une grande partie et celles de la Zoologie, de l'Université ou encore du Cemagref en 2005. A noter qu'en 2006, 2 équipes INRA de Clermont et Colmar ont fait appel à nos services pour la lecture de 600 séquences.

Depuis fin 2004, de nouvelles techniques concernant essentiellement l'étude de l'expression de gènes impliqués dans différents processus physiologiques ont été développées telles que l'hybridation de puces à ADN et ont nécessité l'acquisition d'équipements supplémentaires (Nanodrop et scanner Genepix en particulier). En 2005 et 2006, 55 microarrays ont ainsi été hybridées et analysées, dont 8 dans le cadre d'une collaboration avec l'Université de Clermont-Ferrand. Dans un avenir assez proche, l'évolution de ces programmes de recherche va nous conduire à développer la technique de PCR en temps réel et à envisager l'acquisition d'une PCR quantitative, matériel qui pourrait bien sûr être utilisé par des Unités de recherche voisines. Une personne du laboratoire a suivi une formation spécifique d'une semaine sur cette technique fin 2006.

Deux assistants ingénieurs gèrent le fonctionnement de ce laboratoire qui comprend aussi une technicienne de l'Unité expérimentale. Ce laboratoire accueille en outre de nombreux stagiaires de tous niveaux et toutes nationalités. Six thésards ou Post-Doc du projet GEMA entre autre ont été

accueillis dans notre laboratoire en 2005-2006 ainsi qu'une jeune chercheuse japonaise pour des durées assez longues (6 à 14 mois).

4.1.2. Culture In Vitro et Transformation Génétique (M.A. Lelu-Walter)

Ce laboratoire comporte différentes salles et des équipements extérieurs

- 1 salle de préparation des milieux de culture
- 1 laverie comportant 2 autoclaves, 1 machine à laver, 1 distillateur
- 2 salles de culture avec 25 m² d'étagère (température, photopériode, luminosité contrôlées).
- 2 armoires climatiques
- 2 armoires frigorifiques
- 1 unité d'acclimatation
- 3 serres aux normes SP2 pour matériel transgénique (peuplier, noyer, conifères)

Historiquement, la culture *in vitro* a été développée pour la multiplication végétative par micro bouturage du merisier, puis du noyer et du peuplier. S'en est suivie une importante activité de recherche sur la rhizogenèse du noyer (10 années de recherche). Par la suite (années 90) s'est développée une autre méthode de multiplication végétative : l'embryogenèse somatique. Initialement réalisée chez le noyer, elle a rapidement été étendue au mélèze hybride puis plus récemment aux pins. Pour le mélèze, l'embryogenèse somatique a constitué durant près de 10 ans une importante activité de recherche portant notamment sur le contrôle hormonal du développement des embryons somatiques.

Très vite a aussi été mise en place la transformation génétique par *Agrobacterium tumefaciens* du peuplier puis du noyer. Le peuplier, en particulier grâce au clone INRA 717-1B4 diffusé au niveau mondial, est devenu une espèce modèle au laboratoire (1992) ; la maîtrise de l'outil transformation constitue un savoir-faire reconnu internationalement. Les études alors entreprises concernaient la tolérance de peuplier à des insectes Bastien, l'altération du métabolisme des lignines et la stabilité de l'expression des gènes introduits.

Parallèlement, a été établie la transformation génétique par *Agrobacterium tumefaciens* du mélèze hybride. À l'époque (1996), cela a constitué une avancée internationale puisque nous étions le seul laboratoire à disposer de cet outil pour un conifère. Comme pour le peuplier, le mélèze est devenu pour les conifères, une espèce modèle du fait de la maîtrise à la fois de l'embryogenèse somatique (outil de régénération) et de la transformation génétique (étude, vérification de la fonction de gènes).

Des activités plus ponctuelles sont aussi réalisées comme la culture d'embryons zygotiques de peuplier et la mise en cryoconservation de matériel embryogène de conifères.

Actuellement, les activités menées en culture *in vitro* concernent :

- l'embryogenèse somatique et la transformation génétique des pins (pin sylvestre et pin maritime, cette dernière étant une des espèces prioritaires à l'INRA).
- l'étude fonctionnelle *in planta* de gènes cibles potentiellement impliqués dans le métabolisme des lignines et de la cellulose (peuplier).
- la validation fonctionnelle de différents gènes potentiellement importants pour la rhizogenèse chez le noyer, en commençant l'étude chez *Arabidopsis* (modèle) puis le peuplier et le noyer.

En terme de perspectives d'activités en culture *in vitro*, 3 pôles seront privilégiés :

- La transformation génétique : elle va représenter une forte activité au laboratoire, toutes espèces confondues, car c'est un outil indispensable pour la validation

fonctionnelle de gènes potentiellement importants pour le développement des parois secondaires, la duraminisation, ...

- L'embryogenèse somatique : elle concernera l'étude de la différenciation des embryons somatiques de pin maritime, l'embryogenèse somatique à partir de matériel âgé (pins, mélèze) et l'étude des mécanismes moléculaires impliqués dans le développement des embryons somatiques.
- La physiologie moléculaire de la rhizogenèse et en particulier l'identification du rôle des gènes homéotiques

4.1.3. Biochimie (J.P. Charpentier)

Six salles composent ce laboratoire

- un laboratoire d'analyse des protéines (extraction, électrophorèses)
- un laboratoire HPLC et ELISA
- un laboratoire radioactivité (compteur à scintillation)
- une chambre froide pour les manipulations à 4°C
- une salle climatisée (congélateurs - 20 et - 80°C, lyophilisateur, broyeur à billes)
- une salle de stockage de petits matériels, échantillons et produits chimiques

Un ingénieur d'études et une technicienne gèrent le fonctionnement de ce laboratoire. Les chercheurs de l'UR AGPF (équipes Xylème et Méristème) comme certains de l'extérieur viennent y travailler pour les besoins de leurs protocoles d'études. De nombreux stagiaires de tous niveaux sont accueillis et encadrés par les agents permanents dans ce laboratoire.

Les principales techniques développées sont

- la chromatographie : le laboratoire dispose de 3 chaînes HPLC permettant la chromatographie analytique et semi-préparative. Ces chaînes sont équipées de différents détecteurs, UV, UV barrette de diodes ou fluorimètre qui permettent des analyses variées. Actuellement, nous analysons principalement les composés phénoliques et extractibles des bois mais nous pouvons mettre en œuvre la séparation d'autres métabolites comme les hormones végétales, les polyamines, les sucres, les protéines,...
- l'électrophorèse (PAGE ou IEF) : ces techniques nous permettent d'étudier les protéines et enzymes d'extraits végétaux.
- la purification de protéines et activités enzymatiques : acquisition en 2006, d'une chaîne FPLC (BioRad) pour la purification des protéines
- les dosages immunologiques ELISA : nous disposons de tout l'équipement pour mettre en œuvre ces dosages (distributeur de plaques, distributeur automate, lecteur de plaques (acquis en 2005), lecteur de plaques fluorimètre (acquis en 2005)). Cette chaîne est essentiellement dédiée au dosage de la plupart des hormones végétales (auxines, cytokinines, acide abscissique) dont nous possédons les anticorps.
- dosages colorimétriques et spectrophotométriques : nous possédons la technologie pour mettre en œuvre le dosage de différentes molécules comme les composés phénoliques, les sucres, les protéines, et de mesurer des activités enzymatiques. Un compteur à scintillation permet de mettre en œuvre le dosage de métabolites radio-marqués.

En outre, nous disposons du matériel pour la préparation, le conditionnement et la conservation des échantillons de toute sorte (broyeur à bille, congélateur à -80°C (3)) et tout le matériel d'élaboration des extraits (chambre froide, agitateurs, cuves ultrasons,...).

L'évolution des programmes et des techniques vont nous conduire à investir, dans un avenir proche dans :

- La technologie SPIR (Spectrométrie Proche Infrarouge) de plus en plus utilisée comme méthode rapide d'investigation et de mesure de contenus en divers métabolites
- L'amplification de notre capacité en matériel et technique pour la séparation, la purification, l'identification et la quantification de protéines et d'enzymes dans l'objectif d'étudier la fonction des gènes par l'acquisition d'un système électrophorèse 2D
- La technologie LC-MS, qui nous permettrait une identification précise des molécules impliquées dans les métabolismes que nous étudions en particulier dans l'objectif de leur valorisation industrielle.

Au niveau matériel technique de laboratoire, nous venons d'obtenir le financement auprès de la Région Centre et du département EFPA pour l'acquisition d'un système complet de lyophilisation et de dessiccation pour le stockage du matériel végétal et des échantillons (coût 42000 €, achat prévu début 2007).

4.1.4. Histologie (F. Laurans)

Depuis sa rénovation durant le premier trimestre 2006 le laboratoire comporte 3 salles :

- un laboratoire de préparation des échantillons (Sorbonne, table de macroscopie) et de traitement des coupes par des techniques de localisations *in situ* et d'histologie moléculaire (immunohistochimie, PCR *in situ* ...)
- un laboratoire microtomie et colorations équipé de deux ultramicrotomes, un microtome et un cryostat
- une salle d'observation : équipée d'une chaîne d'acquisition, traitement et analyse d'images (microscope photonique et/ou stéréo microscope, caméra 3CCD, logiciel de traitement d'analyse d'image : Visilog 6.0)

Une Ingénieur de recherche et, depuis septembre 2005, un technicien gèrent le fonctionnement de ce laboratoire. Aujourd'hui, ce laboratoire constitue un plateau technique d'acquisition de connaissances anatomiques qui a vocation d'outil commun et qui vient en appui des différentes équipes scientifiques de l'unité AGPF et du Centre INRA d'Orléans. Ainsi, le matériel de microscopie (microscope Leica DMR) a été acquis en commun avec l'unité de Zoologie Forestière et est également utilisé ponctuellement par des scientifiques de l'unité Sciences du Sol du Centre d'Orléans. Des chercheurs de l'université d'Orléans viennent également y travailler pour les besoins de leurs protocoles d'études.

Le laboratoire assure la formation et l'encadrement de personnels (de l'unité AGPF ou extérieurs) travaillant sur des projets scientifiques spécifiques pour ce qui concerne les techniques de base de l'histologie pourvu que celles-ci puissent être facilement mises en œuvre par des personnes non spécialisées. En outre de nombreux étudiants de deuxième et troisième cycle universitaire sont accueillis, formés et encadrés par les agents permanents de ce laboratoire.

Les principales techniques développées et maîtrisées dans le laboratoire sont :

- Techniques de **préparations d'échantillons** végétaux destinés aux observations en microscopie photonique et électronique : Fixations aldéhydiques, inclusion en résines (époxyde, méthacrylate), confection de coupes fines et ultrafines (microtomie, ultramicrotomie, cryotomie), préparation et traitement de grilles pour microscopie électronique à transmission.
- **Microscopie photonique** en fond clair, fond noir, DIC, contraste de phase et épifluorescence.

- **Microscopie électronique à transmission** : les échantillons et les grilles sont préparés dans le laboratoire. L'accès aux équipements de microscopie électronique à transmission de l'INRA de Tours permet de réaliser les observations nécessaires aux études ultrastructurales et immunocytochimiques.

- **Microscopie électronique à balayage** : les compétences sont présentes au laboratoire pour la préparation et l'observation mais l'équipement n'est pas disponible sur place. Il est possible de réaliser ce type d'observation en prenant contact avec les différents centres communs de microscopie (contact avec le centre d'Orsay).

- **Immunolocalisation** en microscopie optique et électronique à transmission : maîtrise des techniques de marquage utilisant des anticorps marqués par des billes d'or et mise au point de protocoles sur le modèle « bois de tension ».

- **Traitement et Analyse d'images** : chaîne d'acquisition d'images numériques et utilisation des logiciels « Image J » et « Visilog ».

Actuellement, les activités menées dans le laboratoire sont très variées et concernent principalement :

- Régulation de la formation des fibres de bois de tension chez le peuplier : localisation de facteurs de transcriptions contrôlant la différenciation des parois (thématique de l'équipe parois)

- Caractérisation de peupliers transgéniques modifiés pour le métabolisme des lignines (lignées OGY antisens CAD, RNAiCAD et promoteur cellulose synthase-GUS) (thématique de l'équipe parois)

- Caractérisation histologique de l'impact d'une sécheresse modérée sur l'anatomie du bois chez le peuplier (collaboration équipe parois et Université d'Orléans)

- Etude histologique de la germination des embryons somatiques de pin maritime (thématique de l'équipe cambium en collaboration avec T. Salaj)

- Caractérisation de la variabilité interclonale de la structure anatomique des feuilles de peuplier et lien éventuel avec la résistance à *Melampsora larici-populina* pour différents clones de peuplier. (thématique de l'équipe interactions)

En terme de perspectives d'activités :

- Développement des techniques d'histologie moléculaire telles que la PCR *in situ* et l'hybridation *in situ*

- Microscopie en fluorescence pour la localisation d'anticorps associés à des marqueurs fluorescent (technique de double marquage)

- Acquisition et analyse de grand nombre d'images et automatisation des systèmes. Ces techniques nécessiteront l'acquisition d'équipements supplémentaires (microscope + caméra adaptée à l'observation en fluorescence, platine motorisée ...)

4.1.5. Bioinformatique (I. Bourgait)

Ce laboratoire a été mis en service suite au recrutement d'une ingénieure d'étude bioinformatique en 2004, à qui la direction de ce laboratoire a été confiée.

Il a fallu, dans un premier temps, équiper le laboratoire. Il y a eu acquisition, installation et administration de matériel informatique :

- Un serveur DELL powerEdge 2800 (bi processeur Xeon 3.0 GHz) (RedHat Entreprise 3)

- 3 ordinateurs avec un double boot Windows et Linux (RedHat Entreprise 3), chaque ordinateur étant relié à un onduleur.

L'activité du laboratoire de bioinformatique repose, d'une part, sur l'activité de l'ingénieur d'étude autour de la création et de l'administration de bases de données exploitant les séquences du

transcriptome des arbres forestiers (ForEST) et les séquences du génome du peuplier (ForGenes) et, d'autre part, de la mise en place d'une base de données forestières pour les informations génétiques et techniques des arbres forestiers (Venik) par Hervé van de Sype, ingénieur de recherche.

A- Les bases **ForEST** et **ForGenes** sont mises en place par Isabelle Bourgaït, en concertation avec des chercheurs de l'unité AGPF (Philippe Label, Jean-Charles Leplé, Véronique Jorge, Christian Breton, Annabelle Déjardin, Gilles Pilate) afin de réunir l'ensemble des données et des outils nécessaires pour aider à la détection de gène d'intérêt, leur expression, leur régulation et l'étude de la variabilité génétique. Cela s'est concrétisé par la création :

- Une base de données ForEST dédiée aux informations d'expression de gènes, ancrée sur les EST d'espèces forestières (peuplier, noyer, chêne et robinier).

- Une base de données génomique ForGenes, qui contient actuellement le génome et le chloroplaste du peuplier, avec leur annotation, mais qui pourra être enrichie de tout génome forestier séquencé.

- Une Interface Web Intranet pour visualiser les données à l'aide de requêtes prédéfinies ou manuelles. Il est possible de réaliser des recherches Blast sur les 2 bases, les consensus, les modèles de gènes, le génome et des bases généralistes. Certains outils sont interfacés pour un accès direct.

- Un ajout d'information au niveau des EST avec la possibilité de réaliser la technique SAGE *in silico* sur toutes les EST potentielles de la base.

Actuellement nous sommes en train de développer des protocoles de contrôles des données. Puis nous développerons une Interface Web Internet, pour ouvrir et faciliter la visualisation et la mise en relation des données des 2 bases. Dans le futur, nous développerons des outils pour ajouter de l'information aux séquences et annoter les gènes.

Ce travail a été réalisé en collaboration avec des unités de bioinformatique de l'URGV (INRA-Evry), MIG (INRA Jouy-en-Josas) et le CBiB (Univ Bordeaux). Il a permis de former des étudiants universitaires. Le laboratoire est associé au réseau d'excellence EVOLTREE (2006-2009) et dans le projet ANR POPSEC (2007-2008).

B- La base de données **Venik**, mise en place par Hervé Van de Sype, ingénieur de recherche, a pour objectif d'archiver l'ensemble des données relatives aux génotypes, aux généalogies, aux stocks de graines et pollens et aux sites expérimentaux depuis l'origine des programmes d'amélioration des espèces forestières à Orléans. Hervé Van de Sype prend actuellement en charge la création de cette base sous PostgreSQL, la transformation puis l'insertion des données gérées dans l'ancienne base "Forêt" abandonnée car gérée sous un SGBD devenu obsolète, ainsi que la création d'une interface Web Intranet de saisie, modification et visualisation des données.

Les 4 axes de l'unité développant la biologie *in silico* (axe 1 : bioinformatique et biologie intégrative, axe 2 : étude du polymorphisme à haut débit et simulation de méthode de sélection, axe 3 : développement SIG, axe 4 : base de données Venik), les moyens informatiques sont de plus en plus nécessaires et doivent être administrés, optimisés pour un gain de performance. Il devient nécessaire de recruter un ingénieur d'étude « ressources informatiques et système d'information » (référéncé ADMIN dans le tableau récapitulatif des postes souhaités – fin du chapitre 3 du présent rapport) afin d'administrer le matériel informatique spécifique à ces programmes de recherche (un serveur de développement, un serveur de calcul et un serveur de sites Web et bases de données en production, en projet, qui devra être sécurisé et accessible via Internet 24h sur 24).

4.2. L'Unité Expérimentale 995 "Amélioration des arbres forestiers Orléans" (Dir. M. Verger)

L'UE travaille à 90% environ de son temps pour l'UR AGPF. Elle vient principalement en appui technique pour les activités suivantes :

- ◆ Description de la diversité génétique des espèces forestières
- ◆ Estimation du niveau de contrôle génétique des critères de sélection : adaptation, résistance, croissance et qualité du bois
- ◆ Diffusion en masse du progrès génétique procuré par les variétés améliorées issues des programmes de sélection
- ◆ Conservation de ressources génétiques *ex situ*.

Depuis sa création en 1993, l'unité a connu de nombreuses réorganisations pour s'adapter aux nouvelles demandes des unités de recherche (émergence de nouveaux thèmes comme l'étude sur la qualité du bois, les études sur les rouilles foliaires du peuplier par exemple) ou anticiper les conséquences de départs à la retraite, notamment de chefs d'équipe.

L'Unité expérimentale est constituée de 5 équipes :

- **l'équipe "expérimentation en laboratoire, serre et pépinière"** (8.5 ETP). Cette équipe a en charge des activités liées à la reproduction sexuée (induction florale, récolte et stockage du pollen, croisements contrôlés, traitements des semences, semis) et végétative (bouturage et greffage). Elle réalise les élevages en pépinière des plants, les mesures des tests en pépinière (tests précoces...), la gestion et l'entretien des collections, du foncier et du parc de matériel agricole. Elle prépare les dispositifs pour l'expérimentation en forêt. Enfin, elle pilote techniquement les tests de comportement vis-à-vis de pathogènes (champignons et bactéries)
- **l'équipe "expérimentation en forêt"** (3.5 ETP) gère le réseau de tests installés en forêts publiques et privées (près de 900 ha) : recherche des futurs sites expérimentaux, plantations des essais et réalisation des observations ou des récoltes d'échantillons, encadrement des opérations sylvicoles d'entretien (dégagement, éclaircie ...).
- **l'équipe "qualité du bois"** (1 ETP) réalise la récolte sur le terrain des échantillons de bois, les prépare en atelier et étudie au laboratoire la qualité du bois (densité, retrait, durabilité).
- **l'équipe "génotypage"** (0,8 ETP) qui réalise le marquage moléculaire des génotypes en collection. Elle effectue notamment des recherches de paternité et vérifie le caractère hybride de certaines combinaisons.
- **L'équipe "maintenance"** (1 ETP) qui a à sa charge la réparation et la modification d'appareils ou d'installations en serre, pépinière et laboratoire

Les infrastructures de l'UE

L'UE est gestionnaire des infrastructures suivantes : une pépinière de 36 ha, un parc d'engins agricoles, 15000 m² de serres gérées par ordinateur climatique (y compris serres type S2), des chambres froides, 1 laboratoire de traitement des graines et du pollen et 1 laboratoire d'étude de la qualité du bois. Elle a par ailleurs accès au laboratoire de biologie moléculaire de l'UR.

Elle gère également le réseau expérimental en forêt (tests de provenances, de descendances et clonaux pour l'essentiel). En 2006-07, l'UE et l'UR ont poursuivi une réflexion pour réduire ce réseau en suivant une méthodologie précise. Ce travail n'a pas encore complètement abouti mais il devrait permettre de réduire d'au moins 30% la surface de tests. Pour l'épicéa commun, l'UE et l'UR ont conduit un programme visant à constituer, sur un domaine INRA géré par l'UE en Corrèze, un conservatoire de 500 clones environ, performants pour des critères de production et d'adaptation. Ce projet a été subventionné par le département EFPA et la Région Limousin.

L'UE 995 fait également partie d'un réseau d'unités expérimentales travaillant sur l'amélioration génétique d'espèces forestières (Bordeaux Pierroton, Avignon, Nancy). Afin de rationaliser la gestion du réseau expérimental de ces différentes implantations, il a été décidé en 1998 que chaque unité serait responsable d'une zone géographique donnée : Centre, Massif Central, Bretagne, Normandie et Nord de la France en ce qui nous concerne. Ainsi l'UE d'Orléans est amenée à intervenir sur des tests gérés scientifiquement par d'autres UR du département EFPA (essentiellement l'UMR BIOGECO de l'INRA Bordeaux).

Les règles de fonctionnement, l'articulation au quotidien avec l'UR

L'UE a mis en place un certain nombre de règles de fonctionnement vis à vis des UR pour lesquelles elle travaille dont en particulier la programmation des demandes d'expérimentation. Celle-ci se fait par l'intermédiaire d'une base de données informatique accessible à tous. Chaque demande fait l'objet d'une fiche analyse que peuvent renseigner le responsable de l'UR, le responsable de l'UE et le chef d'équipe qui réalisera la demande. Quand l'expérimentation est achevée, un compte-rendu d'expérimentation est écrit qui peut être lui aussi stocké dans la base de données.

De même un barème des prestations de l'UE a été établi. Chaque trimestre, les scientifiques de l'UR reçoivent donc une facture en fonction des travaux que l'UE a réalisés pour eux.

Par ailleurs depuis 2005, l'UE s'est doté d'un CSU annuel. La présidence de ce CSU a été confiée au directeur de l'UR AGPF et 2 scientifiques de l'UR la représentent (Luc Pâques et Jean Dufour).

Les ressources humaines de l'UE

Depuis 2001, où l'effectif atteignait 22 ETP, l'UE ne cesse de perdre du personnel pour atteindre 15.8 ETP aujourd'hui (-28% !). Sur cette période, il y a eu seulement deux recrutements en 2007 (1 AI et 1 AGT). L'hémorragie va continuer puisque dans les quatre années à venir 4 autres techniciens peuvent faire valoir leurs droits à la retraite.

L'UE, dont les capacités de travail sont capitales pour la mise en œuvre de protocoles de l'UR AGPF, risque de voir se briser la chaîne ininterrompue de compétences (de la récolte du pollen à la gestion sylvicole de tests en forêt en passant par le génotypage) qu'elle a mis 10 ans à mettre en place. Sachant de plus que cette rupture peut intervenir du fait de la disparition de métiers qui semblent peu qualifiés et que l'on défend donc difficilement lors des arbitrages de poste !

5. Mode d'organisation et fonctionnement des unités

L'objet de ce chapitre est de commenter ou préciser certains points relatifs à l'organisation générale et au fonctionnement collectif des deux unités, en complément du dossier descriptif faisant l'objet de la 2^e partie de ce rapport.

5.1. Animation interne et externe

L'organisation collective s'organise autour des réunions de coordination et d'équipes.

Les aspects opérationnels de la vie scientifique sont abordés en réunion d'équipes ou de groupes de projets. Comme évoqué au chapitre 1.4, entre 2004 et 2006, au sein de l'unité INRA AGPF, 5 groupes de recherche ont été constitués autour des grands axes thématiques du précédent projet d'unité. L'ordre du jour et la fréquence de ces réunions de groupes relèvent de l'initiative de chaque animateur.

Les réunions de coordination (responsables d'équipes) et d'unité (ensemble des agents) se tiennent sur un rythme bimensuel le lundi matin suivant un ordre du jour fixé par le Directeur d'unité. Les réunions de coordination (en général 1h) ont pour objet de débattre des aspects généraux de la vie scientifique : réponse aux appels d'offre, proposition de sujets de Master et thèse, participation aux colloques, choix d'investissement, gestion budgétaire, comptes-rendus de missions, etc. Les réunions d'unité (1h30 à 2h), qui succèdent systématiquement aux réunions de coordination sont l'objet d'une présentation des activités scientifiques marquantes des équipes ou groupes de recherche suivant un cycle défini au début de chaque semestre. Ces réunions d'unité sont ouvertes régulièrement à nos collègues de l'université d'Orléans et du *Cemagref* de Nogent sur Vernisson.

Un conseil de service conjoint UR AGPF et UE Amélioration, enfin, est composé de 11 membres élus au sein des deux unités INRA et des DU et DU adjoints. Compte tenu de la fréquence des réunions évoquées ci-dessus, ce conseil de service est réuni à périodicité variable, essentiellement pour mettre en place les aspects statutaires de la vie collective : suivi des absences, mise en place de l'ARTT, plan de prévention, règles d'accès en dehors des heures de service, acquisition de matériels collectifs, etc. Le DU de l'UR AGPF reconnaît que ce conseil de service s'est réuni trop rarement et que son animation est très perfectible.

5.2. Gestion des ressources et des moyens

5.2.1. Ressources humaines

Au 1^{er} juillet 2003, la composition des deux unités en personnels s'établit comme suit :

	UR 588 AGPF	ONF – CGAF
Chercheurs	15	2
Ingénieurs (IR-IE)	7	
Techniciens / Administratifs	12	3
Total	34	5

Les mouvements de personnels au cours de la période 2004 – 2006 sont présentés dans le tableau ci-dessous :

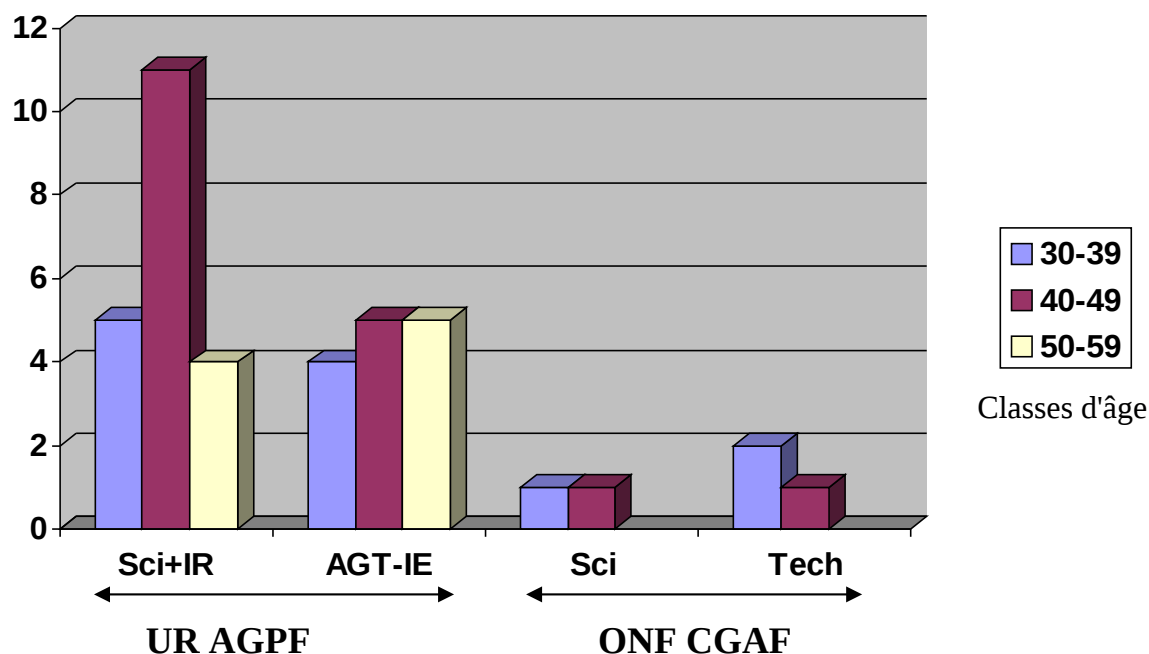
	UR AGPF		USC CGAF	
	Départ	Recrutement	Départ	Recrutement
Chercheurs	1 (retraite)	1	1 (mobilité)	1
Ingénieurs (IR-IE)		1		
Techniciens / Administratifs	1 (décès en 2007)	1	1 (mobilité)	
Total	2	3	2	1

Pour l'UR AGPF, trois agents sont venus renforcer les effectifs :

- Arnaud Dowkiw, CR2 dont le thème de recherche est l'analyse génétique et la modélisation des interactions entre la forêt cultivée et les écosystèmes spontanés.
- Isabelle Bourgait, IE2 en bioinformatique, chargée de développer, mettre en œuvre et diffuser des outils d'annotation, de comparaison et de stockage de données de séquences.
- Vanina Guérin, AI en techniques biologiques affectée au laboratoire de biologie moléculaire et associée prioritairement aux études sur le déterminisme de la résistance du peuplier aux rouilles.

Au rang des départ il faut signaler, pour le CGAF celui d'un technicien (Laurent Lévêque) dont le poste a été ré arbitré et qui devrait être pourvu à l'automne 2007, pour l'UR AGPF, malheureusement le décès début 2007 d'une jeune technicienne du laboratoire de CIV (Rozenn Therene 29 ans)

La figure ci-dessous présente la répartition en classes d'âge des personnels (regroupés par grandes catégories) au sein des deux unités.



Le CGAF est une unité "jeune" (âge moyen 32 ans).

L'UR 588 AGPF possède des effectifs assez bien répartis dans les différentes classes d'âge (âges moyens : chercheurs 43 ans, ingénieurs 49 ans, techniciens / administratifs 43 ans). D'ici 2010, quatre agents pourront faire valoir leur droit à la retraite

J. Dufour (IR) : responsable des programmes d'amélioration du merisier et du frêne.

G. Chanteloup (TRS) : maintenance du réseau micro informatique

A. Moreau (TRS) : laboratoire d'histologie

M. Vallance (TRE) : laboratoire de culture in vitro

Certains de ces agents occupent des postes clés au sein du collectif formé par l'UR AGPF et le CGAF (ex maintenance du réseau micro informatique) ou bien constituent les seules forces techniques d'un laboratoire (ex histologie). Il est clair que le non remplacement de ces agents handicaperait profondément le fonctionnement de l'unité et par conséquent la réalisation du projet proposé plus haut.

Pour conclure ce chapitre sur la gestion des ressources humaines, on notera également qu'au cours de la période novembre 2003 – mars 2007 :

- les 2 unités évaluées ont accueilli 12 chercheurs étrangers (principalement sud américains) et un enseignant chercheur français pour des séjours individuels d'une durée supérieure à 6 mois (cf. fiche I.3.2. du dossier descriptif)
- 4 thèses ont été soutenues et 7 sont en cours (cf. fiche I.3.4. du dossier descriptif)
- 1 chercheur de l'UR AGPF a obtenu l'équivalence HDR en devenant DR2 (C. Bastien).

Enfin, des bilans sur la formation et l'hygiène et la sécurité pourront être consultés respectivement dans les fiches I.1.4. et I.1.5. du dossier descriptif.

5.2.2. Ressources financières

La fiche I.2.1. du dossier descriptif présente pour chacune des unités la ventilation des ressources financières moyennes au cours des exercices 2004, 2005 et 2006.

L'UR AGPF a bénéficié de substantiels crédits d'état pour des actions de recherche sous forme d'AIP, de projets innovants, d'équipement lourd de biologie moléculaire.

Selon les unités, la part des ressources externes est très variable : 59% pour l'unité AGPF, et 16% pour le CGAF. La fiche I.2.2 du rapport descriptif donne la liste des contrats obtenus au cours de la période couverte par l'évaluation. On constate que les unités sont alimentées de manière prépondérante par trois sources de financement extérieures : l'Union Européenne, le Ministère de l'Agriculture et la Région Centre (principalement pour des allocations de bourses de thèses et la participation à des acquisitions d'équipements).

Au sein de l'UR AGPF, l'affectation des ressources est la suivante :

- la dotation de base INRA est gérée par la direction de l'unité. Toutes les dépenses communes sont budgétisées en début d'année. Le reliquat de dotation globale est affecté aux budgets des équipes de recherche au sein d'enveloppes budgétaires qui leur sont propres. Le nouveau système S2I Finances est très apprécié sur ce plan.
- les ressources sur contrat font en général l'objet d'un prélèvement d'environ 10% du montant total, qui est réaffecté au budget commun de l'unité. La gestion des crédits du contrat est alors directement placée sous la responsabilité du coordonnateur local.

Il n'est certes pas original de signaler que la recherche et la justification de ressources externe constitue à présent une part non négligeable de l'emploi du temps des chercheurs et ingénieurs des 2 unités, réduisant d'autant la part consacrée aux travaux de recherche scientifique ou l'encadrement d'étudiants. Il faut rappeler aussi que la conduite opérationnelle des programmes de sélection chez les arbres forestiers ne repose sur aucun abondement du secteur privé mais uniquement sur des contrats à court terme principalement avec le Ministère de l'Agriculture (Cf. les éléments de contexte détaillés sur ce plan au paragraphe 2.4 du rapport d'activité).

6. Conclusion

Le projet présenté pour l'évaluation conjointe de l'UR INRA AGPF et de l'USC ONF-INRA CGAF a pour objectif de consolider la stratégie scientifique construite depuis la précédente évaluation autour de la contribution que les recherches en matière d'étude et de valorisation de la diversité génétique et du fonctionnement du génome des arbres forestiers peuvent apporter à la compétitivité (qualité des produits / création variétale) et à la gestion durable de la forêt française (régimes de reproduction, interactions entre compartiments de l'écosystème, tolérance aux stress).

Au cours des trois dernières années, les travaux de recherche sur la gestion des ressources génétiques forestières dans l'écosystème ont pris pleinement leur essor à Orléans: développement d'un projet de recherche sur les interactions entre compartiments grâce au recrutement d'un nouveau chercheur, développement de projets communs entre l'UR AGPF et le CGAF (pin sylvestre, merisier notamment), mise en place d'un ambitieux projet national sur peuplier noir, qui devrait aboutir à la définition d'unités de conservation à l'échelle de bassins versants et, de manière très originale, à la création de 3 variétés multiclonales de peuplier noir à des fins non forestières.

Deux enjeux représentent actuellement l'essentiel des questionnements en matière de variétés forestières : la production de biomasse pour l'énergie et l'adaptation des espèces (et l'adaptabilité des variétés) au changement climatique.

La production quantitative et qualitative de biomasse pour le bois d'œuvre et la fibre est prise en compte depuis toujours dans les schémas de sélection. Des investigations sur la répartition de cette biomasse dans la plante seront néanmoins nécessaires, notamment en lien avec les modes de récolte lorsqu'il s'agit de systèmes de culture dédiés (ex : taillis à courte rotation). Toutefois, la multiplication rapide des projets de valorisation de biomasse (biocarburants 2nde génération, biomatériaux, cogénération, biogaz, additifs...) trouble la lisibilité de la demande, notamment sur les propriétés de la ressource. Dans ce contexte, il conviendra de positionner rationnellement la place des cultures ligneuses pérennes, en regard d'autres sources de biomasse "candidates" déjà intégrées dans les filières agricoles. C'est pourquoi, l'UR AGPF devra se rapprocher de collègues généticiens (GAP) et agronomes (EA) de l'INRA travaillant sur d'autres modèles de cultures à vocation énergétique. La participation de l'UR AGPF (et de l'UE Amélioration) dans le RMT "Biomasse, Energie, Environnement et Territoire" constitue un pas dans cette démarche. Un véritable enjeu pour l'améliorateur forestier sera certainement d'ajuster les propriétés du bois aux process industriels. Cet enjeu valide donc pleinement l'investissement consenti depuis plusieurs années par l'unité AGPF dans les recherches d'amont sur le déterminisme physiologique et moléculaire de la qualité des lignines, et du ratio entre lignines et cellulose.

Adaptation et adaptabilité sont deux concepts qui ont été largement évoqués dans le présent rapport et que la perspective d'un changement climatique rend plus que jamais prioritaires dans l'étude du fonctionnement des peuplements naturels, dans la méthodologie de conservation des ressources génétiques et dans le processus de création de variétés améliorées. Cette thématique est au cœur du projet qui rassemble l'UR AGPF et le CGAF autour de mêmes questions de recherche en vue d'apporter des réponses aux gestionnaires confrontés au choix entre régénération "naturelle" et repeuplement artificiel. Elle s'appuiera également fortement sur l'expertise en écophysiologie apportée par notre partenariat avec le LBLGC de l'Université d'Orléans, justifiant la demande de reconnaissance de ce dernier comme USC de l'INRA (à terme UMR ?). Cette thématique fera elle aussi largement appel aux capacités d'analyse à haut débit des propriétés du bois de la plateforme technique d'Orléans dans le cadre de projets destinés à développer un outil de diagnostic rapide et fiable de la réaction de l'arbre (ou de génotypes) aux variations de l'environnement à l'aide de l'analyse microdensitométrique de cet enregistrement vivant qu'est le bois.

Au sein de l'UR AGPF, le peuplier jouera dans ce dispositif le rôle d'espèce modèle sur laquelle sera concentré l'essentiel des moyens, compte tenu de son importance économique et écologique (en ripisylve) et de ses multiples avantages biologiques (rotation courte, aptitude à la multiplication végétative, transformation génétique ...). Pour les autres espèces, les efforts de recherche seront surtout concentrés sur la propagation végétative, la sélection et la création variétale, avec en particulier une réflexion sur les stratégies de gestion des populations d'amélioration combinant à la fois démarche expérimentale et simulation informatique dans une logique d'optimisation du rapport "temps & coût du programme / gain génétique escompté".

Localement, on peut regretter le désengagement progressif du *Cemagref* des activités de génétique, ce qui aura vraisemblablement pour conséquence de reporter sur les chercheurs INRA des tâches d'appui technique prises jusqu'à présent en charge par le *Cemagref* et notamment l'évaluation et l'homologation des VFA. Par les subventions et salaires qu'il verse aux pépinières forestières et aux vergers à graines, l'Etat affirme son soutien à la gestion et la valorisation des ressources génétiques. On peut regretter en revanche le soutien quasi inexistant de la part du secteur privé.

Les unités devront trouver un ancrage régional fort au travers de leur participation aux 2 projets portés par le CPER : "ResoNat" et "Plan Loire Grandeur Nature". Ces deux projets seront, on peut l'espérer, pourvoyeurs de moyens (c'est déjà le cas avec PLGN pour le peuplier noir) mais surtout, devraient permettre aux unités "forêt", et également au Centre INRA d'Orléans, d'affirmer, autour de la gestion des ressources naturelles, une "identité" qui semble difficile à construire au sein de l'institut.

Le présent rapport a montré que les unités évaluées sont significativement impliquées dans la communauté scientifique européenne, à l'image de la recherche forestière de l'INRA. En coordonnant deux projets centrés sur la génétique et l'amélioration (bientôt un troisième ?), l'UR AGPF a maintenant l'ambition d'affirmer son expertise dans ce domaine et si possible, d'engager sur un mode coopératif en Europe la création de variétés forestières et la conduite de recherches amont. La réussite de ce projet sera très dépendante de la volonté de coopération dont les instituts partenaires voudront bien faire preuve (autre ambition à cultiver sur le long terme!)

A plusieurs reprises, il a été mentionné le caractère préoccupant de la réduction des effectifs techniques de l'UR AGPF et de l'UE Amélio sur laquelle reposent la mise en place et le suivi d'un important patrimoine biologique expérimental. Les deux unités ont fait ces dernières années de gros efforts de redéploiement de compétences et d'externalisation quand cela était possible. La mise en œuvre du projet d'unité décrit dans le présent rapport passe nécessairement par un maintien et si possible un renforcement de ce potentiel technique. Un plan de recrutement pour l'UR AGPF est notamment présenté à la fin du chapitre 3.

L'UR AGPF et le CGAF maintiendront enfin une politique volontariste en matière de participation dans l'enseignement au niveau master et dans la formation des doctorants. Ces deux unités ne comptent que 4 HDR, ce qui est très nettement insuffisant. L'arbitrage des demandes de bourses de thèses par l'EDST de l'université d'Orléans est en effet basé sur le nombre de bourses antérieurement attribuées rapporté au nombre d'HDR par labo. Ce ratio est actuellement très en défaveur de nos unités de recherche. Les chercheurs sont et seront fortement incités à passer leur HDR ; quatre d'entre eux sont actuellement en préparation de leur habilitation.

ANNEXES

Fiches descriptives synthétiques des programmes d'amélioration des espèces

**Douglas
Mélèzes
Pin sylvestre
Frêne
Merisier
Peupliers**

**Caractéristiques des populations d'amélioration gérées
à l'Unité AGPF d'Orléans sur au moins un cycle de sélection**

Programme d'amélioration génétique du DOUGLAS (J.C. Bastien et L. Sanchez)

Le douglas (*Pseudotsuga menziesii*) est une espèce forestière originaire de l'Ouest de l'Amérique du nord. C'est la seconde espèce résineuse de reboisement après le pin maritime pour la surface annuellement reboisée (30%). Le nombre de plants commercialisés par an se situe entre 9 et 10 millions.

Initié dans les années 1960, et conduit en partenariat avec le **Cemagref** et l'AFOCEL, le programme d'amélioration du douglas a connu une succession d'étapes classiques pour une espèce forestière :

- Sélection et classement de peuplements remarquables en France
- Etude de la variabilité génétique des populations naturelles et de provenances artificielles françaises
- Mise au point des techniques de diffusion du gain génétique (multiplication végétative et induction florale)
- Création de vergers à graines à partir de clones d'élite sélectionnés sur critères phénotypiques dans les peuplements classés français et les tests de provenances ou sur index multicaractère (vigueur, tardiveté du débourrement, forme) dans les tests de descendance. L'installation de ces vergers s'est étalée sur environ 20 ans.
- Evaluation de la valeur génétique de ces vergers et d'une partie de leurs composants par des tests multi-stationnels menés en commun avec le **Cemagref**.

Ces travaux sont à l'origine des recommandations en vigueur en matière d'importation de graines depuis l'aire naturelle. Au plan méthodologique, les efforts de recherche ont principalement porté sur la plasticité environnementale des génotypes et des variétés, l'augmentation de l'efficacité des processus de sélection (ex : sélection précoce sur l'architecture) et l'étude des propriétés du bois.

Les variétés existantes de douglas en France sont de deux types : des variétés "population" (peuplements artificiels français sélectionnés ou testés) et des variétés synthétiques (vergers à graines). La surface des vergers français de douglas est de l'ordre de 100 ha. Plus de 60 ha sont d'ores et déjà capables de produire plus de graines que la demande actuelle estimée à 600 kg/an. Environ 30 ha supplémentaires de vergers entreront en production dans les dix prochaines années. Du point de vue qualitatif, les objectifs d'amélioration génétique de la productivité et de la tardiveté du débourrement sont atteints avec les vergers de clones sélectionnés en tests de provenances (variétés Luzette et Vayrières). Quant aux critères de forme (rectitude du fût, branchaison, fourchaison), si les produits des vergers en production se classent dans une moyenne honorable, il n'en reste pas moins qu'une demande de l'aval se manifeste pour une amélioration de ces caractéristiques. Ceci sera possible d'une part dans les vergers actuels via des éclaircies génétiques ou des récoltes dirigées sur les meilleurs génotypes (valorisant ainsi les informations issues des tests de descendance des clones des vergers) et d'autre part via la création de nouveaux vergers de clones d'élite sélectionnés dans la population d'amélioration.

Le programme français d'amélioration du douglas repose sur la gestion d'une population d'amélioration en cours de constitution composée à terme d'environ 600 clones. Ce matériel proviendra principalement de sélections d'individus sur index multicaractère dans un ensemble de 1000 descendance maternelles en cours d'évaluation, elles même récoltées dans l'aire naturelle au sein des meilleures populations sauvages. Une partie de la population d'amélioration sera aussi composée des meilleurs géniteurs identifiés parmi les clones présents dans les vergers à graines de l'état.

Pour le court et moyen terme, les grandes étapes envisagées pour le programme d'amélioration du douglas sont les suivantes :
Au plan opérationnel

- 2003 - Arrêt des récoltes de tous les vergers d'arbres sélectionnés dans les peuplements français (très précoces et présentant souvent un taux élevé de fourchaison) et consolidation de l'utilisation des graines des vergers Luzette et Vayrières
- 2005 - Entrée en production de 6 nouveaux vergers qui seront à positionner par rapport aux variétés Luzette et Vayrières. Eclaircies génétiques dans les vergers Luzette et Vayrières et/ou supplémentation pollinique, induction florale des meilleurs clones.
- 2010 - Création d'une nouvelle tranche de vergers à partir de la population d'amélioration, prenant en compte notamment les critères de forme.

Au plan méthodologique

- Poursuite de l'évaluation multistationnelle des vergers à graines de l'état et de leurs composants clonaux..
- Gestion de la population d'amélioration : 1) achèvement de la sélection des clones destinés à composer la population d'amélioration, 2) structuration de la population d'amélioration en unités simples de gestion (lignées) et définition d'une stratégie de recombinaison fondée sur différents scénarios de gestion simulés, 3) démarrage du processus de recombinaison.
- Approfondissement des connaissances sur les propriétés du bois (notamment la duraminisation et la durabilité du bois de cœur) et le déterminisme génétique de la tolérance au stress hydrique.

Programmes d'amélioration des MELEZES

(L.E. Pâques)

Le programme d'amélioration du genre *Larix* porte sur 3 espèces. Commencé à la fin des années cinquante, il s'est d'abord intéressé au mélèze d'Europe (*Larix decidua* Mill.) et au mélèze du Japon (*Larix kaempferi* (Lamb.) Carr.), puis plus récemment à partir de 1979, à l'hybride interspécifique *Larix x eurolepis* Henry.

Suite aux résultats accumulés à ce jour, il ne semble pas justifié de conduire un programme propre pour le mélèze du Japon mais uniquement comme géniteur de l'hybride interspécifique. Le problème se pose par contre pour le mélèze d'Europe. D'un point de vue génétique, il est montré le très grand intérêt des populations d'Europe Centrale -qui sont au cœur du pool génétique de l'espèce- en terme de la variabilité disponible, de leur plasticité et de leur potentiel de croissance et de résistance au chancre du mélèze. Cependant des éléments d'auto-écologie manquent pour affirmer que le mélèze d'Europe pourrait systématiquement être remplacé par l'hybride.

Aussi, à ce jour, trois voies sont explorées :

a) la voie 'mélèze d'Europe' pure :

L'exploration de la variabilité naturelle existant dans l'aire du mélèze d'Europe centrale se poursuit. Après la race « *polonica* », échantillonnée en 1987, les travaux ont commencé depuis 1996 sur la race « *sudetica* ». Des tests d'évaluation sont mis progressivement en place pour nous permettre d'apprécier le niveau de variabilité existant inter et intra-peuplements et d'étudier l'intérêt de ses populations en reboisement.

Par ailleurs, les composants de vergers à graines de 1^{ère} génération (mélèze des Sudètes) sont mis progressivement en évaluation de manière à proposer des variétés synthétiques améliorées.

b) la voie d'hybridation interspécifique de 1^{ère} génération

C'est celle qui concentre l'essentiel des moyens. Les travaux visent :

- 1) à mettre en évidence à travers des plans de croisements adaptés (diallèle, factoriel), l'hétérosis ou vigueur hybride et les conditions spatiales et temporelles de son expression pour différents critères de sélection,
- 2) à mieux comprendre les bases génétiques et physiologiques sous-jacentes à ce phénomène. En particulier, une étude fine des rythmes de croissance, de la phénologie, de l'activité cambiale et par ce biais de la plasticité et de la capacité adaptative des trois taxa est engagée (thèse M.E.Gauchat) ,
- 3) à rechercher les meilleures populations pour la production d'hybrides, combinant vigueur et qualité de la tige ; un effort particulier est conduit sur les populations alpines pour leur architecture et la probable meilleure résistance à la sécheresse de ces populations par rapport aux populations Sudetica ou Polonica,
- 4) à mieux comprendre le rôle respectif des espèces parentes dans le déterminisme génétique des caractères chez l'hybride, et à mettre en œuvre les phases de recombinaison, d'évaluation et de sélection nécessaires en espèce pure, préalablement à de nouvelles recombinaisons interspécifiques,
- 5) à rechercher des paramètres génétiques prédictifs adéquats pour le choix des géniteurs à recombiner,
- 6) à améliorer l'efficacité des critères de sélection en particulier en approfondissant les connaissances sur l'architecture de la tige (critère prioritaire), la résistance au chancre et les paramètres de qualité du bois. Un effort particulier porte sur la duraminisation du bois (aspect quantitatif) et sur sa durabilité naturelle (aspect qualitatif),
- 7) à évaluer l'important réseau de tests de descendances existant (700 familles hybrides de pleins frères) en vue de mieux cerner l'intérêt du mélèze hybride en fonction des facteurs du milieu mais surtout d'accumuler de l'information sur le déterminisme génétique des caractères (niveau d'hérédité, liaisons entre caractères, liaisons jeunes-adultes, stabilité GxE, etc.),
- 8) à développer et/ou intégrer, transférer de nouveaux outils de production en masse des hybrides et à sélectionner de nouvelles variétés hybrides.

c) La voie d'hybridation interspécifique de 2^{ème} génération.

Devant les difficultés opérationnelles de production en masse des hybrides de 1^{ère} génération (décalage phénologique), cette alternative représente une voie séduisante qui s'est concrétisée par la mise en place de petits vergers expérimentaux de clones hybrides F1. Des résultats très fragmentaires nous laissent cependant craindre l'importance des niveaux d'appareillage des géniteurs F1. La construction d'un plan de croisements (15 x18) d'hybrides de 2^{ème} génération est achevée et est en cours d'évaluation. Il vise à étudier l'impact du niveau de consanguinité sur les performances familiales (y compris reproductives) et leur niveau de variabilité. Par ailleurs, les composantes (descendances) du 1^{er} verger F1/F2 sont en cours d'évaluation (projet DGFAR).

Sorties variétales

Une grande part du matériel forestier de reproduction est importée soit des peuplements naturels dans l'aire d'origine pour le mélèze d'Europe ou de vergers à graines européens pour le mélèze hybride. Les taux d'hybrides très faibles enregistrés dans ces derniers vergers ont incité à développer en France une filière de production en masse de graines via la stimulation florale et la supplémentation pollinique et les outils de diagnostic de la pureté hybride. Les surcoûts engendrés par ces techniques laissent

cependant craindre un désintérêt pour les variétés qui en sont issues. Une autre alternative testée et en cours de transfert vise à produire en masse par bouturage les variétés sélectionnées (bouturage 'bulk') ; elle pourrait avantageusement être couplée avec l'embryogenèse somatique. La production en vergers à graines de variétés hybrides de 2^{ème} génération est une autre alternative.

Les travaux engagés portent sur :

- la poursuite des travaux de recherche de critères morphologiques et moléculaires pour l'identification des 3 taxa et de la pureté spécifique (projet CTPS) : un aspect particulier concerne les hybrides de 2^{ème} génération et le développement de marqueurs ADN nucléaires,
- l'homologation des vergers de mélèze des Sudètes (Theil et Cadouin) en catégorie qualifiée et d'une nouvelle variété hybride (REVE-VERT) en catégorie testée, d'autres variétés plus spécialisées pourraient voir le jour rapidement,
- le développement d'une filière de production de mélèze hybride par bouturage/bulk et/ou embryogenèse somatique en combinaison ou non.

Programme d'amélioration génétique du PIN SYLVESTRE (C. Bastien)

Objectifs généraux, enjeux et démarche du programme : En 2005, le pin sylvestre, essence autochtone principalement à moyenne altitude occupe en France la 5ème place des essences résineuses utilisées en reboisement. Ces reboisements concernent principalement des stations pauvres et sèches de la moitié Nord de la France où le pin sylvestre a été introduit à partir de 1850. Les échecs de transfert de provenances de montagne en plaine ont conduit dans les années 1960-1980 au développement d'un véritable programme d'amélioration génétique reposant sur la valorisation de la variabilité génétique individuelle du pin sylvestre présente au sein de son aire naturelle particulièrement vaste en Eurasie.

Objectifs de sélection : Les critères de sélection utilisés sont par ordre de priorité décroissante : une bonne adaptation générale à des milieux chimiquement pauvres et à sécheresse estivale souvent marquée, une qualité extérieure des tiges satisfaisante, une croissance en volume élevée en particulier dans la phase juvénile afin de limiter la période de production de petits bois d'éclaircie. La majorité des défauts de fourchaison étant liée à des attaques d'insectes ou de champignons pathogènes, la moindre sensibilité aux ravageurs est utilisée principalement comme prédicteur indirect de la forme des arbres mais permettra d'améliorer la stabilité à long terme des peuplements de pin sylvestre dans les régions à risque. De la même façon, une évaluation systématique de la densité du bois permet de limiter l'impact d'un léger antagonisme génétique entre caractères de production et qualité du bois du pin sylvestre.

Grandes étapes du programme : Le suivi du réseau de tests de provenances naturelles et artificielles mis en place depuis 10 à 30 ans a permis de donner des réponses à court terme en actualisant les recommandations en matière de choix de provenances les plus adaptées aux principales zones de reboisement de plaine. Afin d'ajuster au mieux les moyens aux besoins, la mise en place d'une stratégie à long terme pour ces régions de plaine correspond à la gestion de deux populations d'amélioration d'intérêt complémentaire, d'environ 200 individus chacune (Haguenau France ; Taborz-Pologne). Ces populations d'amélioration sont en cours d'évaluation sous forme de tests de descendance obtenues en pollinisation libre (familles de demi-frères). Ces évaluations conduites en forêt permettront simultanément le développement d'une sortie variétale peu coûteuse et une recombinaison optimale pour le passage à la génération suivante. La réalisation de plans de croisement cognitifs non seulement intra- mais aussi inter-population devrait permettre d'évaluer l'ampleur d'effets génétiques non additifs en particulier pour les caractères de forme et de résistance. Ils donneront des premiers éléments sur la valeur adaptative des hybrides entre populations dans les populations issues de régénération naturelle, de plus en plus pratiquée dans les zones d'introduction du pin sylvestre.

Stratégie de diffusion du progrès génétique : La diffusion de variétés améliorées pour la moitié Nord de la France repose actuellement sur la production de 20 ha de vergers à graines de clones mis en place depuis 1986 à partir de matériel sélectionné phénotypiquement dans les deux populations naturelles de Haguenau (France) et Taborz (Pologne Mazurie). L'aptitude générale à la combinaison de ces géniteurs est en cours d'évaluation en tests tri-stationnels mis en place en 1994 et 1995. Les éclaircies génétiques, sources de gain génétique pour les différents critères de sélection cités ci-dessus sont programmées pour l'hiver 2007-2008. Une attention particulière sera donnée au verger à graines d'origine Haguenau qui depuis la tempête de décembre 1999 constitue la seule source de production de graines permettant de garantir l'origine autochtone « Haguenau » et ceci avec une base de 180 géniteurs différents.

Perspectives : L'engagement d'un nouveau cycle de sélection ne se fera qu'en réponse à une demande sociale. Notre travail actuel est de maintenir du matériel végétal et d'accumuler de l'information génétique afin que les vergers à graines actuels soient pleinement valorisés et que l'obtention de gains génétiques futurs ne souffre pas de l'inertie liée à la maturité sexuelle tardive des arbres forestiers et au temps nécessaire à l'évaluation génétique du matériel.

Programme d'amélioration génétique du FRENE (J. Dufour)

Le frêne commun (*Fraxinus excelsior* L.) est présent à l'état naturel dans une grande partie de l'Europe. En France on le trouve en plaine, sur les sols profonds bien alimentés en eau, et très fréquemment en moyenne montagne entre 800 et 1200 m d'altitude. En région méditerranéenne, il est remplacé à basse altitude par le frêne oxyphylle (*Fraxinus angustifolia* Vahl.), mais on le retrouve en moyenne montagne à partir de 500-600 m.

En France, le frêne est utilisé pour la mise en valeur des stations alluviales ou des sols limoneux profonds. C'est une des essences utilisées pour le reboisement des terres abandonnées par l'agriculture. Le nombre des plants de frêne vendus par an par les pépiniéristes forestiers n'a cessé de diminuer depuis une quinzaine d'années, notamment entre 1995 et 2000. Depuis 5 ans, ce nombre est à peu près stable autour de 4500000 plants vendus par an. Le frêne a donc suivi la tendance générale du marché des plants forestiers pour cette période, mais cette tendance a été accentuée par une baisse du prix de vente du bois et par de mauvais résultats en plantation (nombreux arbres fourchus et utilisation en plantation de frêne oxyphylle ou d'hybrides entre les deux espèces).

Objectifs de sélection :

A l'heure actuelle, le programme d'amélioration du frêne est « limité » à la mise en évidence et à l'exploitation de la variabilité génétique naturelle. En pratique les expérimentations mises en place permettront d'identifier les origines de graines les mieux adaptées aux besoins des reboiseurs et aideront à la définition des régions de provenances. Les meilleures provenances pourront ainsi être classées dans la catégorie « étiquette bleue » (peuplements testés).

Le premier critère de sélection à prendre en compte dans les plantations comparatives de provenances est la pureté spécifique, en raison de la possibilité d'hybridation du frêne commun avec le frêne oxyphylle. Ces hybridations naturelles ont été la cause de litiges commerciaux importants pour les pépiniéristes français. Les autres caractères à prendre en compte sont la vigueur, la tardiveté du débourrement végétatif et la forme (en particulier absence de fourche et rectitude du fut).

Grandes étapes du programme :

Initié au début des années 90 par quelques expérimentations préliminaires, ce programme n'a démarré véritablement qu'en 1996. Les étapes successives ont été les suivantes

- 1991 et 1992, étude partielle de la variabilité entre populations naturelles françaises : Installation de plantations comparatives de 10 provenances françaises (graines du commerce),
- 1994 et 1995, étude de la structuration de la variabilité inter et intra populations : plantations comparatives de 4 provenances françaises structurées en descendance,
- 1996 à 2003, exploration de la variabilité génétique des populations naturelles françaises : échantillonnage et récolte de 30 peuplements français, élevage en pépinière et plantations comparatives de 27 provenances françaises structurées en descendance en 2003,
- 2001 à 2004, exploration de la variabilité génétique entre populations à l'échelle européenne dans le cadre du projet européen RAP (Realising Ash Potential) : échange de matériel végétal entre les différents partenaires du projet et élevage en pépinière de plus de 30 provenances de la quasi totalité de l'aire naturelle. Trois plantations comparatives faisant partie d'un réseau international ont été installées en 2005 en France.
- Entre 2003 et 2006 des études menées en collaboration avec le laboratoire ESE de l'université d'Orsay, ont permis de mettre en évidence, de quantifier et de localiser le phénomène d'hybridation entre le frêne commun et le frêne oxyphylle en France. Ces études utilisant à la fois des marqueurs moléculaires et morphologiques, notamment au stade de la pépinière, ont montré que le phénomène d'hybridation n'était pas limité à la seule vallée de la Saône (là où il avait été mis en évidence la première fois), mais concernait également toute la vallée de la Loire et, d'après des observations récentes de semis en pépinière, la vallée de la Garonne.
- En 2006 une deuxième tranche de plantation comparatives de provenances françaises a été entreprise (semis de 26 provenances françaises). Cette deuxième tranche permettra de compléter le réseau de plantations comparatives notoirement insuffisant (2 plantations seulement installées en 2003).

Perspectives

Pour le court et le moyen terme, on peut prévoir les développements suivants pour le programme frêne :

- 2006 à 2009 - Suite de l'installation du réseau de plantations comparatives de provenances françaises et résultats concernant la pureté spécifique.
- 2010 - Conseils aux utilisateurs pour le choix des provenances à partir des premiers résultats du réseau expérimental.
- 2012 à 2014 - Propositions de classement en étiquette bleue des meilleurs peuplements.
- Projet de mise en place en collaboration notamment avec le CRPF de Normandie de dispositifs de terrain permettant d'évaluer le verger à graines des « Ecoulouettes » actuellement classé en catégorie qualifiée.

Pour le long terme, la création de verger à graines de familles est envisageable en utilisant les meilleures descendance sélectionnées dans les tests de provenances descendance.

Programme d'amélioration génétique du MERISIER **(J. Dufour, F. Santi)**

Le merisier (*Prunus avium* L.) est présent à l'état spontané dans toute l'Europe et jusqu'à l'Ouest de l'Asie. En France, on le trouve à peu près partout à l'état disséminé ou sous forme de petits peuplements. Le merisier est une espèce précieuse à plusieurs titres : il a une croissance rapide (âge d'exploitabilité 60 ans, voire 40 ans dans de bonnes stations et avec une bonne variété), la ressource est rare et le prix de vente du bois utilisé en ébénisterie est élevé. Les bois de bonne qualité sont très rares et les importations sont donc nombreuses. Aussi, depuis le milieu des années 70, les plantations de merisier se sont multipliées avec pour conséquence une demande importante en plants forestiers. Malheureusement les résultats de ces premières plantations ont très vite mis en évidence la mauvaise qualité des plants utilisés due en particulier à l'utilisation de graines des variétés fruitières (cerises) pour produire des plants forestiers.

Comme pour la plupart des essences forestières, le nombre de plants de merisier vendus par les pépiniéristes n'a cessé de diminuer depuis 15 ans, passant de 1,7 millions de plants/an en 91-92, à 1,4 millions de plants en 98-99 pour se stabiliser à 500000 plants/an environ entre 2001 et 2006.

Objectifs de sélection :

Les objectifs de sélection sont l'adaptation à des environnements variés dans la limite des stations où le merisier produit un bois de qualité, la résistance aux maladies, (cylandrosporiose et bactériose), la croissance juvénile (avant 15 ans) et la forme du fût et des branches.

Le programme d'amélioration du merisier vise à produire des variétés pour deux catégories d'utilisateurs :

- Des propriétaires forestiers pratiquant une sylviculture intensive et dynamique caractérisée par des plantations à grands espacements et un suivi rigoureux en taille de formation et élagage. L'objectif est alors de rentabiliser au mieux les plantations en abaissant en particulier l'âge d'exploitabilité. Un gain génétique maximum sera alors recherché par l'utilisation de variétés multiclonales.

- Des propriétaires forestiers pratiquant une sylviculture moins intensive dans des plantations à plus forte densité initiale et avec un suivi moins intensif en taille de formation et élagage. Des éclaircies plus nombreuses permettront dans ce cas d'arriver à un peuplement final correct, mais avec un âge d'exploitabilité plus élevé que dans le premier cas. Ces sylviculteurs utilisent actuellement les graines issues des peuplements classés quand elles sont disponibles. Les variétés issues de vergers à graines devraient à l'avenir fournir un matériel adapté au besoin de cette catégorie de propriétaires.

Grandes étapes du programme :

- Entre 1978 et 1983, sélection phénotypique en forêt de 403 arbres + sur la quasi totalité du territoire français grâce à la collaboration des organismes forestiers régionalisés (CRPF, ONF...),

- Sur ces 403 clones, 350 environ ont été mobilisés par drageonnage et mis en collection à la pépinière INRA d'Orléans et un réseau de tests clonaux multisite a été mis en place progressivement à partir de 1982. A l'heure actuelle ce réseau comporte 46 tests (309 clones au total sont testés dans au moins un de ces dispositifs).

- Les résultats d'une partie de ces tests clonaux (8) a permis dès 1994 d'inscrire provisoirement 8 clones au catalogue des plantes cultivées. En 2006, l'exploitation des résultats de 24 plantations comparatives âgées de 6 à 20 ans (269 clones testés) a permis d'inscrire au catalogue 7 nouveaux cultivars et de confirmer la valeur de 3 parmi les 8 cultivars inscrits en 1994. Les mêmes résultats ont permis en 1997 la création du verger à graines de Cabreret (46) constitués de 20 clones et en 2005 du verger d'Avessac (44) constitués de 36 clones. Le verger de Cabreret est actuellement en production et classé en catégorie qualifiée,

- Parallèlement, un plan de croisement demi-diallèle à 14 parents réalisé en 1986 a permis de vérifier que la valeur propre et la valeur en croisement sont bien corrélées positivement. Un nouveau plan de croisements contrôlés, double circulaire à 22 composants réalisé de 1998 à 2001 a eu pour objectif de créer un premier lot de la génération suivante. Un deuxième lot sera créé en utilisant directement les produits du verger à Graines d'Avessac (en première fructification à partir de 2007). Des individus dans des familles seront sélectionnés en forêt dans les plantations multisites du diallèle 14X14 (certaines familles et certains individus sont clonés), par contre ils seront de nouveau testés en pépinière à 4 ans (1 à 4 copies/clone). L'inscription au catalogue sera ensuite réalisée avec une nouvelle évaluation en forêt des meilleurs, sur la base d'un plus grand nombre de copies.

Perspectives :

La stratégie de diffusion du progrès génétique est actuellement le point faible de ce programme, car elle manque de financement spécifique et de relais auprès des partenaires plus proches du terrain. Il semble que les tâches de démonstration doivent être finalement prises essentiellement en charge par l'INRA, ce qui est en cours, mais à une échelle nettement insuffisante.

Ce programme est peu ambitieux, à la mesure de l'espèce qui est secondaire dans le paysage forestier français. La sélection des meilleurs génotypes dans la deuxième génération créée pourra clôturer ce programme. L'objectif principal est actuellement centré sur la création variétale, sa diffusion et la vérification de la qualité du bois.

Programme d'amélioration génétique du PEUPLIER (C. Bastien)

Objectifs généraux, enjeux et démarche du programme : Le peuplier cultivé concerne environ 250 000 ha de plantations monoclonales et assure la seconde production en volume de bois d'œuvre feuillu après les chênes. Actuellement, la productivité de cette essence repose sur la culture d'un faible nombre de cultivars souvent apparentés, issus des programmes d'amélioration des pays voisins de la France : Belgique, Italie, Pays-Bas. Leurs performances sur les lieux d'obtention ne sont pas systématiquement transposables à nos conditions climatiques, édaphiques et sanitaires. De plus les stratégies de sélection adoptées ont privilégié et privilégient encore le choix de clones à résistance complète. Des contournements de résistance successifs ont confirmé, ces dix dernières années, la grande fragilité de ces stratégies.

Les forces de la recherche française sur le peuplier ont été réunies en mars 2001 en un Groupement d'Intérêt Scientifique dénommé « Génétique, Amélioration et Protection du Peuplier » associant trois partenaires : l'AFOCEL, le CEMAGREF et l'INRA. La stratégie adoptée repose à court terme sur la recherche des cultivars prochainement disponibles dans les instituts étrangers et susceptibles d'offrir de telles garanties. Ces activités sont prises en charge par le CEMAGREF, l'AFOCEL et le laboratoire de pathologie de l'INRA-Nancy. Parallèlement, un programme de création variétale repose sur la valorisation de la variabilité génétique rassemblée par l'INRA-UAGPF au sein de trois populations de base représentant les trois espèces *Populus deltoides*, *P. trichocarpa* et *P. nigra*. Les nouveaux génotypes créés font l'objet d'une sélection par étapes, gérée conjointement par les différents organismes.

Objectifs de sélection : Le principal objectif du GIS est de proposer à la populiculture du matériel végétal performant, adapté aux principales conditions stationnelles et offrant une tolérance suffisante et stable envers les principales adversités et en particulier les maladies les plus dommageables. Le verrou à l'exploitation d'hybrides interspécifiques à potentiel de croissance très élevé reste incontestablement la recherche de résistances durables vis-à-vis des rouilles à *Melampsora*, surtout pour la populiculture du Nord et du Centre de la France. L'évolution annoncée des conditions climatiques conduit aujourd'hui à préciser les bases génétiques de l'efficacité en l'eau dans les différents types botaniques utilisés. Compte tenu du faible niveau de variabilité génétique disponible et de l'imprévisibilité des besoins futurs des industriels, la prise en compte de la qualité du bois est actuellement limitée à la phase finale de sélection clonale.

Grandes étapes du programme : Compte tenu de la diversité des conditions écologiques et sanitaires de la populiculture française, il apparaît important de poursuivre le travail de sélection dans différents types botaniques simultanément (espèces pures et hybrides interspécifiques plus ou moins complexes).

L'importante variabilité génétique disponible dans la population de base *P. deltoides* (n=1030) offre des bases solides au développement de cultivars *P. deltoides* pour la moitié Sud de la France. L'acquis méthodologique de deux plans de croisement factoriels permettra prochainement d'affiner le choix des géniteurs de nouvelles combinaisons intra-spécifiques sachant qu'une sélection précoce pour la croissance se révèle d'ores et déjà efficace.

L'exceptionnelle vigueur exprimée jusqu'ici par les hybrides interaméricains justifie une poursuite des efforts de sélection sur des combinaisons entre *P. deltoides* et *P. trichocarpa*. Dans cette formule hybride, les priorités de sélection portent sur la résistance et la tolérance aux rouilles foliaires à *melampsora* sp. Les deux espèces parentes présentent des résistances qualitatives et quantitatives exaptées qui se sont révélées fragiles. Les nouvelles orientations de sélection portent actuellement sur :

- (1) le cumul de résistance quantitatives héritées des deux espèces parentes associé à un bon niveau de tolérance évalué dans des dispositifs expérimentaux spécifiques ;
- (2) une sélection portant sur des facteurs de résistance intervenant avant pénétration du champignon et n'exerçant donc aucune pression de sélection sur les populations de l'agent pathogène. Grâce aux travaux du laboratoire de pathologie de Nancy, la mouillabilité du feuillage, très différente chez les espèces pures et les formules hybrides se révèle un critère de sélection prometteur dont la variabilité au sein d'une même formule hybride reste à évaluer ;
- (3) l'exploration de formules hybrides plus complexes (backcross ou F2) permettant d'associer vigueur hybride et caractéristiques foliaires plus proches de celles des espèces parentes et donc moins favorables au développement des maladies foliaires.

Du fait de l'incertitude de combiner résistance durable aux ravageurs et forte productivité dans des hybrides interaméricains, les efforts de sélection portent également sur des hybrides euraméricains entre *P. deltoides* et *P. nigra*. Un plan de croisement factoriel 5x4 ainsi qu'une première collection de 22 croisements single-pair sont en cours d'évaluation à des fins de création variétale. Ce même matériel fournira également de précieuses informations sur les bases génétiques de la vigueur hybride observée pour les différents caractères d'intérêt. Dans le cadre d'une diversification des usages des clones de peuplier, les hybrides euraméricains se révèlent particulièrement performants pour la production de biomasse en taillis à courte ou très courte rotation.

Stratégie de diffusion du progrès génétique : Elle repose sur l'homologation de tout nouveau clone ou cultivar ayant passé avec succès les différentes étapes de sélection actuellement prévues par le GIS « Peuplier » : évaluation clonale juvénile sur la croissance à 2 ans et la résistance aux ravageurs en valorisant l'information familiale disponible, évaluation poussée de la valeur clonale pour la résistance partielle et la tolérance à *Melampsora larici-populina* dans un site favorable à l'expression de la maladie, évaluation clonale multistationnelle en parcelles pluri-arbres, évaluation de la résistance au chancre bactérien et à *Marssonina*

brunnea, évaluation des propriétés du bois. Priorité sera donnée à la diffusion de portefeuilles de cultivars non apparentés, aux performances comparables pour un contexte pédoclimatique et sanitaire connu.

Perspectives : Optimisation d'un nouveau schéma de création variétale mis en place seulement en 2001 et impliquant 3 organismes différents avec des sorties variétales attendues pour 2015. Meilleure prise en compte des caractères d'efficience en eau et de propriétés du bois dans le schéma de sélection. Mise en place d'une sélection assistée par marqueurs ou par gènes avec comme objectifs prioritaires : construction raisonnée de résistances durables aux rouilles foliaires, gestion de la diversité génétique et recherche de vigueur hybride (complémentarité et hétérosis).

Caractéristiques des populations d'amélioration gérées à l'Unité AGPF d'Orléans sur au moins un cycle de sélection

Espèce	Nom de la population	Origine géographique	Intérêts	N° cycle	Taille mobilisée	Evaluation en cours			Structuration	Recombinaison	
						Taille	Type	Caractères		Période	Type
Merisier	France	France	Autochtone	F0	350	280	TC	V, A, R, B, F		99-2010	Double circ.
Peuplier	<i>P. trichocarpa (T)</i>	USA (3 Etats) + Canada	R	F0	2500	1000	TC	A, V, R			
Peuplier	<i>P. deltoides (D)</i>	USA (9 Etats)	V, QB	F0	1500	700	TC	A, V, F, B, R, QB			
Peuplier	<i>P. nigra</i>	France + Europe	A, R	F0	400	400	TC	A, V, R			
Peuplier	Hybrides D x T		V, R	F1		900	PF + TC	A, V, F, B, R, QB			
Douglas	"F0 test de provenance"	USA (Wa., Or.) + peuplements artificiels français	A, V, F, B	F0	1089	370	DF / PL ou DF / PC	A, V, F, B			
Douglas	"F1 test de descendance ancien"	USA(Wa.), France	A, V, F, B, Q	F1	580	50	DF / PC	A, V, F, B		95-2010	Single Pair
Douglas	"F1 récolte 85 + USFS"	USA (Wa., Or.)	A, V, F, B, Q	F1	600	1000 d	DF / PL	A, V, F, B	Lignées	2004-2015	Double Single Pair
Epicéa	France	Jura	Autochtone	F0	à faire	140 d	DF / PL	A, V, QB			
Epicéa	Pologne		V, D	F0	2177 ds 750 d	2177	DF / PL Cloné	A, D, V, QB			
Epicéa	Roumanie		V, D	F0	237 ds 118 d	237	DF / PL Cloné	A, V			
Mélèze du Japon	Artificiel DK	Danemark (VG)	R, CJ	F1	166		PF intersp.				
Mélèze du Japon	Aire naturelle	Japon	R, CJ	F0	54	40	DF / PL PF intersp	F, B	noyau		
Mélèze du Japon	Artificiel	Belgique, France	R, CJ	F0	55	0					
Mélèze du Japon	Selfs		Selfs	F1	33	33	TC	V, F			
Mélèze d'Europe	Polonica	Centre Pologne	R, V	F0	40 157	40 57	TC, PF inter D F / PL	R, V, F, F			
Mélèze d'Europe	Sudetica	Sudètes	V	F0	206	200 200 d	TC, Pfinter DF / PL	V, F V, F	2 noyaux (Pol, Cz)		
Mélèze d'Europe	Tatras	Tatras		F0	13	0					
Mélèze d'Europe	Basse-Autriche	Wienerwald	F, B	F0	29	0					
Mélèze d'Europe	Artificiel	France, Belgique, Danemark		F0	40	0					
Mélèze d'Europe	Selfs		Self	F1	11	11	TC	V, F			
Mélèze hybride	E x J, J x E et divers		R, V	F1	1) 400 2) 82	1) 400 2) 0	TC	1) R, V, F			
Pin sylvestre	Haguenau	France	V	F0	226	170	DF / PL PF	V, F, R	En cours	2010	à définir
Pin sylvestre	Taborz	Nord-Est Pologne	F, B, R	F0	185	140	DF / PL PF	V, F, R	En cours	2010	à définir
Pin sylvestre	Bitche	France	V, F, B	F0	240	?	DF / PL En attente	En attente			

Légende : TC : test clonal, DF : descendance demi-frères, PF : descendance plein-frères, PL : issu de pollinisation libre, PC : issu de pollinisation contrôlée, Self : autopolinisation, d : descendance maternelle

A : adaptation générale au milieu, D : débourrement végétatif, V : vigueur, CJ : forte croissance juvénile, F : forme du fût, B : branchaison, R : résistance aux maladies, QB : qualité du bois

DOSSIER DESCRIPTIF

I. Structuration et moyens des unités

I.1. Identité des unités

- Intitulé complet de l'unité 1: **Amélioration, Génétique et Physiologie Forestières**
- Intitulé abrégé : **AGPF.....**

- Centre : | **ORLEANS** | - Département : | **Ecologie des Forêts, Prairies et milieux Aquatiques** |

- Code INRA : | **0588** | autres Départements : | |

- Responsable :
M. / Mme Nom Prénom Corps-Grade Organisme de rattachement
| **M** | | **BASTIEN** | | **Jean-Charles** | | **IR0** | | **INRA** |

- Type d'unité (cocher ou souligner)

☒ Unité INRA

☐ Unité Mixte INRA /

☐ Unité sous contrat

☒ Unité de recherche

☐ Unité expérimentale

☐ Unité de service

☐ Unités d'appui à la recherche

Situation antérieure de l'unité (cocher, souligner le type de restructuration et lister dans le premier cas) :

☐ unité issue d'unités éclatées ou fusionnées

☐ nouvelle unité (création ex-nihilo)

Type d'unité & numéro	Nom du responsable précédent	Libellé abrégé de l'unité	Période

Adresse de l'unité (coordonnées du responsable) :

- Localisation : ...**INRA- Centre de Recherche d'Orléans**.....

- Numéro, voie :**Avenue de la Pomme de Pin**.....

- Boîte postale :**BP 20619 ARDON**.....

- Code Postal et Ville :**45166 OLIVET CEDEX**.....

- Téléphone : **.02 38 41 78 00..** Télécopie : **..02 38 41 78 79...** Adresse électronique : **bastien@orleans.inra.fr**

- Intitulé complet de l'unité 2: **Conservatoire Génétique des Arbres Forestiers.**
- Intitulé abrégé : **CGAF.**

- Centre : **ONF - ORLEANS** - Département : **Recherche et développement**

- Code INRA : autres Départements : |

- Responsable :

M. / Mme	Nom	Prénom	Corps-Grade	Organisme de rattachement
Mme	MUSCH	Brigitte	Cadre A	ONF

- Type d'unité (cocher ou souligner)

- | | |
|---|--|
| ☐ Unité INRA | ☐ Unité de recherche |
| ☐ Unité Mixte INRA / | ☐ Unité expérimentale |
| ☒ Unité sous contrat | ☐ Unité de service |
| | ☐ Unités d'appui à la recherche |

Situation antérieure de l'unité (cocher, souligner le type de restructuration et lister dans le premier cas) :

- ☐ unité issue d'unités éclatées ou fusionnées ☐ nouvelle unité (création ex-nihilo)

Type d'unité & numéro	Nom du responsable précédent	Libellé abrégé de l'unité	Période

Adresse de l'unité (coordonnées du responsable) :

- Localisation : **INRA - Centre de Recherche d'Orléans**

(établissement) **CGAF ONF**

- Numéro, voie : **Avenue de la Pomme de Pin**

- Boîte postale : **BP 20619 - ARDON**

- Code Postal et Ville : **45166 - OLIVET Cedex.....**

- Téléphone : **02 38 41 48 08** Télécopie : **02 38 41 48 00** Adresse électronique : **brigitte.musch@orleans.inra.fr**

.....

Fiche I.1.1.1 L'organigramme des unités

Organigramme de l'UR INRA AGPF et de l'USC ONF-INRA CGAF (personnel titulaire) Période du 01/01/04 au 31/12/2006

UR INRA AGPF

Note : en cas d'affectation multiple d'un agent, l'affectation principale est indiquée en caractère normal, les autres affectations sont indiquées en italique.

SERVICES COMMUNS

Secrétariat : V. Fréjaville (TRN)
P. Montes (TRE)
B. Viguier (TRN)

Micro-informatique : G. Chanteloup (TRS)
Correspondant Europe et budgétaire : C. Sindou (IR2)
Maintenance des installations : J. Despras

GROUPE DE RECHERCHE

Formation des parois des cellules lignifiées

G. Pilate (DR2)
A. Déjardin (CR1) *MC. Lesage*
JC. Leplé (CR1) *N. Millet*
F. Laurans *A. Moreau*

Caractères d'Adaptation au Milieu dans la formation du Bois par la différenciation des cellules Méristématiques

P. Label (DR2) *P. Rozenberg* (CR1)
MA. Lelu-Walter (CR1) *M. Vallance*

Méthodologie de la sélection et création variétale

L. Pâques (CR1) *JC. Bastien*
J. Dufour (IR1) *V. Jorge*
L. Sanchez (CR1) *MA. Lelu-Walter*
F. Santi (CR1) *P. Rozenberg*
C. Bastien *M. Villar*

Interaction des variétés avec l'écosystème

C. Bastien (CR1) *L. Pâques*
A. Dowkiw (CR2) *L. Sanchez*
V. Jorge (CR1) *F. Santi*
M. Villar (CR1) *V. Guérin*

Duraminisation et durabilité

C. Breton (CR1) *JP. Charpentier*
C. Teyssier (CR1) *N. Boizot*
L. Pâques *R. Therene*

RESSOURCES ET COMPÉTENCES

Biologie Moléculaire :

MC. Lesage (AI)
V. Guérin (AI)

Biochimie :

JP. Charpentier (IE2)
N. Boizot (TRN)

Culture in vitro :

MA. Lelu Walter *R. Therene* (AJT)
N. Millet (TRS) *M. Vallance* (TRE)

Histologie :

F. Laurans (IR2) *A. Moreau* (TRS)

Bio informatique :

I. Bourgaït (IE2) *H. Van de Sype* (IR1)
JC. Leplé *P. Label*

Coopérative de données sylvicoles :

M. Bedeneau (IE2)

Conservatoire Génétique des Arbres Forestiers (ONF)

Direction : B. Musch (Chargée d'étude)

T. Lamant (Tech.) *L. Lévêque* (Tech.)
B. Leguerroué (Tech.) *A. Valadon* (Chargé d'étude)

Fiche I.1.1.2. L'organigramme des unités

Organigramme de l'UR INRA AGPF et de l'USC ONF-INRA CGAF (personnel titulaire) au 31/03/2007

Unité Amélioration, Génétique et Physiologie Forestières

Direction : Jean-Charles Bastien (IRC)

Services communs

Secrétariat :	V. Fréjaville (TRN)	Informatique :	G. Chanteloup (TRS)
	P. Montes (TRE)	Correspondant Europe :	C. Sindou (IR2)
	B. Viguière (TRN)	Maintenance des installations :	J. Despras (AJT)

Laboratoires

Biologie Moléculaire

V. Guérin (AI)
M.C. Lesage (AI)

Biochimie

N. Boizot (TRN)
J.P. Charpentier (IE2)

Bio informatique

I. Bourgait (IE2)
de Sype (IR1)

H. Van

Culture in vitro:

R. Therene (AJT) +
N. Millet (TRS)
M. Vallance (TRE)

Histologie

F. Laurans (IR2)
A. Moreau (TRN)

Equipe de Génétique

C. Bastien (DR2)

J.C. Bastien (IRC)
J.P. Charpentier (IE2)
A. Dowkiw (CR2)
J. Dufour (IR1)
V. Guérin (AI)
V. Jorge (CR1)
L. Pâques (CR1)
.P Rozenberg (CR1)
L. Sanchez (CR1)
F. Santi (CR1)
H. Van de Sype (IR1)
M. Villar (CR1)

Equipe ME.R.I.STEM.ES

P. Label (DR2)

I. Bourgait (IE2)
C. Breton (CR1)
M.A. Lelu-Walter (CR1)
C. Teyssier (CR1)
R. Therene (AJT) +
M. Vallance (TRE)

Equipe Xylème

G. Pilate (DR2)

N. Boizot (TRN)
A. Dejardin (CR1)
F. Laurans (IR2)
J.C. Leplé (CR1)
M.C. Lesage (AI)
N. Millet (TRS)
A. Moreau (TRN)

Conservatoire Génétique des Arbres Forestiers (ONF)

Direction : B. Musch (Chargée d'étude)

T. Lamant (Tech.)	A. Valadon (Chargé d'étude)
B. Le Guerroue (Tech.)	X (Tech.)

Fiche I.1.2 : Liste des équipes composant les unités

Libellé de l'équipe interne (sous-composante fonctionnelle de l'unité) (1)	Responsable	Thématiques et opérations (2)	Effectif équivalent temps plein (3)	Type d'activité (4)
UR 588 AGPF				
GENETIQUE	Catherine BASTIEN	A2 Valoriser et préserver les ressources biologiques et les écosystèmes terrestres et aquatiques A2 Valoriser et préserver les ressources biologiques et les écosystèmes terrestres et aquatiques E1 Elaborer des stratégies génétiques et agronomiques pour adapter les végétaux à un environnement écologique et socio-économique contraignant EFPA - CT3	11,8	
XYLEME	Gilles PILATE	D3 Etudier la génomique fonctionnelle et la physiologie des organismes D1 Connaître la structure et les fonctions des génomes modèles EFPA - CT3	7,9	
ME.R.I.STEM.ES	Philippe LABEL	E4 Maîtriser et valoriser les processus biologiques contribuant à la production végétale D3 Etudier la génomique fonctionnelle et la physiologie des organismes EFPA - CT3	5,8	
DIRECTION ET SERVICES COMMUNS	Jean-Charles BASTIEN	Sans objet	6,6	
CGAF - ONF	Brigitte MUSCH	A2 Valoriser et préserver les ressources biologiques et les écosystèmes terrestres et aquatiques	4,6	

(1) Sous-composante fonctionnelle correspondant à l'organigramme de l'unité, une ligne par équipe

(2) Thématiques et opérations = axes de l'activité scientifique, champs thématiques du département

(3) Les enseignants-chercheurs et chercheurs intervenant dans plusieurs équipes sont décomptés au prorata des temps respectifs

(4) Dans le cas d'une UMR : type d'activité (ERT internes, autres). Pour les ERT internes remplir par ailleurs un dossier propre.

Fiche I.1.3 : Les démarches qualité dans les unités

Cette fiche permet de renseigner la commission, le cas échéant, sur les réflexions et les démarches qualités engagées dans l'unité. Les projets qualité des unités ne sont pas évalués en tant que tels dans le cadre de l'évaluation de l'unité ; ils pourront faire l'objet ultérieurement d'une démarche d'évaluation spécifique, selon les principes de l'audit, par des experts du domaine et selon une méthodologie qui sera mise au point par la mission Qualité.

1)- DES OBJECTIFS ONT-ILS ETE DEFINIS AU NIVEAU DE L'UNITE ? OUI ☒ NON ☐

SI OUI

ACTIVITES CONCERNEES Il s'agit des activités et tâches contribuant aux travaux de recherche ex : gestion des équipements (matériel et locaux), gestion des consommables, gestion de projets de recherche, gestion des contrats, gestion des stagiaires...	OBJECTIFS	ECHEANCE	PERSONNELS CONCERNES (désignation, le cas échéant, d'un chef de projet, d'un groupe de travail...)
Animateur Qualité et Métrologie avec lettre de mission	Management de la Qualité dans l'Unité	2005	Jean-Paul Charpentier
Recensement et écriture des modes opératoires de laboratoire	Traçabilité	2008	Agents de laboratoires
Métrologie des équipements ayant un impact sur les résultats	Fiabilité des résultats	2006 (pipettes) 2007 (balances)	Agents de laboratoires

2) LE CHOIX DES OBJECTIFS A T'IL ETE INSPIRE PAR : (plusieurs choix possibles)

DES OBLIGATIONS REGLEMENTAIRES



DES EXIGENCES HIERARCHIQUES



DES EXIGENCES DE PARTENAIRES EXTERIEURS (CONTRAT)



DES CONSIDERATIONS PROPRES A L'UNITE (Projet de management)



Fiche I.1.3 : Les démarches qualité dans les unités (suite)

Cette fiche permet de renseigner la commission, le cas échéant, sur les réflexions et les démarches qualités engagées dans l'unité. Les projets qualité des unités ne sont pas évalués en tant que tels dans le cadre de l'évaluation de l'unité ; ils pourront faire l'objet ultérieurement d'une démarche d'évaluation spécifique, selon les principes de l'audit, par des experts du domaine et selon une méthodologie qui sera mise au point par la mission Qualité.

3)- BILAN DES ACTIONS ENGAGEES:

ACTIONS ENGAGEES Il s'agit d'actions qualité telles que par exemple : des procédures (règles écrites et mises en œuvre), un traitement des anomalies et des actions correctives et préventives, une amélioration de l'efficacité d'éléments d'organisation, amélioration de performances....	RESULTATS	DIFFICULTES RENCONTREES
Gestion des agents: logiciel " Agents "	Enregistrement des caractéristiques des agents et de leurs congés et récupérations	
Traçabilité des activités des chercheurs et ingénieurs : logiciel " Temps "	Action réglementairement limitée aux contrats européens	
Traçabilité des présences en dehors de heures normales de travail	Système simple et correctement suivi.	
Procédure d'accueil des personnels non permanents	En cours de mise au point	
Traçabilité des expérimentations " Cahier de laboratoire "	Système simple et correctement suivi.	
Traçabilité du matériel végétal OGM : " Cahier de laboratoire "	Système simple et correctement suivi.	
Gestion et utilisation des produits phytosanitaires : " Cahier de laboratoire "	Système simple et correctement suivi.	
Formation à la métrologie pour l'animateur Qualité	Meilleure approche de la métrologie et des actions à entreprendre	
Acquisition et mise en place d'un système de vérification des pipettes automatiques	Vérification en routine des pipettes, fiabilité des résultats	Mise en place d'une procédure commune
Procédure d'écriture des modes opératoires	10% des modes opératoires écrits	Très grande diversité des modes opératoires en recherche
Recensement des équipements ayant un impact sur la fiabilité des résultats	Liste des équipements par laboratoire et équipe	
Contrôle annuel des balances selon cahier des charges	Certificat de contrôle et vérification	
Gestion informatique des cahiers de laboratoire et de leur devenir (archivage)	Tableau informatique simple et localisation des cahiers de laboratoire terminés et archivés (120 cahiers de labo depuis 1999)	

4) – OBSERVATIONS DIVERSES

Manque de temps disponible pour développer la démarche Qualité (tant pour l'animateur que pour les agents concernés), délais et échéances difficiles à tenir
L'ONF dans son ensemble est labellisé par les normes 9001, 14001.

Fiche I.1.4 : La formation dans les unités

Les tableaux ci-dessous résument l'ensemble des actions de formation individuelles suivies par le personnel de l'UR AGPF et le CGAF en 2004, 2005 et 2006. Les statistiques établies par la cellule "Formation permanente" du Centre d'Orléans ne permettent pas d'isoler les formations suivies spécifiquement par les agents de l'UR AGPF mis à disposition de l'UE Amélioration. Ces statistiques ont néanmoins un sens dans la mesure où d'une part ces agents mis à disposition de l'UE travaillent pour l'essentiel de leur temps au profit de l'UR AGPF et d'autre part du fait que chaque année une concertation a lieu entre l'UR et de l'UE en vue de mettre en commun les besoins de formation de l'ensemble des agents.

A côté des formations individuelles (management, communication), des formations destinées à différents groupes d'agents ont eu cours et seront poursuivies dans l'avenir, notamment Outil S2I, Biologie, Ecologie, Statistiques. Un effort particulièrement important de formation a été consenti dans le domaine de l'hygiène et sécurité, en particulier grâce à la présence dans l'unité d'un agent formateur SST (Alain Moreau). Enfin, les formations en matière d'assurance qualité seront à accentuer dans l'avenir.

Formations générales

Libellé	Nombre d'agents	Nombre d'heures
Administration Politique Européenne Procédures budgétaires et comptables Outil S2I	13	327
Management Analyse de l'activité professionnelle Gestion de conflits Gestion du temps Conduite de projets	25	337
Communication orale Prise de parole en public Conduite de réunion Conduite d'entretiens d'évaluation Préparation aux concours et aux jurys de concours	11	145
Communication écrite Prise de notes Manipulation du logiciel bibliographique End Note	6	51

Formations techniques

Libellé	Nombre d'agents	Nombre d'heures
Biologie moléculaire Initiation PCR en temps réel Phylogénomique	22	198
Biologie et techniques de laboratoire Biologie générale et botanique Microscopie électronique	11	298
Ecologie et forêt Introduction à l'écologie expérimentation en forêt Imagerie et initiation au SIG GPS Taille des arbres forestiers	37	475
Statistiques Modélisation Modèle linéaire	10	194
Informatique Bureautique Java, Linux, Unix, Visual Basic, Windows Photoshop	31	321
Anglais	11	247
Maintenance Conduite de serre Electricité	14	154

Hygiène et sécurité – Assurance qualité

Libellé	Nombre d'agents	Nombre d'heures
Hygiène et sécurité SST et ACP Gestes et postures Extincteurs OPPI Risque chimique en laboratoire Radioprotection	90	709
Assurance qualité Accompagnement qualité AQR en laboratoire Autoclave Métrologie	16	119

Résultats par catégories de la fonction publique

Catégories	Population de référence	Nombre d'agents formés	Nombre de stagiaires	Somme des présences réelles (heures)	Durée moyenne par agent sur 3 ans (heures)	Durée moyenne par stagiaire sur 3 ans (heures)	Taux d'accès par agent sur poste
A	11	9	31	1157	80	37	79%
B	19	15	38	1287	57	35	82%
C	7	4	12	342	67	31	62%
Scientifiques	15	8	19	728	61	35	52%
TOTAL	52	37	100	3514	265	35	71%

Fiche I.1.5 : Le bilan hygiène et sécurité des unités

Les risques spécifiques rencontrés dans l'UR AGPF et dans le laboratoire CGAF sont principalement des risques chimiques et radiologiques pour le travail en laboratoire mais il faut aussi mentionner les risques liés aux très nombreux déplacements effectués sur une grande partie de la France sur les dispositifs expérimentaux

Dans l'UR AGPF, il y a 4 ACP (Agent Chargé de Prévention) qui veillent à l'application et au suivi des bonnes règles de travail et au respect des consignes de sécurité. Par ailleurs 10 agents sont qualifiés SST (Sauveteur Secouriste du Travail) et sont régulièrement recyclés. De plus, un agent Ingénieur d'études de l'UR AGPF est un ancien Délégué Prévention du Centre d'Orléans et donc connaît bien le domaine de la prévention dans les laboratoires.

Dans le cadre de l'action nationale OPPI, le recensement et l'évaluation des risques dans les laboratoires ont été entrepris. Les mesures correctives sont progressivement mises en œuvre.

La rénovation progressive des laboratoires (Histologie, Biochimie, CIV) a permis de remettre à niveau certains secteurs de la sécurité : les ventilations, le risque électrique, l'extraction des vapeurs nocives, le rangement des produits chimiques, le confort de travail,...

* Dans les laboratoires :

Pour la manipulation des radioéléments, l'unité AGPF compte parmi son effectif 3 PCRP (Personne Compétente en Radio Protection) et pour les installations, il est effectué un contrôle annuel par un organisme agréé. De plus, les agents habilités effectuent des contrôles réguliers de contamination avec un compteur selon une procédure écrite et validée et gèrent aussi l'évacuation et la mise en décroissance des déchets avant leur élimination. Les agents utilisateurs de radioéléments portent un badge personnel et sont suivis médicalement.

Blouses : les blouses sont changées et lavées toutes les semaines par un prestataire extérieur.

Risques chimiques : les fiches toxicologiques et de documentation des produits sont disponibles dans les laboratoires. L'évaluation des risques liés aux produits chimiques classés CMR en utilisant la méthode OHB développée par l'INRA a été entreprise.

Collecte et évacuation des déchets : aucun déchet n'est rejeté directement à l'évier. Ils sont collectés et stockés par catégorie et éliminés par un organisme agréé.

Enfin des dispositifs de stérilisations d'outils du laboratoire de CIV ont remplacé l'usage de l'alcool éthylique et les bouteilles de gaz.

Systématiquement, les agents nouvellement arrivés sont informés par une documentation nationale et locale sur les consignes à respecter dans les laboratoires et sont formés par les personnes compétentes (ACP) dans leur domaine d'activité.

Certains points sont à améliorer :

- Remplacement de sorbonnes anciennes pour augmenter l'efficacité de la protection individuelle
- Installation de système d'extraction mobile pour la protection des agents contre les vapeurs chimiques et les poussières végétales

Les accidents sont systématiquement analysés (méthode ASAI) et les mesures correctives mises en œuvre sous la responsabilité du directeur d'unité.

Nombre d'accidents depuis 5 ans (2002 – 2006) : 4 dont 1 avec arrêt

Nombre de jour d'arrêt de travail depuis 5 ans (2002 – 2006): 3

Risques liés aux OGM

L'unité AGPF a un agrément de la CGG concernant les OGM.

Conformément à cet agrément :

- Au niveau du laboratoire : tout OGM, milieu de culture et contenant, avant d'être éliminé est détruit ou stérilisé par autoclavage.
- Au niveau des serres : tout OGM et substrat de culture est détruit par incinération (société extérieure) et les effluents sont décontaminés par chloration.
- Toutes les plantations expérimentales comportant des OGM font l'objet d'une autorisation de la CGB et du ministre de l'agriculture et sont régulièrement contrôlés par le service compétent de la protection des végétaux

I.2. Moyens matériels et financiers

Fiche I.2.1 Ressources financières moyennes au cours des 3 dernières années (hors salaires personnel permanent)

Nom des unités : AGPF (UR 588) et ONF - CGAF

Période concernée : 2004 / 2006

en Euros HT

Nature des financements	RESSOURCES (moyenne des 4 dernières années)	
	INRA – UR 588	ONF - CGAF
Dotation ETAT		
• Dotation initiale sur budget primitif	190 759	25 300
• Transfert	23 154	
• Report de crédit année précédente	1 793	
• Actions incitatives sur programme	47 110	
Ressources externes ⁽¹⁴⁾		
• Contrats de recherche	233 717	4 900
• Participations extérieures	45 746	
• Ventes de marchandises, prestations fabriqués,	31 763	
• Redevances (licences)		
• Bourses, allocations de recherche	70 777	
• Autres (dons, legs,...)		
TOTAL RESSOURCES	644 819	30 200

Remarques sur les évolutions et les perspectives de ces ressources :

Des crédits substantiels obtenus du Conseil Régional Centre dans le cadre du CPER, ont permis de financer ou cofinancer 4 thèses, de rénover deux laboratoires et d'acquérir divers équipements : scanner multifonction, chambres de cultures, lyophilisateur, ...
Ce soutien régional très apprécié devrait être poursuivi dans le cadre du nouveau contrat de plan (2007-2013) qui vient d'être signé.

¹⁴ **Ressources externes**

- Contrats de recherche : part annuelle des contrats de recherche avec les entreprises, l'UE, d'autres organismes de recherche, administrations publiques centrales, collectivités locales, autres partenaires,.....)
- Participations extérieures : subventions d'investissement et/ou de fonctionnement allouées par des collectivités locales, régionales, des organismes publics...
- Ventes de marchandises, prestations de service : vente d'animaux, de récoltes et dérivés, de produits fabriqués, fournitures d'heures de calcul, de frais de participation aux stages et colloques, autres recettes externes des laboratoires
- Bourses, allocations de recherche : part annuelle
- Autres : dons et legs, ventes de publications et de matériel, subventions diverses, recettes accidentelles

Fiche I.2.2. : Liste des contrats obtenus ou actifs au cours de la période 2004 - 2006

Unité INRA AGPF

Type de contrat	Numéro INRA	Nom abrégé	Intitulé	Montant (Euros HT) Frais de gestion inclus	Période
Union Européenne	B03885	RAP	Improving Ash productivity to fit European demand through testing, selection, propagation and promotion of improved varieties.	86 336	01-02-2001 31/01/2005
Union Européenne	B04716	POPYOMICS	Linking physiology, molecular genetics and genomics to understand and improve yield of Populus for energy, fibre and wood production across Europe	258 847	01-11-2002 31-10-2005
Union Européenne	B05559	GEMA	Incorporating Wood Properties into Forest Tree Breeding Programs	872 755	29-04-2004 30/03/2007
Union Européenne	33000044	TREEBREDEX	A working model network of tree improvement for competitive, multifunctional and sustainable European forestry.	265 190	01/06/2006 31/05/2010
Union Européenne	22000083	EVOLTREE	Evolution of trees as drivers of terrestrial biodiversity	1 048 169	01/04/2006 31/03/2010
ANR	59000061	GENOQB	Genomic of wood formation and molecular tools for breeding wood quality in maritime pine	40 603	Novembre 2005 Novembre 2008
Région Centre	B03226	Bourse thèse G. MONTIEL	Caractérisation des rôles de gènes homéotiques dans les processus de différenciation morphologique et métabolique des racines.	54 881	22/12/2000 31/12/2004
Région Centre	B04239	Bourse thèse N. GOUE	Etude de gènes impliqués dans la formation du bois de peuplier	65 857	04/06/2002 31/12/2005
Région Centre	33000005	Bourse thèse P. ASPE	Dynamique de la régénération chez le pin sylvestre : impact de la structure des peuplements et des flux de gènes à longue distance sur la diversité	39 000	
Région Centre	B05146	Bourse Thèse D. ARNAUD	Caractérisation de facteurs de transcription impliqués dans l'expression de gènes spécifiquement régulés lors de la différenciation des fibres G dans le bois de tension de peuplier	35 100	1/12/2003 30/11/2006
Région Centre	B04813	Bourse Thèse R. MONCLUS	Recherche et caractérisation des bases écophysiologiques et génétiques impliquées dans la réponse du peuplier à la sécheresse	17 493	02/04/2003 31/12/2006
Région Centre	B05337	Soutien de programme	Etude du métabolisme de la juglone chez le noyer et valorisation économique de polyphénols	30 000	14/11/2003 14/11/2005
Région Centre	B04652	Soutien de programme	Identification régulation et production pré-industrielle de molécules d'intérêt économique : lignanes et favonoïdes (Seconde année)	5 066	24/06/2004 05/10/2004
Région Centre	33000028 ou B05928	Soutien de Programme	Caractérisation fonctionnelle et polymorphisme de facteurs de transcription et de leurs cibles impliqués dans la formation du bois chez le peuplier	6 850	19/10/2004 15/10/2006
Région Centre	33000029 ou B05927	Soutien de Programme	Diversité du peuplier noir, espèce patrimoniale de la ripisyle ligérienne	10 800	29/11/2004 29/11/2006
Région Centre	B06299 ou 33000011	Equipement Région	Table macroscopique	3 350	09/09/2005 09/09/2009
Région	B04961	Equipement	Equipement microtomie	20 500	25/07/2003

Centre		Région			25/07/2004
Région Centre	B05758	Equipement Région	Equipement Scanner	72 000	25/11/2004 25/11/2008
Région Centre	B06301 ou 33000013	Equipement Région	Chaîne optimisée d'analyse de profils anatomiques du bois	25 115	09/09/2005 31/12/2006
Région Centre	33000012 ou B06300	Equipement Région	Chambre climatique de préconditionnement d'échantillons de bois	10 000	09/09/2005 09/09/2009
Région Centre	33000014 ou B06302	Equipement Région	Chambre de culture et de conservation	6 275	09/09/2005 09/09/2009
Région Aquitaine	22000089	Biothech pin Maritime	Les Biotechnologies appliquées à la forêt Aquitaine pour soutenir son développement durable et la production de bois de qualité pour l'industrie	31 753	01/09/2005 01/09/2006
MAPAR	B04533	GIS PEUPLIER	Exploration de l'intérêt d'hybrides euraséens pour la populeiculture française	7 525	09/12/2002 08/12/2004
MAPAR	B05402	GIS PEUPLIER	Création variétale et recherche de corrélations juvénile x adulte des propriétés du bois de peuplier	14 214	03/03/2004 03/03/2006
MAPAR	B05845	GIS PEUPLIER	Sélection et évaluation de variétés françaises et étrangères de peupliers	10 400	29/11/2004 28/11/2006
MAPAR	33000022	GIS PEUPLIER	Premières étapes de sélection/évaluation des hybrides de peuplier créés par le GIS	45 150	29/11/2005 29/11/2008
MAPAR	B04534	GIS VFA	Qualification des variétés améliorées et des peuplements sélectionnés. Variabilité du régime de reproduction et stabilité génétique des variétés forestières	22 742	09/12/2002 08/12/2005
MAPAR	B05403	GIS VFA	Comment valoriser les variétés forestières améliorées en France ? Etat des lieux et analyse des programmes de recherche, des actions de développement et de la filière de production/commercialisation des VFA	5 016	20/02/2004 20/02/2005
MAPAR	33000021	GIS VFA	Evaluation, homologation des variétés issues des vergers à graines de l'état	33 445	08/12/2006 29/11/2007
MAPAR	33000058	GIS VFA	Evaluations des composantes génétiques des vergers à graines de mélèzes d'Europe « sudètes » du Theil et de Cadouin et du Verger F1/F2 des Barres	31 634	05/10/2006 05/10/2009
MAPAR	3300007	GIS COOPERATIVE DE DONNEES	Appui technique du GIS coopérative de données sur la croissance des peuplements forestiers	13 377	07/10/2005 07/10/2007
MAPAR	33000008	Ressources Génétiques	Conservation des ressources génétiques Forestière : réseau peuplier noir	12 200	29/11/2005 29/11/2007
MAPAR	B04535	Ressources génétiques	Conservations des ressources génétiques Forestières : réseau peuplier noir	7 692	09/12/2002 08/12/2004
MAPAR	B04561	Soutien de programme CTPS	Application du marquage moléculaire à l'identification des mélèzes hybrides	4 200	05/12/2002 04/12/2004
MENRT	A01807	Soutien de programme CRB 32	Renforcement du dispositif de conservation et valorisation des collections nationales ex situ forestières	4 585	05/08/2002 05/08/2004
MEDD	3300009	Ressources Génétique	Adaptations locales, phénologies et changement climatique : Application aux frênes	28 860	27/01/2006 27/01/2008
MEDD	B05493	Ressources Génétique	Recherche par simulation des meilleurs indicateurs neutres et non neutres puis comparaison de la diversité dans les collections	41 889	16/04/2004 16/04/2006

			de peupliers noirs et merisiers		
INRA	P00295	AIP -ECOGER	Ecoger	58 105	01/01/2004 31/12/2005
INRA	P00283	AIP INRA-CIRAD	Coopération bilatérale INRA – CIRAD sur la duraminisation du bois	10 512	01/01/2004 31/12/2005
INRA	P00226	AIP – ECOGENE	Approches écophysiological, génomique et génétique des réponses à la sécheresse chez le peuplier	5 460	01/10/2002 31/12/2005
INRA	P00249	AIP – IMPACT	Impact acceptabilité et gestion des innovations variétales	7 622	01/01/2001 31/12/2005
INRA	P00223	AIP BRG	Dynamique de la régénération naturelle du pin sylvestre	11 160	2004 au 31/12/2005
INRA	P00258	AIP - Séquençage	Séquençage ADNc pleine longueur de peuplier	18 000	2006
INRA EFPA		Soutien EFPA pour projets fléchés	- Durabilité des résistances aux rouilles - Embryogenèse somatique du pin maritime - Modélisation de stratégies de sélection - Fonctionnement du cambium - Facteurs de transcription impliqués dans la formation du bois	33 000	2004
INRA EFPA		Projet innovant	Déterminants biochimiques et génétiques de la durabilité naturelle et de la coloration du bois de cœur chez le mélèze et le Noyer	10 000	01/01/2005 31/12/2005
INRA EFPA		Projet innovant	Marqueurs neutres et apparentement pour l'estimation de la variation adaptative en forêt	8 000	01/01/2005 31/12/2005
INRA EFPA		Projet innovant	Vers une durabilité du peuplier envers la rouille à <i>Melampsora larici populina</i>	12 000	01/01/2005 31/12/2005
INRA EFPA		Projet innovant	Transfert d'une méthode de mesure de la vitesse de sédimentation des pollens développée sur maïs vers les arbres forestiers et étude de variabilité génétique chez le peuplier	5 100	01/01/2006 31/12/2006
INRA EFPA		Projet innovant	Les gènes impliqués dans la duraminisation sont ils activés dès la différenciation cambiale?	5 000	01/01/2006 31/12/2006
ADEME			Amélioration des propriétés de biodégradabilité et de stabilité des biolubrifiants par la substitution d'antioxydants d'origine naturelle aux antioxydants d'origine pétrochimique		16/02/2004 16/04/2005
Université François Rabelais Tours	B04963	Programme Mariner	Etiquetage réversible de gènes par le transposon mariner Mos-1 : définition des potentiels en génomique fonctionnelle chez les plantes	7 167	01/11/2003 31/10/2004
DIREN	33000010	Soutien de programme	Populations naturelles du peuplier noir sur la Loire : inventaire, diversité et valorisation	68 706	30/12/2005 30/12/2007
ONF	B04260	Soutien de programme	Gestion des réserves biologique intégrale de la forêt de Fontainbleau : cartographie des réserves de la Tillaie et du Gros Fouteau	43 020	01/04/2003 31/03/2005
ONF	B04260	Soutien de programme	Cartographies des strates réserves biologiques intégrale du gros fouteau	21 500	01/04/2002 31/03/2005
TONNELLE RIE RADOUX	33000045	Prestation de service	Analyse quantitative des tannins ellagiques du bois de chêne par dosage colorimétrique	4 774	13/09/2006 13/09/2007

CGAF

Type de contrat	Numéro INRA	Nom abrégé	Intitulé	Montant (Euros HT) Frais de gestion inclus	Période
BRG		Régé nat	Déterminants et conséquences de la qualité génétique des graines et semis lors de la phase initiale de régénération naturelle des peuplements forestiers	4800	2004-2006
BRG			Stratégies raisonnées d'échantillonnage pour capturer la diversité génétique et sa structuration dans les populations naturelles – Application aux mesures de gestion conservatoire	3000	2004-2006
HTA		Faux d'Orcine	Etude de la variabilité génétique des faux d'auvergne	6000	2005-2006
ONF		Régé douglas	Etude de la variabilité génétique d'une régénération de douglas	4000	2006-

Fiche I.2.3. Dispositifs de recherche, dispositifs expérimentaux et principaux équipements.

Situation au (Date) : ...31 mars 2007.....

Nom de l'unité : Amélioration, Génétique et Physiologie Forestières Conservatoire Génétique des Arbres Forestiers (USC ONF-INRA)	Code INRA : 588
---	-----------------

LOCAUX A USAGE DE RECHERCHE OU D'EXPERIMENTATION DONT DISPOSE LES UNITES

Libellé du bâtiment (*)	S.H.O.N. (**) (m²)	Etat	Observations
UR 588 (bâtiment principal)			
Bureaux + Salles diverses	785	Moyen	2 à 3 bureaux rénovés par an en moyenne
Laboratoires de Biologie Cellulaire (CIV) + chambres de culture	97	Bon	Laboratoire en cours de rénovation en régie
Laboratoires de Biologie Moléculaire	161	Bon	
Laboratoires de Biochimie	121	Bon	Laboratoire rénové en régie en 2006
Laboratoires d'Histologie	110	Bon	Laboratoire remis à neuf par entreprise en 2005
Autres laboratoires	73	Moyen	
CGAF (bâtiment principal)			
Bureaux	83	Bon	
Labo	61	Bon	

(*) laboratoires, locaux administratifs, locaux techniques-ateliers, serres, bâtiments d'élevage...

(**) Surface hors œuvres nette (donnée disponible auprès des services généraux)

TERRAINS DONT DISPOSE L'UNITE AGPF

Localisation du terrain	Superficie totale (m²)	Superficie utilisée (m²)	Valeur locative annuelle (si loué)
Pour mémoire sont mentionnées ci-dessous les surfaces gérées par l'UE 995 d'Orléans pour le compte de l'UR AGPF			
Pépinière du Centre d'Orléans	36,6 ha	35 ha	
Peyrat le Château (87)	41 ha	36 ha	
Beaumont du Lac (87)	34 ha	13 ha	
Autres terrains sous conventions (toutes régions)	770 ha	768 ha	

PRINCIPAUX EQUIPEMENTS DONT DISPOSENT LES UNITES

Libellé du matériel	Date achat	Valeur d'achat	Coûts de maintenance / an	Année prévue pour le remplacement
UR 588				
* Laboratoire de Culture inVitro				
- hottes (4), autoclaves (2), laveurs,...	1983 à 2006	78 985	2 000	
- climatisation du labo	2006	7000		
- Salles de culture (2)	1991	130 500	2 000	
- Salles d'acclimatation (2)	1992			
- 3 balances de précision	2004-2006	10000		
- divers équipements de labo (pHmètre, distillateur, réfrigérateur, congélateur,...)	2006	14000		
- hotte à flux laminaire	2006	6000		
- 2 armoires de culture	2005	10000		

* Laboratoire de Biologie moléculaire				
-Congélateurs -80°C	1987 à 2002	172 682	4 000	
Congélateur -80°C	2005	8900		
- Séquenceur 16 capillaires ABI 3100 (45% UAGPF, 45% UR de Zoologie, 10% Université)	2001	45% de 145 000	45% de 10 887	
- spectrophotomètre Nanodrop	2004	14800		Equip. moyen EFPA
- Scanner Genepix	2004	47000		Equipement lourd INRA
- système acquisition de gel	2004	9900		
- divers matériel de labo (centrifugeuses, chambre à vide, pipettes électroniques, cassettes autoradiographiques)	2004-2006	9500		
- Thermocycleur Applied	2006	5600		
* Laboratoire de Biochimie	1983 à 2002	145 874	2500	
- HPLC (2 anciennes, 1 nouvelle en 2002)	1986 à 2002	130 558		
- Compteur à scintillation	2002	14 100		
- Lyophilisateur et armoire à dessiccation	2007	41 000		
- chaîne FPLC purification des protéines	2005	8000		
- lecteur de plaques /spectrophotomètre UV	2004	15000		
- lecteur de plaques /spectrofluorimètre	2004	15000		
- Système électrophorèse (plaques, cuves, générateur, système élution)	2005-2006	3700		
- Pipettes électroniques et multicanaux,	2005-2006	2002		
- Matériels de paillasse (centrifugeuse, agitateurs,...)	2004 à 2006	3500		
* Laboratoire d'Histologie			2 000	
dont un ultramicrotome	1983 à 2002	76 792		
- table de macroscopie	2005	6 700		
- Cryostat / fraiseuse / couteaux diamant	2004	41 000		
- Chaîne d'acquisition et de traitement d'images anatomiques (stereo-microscope Zeiss, caméra numérique et logiciel Visilog)	2004-2005	15 189		
*Laboratoire Bio-informatique				
-Matériels informatiques et électroniques (serveur, onduleurs, imprimante)	2004 à 2007	5700		
- Equipements divers	2007	3000		
* Laboratoire de Qualité du bois (UR + UE) : radiographie, microdensitométrie,	1991 à 2000	95 212		
-Chaîne optimisée d'acquisition de profils anatomiques	2005	50 000		
* Parc informatique (101 postes, 13 imprimantes, 4 scanners, 10 disques durs externes, 4 onduleurs, 7 appareils de saisie portable, 2 vidéo-projecteurs...)	1995 - 2007	200 000	15 000	
* Parc automobile (2 berlines, 3 breaks, 2 fourgons)	1989 à 2006	114 140	8 000	
Laboratoire CGAF (ONF)				
* Matériel de Biologie moléculaire dont congélateur à -80°C	1996 à 2007	68 210 14 750	3 733 2 768	
* Parc informatique (1) 6 postes fixes, 4 imprimantes	1996 à 2007	21 990		
* Parc automobile : 1 voiture 2 places remplacée par 1 voiture 5 places début 2007	1996 à 2007	10 047 10 612	1 346 2 133	
* Matériel sylvicole divers	1997 à 2007	3 542		

I.3. Ressources humaines.

Fiche I.3.1. Liste nominative des personnels des unités (présentation par équipe).

Personnel présent au 31 mars 2007.....

Nom de l'unité : AGPF	Code INRA : 588
-----------------------	-----------------

Sigles utilisés pour désigner les CSS : EGBIP : Ecophysiologie Génétique et Biologie Intégrative des Plantes
GMQPV : Génétique Moléculaire Quantitative et des Populations Végétales
AES : Agronomie Environnement Sylviculture
Autres sigles CEI : Commission d'Evaluation des Ingénieurs
BAP : Branche d'Activité Professionnelle

Nom Prénom ^{1Z}	Statut ²	Adm. origine	Corps -grade	Orig ³ Financ	Date entrée	Date départ	ETP ⁴	Commiss ⁵ évaluation	Préciser si HDR ⁶
Intitulé de l'équipe / service									
DIRECTION ET SERVICES COMMUNS									
Bastien J.C.	TIT		IR C	INRA	1975		1	CEI	
Chanteloup G.	TIT		TR S	INRA	1978		1	BAP A	
Despras J.	TIT		TR N	INRA	1983		1	BAP A	
Fréjaville V.	TIT		TR S	INRA	1992		1	BAP H	
Montes P.	TIT		TR E	INRA	1979		1	BAP H	
Sindou C.	TIT		IR 2	INRA	1999		0.8	CEI	
Viguié B.	TIT		TR N	INRA	2000		0,8	BAP H	
GENETIQUE									
Bastien C.	TIT		DR 2	INRA	1984		1	CSS GMQPV	
Charpentier J.P.	TIT		IE 2	INRA	1994		1	CEI	
Dowkiw A.	TIT		CR 2	INRA	2005		1	CSS GMQPV	
Dufour J.	TIT		IR 1	INRA	1977		1	CEI	
Guérin V.	TIT		AI	INRA	2004		1	CEI	
Jorge V.	TIT		CR 1	INRA	2001		1	CSS GMQPV	
Pâques L.	TIT		CR 1	INRA	1986		1	CSS GMQPV	
Rozenberg Ph.	TIT		CR1	INRA	1986		1	CSS AES	
Sanchez L.	TIT		CR1	INRA	2002		1	CSS GMQPV	
Santi F.	TIT		CR1	INRA	1985		0.80	CSS GMQPV	
Van de Syde H.	TIT		IR1	INRA	1985		1	CEI	
Villar M.	TIT		CR1	INRA	1984		1	CSS GMQPV	
XYLEME									
Boizot N.	TIT		TRN	INRA	1999		1	BAP A	
Dejardin A.	TIT		CR1	INRA	1999		1	CSS EGBIP	
Laurans F.	TIT		IR2	INRA	2002		1	CEI	
Leplé J.C.	TIT		CR1	INRA	1995		1	CSS EGBIP	
Lesage M.C.	TIT		AI	INRA	1995		0,9	BAP A	
Millet N.	TIT		TRS	INRA	1983		1	BAP A	
Moreau A.	TIT		TRS	INRA	1999		1	BAP A	
Pilate G.	TIT		DR2	INRA	1991		1	CSS EGBIP	HDR
ME.R.I.S.TE.M.E.S									
Bourgait I.	TIT		IE2	INRA	2004		1	CEI	

Breton C.	TIT		CR1	INRA	1995		1	CSS EGBIP	
<u>Label Ph.</u>	TIT		DR2	INRA	1985		1	CSS EGBIP	HDR
Lelu-Walter M.A..	TIT		CR1	INRA	1989		1	CSS EGBIP	HDR
Teyssier C.	TIT		CR1	INRA	2002		0.80	CSS EGBIP	
Therene R.	TIT		AJT	INRA	2001	2007 †	1	BAP A	
Vallance M	TIT		TRE	INRA	1975		1	BAP A	
ONF-CGAF									
Lamant T	TIT		Tech	ONF	1999		1		
Le Guerroué	CDI		Tech	ONF	1995		0.8		
Leveque L	TIT		Tech	ONF	1997	2006	1		
<u>Musch B</u>	CDI		Ing	ONF	1995		0.8		
Valadon A.	TIT		Ing	ONF	2004		1		

1 Souligner le nom du responsable de l'équipe / service

2 Type de contrat

Personnel titulaire = TIT Personnel non titulaire = CDD/CDI/CES/MOO

3 Origine du financement du personnel non permanent

INRA Dotation base INRA

CONT Contrat (Union européenne, région, département, organisations professionnelles..)

PART Partenaire de l'INRA dans une unité mixte

Préciser le % INRA et le % non INRA

4 ETP (Equivalent temps plein)

ETP = taux de paye X durée annuelle de travail

Les personnels enseignants et iatos seront indiqués à 50% pour la recherche.

5 Section ou Commission d'évaluation : ex., pour les personnels INRA : intitulé de la CSS(chercheur) ou de la CEI(ingénieur) ou BAP (AI et TA)

6 HDR = Habilité à diriger des recherches

Fiche I.3.2. Liste des personnels non permanents.

Liste nominative des autres personnels accueillis au cours de la période 2004 - 2006 pour une durée supérieure ou égale à 6 mois

Unités INRA AGPF

Nom, Prénom	Statut (1)	Catégorie (V)isiteur , (A)TER ,(P)ost-doc, (2)	HDR (3)	Organisme ou établissement de rattachement	Date d'arrivée dans l'unité	Date de départ de l'unité
BECHEREAU Julien	MASTER 2	STAGIAIRE		Université d'Orléans	15/11/2004	04/07/2005
BLANCHARD Nicolas	MASTER 2	STAGIAIRE		Université d'Orléans	04/04/2005	30/09/2005
BRIGNOLAS Franck	MAITRE DE CONFERENCE	CHERCHEUR EN DELEGATION		Université d'Orléans	01/10/2006	30/09/2007
CABRERA Maia	BOURSIER ETRANGER	GEMA		Universidad nacional de Misiones ARGENTINE	01/11/2006	28/04/2007
CATALANO Santiago	DOCTORANT	GEMA		Faculté des Sciences Buenos Aires - Argentine	01/12/2004	31/05/2005
CUISNIER Rémi	MASTER 2	STAGIAIRE		Université d'Orléans	01/02/2006	31/08/2006
DALLA SALDA Guillermina	MASTER 2	GEMA		INTA - Faculté des Sciences Buenos Aires - Argentine	02/04/2005	31/12/2008
D'ERRICO Roger	DOCTORANT	GEMA		Univ. Misiones - Argentine	02/02/2005	03/05/2007
FICHOT Régis	MASTER 2	STAGIAIRE		Université d'Orléans	12/09/2005	13/06/2006
GARCIA CASAS Maria del Carmen	CHERCHEUR ETRANGER	GEMA		Collegio postgraduados de Monteztillo - Mexique	01/09/2005	31/08/2005
GAUCHAT Maria Helena	DOCTORANT	GEMA		INTA - Faculté des Sciences Buenos Aires - Argentine	01/09/2005	31/12/2005
GERARD Pierre	CDD	CDD contrat de recherche		ENGREF Orsay	01/03/2006	31/10/2006

GIAROCO Laura	CHERCHEUR ETRANGER	GEMA		FIBA – Univ. de Mare del Plata - Argentine	01/03/2006	31/08/2006
JUTEAU Marie	MASTER 2	STAGIAIRE		Université d'Orléans	01/03/2006	31/08/2006
KLIMASZEWSKA Krystyna	CHERCHEUR ETRANGER	STUDIUM		Natural Resource Canada	01/02/2004	30 /04/2005
LEVRAT Julien	CDD	CDD Contrat de Recherche		-	01/04/2006	30/11/2006
MARDARE Irinel	DEA	STAGIAIRE		ENSA de Rennes	01/02/2004	31/07/2004
MARJOUX Anne	MASTER 2	STAGIAIRE		Université d'Orléans	15/11/2004	05/07/2005
MARTINEZ Alejandro	DOCTORANT	GEMA		INTA - Faculté des Sciences Buenos Aires - Argentine	02/04/2005	31/12/2008
MASLE Jean-Philippe	ELEVE INGENIEUR	STAGIAIRE		ISAB Beauvais	10/01/2005	30/09/2005
RUIZ Manuela	BOURSIER ETRANGER	GEMA		Universidad nacional de Misiones Argentine	07/12/2004	01/11/2005
SAIDMAIN Beatriz	BOURSIER ETRANGER	GEMA		Faculté des Sciences Buenos Aires - Argentine	03/11/2004	15/05/2005
SALAJ Terezia	CHERCHEUR ETRANGER	STUDIUM		Institut de Génétique et biotechnologie végétale de Nitra – Slovaquie	01/02/2006	31/07/2006
SANCHEZ VARGAS Nahum	CHERCHEUR ETRANGER	GEMA		Collegio postgraduados de Montezillo - Mexique	01/09/2005	31/08/2005
SOUMARE Oumare	MASTER 2	STAGIAIRE		Université de Tours	01/02/2006	31/07/2006
TAKEUCHI Myuki	CHERCHEUR ETRANGER	POST-DOC		Laboratory of tree biology Kyoto University JAPON	02/11/2005	31 /12/2006
TAOUFIQI Hanane	MASTER 2	STAGIAIRE		Université de Bordeaux I	01/02/2005	01/07/2005
TAPIA Elisabeth	CHERCHEUR ETRANGER	GEMA		Université de Rozario – Argentine	19/01/2006	18/04/2006
VILARDI Juan-Cesar	CHERCHEUR ETRANGER	GEMA		Faculté des Sciences Buenos Aires - Argentine	01/11/2004	30/04/2005

CGAF

Nom, Prénom	Statut (1)	Catégorie (V)isiteur , (A)TER ,(P)ost-doc, (2)	HDR (3)	Organisme ou établissement de rattachement	Date d'arrivée dans l'unité	Date de départ de l'unité
NOWAKOWSKA Justyna	CHERCHEUR ETRANGER	POST-DOC		WAW (Pologne)	01/10/2003	01/03/2004
VOCCIA Marie	MASTER	STAGIAIRE		Université Nancy	01/03/2005	01/09/2005

(1) Exemples : CCA (Chef de Clinique Assistant), AHU (Attaché Hospitalier Universitaire), PH (Praticien Hospitalier), Enseignants chercheurs associés, PAST (Professeur Associé à Temps Partiel), PRAG (agrégé) PRCE (certifié), autres chercheurs, visiteurs de longue durée

(2) (V)isiteur , (A)TER ,(P)ost-doc, (ES) PRAG et PRCE,

Fiche I.3.3. Liste nominative des doctorants encadrés dans les unités

(Régime de la loi de 1984 - à classer par DEA d'origine)

UR INRA AGPF et ONF - CGAF

Nom, prénom	Directeur de thèse	Date de début de thèse (1)	Mode de Financement (2)	DEA d'origine	ED de rattachement	Etablissement d'inscription
ARNAUD Dominique	Gilles PILATE et Daniel LOCKER JC Leplé et A. Déjardin (encadrement)	12/2003	50% Région Centre 50% INRA/EFPA	Développement et adaptation des plantes Univ Montpellier	Sciences et Technologies	Université d'Orléans
ASPE Pascal	Catherine BASTIEN B. Musch (encadrement)	11/2005	50% Région Centre 50% ONF	Biodiversité, Ecologie, Environnement - Univ Grenoble	Sciences et Technologies	Université d'Orléans
D'ERRICO Roger	Philippe LABEL	02/2005	Union Européenne (projet GEMA)	Univ. de Misiones Posadas - Argentine	Sciences et Technologies	Cotutelle : Université d'Orléans Université de Posadas (Argentine)
GAUCHAT Maria-Helena	Nathalie FRASCARIA LACOSTE L. Pâques (encadrement)	06/2005	Union Européenne (projet GEMA)	Univ. de Santiago Argentine	Sciences et Technologies	Cotutelle : ENGREF Université de Buenos Aires (Argentine)
HEDHILI Sabah	Pascal GANTET C. Breton (co-encadrement)	10/2003	Région Centre		Santé, Sciences, Technologies	Université de Tours
MARTINEZ Alejandro	Nathalie FRASCARIA LACOSTE P. Rozenberg (encadrement)	05/2005	Union Européenne (projet GEMA)	Univ National de la Plata Argentine	Sciences et Technologies	Cotutelle : Université d'Orléans Université de Buenos Aires (Argentine)
FICHOT Régis	Franck BRIGNOLAS et Gilles PILATE	11/2006	Région Centre	ETAH – Univ. Orléans	Sciences et Technologies	Université d'Orléans

TOTAL DES DOCTORANTS AU 01/01/2007 : 7

(1) Mois et année

(2) Exemples : A : Allocation de recherche ; AM : Allocataire-moniteur ; AC : Allocations couplées, AMX Allocataires, Moniteurs Polytechniciens ATER ; CIFRE ; SEC-DEG Enseignant du second degré, BDI CNRS, BOURSES INDUSTRIES, BOURSES ASSOCIATIONS CARITATIVES, BOURSES REGIONALES ; AUTRES à préciser

Fiche I.3.4. Liste des thèses soutenues au cours des 4 dernières années.

Préciser celles ayant donné lieu à publications et à brevets
(Régime de la loi de 1984 - à classer par ED et DEA d'origine)

Nom, prénom	Directeur thèse	Date de soutenance(1)	Référence des publications...(2)	Financement(3)	Etablissement d'inscription	ED de rattachement	Devenir professionnel (4)
LAFARGUETTE Florian	Gilles Pilate	23/10/2003		Région Centre	Université d'Orléans	Sciences et Technologies	Post-Doc au Canada
MONTIEL Gregory	Christian Jay Allemand	10/11/2003		Région Centre	Université de Tours	Santé, Sciences, Technologies	Maître de conférence Université de Nantes
GOUE Nadia	Philippe Label	20/04/2005		Région Centre	Université d'Orléans	Sciences et Technologies	Post Doc au Japon au RIKEN Institute à Yokohama
MONCLUS Romain	Francis Delmotte	26/06/2006		Région Centre & INRA	Université d'Orléans	Sciences et Technologies	Décédé en 2006

THESES SOUTENUES au cours des 4 dernières années: 4 | dont THESES AVEC PUBLICATIONS OU BREVETS avant 01/01/2007 4 |

(1) Mois et année

(2) Préciser les numéros des Publications répertoriés dans les fiches II.2.1, II.2.2 pour les Conférences invités, II.2.5 pour les Brevets (préfixer les numéros respectivement par P, C et B

(3) Exemples : A : Allocation de recherche ; AM : Allocataire-moniteur ; AC Allocations Couplées AMX : Allocataires-moniteurs-polytechniciens

ATER ; CIFRE ; SEC-DEG Enseignant du second degré, BDI CNRS, BOURSES INDUSTRIES, BOURSES ASSOCIATIONS CARITATIVES, BOURSES REGIONALES ; AUTRES à préciser

(4) Faire apparaître les situations suivantes : Post-Doc, ATER, Enseignement Supérieur (hors ATER), Organismes (ou porter le sigle), Entreprises, Administration, Enseignement secondaire, Service National, situation précaire, sans emploi.

II. Bilan quantitatif des productions des unités

II.1. Publications scientifiques

1.1. Articles ou communications primaires (résultats originaux)

1.1.1. Dans périodique à comité de lecture

UR AGPF

2004

- Acheré V., Faivre-Rampant P., **Pâques L.E.**, Prat D. 2004. Chloroplast and mitochondrial molecular tests identify European x Japanese larch hybrids. *Theor. Appl. Genet.* 108 : 1643-1649
- Anderson J. V., Delseny M., Fregene M. A., **Jorge V.**, Mba C., Lopez C., Restrepo S., Soto M., Piégu B., Verdier V., Cooke R., Tohme J., and Horvath D. P. 2004. An EST resource for cassava and other species of *Euphorbiaceae*. *Plant Molecular Biology* 56: 527-539
- Breton C., Cornu D.**, Chriqui D., Sauvanet A., **Capelli P.**, Germain E. and Jay-Allemand C. 2004 Somatic embryogenesis, micropropagation and plant regeneration of « Early Mature » walnut trees (*Juglans regia* L.) that flower *in vitro*. *Tree Physiol.* 24 : 425-435
- Déjardin A, Leplé J-C, Lesage-Descauses M-C, Costa G, Pilate G.** 2004. Expressed sequence tags from poplar wood tissues – a comparative analysis from multiple libraries. *Plant Biology*, 6 : 55-64
- Dowkiw A., Bastien C.** 2004. Characterization of two major genetic factors controlling partial resistance to *Melampsora larici-populina* leaf rust in hybrid poplars : strain-specificity, field expression, combined effects and relationship with a defeated complete resistance gene. *Phytopathology* 94: 1358-1367
- Gierlinger N., Jacques D., Grabner M., Wimmer R., Schwanninger M., **Rozenberg P., Pâques L.E.** 2004. Colour of larch heartwood and its relationships to extractives and brown-rot decay resistance. *Trees* 18: 102-108
- Gierlinger N., Schwanninger M., Wimmer R., **Pâques L.E.** 2004. Extractives and lignin content of different species and origins of *Larix* sp. and relationships to extractives and brown-rot decay-resistance. *Trees* 18 : 230-236
- Gleeson D., **Lelu-Walter M.A.**, Parkinson M. 2004. Influence of exogenous L-proline on embryogenic cultures of larch (*Larix leptoeuropaea* Dengler), sitka spruce (*Picea sitchensis* (Bong.) Carr) and oak (*Quercus robur* L.) subjected to cold and water stress. *Ann. For. Sci.*, 61: 125-128
- Gradolatto A., M-C. Canivenc-Lavier, J-P Basly, M-H Siess and **C. Teyssier.** 2004. Metabolism of apigenin by rat liver phase I and phase II enzymes and by isolated perfused rat liver. *Drug Metabolism and Disposition* 32: 58-65
- Guilley E., **Charpentier J.P.**, Ayadi N., Snakkers G., Nepveu G., Charrier B. 2004. Decay resistance against *Coriolus versicolor* in sessile oak (*Quercus petraea* Liebl.): analysis of the between-trees variability and correlations with extractives, tree growth and other basic wood properties. *Wood Science and Technology*, 38: 539-554
- Hannrup B., Cahalan C., Chantre G., Grabner M., Karlsson B., Le Bayon I., Jones G. L., Müller U., Pereira H., Rodrigues J. C., Rosner S., **Rozenberg P.**, Wilhelmsson L., Wimmer R., 2004, Genetic Parameters of Growth and Wood Quality Traits in *Picea abies*. *Scan. J. For. Res.*, 19:14-29.
- Ivković M., **Rozenberg P.** 2004. A method for description and modelling of within-ring wood density distribution in clones of three coniferous species, *Ann. For. Sci.* 61: 759-764
- Lafarguette F, Leplé J-C, Déjardin A, Laurans F, Costa G, Lesage-Descauses M-C, Pilate G,** 2004. Poplar genes encoding fasciclin-like arabinogalactan proteins are highly expressed in tension wood. *New Phytol.*, 164: 107-121
- Lapierre C, **Pilate G**, Pollet B, Mila I, **Leplé J-C**, Jouanin L, Kim H, Ralph J, 2004. Signatures of cinnamyl alcohol dehydrogenase deficiency in poplar lignins. *Phytochemistry*, 65: 313-321.

- Lopez C., **Jorge V.**, Piegu B., Mba C., Cortes D., Restrepo S., Soto M., Laudie M., Berger C., Cooke R., Delseny M., Tohme J., and Verdier V. 2004. A unigene catalogue of 5700 expressed genes in cassava. *Plant Molecular Biology* 56: 541-554.
- Montiel G.**, Gantet P., Jay-Allemand C., and **Breton C.** 2004 Transcription factor networks: pathways to the knowledge of root development. *Plant Physiol.* 136: 3478–3485
- Pâques L.E.** 2004. Role of European and Japanese larch in the genetic control of growth, architecture and wood quality traits in interspecific hybrids (*Larix x eurolepis* Henry). *Ann. For. Sci.* 60 : 1-9.
- Pilate G.**, Chabbert B., Cathala B., Yoshinaga A., **Leplé J-C.**, **Laurans F.**, Lapierre C., Ruel K. 2004. Lignification and tension wood. *Comptes Rendus Biologies*, 327 : 889-901
- Pilate G.**, **Déjardin A.**, **Laurans F.**, **Leplé J-C.**, 2004. Tension wood as a model for functional genomics of wood formation. *New Phytol.* 164: 63-72.
- Rozenberg P.**, Schüte G., Ivkovich M., **Bastien C.** and **Bastien J.-C.** 2004. Clonal variation of indirect cambium reaction to within-growing season temperature changes in Douglas-fir. *Forestry* 77: 257-268.
- Sanchez, L.**, Woolliams, J A, 2004. Impact of non-random mating on genetic variance and gene flow in populations with mass selection. *Genetics*, 166: 527-535.
- Santi F.**, Russel K., Menard M., **Dufour J.**, 2004. Screening wild cherry (*Prunus avium*) for resistance to bacterial canker through laboratory and field tests. *For Path.* 34: 349-362
- Verdier V., Restrepo S., Mosquera G., **Jorge V.**, and Lopez C. 2004. Recent progress in the characterization of molecular determinants in the *Xanthomonas axonopodis* pv. manihotis-cassava interaction. *Plant Molecular Biology* 56: 573-584.
- Wydra K., Zinsou V., **Jorge V.**, and Verdier V. 2004. Identification of Pathotypes of *Xanthomonas axonopodis* pv. manihotis in Africa and Detection of Quantitative Trait Loci and Markers for Resistance to Bacterial Blight of Cassava. *Phytopathology* 94: 1084-1093.

2005

- Chiapello H, **Bourgait I.**, Sourivong F, Heuclin G, Gendrault-Jacquemard A, Petit MA, El Karoui M. 2005. Systematic determination of the mosaic structure of bacterial genomes: species backbone versus strain-specific loops. *BMC Bioinformatics* 6: 171_
- Gleeson D., **Lelu-Walter MA.**, Parkinson M. 2005. Overproduction of proline in transgenic hybrid larch (*Larix x leptoeuropaea* (Dengler)) cultures renders them tolerant to cold, salt and frost. *Molecular Breeding*. 15: 21-29.
- Gradolatto A., J-P. Basly, R. Berges, **C. Teyssier**, M-C. Chagnon, M-H. Siess and M-C. Canivenc-Lavier. 2005. Pharmacokinetic and metabolism of apigenin in female and male rats after a single oral administration. *Drug Metabolism and Disposition* 33: 49-54.
- Gros-Louis M.C., Bousquet J., **Pâques L.E.**, Isabel N. 2005. Species-diagnostic markers in *Larix* spp. based on RAPDs and nuclear, cpDNA, and mtDNA gene sequences, and their phylogenetic implications. *Tree Genetics & Genomes* 1: 50-63
- Jorge V.**, **Dowkiw A.**, Faivre-Rampant P., **Bastien C.** 2005. Genetic architecture of qualitative and quantitative *Melampsora larici-populina* leaf rust resistance in hybrid poplar: genetic mapping and QTL detection. *New Phytol.* 167: 113-127.
- Marion C, **Label P.**, Perré P. 2005. Caractérisation de l'agencement cellulaire du bois par des critères morphologiques objectifs. *Les Cahiers Scientifiques du Bois* 3: 31-48
- Marron N., **M. Villar**, E. Dreyer, D. Delay, E. Boudouresque, JM Petit, FM. Delmotte, JM Guehl, F. Brignolas. 2005. Diversity of leaf traits related to productivity in 31 *Populus deltoides* x *Populus nigra* clones. *Tree Physiol* 25:425-435
- Monclus R., Dreyer E., Delmotte FM., **Villar M.**, Delay D., Boudouresque E., Petit JM, Guehl JM, Brignolas F. 2005. Productivity, leaf traits and carbon isotope discrimination in 29 *Populus deltoides* x *P. nigra* clones. *New Phytol.* 167 : 53-62
- Rasse N., **Santi F.**, **Dufour J.**, **Gauthier A.** 2005. Adaptation et performance de merisiers testés dans et hors de leur région d'origine. Conséquences pour l'utilisation de variétés. *Rev. For. Fr.* LVII 3, 277-287

- Rincon A., Priha O., **Lelu-Walter M.A.**, Sotta B. et Le Tacon F. 2005. Shoot water status and ABA responses of transgenic hybrid larch *Larix kaempferi* x *L. decidua* to ectomycorrhizal fungi and osmotic stress. *Tree Physiology*, 25, 1101-1108.
- Tagu D., **Bastien C.**, Faivre-Rampant P., Garbaye J., Vion P., **Villar M.**, Martin F. 2005. Genetic analysis of phenotypic variation for ectomycorrhiza formation in an interspecific F1 poplar full-sib family. *Mycorrhiza* 15 : 87-91.
- Vanden Broeck A., **Villar M.**, Van Bockstaele E., Van Slycken J. 2005. Natural hybridization between cultivated poplars and their wild relatives: evidence and consequences for native poplar populations. *Ann. For. Sci.* 62:601-613
- Villarejo A, Buren S, Larsson S, **Déjardin A**, Monne M, Rudhe C, Karlsson J, Jansson S, Lerouge P, Rolland N, von Heijne G, Grebe M, Bako L, Samuelsson G 2005. Evidence for a protein transported through the secretory pathway en route to the higher plant chloroplast. *Nature Cell Biology*. 7:1224-31
- Zamudio F., **Rozenberg P.**, Baettig R., Vergara A., Yañez M., Gantz C. 2005, Genetic variation of wood density components in a radiata pine progeny test located in the south of Chile, *Ann. For. Sci.* 62: 105-114

2006

- Brachet S., **Bastien C.**, Bilger I., **Buret C.**, **Dufour J.**, Grange J., **Guérin V.**, **Jorge V.**, **Le Guéroué B.**, **Lesage MC.**, **Lévêque L.**, **Mardare I.**, Mariette S., **Musch B.**, **Sanchez L.**, Stoeckhel S., **Villar M.**, **Santi F.** 2006. Stratégies raisonnées d'échantillonnage pour capturer la diversité génétique et sa structuration dans les populations naturelles – Application aux mesures de gestion conservatoire. *Actes du colloque du Bureau des Ressources Génétiques* 6 : 211-230.
- Dowkiw A.**, **Bastien C.** 2006. Presence of defeated qualitative resistance genes frequently has major impact on quantitative resistance to *Melampsora larici-populina* leaf rust in *P. x interamericana* hybrid poplars. *Tree Genetics and Genomes* DOI 10.1007/s11295-006-0062-0.
- Grabner M., Cherubini P., **Rozenberg P.**, Hannrup B. 2006. Summer drought and low earlywood density are inducing intra-annual radial cracks in conifers. *Scandinavian Journal of Forest Research* 21 : 151 – 157
- Laurans F.**, **Déjardin A.**, **Leplé J-C.**, **Pilate G.** 2006. Physiologie de la formation des parois de fibres de bois. *Revue des Composites et des Matériaux Avancés (RCMA)*, 16, 25-40
- Lelu-Walter M.A.**, Bernier-Cardou M. et Klimaszewska K. 2006. Simplified and improved somatic embryogenesis for clonal propagation of *Pinus pinaster*. *Plant Cell Reports*, 25, 767-776.
- Marron N., **Bastien C.**, Sabatti M., Taylor G., Ceulemans R. 2006. Plasticity of growth and sylleptic branchiness in two poplar families grown at three sites across Europe. *Tree Physiol.* 26: 935-945.
- Mathieu M, **Lelu-Walter M.A.**, Blervacq A.S, David H., Hawkins S. et Neutelings G. 2006. Germin-like genes are expressed during somatic embryogenesis and early development of conifers. *Plant Molecular Biology*, 61, 615-627.
- Monclus R.**, Dreyer E., **Villar M.**, Delmotte FM., Delay D., Petit JM, Barbaroux C., Le Thiec D., Brechet C., Brignolas F.. 2006. Impact on drought on productivity and water use efficiency in 29 genotypes of *Populus deltoides* x *P. nigra* clones. *New Phytol.* 169 :765-777.
- Morabito D, Caruso A, Carpin S, **Carli C.**, **Laurans F.**, Depierreux C, Kahlem G, **Label P** 2006 Cambial activity of *Populus tremula* x *Populus alba* clone 717-1B4 in hydroponic culture. *Can. J. For. Res.* 36: 719-724
- Pâques L.E.**, Philippe G., Prat D. 2006. Identification of European and Japanese larch and their interspecific hybrid with morphological markers : application to young seedlings. *Silvae Genet.* 55: 123-134
- Park Y.S., **Lelu-Walter M.A.**, Harvengt L., Trontin J.F., MacEacheron I., Klimaszewska K. et Bonga J.M. 2006. Initiation of somatic embryogenesis in *Pinus banksiana*, *P. strobus*, *P. pinaster*, and *P. sylvestris* at three laboratories in Canada and France. *Plant Cell Tissue Org. Cult.* 86: 87-101.
- Pichot C., **Bastien C.**, Courbet F., **Musch B.**, Dreyfus P., Fady B., Frascaria-Lacoste N., Gerber S., Lefèvre F., Morand-Prieur ME., Oddou S., Teissier du Cros E., **Valadon A.**, 2006. Déterminants et

- conséquences de la qualité génétique des graines et semis lors de la phase initiale de régénération naturelle des peuplements forestiers. Actes du Colloques du Bureau des Ressources Génétiques 6: Pot D., Rodriguès JC, **Rozenberg P.**, Chantre G., Tibbits J., Cahalan C., Pichavant F., Plomion C. 2006. QTLs and candidates genes for wood properties in maritime pine (*Pinus pinaster* Ait.). *Tree Genetics and Genomes* 2: 10-24
- Sánchez, L.**, Santiago, E. & Caballero, A. 2006. Maximising polygenic response to selection with an optimal frequency path for a selected major gene. Proc. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 13-18 août 2006, Belo Horizonte, Brésil. Article 30-17.
- Sánchez, L.**, Santiago, E. & Caballero, A. 2006. Palliating the impact of fixation of a major gene on the genetic variation of artificially selected polygenes. *Genetical Research*, 88: 105-118..
- Tuskan G, DiFazio S, Bohlmann J, Grigoriev I, Hellsten U, Jansson S, Putnam N, Ralph S, Rombauts S, Salamov A, Schein J, Sterck L, Aerts A, Bhalerao RR, Bhalerao RP, Blaudez D, Boerjan W, Brun A, Brunner A, Busov V, Campbell M, Carlson J, Chalot M, Chapman J, Chen G-L, Cooper D, Coutinho P, Couturier J, Covert S, Cronk Q, Cunningham R, Davis J, Degroove S, **Déjardin A**, de Pamphilis C, Detter J, Dirks B, Dubchak I, Duplessis S, Ehlting J, Ellis B, Gendler K, Goodstein D, Gribskov M, Grimwood J, Groover A, Gunter L, Hamberger B, Heinze B, Helariutta Y, Henrissat B, Holligan D, Holt R, Huang W, Islam-Faridi N, Jones S, Jones-Rhoades M, Jorgensen R, Joshi C, Kangasjärvi J, Karlsson J, Kelleher C, Kirkpatrick R, Kirst M, Kohler A, Kalluri U, Larimer F, Leebens-Mack J, **Leplé J-C**, Locascio P, Luo Y, Lucas S, Martin F, Montanini B, Napoli C, Nelson D-R, Nelson C, Nieminen K, Nilsson O, Peter G, Philippe R, **Pilate G**, Poliakov A, Razumovskaya J, Richardson P, Rinaldi C, Ritland K, Rouzé P, Ryaboy D, Schmutz J, Schrader J, Segerman B, Shin H, Siddiqui A, Sterky F, Terry A, Tsai C, Uberbacher E, Unneberg P, Vahala J, Wall K, Wessler S, Yang G, Yin T, Douglas C, Sandberg G, Van de Peer Y, Rokhsar D. 2006. The genome of black cottonwood, *Populus trichocarpa* (Torr. & Gray ex Brayshaw). *Science* 313: 1596-1604.
- Wenes, A. L., Bourguet, D., Andow, D. A., Courtin, C., Carré, G., Lorme, P., **Sánchez, L.** & Augustin, S. 2006. Frequency and fitness cost of resistance to *Bacillus thuringiensis* in *Chrysomela tremulae* (Coleoptera: Chrysomelidae). *Heredity* 97: 127-134.

2007

- Arnaud D, Déjardin A, Leplé J-C, Lesage-Descauses M-C, Pilate G.** 2007. Genome-wide analysis of LIM gene family in *Populus trichocarpa*, *Arabidopsis thaliana* and *Oryza sativa*. *DNA Research*, in press.
- Dillen S.Y., Marron N., **Bastien C.**, Riciotti L., Salani F., Sabatti M., Pinel M.P.C., Rae A.M., Taylor G., Ceulemans R. 2007. Effects of environment and progeny on biomass estimation of five hybrid poplar families grown at three contrasting sites across Europe. *Forest Ecology and Management* (accepté pour publication).
- Gaudet M., **Jorge V.**, Paolucci I., Beritognolo I., Scarascia Mugnozza G., Sabatti M. 2007. Genetic linkage maps of *Populus nigra* L. including AFLPs, SSRs, SNPs, and sex trait. *Tree Genetics and Genomes*. In press. DOI 10.1007/s11295-007-0085-1
- Hopkins DW, Webster EA, Boerjan W, **Pilate G**, Halpin C. 2007. Genetically modified lignin belowground, 2007. *Nature Biotechnology*, 25, 168-169.
- Martinez-Meier A, Sanchez L, Dalla Salda G**, Pastorino M, Gautry J-Y, Gallo LA, & **Rozenberg P.** 2007. Genetic control of the tree-ring response of Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco) to the 2003 drought and heat-wave in France. *Annals of Forest Science* (In press).
- Montiel G., Breton C.**, Thiersault M., Burlat V., Jay-Allemand C. and Gantet P. 2007. The root-specific transcription factor AGL12 from *Arabidopsis* promotes tissue-like organisation and alkaloid biosynthesis in *Catharanthus roseus* suspension cells. *Metabolic Engineering*, 9: 125-132.
- Rae A.M., Pinel M.P.C., **Bastien C.**, Sabatti M., Street N.P., Tucker J., Dixon C., Marron N., Dillen S.Y., Taylor G. 2007. QTL for yield in bioenergy *Populus* : identifying GxE interactions from growth at three contrasting sites. *Tree Genetics and Genomes* (accepté pour publication).

- Rodrigues S., JG. Breheret, JJ. Macaire, S. Greulich, **M. Villar**. 2007. In-channel woody vegetation controls on sedimentary processes and the sedimentary record within alluvial environments: a modern example of an anabranch of the River Loire, France. *Sedimentology* 54 : 223-242
- Sánchez L**, Yanchuck AA. & King JN. 2007. Gametic models for multitrait selection schemes to study variance of response and drift under adverse correlations. *Tree Genetics & Genomes* (In press).
- Sánchez -Vargas N**, **Sánchez L** & **Rozenberg P**. 2007. Plastic and adaptive response to weather events: a pilot study in a maritime pine tree-ring. *Canadian Journal of Forest Research* (In press).
- Stoehr M., Yanchuck AA, Xie CY & **Sánchez L**. 2007. Gain and diversity in advanced generation coastal Douglas fir selections for seed productions populations: to subline or not to subline. *Tree Genetics & Genomes* (In press).
- Yoshinaga A, Wada M, Fujita M, Chabbert B, **Pilate G**. 2007. Modified lignification in the cell walls of CAD depressed poplars. *IAWA J.* sous presse.

USC CGAF

2004

- [Austerlitz F](#), [Dick CW](#), [Dutech C](#), [Klein EK](#), [Oddou-Muratorio S.](#), [Smouse PE](#), [Sork VL](#). 2004. [Using genetic markers to estimate the pollen dispersal curve](#). *Molecular Ecology* 13: 937-954.
- Musch B.**, **Valadon A.**, 2004. Réseaux forestiers de conservation in situ : le point de vue du gestionnaire. In "Un dialogue pour la diversité génétique" (BRG, Ed.), pp. 19-36, Les Actes du BRG, Lyon.
- Oddou-Muratorio S.**, **Demesure-Musch B.**, Pelissier R., Gouyon P.-H. 2004. Impacts of gene flow and logging history on the local genetic structure of a scattered tree species, *Sorbus torminalis* L. Crantz. *Molecular Ecology* 13: 3689-3702

2005

- Oddou-Muratorio S**, Klein EK, Austerlitz F. 2005 Pollen flow in the wildservice tree, *Sorbus torminalis* (L.) Crantz. II. Pollen dispersal and heterogeneity in mating success inferred from parent-offspring analysis. *Molecular Ecology* 14: 4441-4452

2006

- Oddou-Muratorio S**, Klein EK, **Demesure-Musch B**, Austerlitz F. 2006 Real-time patterns of pollen flow in the wild-service tree, *Sorbus torminalis* (Rosaceae). III. Mating patterns and the ecological maternal neighborhood. *Am. J. Bot.* 93: 1650-1659.

1.1.2. Dans périodique sans comité de lecture

1.1.3. Rapports diplômants (DEA, thèse...)

UR AGPF

- Bechereau J.**, 2005. Quantification de l'importance du phénomène de drageonnage dans deux populations naturelles de merisiers. Master II, Université d'Orléans .
- Durand N**, 2006. Etude de l'interaction entre une sécheresse modérée et une contrainte mécanique sur la formation du bois chez le peuplier. Master ETAH 1ère année, Université d'Orléans
- Fichot R**, 2006. Impact d'une sécheresse modérée sur la diversité génotypique de l'anatomie du bois de peupliers contrastés pour leur discrimination isotopique vis-à-vis du carbone. Stage de Master ETAH 2ème année, Université d'Orléans
- Goué N**. 2005. Etude de l'expression de gènes par type cellulaire dans le cambium de peuplier (*Populus trichocarpa* x *P. deltoides* var Boelare). Thèse soutenue le 20 avril 2005 à l'Université d'Orléans..

- Juteau M.** 2006. Mise en œuvre d'un système d'information géographique pour l'étude des flux de pollen chez les peupliers sauvages (*Populus nigra* L.) et depuis les peupliers cultivés (*Populus nigra* var. *italica*). Mémoire de Master 2 de l'université d'Orléans. 61 p. + 2 annexes.
- Lafarguette F.** 2003. Identification et caractérisation de gènes régulés lors de la formation du bois de tension chez le peuplier. Thèse soutenue le 23 octobre 2003 à l'Université d'Orléans
- Levesque C.** 2004. La rectitude du mélèze hybride : étude du contrôle génétique et de l'influence des conditions expérimentales. Mémoire de fin d'études, ISAB-Beauvais. 97pp.
- Mardare I.** 2004. Diversité génétique et variabilité de la résistance partielle à la rouille chez le peuplier noir". Mémoire de DEA Génétique, Adaptation et Productions Végétales, Université Rennes I-ENSAR. 25 pp.
- Marjoux A.** 2005. Rôle de la densité d'arbres reproducteurs sur la qualité génétique des graines : cas d'une régénération naturelle de pin sylvestre. Mémoire de Master II « Ecosystèmes terrestres et actions de l'Homme », Université Orléans, 30 pp.
- Masle J.-P.**, 2006. Cartographie fine d'un facteur de résistance quantitative à *Melampsora larici-populina* chez le peuplier, Mémoire de fin d'études ingénieur ISAB.
- Monclus R.** 2006. Efficience d'utilisation de l'eau et tolérance à la sécheresse chez le peuplier. Thèse soutenue le 26 juin 2006 à l'université d'Orléans
- Montiel G.** 2003. Etude fonctionnelle des facteurs de transcription AGL12 et CrMYC2 dans les processus de différenciation morphologique et de différenciation métabolique de racines et de cellules végétales cultivées in vitro. Thèse soutenue le 10 novembre 2003 à l'Université de Tours

1.1.4. Communications courtes dans congrès, symposiums (préciser le support écrit poster, résumé ou texte intégral)

UR AGPF

2004

- Arnaud D, Lesage-Descauses M-C., Millet N, Laurans F, Déjardin A, Leplé J-C, Pilate G.** 2004. Recherche de facteurs de transcription impliqués dans la différenciation des fibres G du bois de tension chez le peuplier, 8èmes journées "Biologie Moléculaire des Ligneux", Clermont-Ferrand, 11-13 Mai, communication orale
- Augustin S, Carré G, Courtin C, Dubois V, Génissel A, Lorme P, Wenes A-L, Réjasse A, **Pilate G, Leplé J-C**, Bourguet D. 2004. Transgenic poplar and the poplar leaf beetle: state-of-the-art on the risk of the evolution of insect resistance. Working Party Insect Pests, 22th Session of International Poplar Commission, Santiago, Chile, 29 Novembre-3 Décembre
- Bastien C.** 2004. Statistical analysis of forest genetic experiments: some key points: (formation d'une journée). PROFOREST Workshop on "New approaches in forest tree genetics", Varsovie, 24-27 Août 2004, Pologne
- Bastien C., Masimbert M.** 2004. Etat des recherches en génétique forestière au sein du Département EFPA de l'INRA, Communication invitée à la section « Forêts » de l'Académie d'Agriculture, 10 Mars 2004
- Bastien C., Nowakowska J., Le Guerroué B., Musch B.** 2004. Statistical analysis of microsatellite marker data on Scots pine populations. PROFOREST Workshop on "New approaches in forest tree genetics", Varsovie, 24-27 Août 2004, Pologne
- Beaujard F, Delaire M, Martin A, **Millet N, Pilate G.** 2004. Multiplication végétative du peuplier par microbouturage : évaluation des jeunes plants destinés à l'expérimentation. Réseau Ecophysiologie de l'Arbre. Ecole Thématique, «Réponses des plantes aux facteurs environnementaux abiotiques : perception, régulation et conséquences sur la croissance et le développement », Montpellier, 30 Novembre- 3 Décembre, poster
- Breton C.** 2004 Amélioration de l'enracinement du noyer (*Juglans* sp.) par transformation génétique. Communication orale, Colloque Biotechnocentre, Mur-de-Sologne, 4-5 Novembre 2004.

- Breton C.** 2004 Identification of genes involved in heartwood formation in walnut and other species. Communication orale, European project Alfa GEMA (Genetica de la maderia) kick-off meeting, Talca, Chili, 24-28 Mai 2004.
- Breton C.** 2004 MADS in a walNUT shell. Communication orale sur invitation, ESF Exploratory Workshop: Functional evolution of MADS domain proteins, Jena, Allemagne, 26-28 Mars 2004.
- Breton C.** 2004 Un petit vent de "folie" chez le noyer: Etude de quelques gènes à boîte "MADS" lors de la floraison et du développement des racines chez le noyer. Communication orale, Séminaire interne, INRA-Colmar, 22 juin 2004.
- Costes C., Bert P-F, Jorge V** 2004. Développement de marqueurs microsatellites chez le peuplier à partir de bases de donnée EST. Communication. 8èmes journées « Biologie Moléculaire des Ligneux », Clermont-Ferrand, 11-13 mai 2004.
- Déjardin A, Leplé J-C, Saintenac C, Lesage-Descauses M-C, Laurans F, Millet N, Pilate G.** 2004. Genomics and tension wood formation: toward an understanding of *Populus* adaptation to mechanical stress. 12th New Phytologist Symposium: Functional genomics of environmental adaptation in *Populus*, Gatlinburg, Tennessee, USA, 10-13 Octobre, poster
- Habrant A., **Laurans F., Déjardin A., Leplé J-C, Pilate G.**, Cathala B., Chabbert B. 2004. Physical and chemical changes of poplar cell walls during tension wood formation. 12 th International symposium on wood and pulping chemistry (ISWPC), Madison Wisconsin (USA), 8-12 Juin 2004
- Jorge V., Bert P.-F, Costes C,** Faivre-Rampant P. 2004 Alignement of poplar linkage maps through SSR markers genetic mapping. Poster 12th New Phytologist Symposium on Functional Genomics of environmental adaptation in *Populus*, 10–13 Octobre 2004, Gatlinburg, TN, Etats-Unis
- Laurans F, Pilate G.** 2004. Physiologie de la formation du bois de tension chez le peuplier : un rôle pour les AGP. Séminaire à l'UMR 6037 "Glycobiologie et Transports chez les Végétaux", Université de Rouen, Rouen, 18 Mars, communication orale
- Leplé J-C, Déjardin A, Laurans F, Lesage-Descauses M-C, Arnaud D, Millet N, Pilate G.** 2004. Génomique de la formation du bois de tension: vers une meilleure compréhension des déterminants des propriétés mécaniques du bois ? GDR Assemblage des Molécules Végétales, Draveil, 1-3 Décembre, communication orale
- Lesage-Descauses M-C, Déjardin A, Leplé J-C, Costa G, Arnaud D, Laurans F, Millet N, Pilate G.** 2004. Approche génomique de la formation du bois chez le peuplier. 8èmes journées "Biologie Moléculaire des Ligneux", Clermont-Ferrand, 11-13 Mai, communication orale
- Monclus R., Bastien C.,** Brignolas F., Delmotte F., Dreyer E., **Villar M., Jorge V.** 2004. Adaptation to drought in *Populus* : QTL analysis of productivity and carbon isotope discrimination. 12th New Phytologist Symposium on "Functional genomics of environmental adaptation in *Populus*", Gatlinburg, Tennessee, USA, 10-13 Octobre 2004
- Pâques L.E.** 2004. Challenges for successful larch breeding in Western Europe. Keynote address. In Proc. LARIX 2004 IUFRO meeting, Kyoto, Japan , 26 septembre-1 octobre 2004
- Pilate G, Déjardin A, Lesage-Descauses M-C, Laurans F, Lafarguette F, Costa G, Leplé J-C.** 2004. A specific function for arabinogalactan proteins during tension wood formation? Workshop "Forest Genomics", Cost Action E28, Cracow, Poland, 26-27 Août, communication orale
- Pilate G, Leplé J-C, Millet N, Villar M, Augustin S, Bourguet D, Blanluet R, Cornu D.** 2004. Evaluation of transgenic trees: what did we learned? ESF Scientific Programme: Assessment of the Impacts of Genetically Modified Plants (AIGM), Workshop "Risk assessment of transgenic long-lived plants: ecology and social aspects", Umeå, Sweden, 19-22 Février, communication orale
- Rae AM., Pinel MPC., **Bastien C.,** Sabatti M., Scarascia-Mugnozza G., Taylor G. 2004. Using the POPYOMICS experimental network across contrasting European climates to identify robust QTL for adaptive traits. 12th New Phytologist Symposium on "Functional genomics of environmental adaptation in *Populus*", Gatlinburg, Tennessee, USA, 10-13 Octobre 2004
- Ribeiro, M. M., **Sánchez, L.,** Ribeiro, C., Carocha, V., Araújo, J. A., Borralho, N., Marques, C. M. 2004. Molecular estimates of similarity in *Eucalyptus globulus*. Eucalyptus in a changing world. International IUFRO Conference of the WP2.08.03 on Silviculture and Improvement of Eucalypts, 11-15 octobre 2004, Aveiro, Portugal. (Poster).

- Ribeiro, M. M., **Sánchez, L.**, Ribeiro, C., Carocha, V., Araújo, J. A., Borralho, N., Marques, C. M. Microsatellite allele diversity as a tool for evaluating levels of relatedness amongst *E. globulus* elite parents with unknown pedigree. XXXI Jornadas Portuguesas de Genética, 5 - 6 février 2004, Lisbonne, Portugal. (communication orale).
- Rozenberg P.**, Pâques L.. 2004. Evidence of the effect of the climate of year 2003 on Douglas-fir and larch wood formation in France, Impacts of the Drought and Heat in 2003 on Forests, 17th – 19th November 2004, Freiburg, Germany
- Rozenberg P.**, Pot D., **Sanchez L.**, Ivković M., Franc A. 2004. Heritability of wood microdensity as a description of the genetic control of tree plasticity in maritime pine, International Symposium on Wood Sciences, October 24-29, 2004, Montpellier, France
- Ruel K, Imai T, **Pilate G**, **Léplé J-C**, Joseleau J-P. 2004. Influence of mechanical strain and genetic factors on the formation of tension wood in poplar trees. Tree Biotechnology 2003, IUFRO/ Molecular Biology of forest trees, Umea, Suède, 7-12 Juin (communication orale).
- Sánchez, L.**, King, J. N. & Yanchuk, A. D. Modelling the impact of adverse correlations on selection response over generations: some alternative strategies. IUFRO Joint Conference of Division 2; Forest Genetics and Tree Breeding in the age of Genomics: Progress and Future, 1-5 novembre 2004, Charleston, North Carolina, USA. (I) (communication orale).
- Sánchez, L.**, Ribeiro, M. M., Ribeiro, C., Araújo, J. A., Borralho, N., Marques, C. M. Optimizing the choice of microsatellite markers for fingerprinting *Eucalyptus*. *Eucalyptus* in a changing world. International IUFRO Conference of the WP2.08.03 on Silviculture and Improvement of *Eucalypts*, 11-15 octobre 2004, Aveiro, Portugal. (Poster).

2005

- Arnaud D**, **Lesage-Descauses M-C**, **Laurans F**, **Déjardin A**, **Léplé J-C**, **Pilate G**. 2005. Recherche de facteurs de transcription impliqués dans la différenciation des fibres G du bois de tension chez le peuplier : Analyse de l'expression des gènes de la famille LIM, Journées du Réseau Français des Parois, Rouen, 9-10 Septembre, poster
- Bastien C.**, Saidman B., **Jorge V.**, **Sanchez L.** 2005. Combining molecular markers and wood characters for representing natural diversity in poplars. GEMA- COST 28 Meeting, Orléans, 8-11 Octobre 2005
- D'Errico R**, Salerno G, **Label P**. 2005 Cloning full length cDNA of selected cell-type specific genes in the cambium of poplar. Towards expression profiling. In COST, ed, Alfa-GEMA & COST-E28 WG1 joint conference. COST E28, 9-16 Octobre 2005, Orléans, France
- Déjardin A**, **Laurans F**, **Millet N**, **Moreau A**, **Lesage-Descauses M-C**, **Léplé J-C** **Pilate G**. 2005. Caractérisation d'un promoteur de cellulose synthase spécifique du bois de tension de peuplier. Journées du Réseau Français des Parois, Rouen, 9-10 Septembre, poster
- Déjardin A**, **Léplé J-C**, **Saintenac C**, **Lesage-Descauses M-C**, **Laurans F**, **Millet N**, **Pilate G**, 2005. Genomics and tension wood formation: toward an understanding of *Populus* adaptation to mechanical stress. COST CEMARE, "Cell wall macromolecules and reaction wood", Montpellier, 3-4 Novembre (poster).
- Giovannelli A, Macchioni N, Caparrini S, Berta M, Morabito D, Carpin S, Castro G, **Rozenberg P**, **Label P**, Racchi M. 2005. Studies on wood formation and cambial growth in response to water deficit in poplar, European project Alfa GEMA and COST group « Forest Genomics » joint meeting, 9 to 16 october 2005, Museum of natural history, Orléans, France
- Lafarguette F**, **Léplé J-C**, **Déjardin A**, **Laurans F**, **Costa G**, **Lesage-Descauses M-C**, **Pilate G**. 2005. Poplar genes encoding fasciclin-like arabinogalactan proteins are highly expressed in tension wood. Journées du Réseau Français des Parois, Rouen, 9-10 Septembre (communication orale).
- Léplé J-C**, **Lesage-Descauses M-C**, **Laurans F**, **Saintenac C**, **Déjardin A**, **Pilate G**, 2005. Un exemple d'utilisation de la technique des biopuces (« microarray ») à l'étude du transcriptome de peuplier : l'identification de gènes exprimés de manière différentielle entre bois de tension et bois opposé. Journées du Réseau Français des Parois, Rouen, 9-10 Septembre (poster)

- Leplé J-C, Lesages-Descauses M-C, Berthelin S, Laurans F, Arnaud, D, Déjardin A, Pilate G.** 2005. Etude transcriptomique sur la formation du bois. Journées du GIS-SST "Du gène à la fonction : structure 3 D des protéines", Orléans, 23 Novembre (communication orale)
- Leplé J-C, Lesages-Descauses M-C, Laurans F, Saintenac C, Déjardin A, Pilate G.** 2005. Un exemple d'utilisation de la technique des biopuces (« microarray ») à l'étude du transcriptome de peuplier : l'identification de gènes exprimés de manière différentielle entre bois de tension et bois opposé. GDR Assemblage des Molécules Végétales, Bordeaux, 5-7 décembre (poster)
- Park Y.S., Klimaszewska K., Lelu-Walter M.A., Harvengt L., Trontin J.F. et Bonga J.** 2005. Accomplishments and challenges of conifer somatic embryogenesis for the implementation of multi-varietal forestry. Tree Biotechnology IUFRO, Pretoria Afrique du Sud. (poster).
- Pilate G.** 2005. Functional genomics and tension wood formation. Séminaire au Tree Cell Biology Lab, Division of Forest and Biomaterials Science, Graduate School of Agriculture, Université de Kyoto, Kyoto (Japon), 30 Mars (communication orale)
- Pilate G, Laurans F, Déjardin A, Descauses M-C, Millet N, Moreau A, Leplé J-C.** 2005. Physiologie de la formation des parois des fibres de bois. Journées Scientifiques et Techniques (AMAC), "Renforcement des polymères par des fibres végétales", Université de Bretagne Sud, Lorient, 9-10 Juin (communication orale)
- Vilardi JC, Rozenberg P., Sánchez L.** 2005. Evaluation of bias and precision of methods of relationship and heritability estimation in nature by means of simulation assays, European project Alfa GEMA and COST group « Forest Genomics » joint meeting, 9 to 16 October 2005, Museum of natural history, Orléans, France
- Vilardi, J. C., Rozenberg, P. & Sánchez, L.** 2005. Evaluación de la exactitud y precisión de métodos de estimación de parentesco y heredabilidad mediante ensayos de simulación. XXXIV Congreso Argentino de Genética, 11-14 septembre 2005, Trelew, Argentina. (Poster).
- Villar M., E. Collin.** 2005. Conserver et valoriser ormes lisses et peupliers noirs dans le bassin de la Loire. In : Club des gestionnaires des levées et du lit du bassin de la Loire. DIREN Centre. Service de Bassin Loire Bretagne – MOG. 30 juin 2005 (communication orale)
- Villar M., E. M. Chantereau, O. Forestier, H. Le Boulter, E. Collin.** 2005. Conservation et valorisation de deux espèces forestières ligériennes : le peuplier noir (*Populus nigra*) et l'orme lisse (*Ulmus laevis*). Université d'été Val de Loire, Patrimoine Mondial Unesco, Tours, France, 26 septembre 2005 (communication orale ; Proceedings in press)

2006

- Arnaud D, Lesage-Descauses M-C, Millet N, Laurans F, Déjardin A, Leplé J-C, Pilate G.** 2006. Recherche de facteurs de transcription impliqués dans la différenciation du bois de tension chez le peuplier : Analyse de l'expression des gènes de la famille LIM. 9èmes journées "Biologie Moléculaire des Ligneux", Orléans, 21-23 Mars (communication orale)
- Augustin S., Jorge V., Marcombe S., Courtin C., Lorme P., Faivre Rampant P., Villar M., Bastien C..** 2006. Identification and mapping of *Chrysomela tremulae* resistance QTL in poplar. Proc. International Poplar Symposium IV (IPSIV), IUFRO, Nanjing, Chine, juin 2006 (poster).
- Barbaroux C., Chamaillard S., Brignolas F., Villar M..** 2006. Recherche de déterminants écophysiologiques de la régénération naturelle du peuplier noir en bord de Loire. 19ème Colloque Biotechnocentre, Seillac 9 et 10 nov. 2006 (poster).
- Brachet, S., Bastien, C., Bilger, I., Buret, C., Dufour, J., Grange, J., Guerin, V., Jorge, V., Le Guerre, B., Lesage-Descauses, M. C., Leveque, L., Mardare, I., Mariette, S., Musch, B., Sánchez, L., Stoekel, S., Villar, M. & Santi, F.** 2006. Stratégies raisonnées d'échantillonnage pour capturer la diversité génétique et sa structuration dans les populations naturelles – Application aux mesures de gestion conservatoire. Actes 6e Colloque National Ressources Génétiques, 2-4 octobre 2006, La Rochelle, France. (Poster).
- Dowkiw A., Jorge V., Faivre-Rampant P., Frey P., Pinon J., Bastien C.** 2006. Remise en cause du potentiel de durabilité des résistances quantitatives à *Melampsora larici-populina* chez le peuplier

- hybride interaméricain. Journées Jean Chevaugnon, VI rencontres de Phytopathologie/mycologie de la Société Française de Phytopathologie. 15-19 janvier 2006, Aussois, France.
- Faivre-Rampant P., Bataille L., Bresson A., Boudet N., Chalhoub B., **Jorge V., Dowkiw A., Masle JP., Villar M., Bastien C.** 2006. Genetic and Physical mapping of a genetic factor involving in partial rust resistance in *Populus trichocarpa*. International Poplar Symposium IV, June 2-6, 2006, Nanjing - Chine
- Iida A, Yoshinaga A, Fujita M, **Pilate G.** 2006. Detection of structural change in lignins in the cell walls of CAD depressed poplar. 56th Annual Meeting of the Japan Wood Research Society, Akita (Japan), 8-10 Août, communication orale (Communication orale).
- Jorge V., Bastien C.,** Bataille L., Bresson A., Chalhoub B., **Dowkiw A.,** Giraut L., **Guérin V., Masle JP.,** Faivre-Rampant P. 2006. Vers le clonage positionnel d'un facteur de résistance quantitative à *Melampsora larici-populina* chez le peuplier. 9^{èmes} Journées « Biologie moléculaire des Ligneux », Orléans 21-23 Avril 2006
- Klimaszewska K,** Noceda C, Pelletier G, **Label P,** Rodriguez R et **Lelu-Walter MA.** 2006. Age dependent biological characteristics of embryonal mass of maritime pine in relation to the embryogenic potential. In Vitro Biology Meeting, Minneapolis, Minnesota, June 3-7, USA (poster).
- Leplé J-C, Déjardin A, Pilate G.** 2006. Gene discovery and evaluation of gene function in transgenic field-grown trees. Séminaire au Research Institute for Sustainable Humanosphere, Uji Campus, Kyoto, 7 Avril (communication orale)
- Leplé J-C, Déjardin A, Pilate G.** 2006. The functional genomics of wood formation in poplar. Séminaire au Forest Chemistry Lab, Nagoya University, Nagoya, 5 Avril (communication orale)
- Leplé J-C, Lesages-Descauses M-C, Laurans F, Saintenac C, Déjardin A, Pilate G.** 2006. Un exemple d'utilisation de la technique des biopuces (« microarray ») à l'étude du transcriptome de peuplier : l'identification de gènes exprimés de manière différentielle entre bois de tension et bois opposé. Journées Soleil-Région-Centre, Orléans, 13-14 Mars (poster)
- Marron N., Dillen S.Y., **Bastien C.,** Rae A., Pinel M.P.C., Taylor G., Sabatti M., Ricciotti L., Salani F., Ceulemans R. 2006. Site conditions affect expression of genetic variability for biomass production and its determinants in five poplar families at three sites in Europe. 1. Direct estimation of growth performance: tree dimensions and biomass production. International Poplar Symposium IV, June 2-6, 2006, Nanjing - Chine
- Marron N., Dillen S.Y., **Bastien C.,** Rae A., Pinel M.P.C., Taylor G., Sabatti M., Ricciotti L., Salani F., Ceulemans R. 2006. Site conditions affect expression of genetic variability for biomass production and its determinants in five poplar families at three sites in Europe. 2. Indirect estimation of growth performance: phenology, ramification and resprouting. International Poplar Symposium IV, June 2-6, 2006, Nanjing - Chine
- Martinez A., Rozenberg P., Sanchez L., Dalla Salda G.,** Pastorino M., Gallo L. 2006. Genetics of Douglas-fir response to 2003 heat wave in France, TRACE 2006 – Royal Museum for Central Africa, Belgium The annual conference and general meeting of the ATR, April 20th – 22nd, 2006
- Millet N., Leplé J.C., Déjardin A., Lesage-Descauses M.C., Laurans F., Moreau A., Pilate G.** 2006. Transformation génétique du peuplier, école technique "Gestion et maintenance de milieux confinés accueillant des expérimentations OGM et organismes de quarantaine", Montpellier 28-30 novembre, poster.
- Pâques L.E.** 2006. Heartwood formation and natural durability of larch. Siblarch conference, Arvidsjaur, August 21-22, 2006.
- Pilate G.** 2006. Ces gènes qui font le bois. Conférence Orléans-Débats au Museum des Sciences Naturelles, Orléans, 16 Mai (communication orale)
- Pilate G, Déjardin A, Lesage-Descauses M-C, Laurans F, Takeuchi M, Arnaud D, Millet N, Moreau A, Leplé JC.** 2006. Genomics and wood formation: a specific function for arabinogalactan proteins in tension wood? IIIe Cycle Romand en Sciences Biologiques, Séminaire à l'Université de Neufchatel, Neufchatel (Suisse), 23 Mai (communication orale)
- Sanchez Vargas N., Rozenberg P., Bastien C., Sanchez L.** 2006. Genetic control of tree response to climate characteristics of three years in a maritime pine clonal test, TRACE 2006 – Royal Museum

- for Central Africa, Belgium ,The annual conference and general meeting of the ATR, April 20th – 22nd, 2006
- Sánchez, L.**, Gerber, S., **Vilardi, J. C.**, Ducouso, A., Puech, J. L., Rathgeber, C. & **Rozenberg, P.** 2006. Heritabilities out of the beaten test site: looking at the perspectives of in situ inferences for forest tree species with a preliminary study in *Quercus* species. IUFRO Conference on Population Genetics and Genomics of Forest Trees: from Gene Function to Evolutionary Dynamics and Conservation, 1-6 octobre 2006, Alcalá de Henares, Espagne. (I). (Communication orale).
- Villar M.**, Forestier O. 2006. Ressources génétiques du peuplier noir (*Populus nigra* L.) dans la plaine rhénane alsacienne : états des lieux, programme de conservation et perspectives. Colmar, 8 novembre 2005. WSG Baden-Wurttemberg, 10 : 85-93 (Communication orale + Proceedings)

2007

- Arnaud D, Déjardin A, Leplé J-C, Lesage-Descauses M-C, Pilate G**, 2007. Genome-wide analysis of LIM gene family in /*Populus trichocarpa*/, /*Arabidopsis thaliana*/ and /*Oryza sativa*/. XI Cell Wall Meeting, Copenhagen (Danemark), 12-17 Août, communication orale.
- Déjardin A, Millet N, Boizot N, Lesage-Descauses M-C, Moreau A, Laurans F, Leplé J-C, Pilate G**, 2007. Gene silencing of CAD in RNAi transgenic poplars. XI Cell Wall Meeting, Copenhagen (Danemark), 12-17 Août, poster.
- Dillen S.Y., Marron N., **Bastien C.**, Riciotti L., Salani F., Sabatti M., Pinel M.P.C., Rae A.M., Taylor G., Ceulemans R. 2007. Effetcs of environnement and progeny on biomass estimation of five hybrid poplar families grown at three contrasting sites across Europe. 15th European Biomass Conferences Exhibition, 7-11 mai, Berlin, Allemagne.
- Takeuchi M, Déjardin, Leplé J-C, Laurans F, Millet N**, Aguié-Béghin V, Chabbert B, **Pilate G**, 2007. Unraveling the function of fasciclin-like arabinogalactan proteins in tension wood formation. XI Cell Wall Meeting, Copenhagen (Danemark), 12-17 Août, poster.
- Pilate G, Lesage-Descauses M-C, Fichot R, Laurans F, Dejardin A, Brignolas F, Leple J-C**, 2007. Physiological and molecular aspects of wood formation in poplar trees under both a water stress and a mechanical constraint. IUFRO/Molecular Biology of Forest Trees Tree Biotechnology 2007, Sao Miguel Azores (Portugal), 2-8 Juin, communication orale.
- Leple J-C, Lesage-Descauses M-C, Laurans F, Moreau A, Dejardin A**, Martin-Magniette M-L, **Pilate G**, 2007. Kinetic assessment of global gene expression changes during tension wood formation in poplar. IUFRO/Molecular Biology of Forest Trees Tree Biotechnology 2007, Sao Miguel Azores (Portugal), 2-8 Juin, poster.
- Fichot R, Laurans F, Montclus R, Moreau A, Villar L, Pilate G, Brignolas F**, 2007. Relations entre anatomie du bois, discrimination isotopique vis-à-vis du carbone, productivité et tolérance à la sécheresse chez *Populus deltoides* x *P. nigra*. JEF 2007, Biarritz, 19-22 mars, poster.

USC CGAF

- Valadon A., Musch B.** 2004. Réseaux forestiers de conservation in situ : le point de vue du gestionnaire. Colloque BRG "Un dialogue pour la diversité génétique". Lyon, 3-5 novembre 2004
- Valadon A., Musch B.** 2005. Genetic aspects in management of public forests in France. EUFORGEN – Forest Management Network – Lambrecht, 3-5 November 2005
- Bastien C., Bilger I., Brachet S., Buret C., Dufour J., Frascaria-Lacoste N., Grange J., Guérin V., Jorge V., Le Guerroué B., Lesage-Descauses M.C., Leveque L., Mardare I., Mariette S., Pichot C., Bastien C., Courbet F., **Demesure-Musch B.**, Dreyfus P., Fady B., Frascaria-Lacoste N., Gerber S., Lefèvre F., Morand-Prieur M. E., Oddou S., Teissier du Cros E., **Valadon A.** 2006. Déterminants et conséquences de la qualité génétique des graines et semis lors de la phase initiale de régénération naturelle des peuplements forestiers. Colloque BRG « Des ressources partagées » la Rochelle 2-4 Octobre
- Musch B.**, Oddou-Muratorio S., **Le Guerroué B.**, **Lévêque L.** 2006. Wild service tree : results of research and management implications. Programme COST, Lewen 10-13 Avril 2006

Musch B., Sanchez L., Santi F., Stoeckel S., Villar M. 2006. Recherche par simulation des meilleurs indicateurs puis comparaison de la diversité dans des collections et les populations de peuplier noir et de merisier. Colloque BRG « Des ressources partagées » la Rochelle 2-4 Octobre 2006

Valadon A., Eysteinson T., Foley N., Jasser C., Almeida M.H. 2006. Inappropriate use of Forest Reproductive Material. EUFORGEN – Forest Management Network – Bucharest, 23-25 November 2006

1.1.5. Autres supports

1.2. Synthèses scientifiques

1.2.1. Dans périodique à comité de lecture

UR AGPF

Bastien C., Jorge V., Dowkiw A., Villar M., Faivre-Rampant P. 2004. Amélioration génétique des peupliers. Biofutur, 247: 33-37.

Dreyer E., Bogeat-Triboulot M.B., Le Thiec D., Guehl J.M., Brignolas F., **Villar M., Bastien C.**, Martin F., Kohler A. 2004. Tolérance des peupliers à la sécheresse : peut-on espérer l'améliorer ? Biofutur, 247: 54-58

Leplé J-C, Déjardin A, Laurans F, Pilate G, Goué N, Label P, Beritognolo I, Boizot N, Breton C. 2004. Physiologie et génomique de la formation du bois. Biofutur, 247: 43-48

Pilate G, Déjardin A, Cornu D, Leplé J-C. 2004. La transgénèse chez le peuplier : apport aux études sur la formation du bois. Biofutur: 247, 49-53.

Villar M., Forestier O., Le Boulter H. 2004. Le peuplier noir : un patrimoine naturel à préserver. Biofutur 247: 24-27.

1.2.2. Dans périodique sans comité de lecture

Label P. 2006 Un arbre pourrait-il vivre éternellement ? La Recherche, Vol 403, p 79

1.2.3. Chapitre d'ouvrage

UR AGPF

2004

Jouanin L, Goujon T, Sibout R, Pollet B, Mila I, **Leplé J-C, Pilate G**, Petit-Conil M, Ralph J, Lapierre C. 2004. Comparison of the consequences on lignin content and structure of COMT and CAD downregulation in poplar and *Arabidopsis thaliana*. In Plantation Forest Biotechnology for the 21st Century, eds : Walter C. et Carson M., Research Signpost, Kerala, India, 219-229

Meilan R, Ellis D, **Pilate G**, Brunner A, Skinner J. 2004. Accomplishments and challenges in genetic engineering of forest trees: Reflections on 15 years of steady progress. In The Bioengineered Forest: Challenges for Science and Society eds: Strauss S.H., Bradshaw H.D., RFF Press Book, 36-51

2005

Ducci F., **Santi F.** 2005. Struttura intrapopolazione nel ciliegio selvatico. In « monographia sul ciliegio selvatico (*Prunus avium* L.). ed F. Ducci., CRA Istituto sperimentale per la selvicoltura di Arezzo.p 28-32.

Santi F., Dufour J. 2005. Metodi di realizzazione di arboreti da seme di ciliegio. In « monographia sul ciliegio selvatico (*Prunus avium* L.). ed F. Ducci., CRA Istituto sperimentale per la selvicoltura di Arezzo.p 53-55.

2006

Bilger I., **Gauthier A.**, Héois B., Lenoir M., Mariette S., **Santi F.**, Terrasson D. 2006. Le merisier. In : 'Histoire et amélioration de cinquante plantes cultivées'. Claire Doré, Fabrice Varoquaux, coord. Edition : INRA, Coédition : *Cemagref*, Cirad, Ifremer.

Villar M. 2006. Les Peupliers. In : 'Histoire et amélioration de cinquante plantes cultivées'. Claire Doré, Fabrice Varoquaux, coord. Edition : INRA, Coédition : *Cemagref*, Cirad, Ifremer.

USC CGAF

Gosselin M., **Valadon A.** 2005. Synthèse commentée des principaux documents de l'Office National des Forêts pour la prise en compte de la biodiversité dans la gestion forestière, 175 p., *Cemagref* Nogent-sur-Vernisson, ONF-CGAF

Gosselin M., **Valadon A.**, Berges L., Dumas Y., Gosselin F., Baltzinger C., Archaux F. 2006. Prise en compte de la biodiversité dans la gestion forestière : état des connaissances et recommandations, 142 p, *Cemagref* Nogent-sur-Vernisson, ONF-CGAF

1.2.4. Ouvrage entier

1.2.5. Rapports diplômants à caractère bibliographique (thèse vétérinaire...)

1.2.6. Conférences dans congrès ou symposium (préciser le support écrit : résumé ou texte intégral)

UR AGPF

Bastien C., Saidman B., **Jorge V.**, **Sanchez L.** 2005. Combining molecular markers and wood characters for representing natural diversity in poplars. GEMA- COST 28 Meeting, Orléans, 8-11 Octobre 2005

Goué N, **Sundberg B**, **Mellerowicz E**, **Lesage M-C**, **Label P.** 2006. First insight into microgenomics of cambial activity per cell type in poplar. In IUFRO-COST, ed, Population Genetics and Genomics of Forest Trees: from Gene Function to Evolutionary Dynamics and Conservation. IUFRO, Madrid, Spain, p 109, 5-6 Octobre 2006

Pilate G. 2006. Biotechnologies et qualité du bois à finalité papetière et biomatériaux. Journée Valofibres, "Les biotechnologies appliquées aux fibres végétales", Université de Technologie de Compiègne, Compiègne, 11 Mai

Vigner P., **P. Rozenberg**, H. Baillères, **JP Charpentier.** 2004. Approche génétique de la durabilité des bois de feuillus basée sur l'implication du métabolisme des flavonoïdes et le développement d'une méthode de mesure non destructive SPIR, Fonds commun INRA/CIRAD projet n°16, coordination P. Vigner (Cirad) et JP Charpentier (INRA), séminaire de restitution et rapport

USC CGAF

Musch B., **Valadon A.** 2004. Réseaux forestiers de conservation *in situ* : le point de vue du gestionnaire. In "Un dialogue pour la diversité génétique" (BRG, Ed.), pp. 19-36, Les Actes du BRG, Lyon.

Dreyfus P, Pichot C, De Coligny F, Gourlet Fleury S, Cornu G, Jéssel S, Dessard H, **Oddou Muratorio S**, Gerber S, Caron H, Latouche-Hallé C, Lefèvre F, Courbet F, Seynave I. 2005. Couplage de modèles de flux de gènes et de modèles de dynamique forestière. Les Actes du BRG 5, 231-250

Pichot C., Bastien C., Courbet F., **Demasure-Musch B.**, Dreyfus P., Fady B., Frascaria-Lacoste N., Gerber S., Lefèvre F., Morand-Prieur M. E., Oddou S., Teissier du Cros E., **Valadon A.** 2006. Déterminants et conséquences de la qualité génétique des graines et semis lors de la phase initiale

- de régénération naturelle des peuplements forestiers. In « Des ressources partagées » (BRG, Ed.), pp. 277-297, Les Actes du BRG, La Rochelle.
- Brachet S., Bastien C., Bilger I., Buret C., Dufour J., Grange J., Guerrin V., Jorge V., **Le Guerroué B.**, Lesage-Descauses MC., **Leveque L.**, Madare I., Mariette S., **Musch B.**, Sanchez L., Stoeckel S., Villar M., Santi F. 2006. Stratégies raisonnées d'échantillonnage pour capturer la diversité génétique et sa structuration dans les populations naturelles – Application aux mesures de gestion conservatoire. In « Des ressources partagées » (BRG, Ed.), pp. 211-230, Les Actes du BRG, La Rochelle.
- Musch B.**, Oddou-Muratorio S., **Le Guerroué B.**, **Lévêque L.** 2006. Wild service tree : results of research and management implications. Programme COST, Lewen 10-13 Avril 2006

1.2.7. Autres supports

II.2. Documents à vocation de transfert (enseignement, développement, expertise, innovation, valorisation) ou relatifs à l'animation de la recherche

2.1. Travaux personnels

2.1.1. Dans périodiques à comité de lecture

UR AGPF

- Pâques L.E.** 2004. Les variétés forestières issues de vergers à graines. Rendez-vous Techniques ONF hors-série n°1 : 43-50.
- Boizot N., Charpentier JP.** 2006. Méthode rapide d'évaluation du contenu en composés phénoliques des organes d'un arbre forestier. Le Cahier des Techniques de l'INRA, Numéro spécial 2006 : Méthodes et outils pour l'observation et l'évaluation des milieux forestiers, prairiaux et aquatiques, 79-82.

USC CGAF

2004

- Gerber S., Latouche-Hallé C., Lourmas M., Morand-Prieur ME, **Oddou-Muratorio S.**, Schibler L., Bandou E., Caron H., Degen B., Frascaria-Lacoste N., Kremer A., Lefèvre F., **Musch B.** 2004. Flux de gènes par pollen et par graines chez quelques espèces forestières : exemples des chênes, de l'alisier, du cèdre et du frêne. Rendez-vous Techniques de l'ONF, hors-série n° 1, pp. 16-23.
- Gouyon PH., **Musch B.**, **Valadon A.** 2004. Les gestionnaires et le chercheur : où sont leurs responsabilités vis-à-vis de la forêt ? Rendez-vous Techniques de l'ONF, hors-série n° 1, pp. 112-113
- Mengin-Lecreulx P., **Valadon A.**, **Musch B.** 2004. Questions à la recherche pour une meilleure conservation des ressources génétiques forestières. Rendez-vous Techniques de l'ONF, hors-série n° 1, pp. 112-113
- Musch B.**, **Valadon A.**, **Oddou-Muratorio S.** 2004. A propos de génétique des populations Rendez-vous Techniques de l'ONF, hors-série n° 1, pp. 7-15
- Oddou-Muratorio S.**, **Musch B.**, **Valadon A.** 2004. Comment les pratiques forestières influent-elles sur la diversité génétique des arbres forestiers ? Rendez-vous Techniques de l'ONF, hors-série n° 1, pp. 3-6

2005

- Lamant T.**, **Lévêque L.** 2005. Pommier et poiriers sauvages : comment les reconnaître ? Rendez-vous Techniques de l'ONF n° 8, pp 3-6
- Lévêque L.**, **Valadon A.**, **Lamant T.** 2005. Pommier et poiriers sauvages : réhabilitons les arbres à pépins en forêt ! Rendez-vous Techniques de l'ONF n° 8, pp 7-14

- Lamant, T.** 2005. Intérêt des arboreta pour la gestion forestière. Les Rendez-Vous techniques n°10 : p 63-66
- Lamant, T.** 2005. Discrimination des principales espèces de pins « à cinq feuilles ». Les Rendez-Vous techniques n°10 : p 67-71

2006

- Gosselin M., **Valadon A.**, Berges L., Dumas Y., Gosselin F., Baltzinger C., Archaux F. 2006. Prise en compte de la biodiversité dans la gestion forestière : état des connaissances et recommandations, 142 p, *Cemagref* Nogent-sur-Vernisson, ONF-CGAF
- Musch B., Valadon A.** 2006. L'histoire du hêtre au Quaternaire. Rendez-vous Techniques de l'ONF, hors-série n°2.
- Valadon A.**, Voccia M. 2006. Retrouver l'origine des peuplements : un objectif encore trop souvent inaccessible à l'ONF ! Rendez-vous Techniques de l'ONF n° 14, pp 9-16

2.1.2. Dans périodique sans comité de lecture

UR AGPF

- Berthelot A., **Bastien C., Villar M.**, Pinon J., Héois B., Bourlon V. 2006. Le GIS Peuplier, 4 ans après sa création. Fiche Informations AFOCEL
- Harvenget L. et **Lelu-Walter M.A.** 2004. L'embryogenèse somatique des conifères, état et perspectives. AFOCEL, Informations-Forêt, n°694, 6p.
- Martin F., **Bastien C., Dowkiw A.** 2004. Un arbre précieux : le peuplier. Textes et documents pour la classe, n°890, 20-21.(1260)
- Meilan R, Campbell M, Chang S, Hibino T, Nilsson O, **Pilate G.** 2004. Tissue Culture & Transformation. In The *Populus* genome science plan 2004-2009: from draft sequence to a catalogue of all genes through the advancement of genomics tools, 24-32 (http://www.ornl.gov/sci/ipgc/the_populus_genome_science_plan.pdf)

2.1.3. Chapitre d'ouvrage

2.1.4. Ouvrage entier

2.1.5. Rapport diplômant (correspondant à une vocation de transfert)

2.1.6. Dans proceedings de congrès, colloques

USC CGAF

- Lamant T.** 2004. Formation reconnaissance des angiospermes (arbres) utilisés en ornement des personnels techniques de l'ONF. Arboretum national des Barres, 10-13 mai 2004
- Ducouso A., **Valadon A.** 2005. Formation Génétique des chênes des Agences ONF Tarbes et Pau, Tarbes 17 mars 2005.
- Lamant T.** 2005. Formation reconnaissance des angiospermes (arbres) utilisés en ornement des personnels techniques de l'ONF. Arboretum national des Barres, 17-20 mai 2005
- Lamant T.** 2005. Formation reconnaissance des conifères utilisés en ornement. des personnels techniques de l'ONF Arboretum national des Barres, 17-20 mai 2005
- Valadon A.** 2005. Conservation de la biodiversité : exemples de complémentarité chercheurs-gestionnaires. Formation ENGREF Paris (Master 2, module Ingénierie écologique), 13 novembre 2005
- Bastien C., Valadon A.** 2006. Conserver les ressources génétiques du pin sylvestre en France : pourquoi, comment ? Réunion CRGF, 17 octobre 2006.

- Ducousso A., **Valadon A.** 2006. Gestion des ressources génétiques face aux changements climatiques : premières réponses face aux inquiétudes des aménagistes. Atelier ONF Changements climatiques, 14-15 novembre 2006.
- Gosselin M., Collin E., **Valadon A.** 2006. Biodiversité et gestion forestière. Stage de formation ONF-IDF « Intégration de la biodiversité dans la gestion forestière », Velaine en Haye, 26-30 juin 2006
- Lamant T.** 2006. Formation reconnaissance des angiospermes (arbres) utilisés en ornement des gestionnaires d'arboreta ONF. Arboretum national des Barres, 9-11 mai 2006
- Lamant T.** 2006. Formation reconnaissance des végétaux méditerranéens et subtropicaux utilisés en ornement des techniciens du réseau ONF « arbre-experts ». Antibes 6-9 juin 2006
- Lamant T.** 2006. Formation reconnaissance des Gymnospermes utilisés en ornement des gestionnaires d'arboreta ONF. Arboretum national des Barres 2-4 octobre 2006
- Valadon A.** 2006. Conservation de la biodiversité : exemples de complémentarité chercheurs-gestionnaires. Formation ENGREF Paris (Master 2, module Ingénierie écologique), 18 décembre 2006
- Valadon A.** Fady B., 2006. La conservation de la diversité intra spécifique des espèces forestières sociales : état des réseaux, stratégies d'échantillonnage, rôles de l'ONF, articulations avec les réseaux d'espaces protégés. Réunion CRGF, 14 mars 2006.
- Valadon A. Musch B.,** 2006. Et si on parlait un peu de génétique dans tout ça ! Stage « Modalités d'application et de contrôle de la réglementation relative au commerce des MFR », Nouan-Le-Fuzelier, 8 juin 2006
- Valadon A.** Voccia M., 2006. Approche historique de l'ampleur des flux de graines et plants de diverses origines génétiques : cas du pin sylvestre dans deux massifs domaniaux. Haguenau, février 2006
- Musch B.** 2006. Présentation de l'ONF, Master pro université François Rabelais Tours, Contrôle et conservation des populations d'insectes. 14 Décembre.

2.1.7. Rapports écrits (y compris brevets, expertises...)

UR AGPF

2004

- Bastien C.,** Forestier O. 2003-2004. Exploration de la variabilité génétique au sein d'hybrides euraméricains *P. deltoides* x *P. nigra*. Convention de recherche DGFAR n°61-45-80.37/02, 1 rapport intermédiaire et 1 rapport final.
- Bastien C., Villar M., Jorge V.** 2003-2004. Recherche et utilisation de marqueurs moléculaires comme aide à la sélection chez le peuplier. Convention de recherche DGFAR n°61-45-80.36/02, 1 rapport final.
- Pâques L.E.** 2004. Rapport 'Mission de prospection sur les perspectives de collaboration en recherche forestière avec les Instituts de recherche publics et privés au Japon' commandité par Ambassade de France au Japon
- Perrin D. et Charpentier JP.,** 2004. Amélioration des propriétés de biodégradabilité et de stabilité des biolubrifiants par la substitution d'antioxydants d'origine naturelle aux antioxydants d'origine pétrochimique. Convention ADEME 03010087. Rapport intermédiaire sept. 2004

2005

- Bastien C., Jorge V., Villar M.,** Augustin S. 2003-2005. Contract N° QLK5-CT-2002-00953 POPYOMICS - Linking physiology, molecular genetics and genomics to understand and improve yield of *Populus* for biomass and timber production across Europe- EU- Quality of Life and Management of the Living Resources Programme (3 rapports annuels + 1 rapport final).

- Bastien C., Jorge V., Dowkiw A., Frey P., Pinon J., Duplessis S., Martin F.** 2004-2005. Vers une durabilité des résistances du peuplier envers la rouille à *Melampsora larici-populina*. Projet innovant soutenu par le département EFPA, 1 rapport intermédiaire et 1 rapport final.
- Bastien C., Villar M., Pinon J., Da Silva Perez D., Berthelot A.** 2004-2005. Création variétale et recherche de corrélation juvénile-adulte des propriétés du bois de peuplier. Convention de recherche DGFAR n° 61.45.80.23 A/04, 1 rapport intermédiaire et 1 rapport final.
- Bastien C.** 2005. Participation au rapport de la commission d'évaluation du projet UMR « Stress abiotiques et différenciation des végétaux cultivés » Mons-Lille,
- Bastien C.** 2004. Participation au rapport de la commission d'évaluation de l'Unité UREFV Bordeaux, 2004
- Pâques L.E.** 2005. Scientific Advisory Board (SAB) de Metla (Institut finlandais de recherche forestière) : commentaires sur la nouvelle stratégie de recherche forestière de Metla en Finlande
- Perrin D. et Charpentier JP.** 2005. Amélioration des propriétés de biodégradabilité et de stabilité des biolubrifiants par la substitution d'antioxydants d'origine naturelle aux antioxydants d'origine pétrochimique. Convention ADEME 03010087. Rapport final février 2005
- Santi F.** 2005. Projet DGFAR "Qualification de verger à graines". Rapports intermédiaires et final
- Perrin D. et Charpentier JP.** 2005. Amélioration des propriétés de biodégradabilité et de stabilité des biolubrifiants par la substitution d'antioxydants d'origine naturelle aux antioxydants d'origine pétrochimique. Convention ADEME 03010087. Rapport final février 2005

2006

- Bastien C., Pinon J., Ménard M., Forestier O., Bourlon V., Baldet P., Berthelot A.** 2004-2006. Sélection et évaluation de clones de peuplier. Convention de recherche DGFAR n° 61.45.80.22 C/04, 1 rapport intermédiaire et 1 rapport final.
- Brachet S., Bastien C., Bilger I., Buret C., Dufour J., Grange J., Guérin V., Jorge V., Le Guéroué B., Lesage MC., Lévêque L., Mardare I., Mariette S., Musch B., Sanchez L., Stoeckhel S., Villar M., Santi F.** 2006. Recherche par simulation des meilleurs indicateurs neutres et non neutres puis comparaison de la diversité dans les collections et les populations naturelles de deux espèces ligneuses : le peuplier noir et le merisier. Convention de Recherches BRG 2003-2005 14-F/2003, 1 rapport intermédiaire et 1 rapport final.
- Paques L.E.** 2006. Scientific Advisory Board (SAB) de Metla (Institut finlandais de recherche forestière) : commentaires sur la nouvelle stratégie de recherche forestière de Metla en Finlande
- Pichot C., Bastien C., Courbet F., Musch B., Dreyfus P., Fady B., Frascaria-Lacoste N., Gerber S., Lefèvre F., Morand-Prieur ME., Oddou S., Teissier du Cros E., Valadon A.** 2006. Déterminants et conséquences de la qualité génétique des graines et semis lors de la phase initiale de régénération naturelle des peuplements forestiers. Convention de Recherches BRG 2003-2005 88 G/2003, 1 rapport intermédiaire et 1 rapport final.
- Santi F.,** 2006. Projet BRG "recherche par simulation des meilleurs indicateurs neutres et non neutres puis comparaison de la diversité dans les collections et populations naturelles de deux espèces ligneuses : le peuplier noir et le merisier". Rapports intermédiaire et final

2.2.Travaux encadrés ou coordonnés par scientifiques et ingénieurs des 2 unités

2.2.1. Edition d'un ouvrage collectif

2.2.2. Mémoires de stages

UR AGPF

2004

- Billy D.** 2004. Développement d'une application de Bioinformatique. Licence PRO, IUT-Orléans, Département d'Informatique. Université d'Orléans, Orléans. 39 pp.
- Mardare I.** 2004. Diversité génétique et variabilité de la résistance partielle à la rouille chez le peuplier noir. Mémoire de DEA Génétique, Adaptation et Productions Végétales; Université de Rennes I – ENSAR; 25 p.
- Naudier A.** 2004. Formation du bois de cœur de noyer. Contribution à l'étude d'une β -glucosidase de noyer noir. Stage de 2^{ème} année de BTSA Anabiotec, option Analyses Agricoles Biologiques et Biotechnologies, Lycée La Brosse d'Auxerre. Septembre 2004.
- Rasse N.,** 2004. "Amélioration et sélection du matériel forestier de reproduction du merisier (*Prunus avium* L.). Exploitation de tests clonaux". Maîtrise, Université Claude Bernard Lyon I.
- Saintenac C,** 2004. Etude expressionnelle de gènes par RT-PCR semiquantitative au cours de la formation du bois de tension. Stage de maîtrise, Université de Clermont-Ferrand

2005

- Blanchard N.** 2005. Réalisation d'une interface Web couplant une base de données et des outils bioinformatiques. Master Compétence Complémentaire en informatique, Université d'Orléans.
- Fichot R.** 2005. Impact d'une sécheresse modérée sur l'anatomie du bois chez un clone de peuplier hybride euraméricain *Populus deltoides* (Bartr.) Marsh. x *P. nigra* L. Stage de Master ETHA 1^{ère} année, Université d'Orléans
- François L.** 2005. Etude de l'expression des gènes de la famille des HD-ZIP III au cours de la formation du bois chez le peuplier. Stage de Mastère de 3^{ème} année IUP biotechnologie appliquée au végétal, Université Paul Sabatier, Toulouse
- Laroche W.** 2005. Intranet Base ForEST. BTS Informatique de Gestion option développeur d'applications, Saint Paul Bourdon Blanc Orléans.
- Marois P. et Becha A.** 2005. Optimisation d'une application de regroupement de séquences nucléiques. Licence STIC Université d'Orléans. 37p.
- Toufiqi H.** 2005. Base de données et site Web Forêt. Master de Bioinformatique, Université de Bordeaux
- Violon S.** 2005. Etude de la famille de gènes 2943 du cambium de peuplier. Master ETHA 1^{ère} année. Université d'Orléans. 17p.

2006

- Cuisnier R.** 2006. Base de données Venik. Stage de Master 1, STIC Mention Miage; Université d'Orléans
- Grondin C.** 2006. Mise en place d'une méthode de purification d'une β -glucosidase de noyer noir. Stage volontaire de Master 1, section Biologie Cellulaire et Physiologique de l'Université d'Orléans. Septembre 2006.
- Guittard A.** 2006. Clonage d'un gène exprimé dans le cambium du peuplier codant une "vacuolar calcium-binding protein". Master ETHA 1^{ère} année. Université d'Orléans. Poster.
- Koyao-Darinest V.** 2006. Amélioration de la qualité d'information d'une base de données biologiques. Licence professionnelle réseaux et télécommunications option internet - extranet, Université d'Orléans.
- Masle J.P.** 2006. Cartographie fine d'un facteur de résistance quantitative à *Melampsora larici populina* chez le peuplier; Mémoire de fin d'étude ingénieur ISAB.
- Soltysiak C.** 2006. « Accompagnement de sorties variétales de merisier par la production de fiches, de pages internet et d'un article de vulgarisation », Licence III, Université d'Orléans

USC CGAF

- Marjoux, A.** 2005. Rôle de la densité d'arbres reproducteurs sur la qualité génétique des graines : cas d'une régénération naturelle de pin sylvestre. Ecosystèmes terrestres et action de l'Homme. Orléans, Orléans: 33.
- Voccia, M.** 2005. Approche historique de l'ampleur des flux de graines et plants de diverses origines génétiques. Cas du pin sylvestre dans deux massifs domaniaux. Maîtrise de Biologie des Populations et des Ecosystèmes forestiers, Université Henri Poincaré Nancy I. Ardon, ONF-CGAF: 39.
- Verdier, D.** 2005. Etude « d'autochtonie » du châtaignier dans le massif de Ripaille (Savoie). Stage de deuxième année de BTS Biotechnologique, Lycée Jacques Monod. Ardon, ONF-CGAF: 18.
- Denis D.** 2006. Analyse de la variabilité génétique des hêtres tortillards auvergnats. Stage de deuxième année de BTS Biotechnologique, Lycée Jacques Monod. Ardon, ONF-CGAF: 18

2.2.3. Autres

UR AGPF

- Dufour J., Santi F.,** 2005 et 2006. Dossier préalable et documents complémentaires pour la présentation de 14 variétés de merisier candidats à l'inscription au catalogue des plantes cultivées. CTPS.
- Pâques L.E.** 2004. Les variétés forestières améliorées : un investissement qui en vaut le (sur-) coût ! Tribune forestière, Pépinières Lemonnier
- Soltysiak C., Santi F., Dufour J.** « Gardeline, Monteil et Ameline : un tournant majeur dans la culture des merisiers ». Revue de presse INRA et lettre INRA aux entreprises.
- Soumare O.,** 2006. Mise en place d'un système de management de la Qualité. Master 2 Management de la Qualité, Institut d'Administration des entreprises, Université de Tours

II.3. Les autres productions des unités

3.1. Conférences internationales invitées

3.2. Productions autres que des publications

Création de matériel végétal

- Mise au point d'une méthode de propagation d'*Abies nordmanniana* par embryogenèse somatique (partenariat avec les Ets Vilmorin) (M.A. Lelu Walter)
- Transfert des marqueurs ADN cytoplasmiques diagnostics pour l'identification des hybrides dans les matériels forestiers de reproduction (avec BioGeves) (L. Pâques)
- Contribution à la création d'un verger à graines de 35 clones de merisier à Avesac pour le compte du GIE "Semences forestières améliorées" (F. Santi, J. Dufour)
- Homologation en catégorie contrôlée de 10 nouveaux clones de merisier (F. Santi, J. Dufour)
- Sélection et homologation en catégorie testée d'une nouvelle variété de mélèze hybride 'INRA-H1/REVE-VERT' (L. Pâques)
- Homologation en catégorie qualifiée de 2 vergers à graines : mélèze d'Europe-Theil et mélèze hybride-Lavercantière (L. Paques)
- Homologation en catégorie qualifiée d'un verger à graines de clones de douglas du Washington (Tarn), d'un verger à graines de clones douglas californiens (Lot) et d'un verger à graines de clones français de douglas (Lot)
- Homologation en catégorie testée de 2 vergers à graines de douglas : Darrington et Luzette (Lot)

Banques

5 banques d'ADNc construites à partir de peupliers soumis à la fois à un stress hydrique et un stress mécanique, totalisant 15929 EST :

- à partir de bois tendu (3252 EST)
- à partir de bois opposé (2760 EST)
- à partir d'une feuille d'un arbre non stressé (3735 EST)
- à partir d'une feuille d'un arbre moyennement stressé (2844 EST)
- à partir d'une feuille d'un arbre fortement stressé (3338 EST)

Logiciels, programmes, bases de données

- Base de données de séquences « ForEST » (I. Bourgait)
- Base de données de génomes (dont génome du peuplier) "ForGenes" (I. Bourgait).
- Développement d'un site Web Intranet pour la visualisation des données des bases de données de séquences.
- Base de données de pedigree, graines, pollen et tests en forêt "Venik" (H. Van de Sype)
- Simulateur allélique pour les études de dynamique et d'interactions génomiques dans des populations soumises à la sélection (L. Sánchez)
- Simulateur des processus d'échantillonnage dans des populations génétiquement structurées (L. Sánchez)

3.3. Activités internationales : organisation de congrès, de réseaux, animation de groupes divers, participation à des comités scientifiques

- Chairman du groupe de travail IUFRO 2.02.18 'Scots Pine genetics and breeding' (C. Bastien)
- Chairman du groupe IUFRO S2-02.07 'Larch genetics and breeding' (L.E. Pâques)
- Membre de la « Task Force for Forest Biotechnology » de l'IUFRO (G. Pilate)
- Membre du bureau du ESF-COST E28 « Genosilva: European Forest Genomics Network » et responsable du groupe « Functional Genomics of Wood Formation » (P. Label)
- Membre du bureau du ESF-COST E42 « Growing Valuable Broadleaves » (J.C. Bastien)
- Comité Scientifique du 5th International Walnut Symposium (Naples, Novembre 2004)
- Coordination scientifique de 2 des 5 tâches du projet européen POPYOMICS (2003-2006) (C. Bastien)
- Coordination scientifique de l'Infrastructures de recherche : TREEBREEDEX (L.E. Pâques)
- Coordination scientifique du projet Alfa de collaboration Europe-Amérique Latine GEMA 2004-2007 « génétique de la formation et de la qualité du bois » (P. Rozenberg)
- Dans le cadre du nouveau réseau d'excellence EVOLTREE, coordination de la mise en place et de la gestion d'une « Gene Bank » rassemblant pour plusieurs espèces forestières, l'ensemble des populations de cartographie et des populations naturelles servant aux études d'association prévues dans l'activité IA22 (C. Bastien)
- Membre de l'IPGC (International *Populus* Genomic Consortium) (G. Pilate)
- Membre du comité scientifique du colloque *Larix* 2004 (Japon) et *Larix* 2007 (Québec) (L. Pâques)
- Membre français du réseau européen peuplier noir puis du réseau 'Scattered Broadleaves' au sein de EUFORGEN (M. Villar)
- Représentant français à la Commission Internationale du peuplier (C. Bastien)
- Tuteur de la thèse de Muriel Gaudet (faite en Italie) : Molecular approach to dissect adaptive traits in native European *Populus nigra* L.: construction of a genetic linkage map based on AFLP, SSR, and SNP markers. (2006) Università degli studi delle Tuscia. (V. Jorge)

3.4. Participation à des comités de lecture et instances d'organismes scientifiques ou professionnels

Edition de revues

- Editeur associé à Annals of Forest Science - (L. Pâques)
- Membre du comité de lecture de la revue In Vitro Cell Dev.Biol. (M.A. Lelu-Walter)

Relecture d'articles pour des revues

- Annals of Forest Science (C. Bastien, JC Bastien, A. Dejardin, V. Jorge, M.A. Lelu-Walter, M. Villar, P. Rozenberg)
- Canadian Journal of Forest Research (C. Bastien, M.A. Lelu-Walter, L.E. Pâques, P. Rozenberg)
- Forest Ecology and Management (P. Rozenberg)
- Forest Genetics (G. Pilate, P. Rozenberg)
- Forestry (P. Rozenberg)
- Gene (C. Breton)
- Genome (V. Jorge)
- Holzforschung (P. Rozenberg)
- IAWA Journal (P. Rozenberg)
- In Vitro Cell Dev.Biol. (M.A. Lelu-Walter)
- J. Exp. Bot (P. Label, J.C. Leplé, G. Pilate, P. Rozenberg)
- Journal Of Tropical Forest Science (P. Rozenberg)
- New Phytologist (C. Bastien, V. Jorge, G. Pilate))
- New Zealand Journal of Forestry Science (P. Rozenberg)
- Nucl. Acids Res. (J.C. Leplé)
- Physiol. Plant (M.A. Lelu-Walter, P. Label)
- Planta (J.C. Leplé, P. Label)
- Plant Cell Reports (M.A. Lelu-Walter)
- Plant Cell Tissue Organ Culture (M.A. Lelu-Walter)
- Plant Journal (J.C. Leplé)
- Plant Physiol. Bioch (M.A. Lelu-Walter, P. Label)
- Plant Science (V. Jorge, P. Label)
- Scientia horticulturae (C. Breton)
- Silvae Genet (L.E. Pâques, G. Pilate)
- Tree Genetics and Genomes (C. Bastien, P. Rozenberg, M. Villar)
- Tree Physiology (C. Breton, G. Pilate, P. Label)
- Trees Structure and Functions (P. Rozenberg)
- Scandinavian Journal of Forest Research (P. Rozenberg)

Participation à des commissions scientifiques spécialisées

- Membre des Commissions de Spécialistes Etablissement des Universités d'Orléans, de Tours et de Clermont-Ferrand (C. Bastien, C. Breton, P. Label, G. Pilate, P. Rozenberg)
- Membre du Conseil Scientifique du Département Forêts et Milieux Naturels - (P. Rozenberg)
- Membre de la CSS Ecophysiologie, Génétique et Biologie Intégrative des Plantes, INRA (P. Label)

Animation de réseaux

- Membres du groupe d'animation des thésards du département EFPA (C. Bastien, V. Jorge)
- Animateur-encadrant dans le groupe de jeunes chercheurs du département GAP (C. Bastien)
- Membre de la cellule d'animation du Réseau d'Ecophysiologie de l'Arbre (P. Label)
- Membre de la Commission "Arbres Forestiers" du CTPS - (J.C. Bastien, L. Paques)
- Membre de la Commission des Ressources Génétiques Forestières du ministère de l'agriculture - (B. Demesure-Musch - CGAF)

- Membre de la Commission Nationale du Peuplier : échanges avec les différents partenaires de la filière peuplier en France (C. Bastien)
- Membre du Comité scientifique de l'Arboretum des Barres - (J.C. Bastien et B. Demesure-Musch - CGAF)
- Membre du Comité Technique de Coordination des vergers à graines de l'état. - (C. Bastien, J.C. Bastien, L. Paques)
- Membre du Conseil d'Administration de l'association Biotechnocentre (C. Breton secrétaire adjoint depuis Novembre 2002, trésorier depuis Mars 2004)
- Membre du Conseil d'Administration de l'association interprofessionnelle "ARBOCENTRE" - (J.C. Bastien)
- Membre du Conseil scientifique du GIS GSST (G. Pilate)
- Membre du comité de pilotage du GRD "Système d'Information Phénologique pour la Gestion des Changements Climatiques" (J.C. Bastien)
- Organisateur des 9èmes Journées du Groupe de Biologie Moléculaire des Ligneux; 21-23 Mars 2006 (A. Dejardin, V. Jorge, J.C. Leplé, P. Montes, G. Pilate)
- Responsable national de la conservation des ressources génétiques du peuplier noir au sein de la Commission des Ressources Génétiques Forestières (DGFAR, Ministère de l'Agriculture) (M. Villar)

3.5. Actions d'expertises : de projets scientifiques auprès d'organismes scientifiques et professionnels, jury de thèse, d'HDR, ...

Expertise de projets scientifiques

- Canada Ministry of Forests Research Branch (L. Sanchez)
- Danemark : Expertise sur les variétés danoises de mélèze hybride : identification des composantes des vergers d'hybridation ; évaluation du taux d'hybrides dans les lots de semences ; détermination de la période optimale pour diagnostiquer précocement le taux d'hybrides avant récolte (Hedeselskabet) (L. Pâques)
- Espagne Instituto de Investigação da Floresta Papel (L. Sanchez)
- Finlande : Membre du Scientific Advisory Board de Metla - Institut de recherche forestière de Finlande (L. Pâques)
- France : Appel d'offre BRG : C. Bastien (3), G. Pilate (1)
- Grande Bretagne Roslin Institute (L. Sanchez)
- Tchéquie : M.A. Lelu-Walter (1)

Commission d'évaluation d'unité

UMR « Stress abiotiques et différenciation des végétaux cultivés » Mons-Lille, juin 2005 (C. Bastien)

UMR "[Fractionnement des agroressources et emballage](#)", Reims, mai 2007 (Gilles Pilate)

Jury de thèses :

M.A. Lelu-Walter (1), G. Pilate (6), JP Charpentier (1), A. Valadon (1), M.Villar (1)

Jury d'HDR :

M.A. Lelu-Walter (2)

Jury de concours

I. Bourgaït 2006 : concours IEA03 ingénieur en techniques biologiques.

M. Villar; novembre et décembre 2004 : Jury de concours TR/AI

B. Musch 2004 : Jury de concours TR/AI

V. Jorge, MC Lesage, novembre 2003 : Jury de concours AI Biologie Moléculaire

3.6. Information scientifique et technique, diffusion de la culture scientifique

- Fêtes de la Science 2004 : visites, conférences, posters
- Pilate G. 2005. Organismes génétiquement modifiés : transgénèse végétale. Séminaire au Rotary Club Val de Loire, Olivet, 24 Novembre.
- Pilate G, 2006. OGM : un peu, beaucoup, à la folie : visite de la parcelle de peupliers OGM. Les mercredis du tourisme scientifique, Orléans, 23 Août 2006, communication orale.
- Pilate G, 2007. Approches génétique et génomique appliquées à l'étude des fibres lignocellulosiques de peuplier. Séminaire IFP-INRA. Rueil-Malmaison, 4 Janvier, communication orale.
- Pilate G, 2007. OGM : Pour quoi faire ? Réunion d'information sur les OGM, Nouzilly, 5 Février, communication orale.

II.4. ACTIVITES D'ENSEIGNEMENT ET DE FORMATION

4.1. 1^{er} et 2^e cycles

Nom	Enseignement – Université / Ecole	Nombre d'heures par an
C. Bastien	Elèves ingénieurs FIF de l'ENGREF Nancy : Amélioration génétique des arbres forestiers	4
G. Pilate	Diplôme Préparatoire à la Recherche Biomédicale, Université François Rabelais-Tours : Transgénèse végétale	2
P. Label	Université d'Orléans, Chimie Appliquée, IUP 3ème année (2ème cycle). Cours d'Immunologie et de Biochimie appliquées.	20
P. Label	ENGREF-Nancy, Biologie Forestière, Filière des Ingénieurs Forestiers 2 ^{ème} année. Cours sur la formation du bois	10
P. Label	Institut National d'Horticulture – Angers, ENSHAP2 . Cours « Croissance et développement de l'arbre : activité cambiale et formation du bois »	3
M. Villar	INH Angers : Ressources génétiques, diversité et paysage.	3
M. Villar	Master de l'Université d'Orléans ETAH (Ecosystèmes terrestres et Action de l'Homme) : Cours sur les ripisylves	4

4.2. 3^e cycle

Nom	Enseignement – Université / Ecole	Nombre d'heures par an
C. Bastien	Master ETAH (Ecosystèmes Terrestres et Action de l'Homme) Univ.Orléans : Analyses statistiques de dispositifs expérimentaux en biologie.	20
C. Bastien	Master professionnel TBI (Techniques Bio-Industrielles » Université d'Orléans : Amélioration des arbres forestiers	4
P. Label	DEA Biologie Forestière Université Nancy I Cours sur la formation du bois	5
L. Paques	DEA ENSA-Rennes : 'Spécificités de l'amélioration génétique des arbres forestiers'.	6
L. Paques	Master ETAH Univ. Orléans : Introduction à l'amélioration	5

	génétique des arbres forestiers.	
G. Pilate	Master ETAH, Université d'Orléans : Formation du bois et contraintes abiotique,	3
G. Pilate	Master TBI, Université d'Orléans : Transgénèse végétale	6
L. Sanchez	Master ETAH Université d'Orléans – principes de Génétique quantitative	6
L. Sanchez	Master TBI Université d'Orléans – principes de Génétique quantitative	6
M. Villar	INH Angers: Ressources génétiques, diversité et paysage.	3
M. Villar	Master ETAH, Université d'Orléans Cours sur les ripisylves	4
G. Pilate et JC Bastien	Membres de l'équipe pédagogique du master ETAH	20
M. Villar	Master de l'Université d'Orléans ETAH (Ecosystèmes terrestres et Action de l'Homme) : Cours sur les ripisylves	8
JP. Charpentier	DESS Paris VI "Technologie appliquée aux organes végétaux après récolte" : module composés phénoliques (jusqu'en 2004)	10
B. Musch	Master pro de l'Université François Rabelais Tours, Contrôle et conservation des populations d'insectes. Cours sur la biodiversité	3
A. Valadon	Master 2, module Ingénierie écologique : Conservation de la biodiversité	4

4.3. Formation interne et professionnelle

Nom	Nature de la formation	Durée
C. Bastien	Formation interne en Statistique	8
L. Sanchez	Formation interne en Statistique	4
JP. Charpentier	Formation IDF (professionnels et particuliers forestiers) : couleur des bois	2
T. Lamant	Formation reconnaissance des conifères utilisés en ornement. des personnels techniques de l'ONF	4
T. Lamant	Formation reconnaissance des angiospermes (arbres) utilisés en ornement des gestionnaires d'arboreta ONF	4
Lamant T.	Formation reconnaissance des végétaux méditerranéens et subtropicaux utilisés en ornement des techniciens du réseau ONF « arbre-experts ».	4
A. Valadon,	Formation interne ONF 'Intégration de la biodiversité dans la gestion forestière'	3

4.4. Conférences ou séminaires destinés à des étudiants étrangers

Nom	Date	Université et intitulé de la conférence
P. Rozenberg	Septembre 2005	Dendroplasticity, population genetics of wood record of cambial activity, University Of Beijing and Forest Academy, Chine.