



HAL
open science

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.

Pauline Garnier-Géré¹, Isabella Paolucci², Thibaut Decourcelle¹, Véronique Jorge³, Emmanuelle Eveno¹, Rémi Bounon², Marie-Christine Lepaslier², Jorge Paiva¹, François Hubert¹, Veronica El Mujtar¹, Patrick Léger¹, Valérie Léger¹, Catherine Bodènès¹, Christophe Plomion¹, Catherine Bastien³, Patricia Faivre-Rampan², Antoine Kremer¹

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

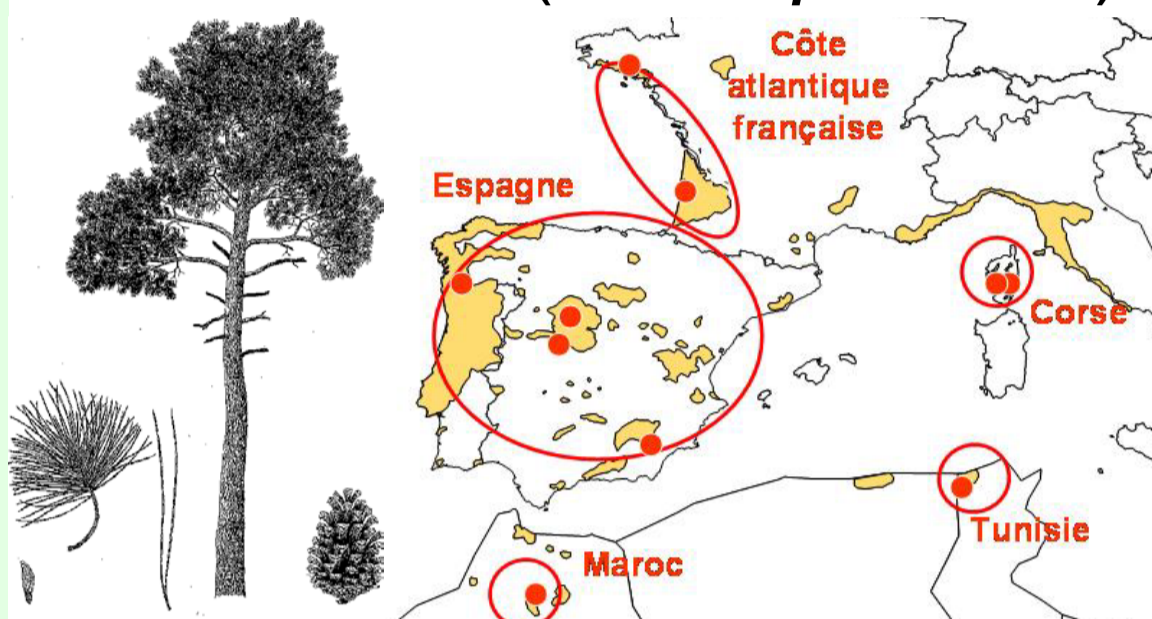
- ❖ **Changements climatiques** prédits → études de caractères adaptatifs susceptibles d'être fortement affectés par ces changements au sein d'espèces pérennes (ex: *tolérance au stress hydrique*), et des gènes candidats potentiellement impliqués dans l'expression de ces caractères.
- ❖ **Génomique des 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'efficacité 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 *F_{st}* + 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)

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

- Fascioline-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*)

Métabolisme des carbohydrates

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

Biosynthèse des Lignines

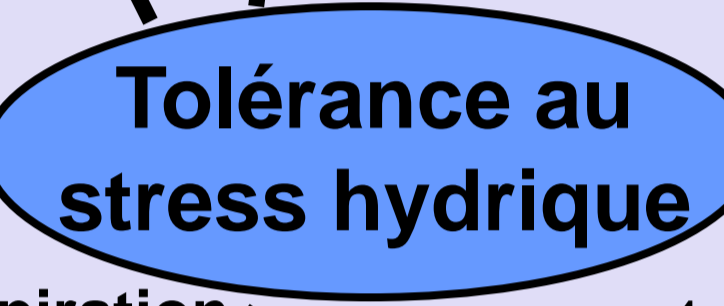
- Caffeoyl-CoA-3-O-methyltransferase (*CCoAomt-1*)
- 4-coumarate-CoA-ligase (*Ptr4CL3, 4CL-1*)
- Trans-cinnamate-4-hydroxylase (*C4H-2*)
- Caffeic-O-methyltransferase (*COMT-1*)
- Phenylalanine ammonia-lyase (*PAL-1*)
- Cinnamyl-alcohol-dehydrogenase (*CAD-2*)
- Ferulate-5-hydroxylase (*F5H*)

Régulation de la transpiration / respiration

- Sérine/Thréonine kinase (*Erecta*)
- RING finger protein 26 (*RINGP*)
- Putative Zinc finger protein (*ZINCF*)

Facteurs de Transcription

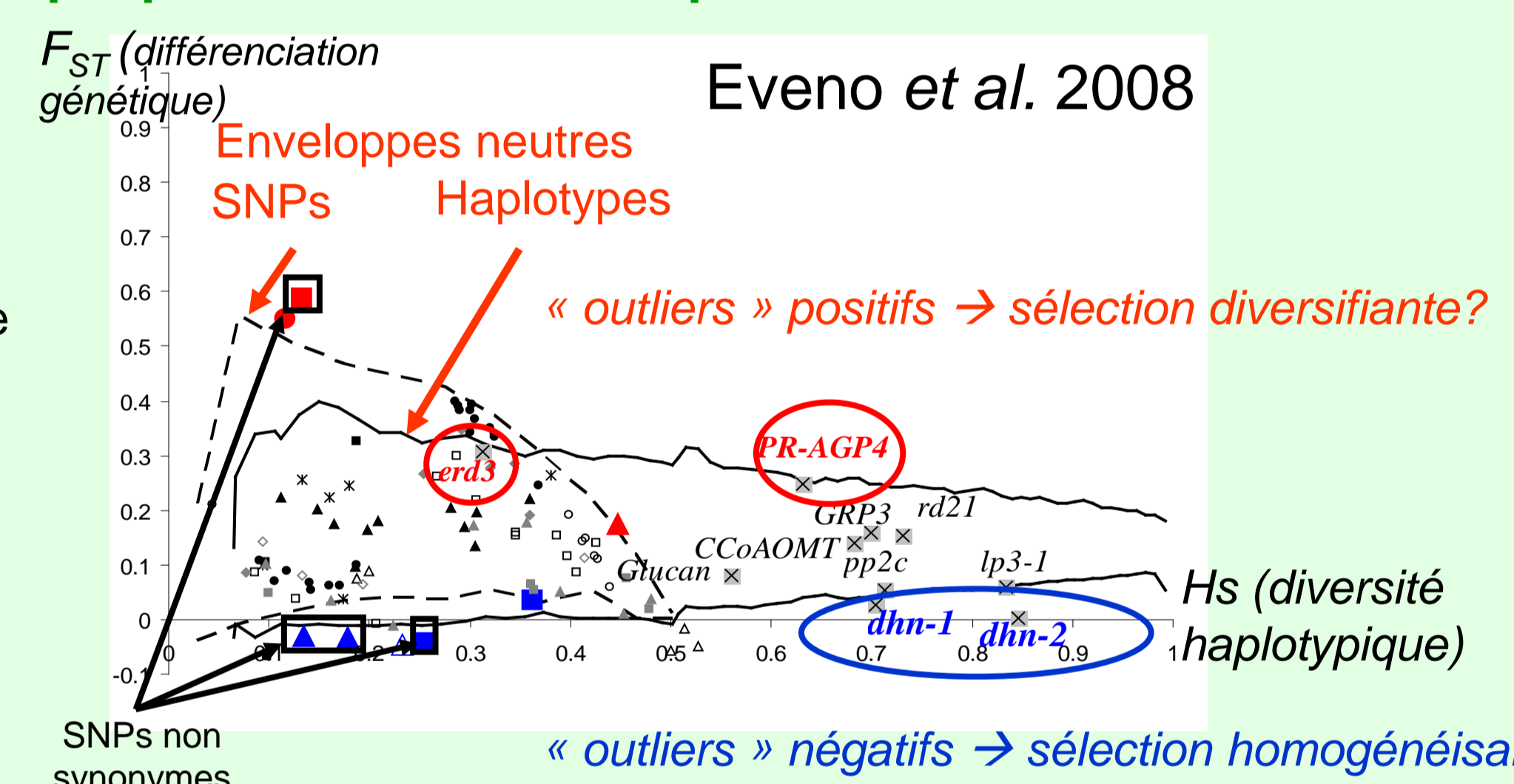
- Protéines LEA (*Late Embryogenesis Abundant Dehydrins (dhn-1, dhn-2)*)



DIFFERENCIATION NUCLEOTIDIQUE entre populations et espèces

Pinus pinaster

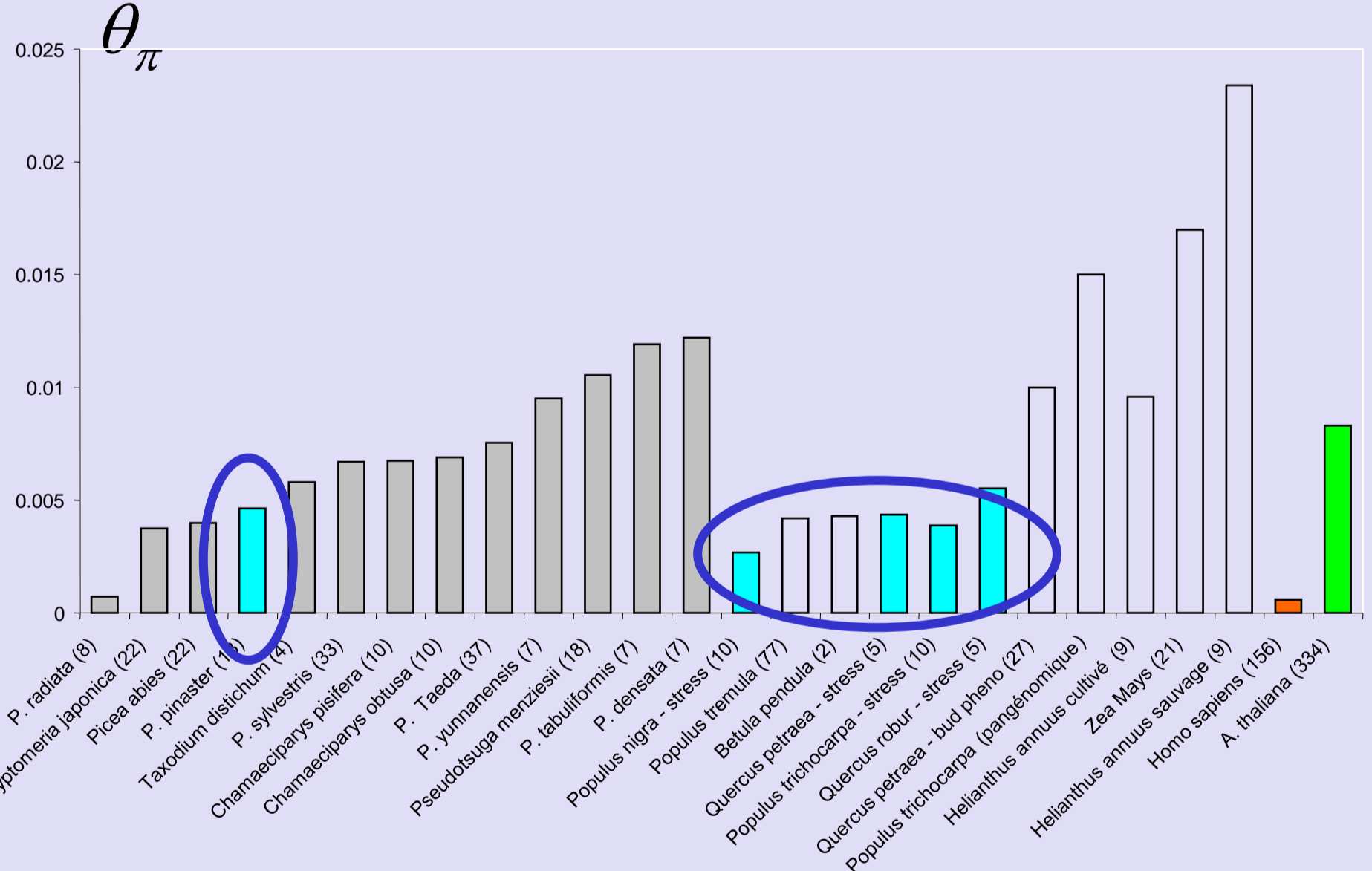
Différenciation entre 10 populations en fonction de leur diversité moyenne pour **10 gènes et 94 SNPs polymorphes** (méthode de Beaumont & Nichols 1996)



Populus	<i>trichocarpa / nigra</i>		Polymorphismes		
	partagés	exclusifs (2 espèces)	substitutions	<i>N_{st}</i>	
<i>ERECTA</i>	5	4	0	8	> 0.6
<i>CAD</i>	9	6	0	13	0.705
<i>F5H</i>	4	2	0	6	> 0.6
<i>GH5</i>	11	5	0	16	> 0.6
<i>PopCHT1</i>	5	5	0	10	> 0.6
<i>PopFLA8</i>	14	8	0	22	> 0.6
<i>POPLTP1</i>	13	12	0	25	> 0.6
<i>PtOMT.1</i>	16	16	2	30	0.499
<i>Ptr4CL3</i>	7	4	0	11	> 0.6
<i>PtrGT8.1</i>	6	10	0	16	> 0.6

Quercus	<i>petraea / robur</i>		Polymorphismes		
	partagés	exclusifs (2 espèces)	substitutions	<i>N_{st}</i>	
<i>OERecta</i>	52	47	35	27	0.165
<i>OERECTA-PC</i>	19	39	4	49	0.305
<i>OC4H</i>	12	10	9	4	0.091
<i>OCAD2-PC</i>	9	13	6	8	0.157
<i>OCOMT</i>	16	20	12	14	-0.011
<i>OF5H</i>	12	15	8	8	0.192
<i>OF5H-PC</i>	9	13	5	10	0.215

NIVEAUX DE DIVERSITÉS NUCLEOTIDIQUES



- 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'efficacité d'utilisation de l'eau?

- 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 (*F_s* de *F_u* 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, Bodènès 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) coopération 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).