

Patrons de diversité nucléotidique de gènes candidats à la tolérance au stress hydrique chez 5 espèces d'arbres forestiers

Pauline Garnier-géré, Isabella Paolucci, Thibaut Decourcelle, Véronique V. Jorge, Emmanuelle Eveno, Rémi Bounon, Marie-Christine Le Paslier, Jorge Almiro Paiva, François Hubert, Veronica El Mujtar, et al.

▶ **To cite this version:**

Pauline Garnier-géré, Isabella Paolucci, Thibaut Decourcelle, Véronique V. Jorge, Emmanuelle Eveno, et al.. Patrons de diversité nucléotidique de gènes candidats à la tolérance au stress hydrique chez 5 espèces d'arbres forestiers. 7. colloque national du BRG "Ressources génétiques" : les ressources génétiques à l'heure des génomes, Oct 2008, Strasbourg, France. 1 p., 2008. hal-02821517

HAL Id: hal-02821517
https://hal.inrae.fr/hal-02821517

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.

Patrons de diversité nucléotidique de gènes candidats à la tolérance au stress hydrique chez 5 espèces d'arbres forestiers.

Pauline Garnier-Géré[1], Isabella Paolucci[2], Thibaut Decourcelle[1], Véronique Jorge[3], Emmanuelle Eveno[1], Rémi Bounon[2], Marie-Christine Lepaslier[2], Jorge Païva[1], François Hubert[1], Veronica El Mujtar[1], Patrick Léger[1], Valérie Léger[1], Catherine Bodénès[1], Christophe Plomion[1], Catherine Bastien[3], Patricia Faivre-Rampant[2], Antoine Kremer[1]

[1] *INRA, UMR BIOGECO 1202, 69 route d'Arcachon, 33612 Cestas, France (pauline@pierroton.inra.fr)*
[2] *Unité EPGV-INRA UR1279, CEA/ Institut de génomique, centre national de génotypage – Bât. G2, 2 rue Gaston Crémieux, CP 5724, 91057 EVRY cedex*
[3] *INRA Unité AGPF, 2163, Avenue de la Pomme de Pin, BP 20619 ARDON, 45166 Olivet cedex*

CONTEXTE

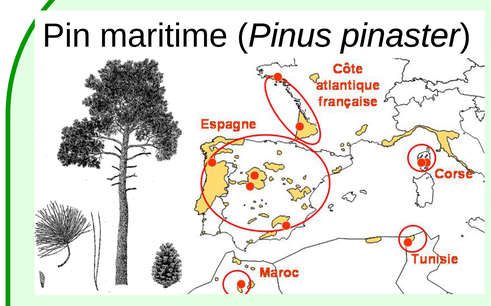
- **Changements climatiques** prédits → études de caractères adaptatifs susceptibles d'être fortement affectés par ces changements au sein d'espèces pérennes *(ex: tolérance au stress hydrique),* et des gènes candidats potentiellement impliqués dans l'expression de ces caractères.
- **Génomique des populations** → étude des facteurs évolutifs conduisant à la différenciation entre populations et la divergence entre espèces (**spéciation écologique**) et de leurs effets au niveau moléculaire.

OBJECTIFS

- Décrire et **comparer les patrons de diversité nucléotidique** d'une dizaine de gènes candidats impliqués dans des fonctions biologiques liées à la tolérance au stress hydrique chez 5 espèces d'arbres forestiers.
- **Tester** les éventuels **écarts à la neutralité** et les interpréter en intégrant l'histoire démographique et sélective des espèces.

POPULATIONS NATURELLES

Pin maritime (*Pinus pinaster*)



- Distribution géographique fragmentée
- 10 populations provenant de milieux contrastés (T°, niveaux de précipitation)
- Différenciation entre populations élevée pour la croissance et l'efficience d'utilisation de l'eau (EUE)





et *Populus trichocarpa*

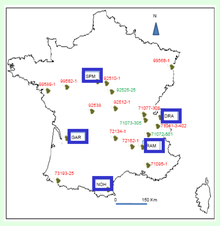




Peuplier noir (*Populus nigra*)



- Distributions le long des cours d'eau – Large échantillonnage
- 5 populations le long d'un gradient climatique
- Différenciation entre populations pour l'EUE
- Isolement géographique entre espèces depuis la séparation Amérique du Nord/Eurasie il y a + de 20 millions d'années mais hybridations possibles et efficaces dans les 2 sens (Marc Villar, com. pers.)





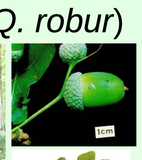
Chêne sessile (*Quercus petraea)* et chêne pédonculé (*Q. robur*)





- Divergences morphologique et écologique élevées mais très faible différenciation moléculaire en général (~3%, nDNA & CpDNA), malgré des « points-chauds » du génome ayant des valeurs de ***Fst*** + élevées (Scotti-Saintagne *et al.* 2004)
- 3 peuplements échantillonnés (Centre, Ouest et Sud de la France)

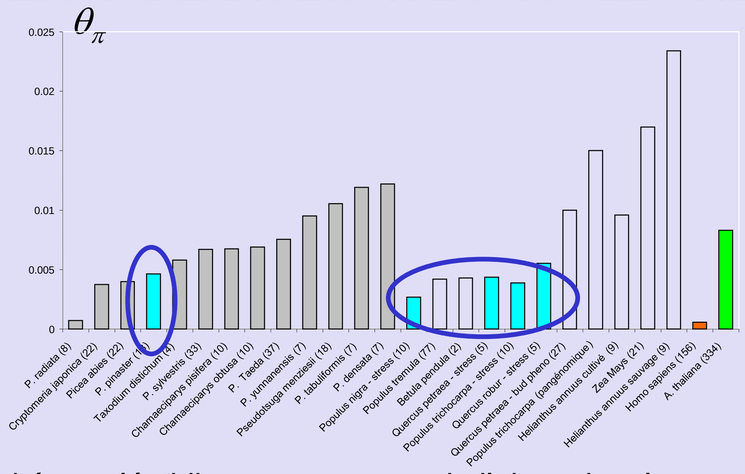






- Individus résultant d'hybridation entre espèces du complexe des chênes blancs européens variant de 15 à 30% selon les peuplements (Lepais 2008)

NIVEAUX DE DIVERSITÉS NUCLÉOTIDIQUES



➡ Diversités nucléotidiques moyennes similaires chez les 5 espèces, Estimation chez *P. nigra* un peu inférieure. Estimation chez *P. trichocarpa* très comparable à celle publiée chez P tremula pour 77 fragments de gènes.

➡ Chez toutes les espèces, la diversité entre gènes varie d'un facteur 10.

PERSPECTIVES

- Approfondir l'étude des effets démographiques sur les patrons de diversité et différenciation nucléotidique
- Comparaison des patrons de diversité entre gènes homologues de chênes et peupliers
- Analyser les patrons de déséquilibre de liaison intra-gène et entre gènes
- Tester et quantifier les associations entre effets alléliques au sein des gènes et variation phénotypique pour la tolérance au stress hydrique et la croissance
- Cartographie du gène *ERECTA/* comparaison avec QTLs d'efficience d'utilisation de l'eau?

GENES CANDIDATS fonctionnels et expressionnels

~ 8 kb séquencés en moyenne chez les 5 espèces

Ressources génomiques: banques d'ESTs (50000 et 1000 chez *P. pinaster et Quercus), et séquence du génome (Populus)*

Différenciation / Formation paroi cellulaire
Fasciclin-like Arabinogalactans (*PopFla8*)
(1-4)-beta-mannan endohydrolase (*GH5*)
Putative glycosyltransferase (*PtrGT8.1*)
Prolin-Rich Protein *(PR-AGP4*
Glycine-Rich Protein *(GRP3)*
Endochitinase *(PopCHT1)*
Lipid transfer protein *(POPLTP1)*

Protéines LEA (*Late Embryogenesis Abundant*)
Dehydrins (dhn-1, dhn-2)

Métabolisme des carbohydrates
Putative Glucan-endo-1,3-beta-glucosidase precursor *(Glucan)*
Putative Inositol-3-phosphate synthase *(Ino3)*

Tolérance au stress hydrique

Biosynthèse des Lignines
Caffeoyl-CoA-3-O-methyltransferase *(CCoAomt-1)*
4-coumarate-CoA-ligase *(Ptr-4CL3, 4CL-1)*
Trans-cinnamate-4-hydroxylase *(C4H-2)*
Caffeic-O-methyltransferase (*COMT-1*)
Phenylalanine ammonia-lyase *(PAL-1)*
Cinnamyl-alcohol-dehydrogenase *(CAD-2)*
Ferulate-5-hydroxylase (*F5H*)

Régulation de la transpiration / respiration
Sérine/Thréonine kinase (*Erecta*)

Facteurs de Transcription
RING finger protein 26 *(RINGP)*
Putative Zinc finger protein (*ZINCF*)

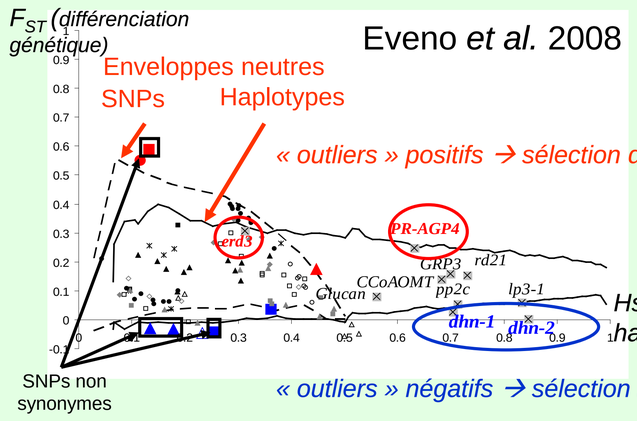
DIFFERENCIATION NUCLEOTIDIQUE entre populations et espèces

Pinus pinaster

Différenciation entre 10 populations en fonction de leur diversité moyenne pour **10 gènes et 94 SNPs polymorphes** (*méthode de Beaumont & Nichols 1996*)

F_{ST} *(différenciation génétique)*

Eveno *et al.* 2008



Populus ***trichocarpa* / nigra**

			Polymorphismes partagés	Polymorphismes exclusifs (2 espèces)	substitutions	***Nst***
ERECTA	5	4	0	8	0	> 0.6
CAD	9	6	0	13	1	0.705
F5H	4	2	0	6	4	> 0.6
GH5	11	5	0	16	2	> 0.6
PopCHT1	5	5	0	10	3	> 0.6
PopFLA8	14	8	0	22	7	> 0.6
POPLTP1	13	12	0	25	4	> 0.6
PtOMT1.1	16	16	2	30	2	0.499
Ptr4CL3	7	4	0	11	5	> 0.6
PtrGT8.1	6	10	0	16	1	> 0.6

Quercus ***petraea / robur***

OErecta	52	47	35	27	0	0.165
OERECTA-PC	19	39	4	49	0	0.305
OC4H	12	10	9	4	0	0.091
OCAD2-PC	9	13	6	8	0	0.157
OCOMT	16	20	12	14	0	-0.011
OF5H	12	15	8	8	0	0.192
OF5H-PC	9	13	5	10	0	0.215

- Nombre de polymorphismes partagés: très faible chez Populus, beaucoup plus important chez *Quercus*. Cependant, le nombre de substitutions est encore faible chez *Populus*, alors qu'elles sont absentes entre espèces de chênes.
- Chez le chêne pour 3 gènes sur 5, la proportion de sites polymorphes exclusifs d'une espèce est représentative d'une différenciation génétique au niveau haplotypique 5 à 10 fois supérieure aux valeurs estimées pour des marqueurs neutres.
- *ERECTA* : un gène de spéciation chez les chênes (*Fs* de Fu significatif et négatif chez *Q.robur* à la Petite Charnie indicateur d'un excès d'haplotypes (et d'une sélection directionnelle?)

Références**:** Scotti-Saintagne C, Mariette S, Porth I, Goicoechea PG, Barreneche T, Bodénès C, Burg K, Kremer A (2004) Genome Scanning for Interspecific Differentiation Between Two Closely Related Oak Species [*Quercus robur* L. and *Q. petraea* (Matt.) Liebl.]. Genetics 168 : 1615-1626; Eveno E, Collada C, Guevara MA, Léger V, Soto A, Díaz L, Léger P, González-Martínez SC, Cervera MT, Plomion C, Garnier-Géré PH (2008). "Contrasting patterns of selection at *Pinus pinaster* Ait. drought stress candidate genes as revealed by genetic differentiation analyses". Mol. Biol. Evol. 25(2):417-437; Lepais Olivier (2008) Étude de la dynamique d'hybridation dans le complexe d'espèces des chênes blancs (chênes pédonculés - *Quercus robur*, sessiles - *Q. petraea*, pubescents - *Q. pubescens*, tauzins - *Q. pyrenaica*). Thèse de l'École doctorale Sciences et Environnements, Université de Bordeaux I, 278 p.

Remerciements**:** Le BRG (Bureau des Ressources Génétiques), Le projet DIGENFOR ("*Naturally occurring nucleotide diversity in candidate genes for forest tree adaptation*) (contrat n°27) cooépration trinationale entre l'Espagne (MCyT), la France (GÉNOPLANTE) & l'Allemagne (GABI), Le projet Européen Treesnips (contrat n°836501), Le réseau d'excellence EVOLTREE (contrat n° 016322), la Plate-forme de Génotypage-Séquençage de Bordeaux (Fonds du Conseil Régional d'Aquitaine n° 20030304002FA et 20040305003FA, et de l'UE, FEDER n° 2003227).