



HAL
open science

Perspectives de la sélection génomique chez le pin maritime

Laurent Bouffier

► **To cite this version:**

Laurent Bouffier. Perspectives de la sélection génomique chez le pin maritime. Séminaire R2D2, Selgen, Nov 2014, La Rochelle, France. hal-04724205

HAL Id: hal-04724205

<https://hal.inrae.fr/hal-04724205v1>

Submitted on 7 Oct 2024

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial 4.0 International License



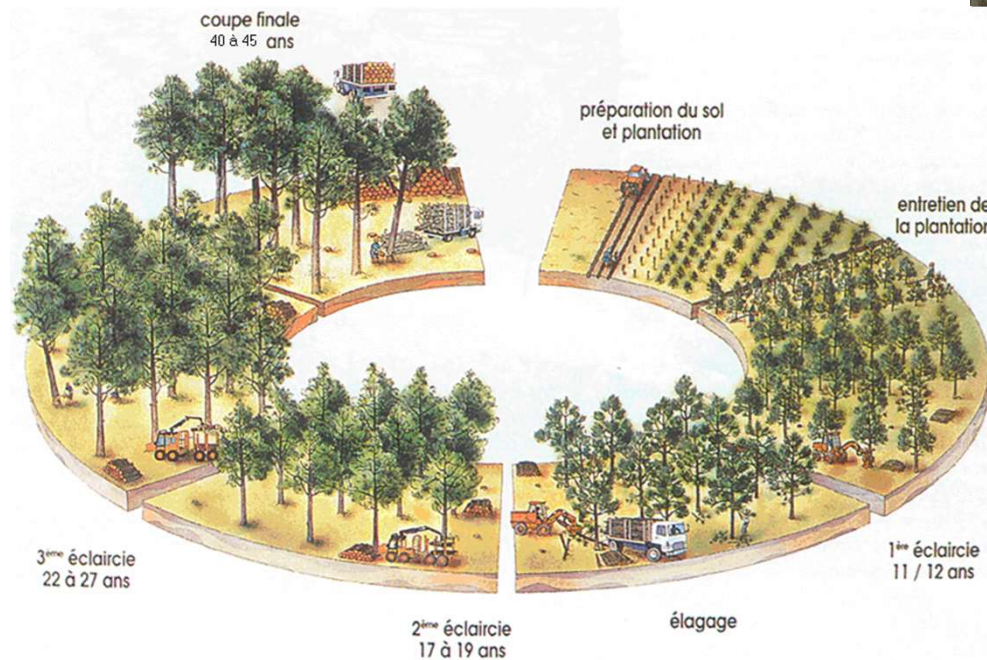
Perspectives de la sélection génomique chez le pin maritime

Laurent Bouffier

Réunion R2D2, La Rochelle 7 Novembre 2014

1/ Particularités biologiques

- Pin maritime:
 - adaptation
 - sols acides
 - sécheresse estivale
 - hydromorphie hivernale
 - résistance au froid
 - croissance rapide
- Plantations sur ~1 million hectares



**Futaie régulière
(avec rotation de 35-40 ans)**

- Possibilités de multiplication:

- Greffage possible:

- conservation des génotypes dans des parcs à clones
- vergers à graines



- Bouturage uniquement au stade plantule (~qq copies par plant)

- tests clonaux peu utilisés

- Embryogénèse somatique (ie bouturage d'embryons en conditions in vitro) uniquement sur graines immatures (+ cryoconservation)



➔ Variétés = Graines issues de vergers de clones (ie. ~40 génotypes greffés + pollinisation open ou contrôlée) ou de familles

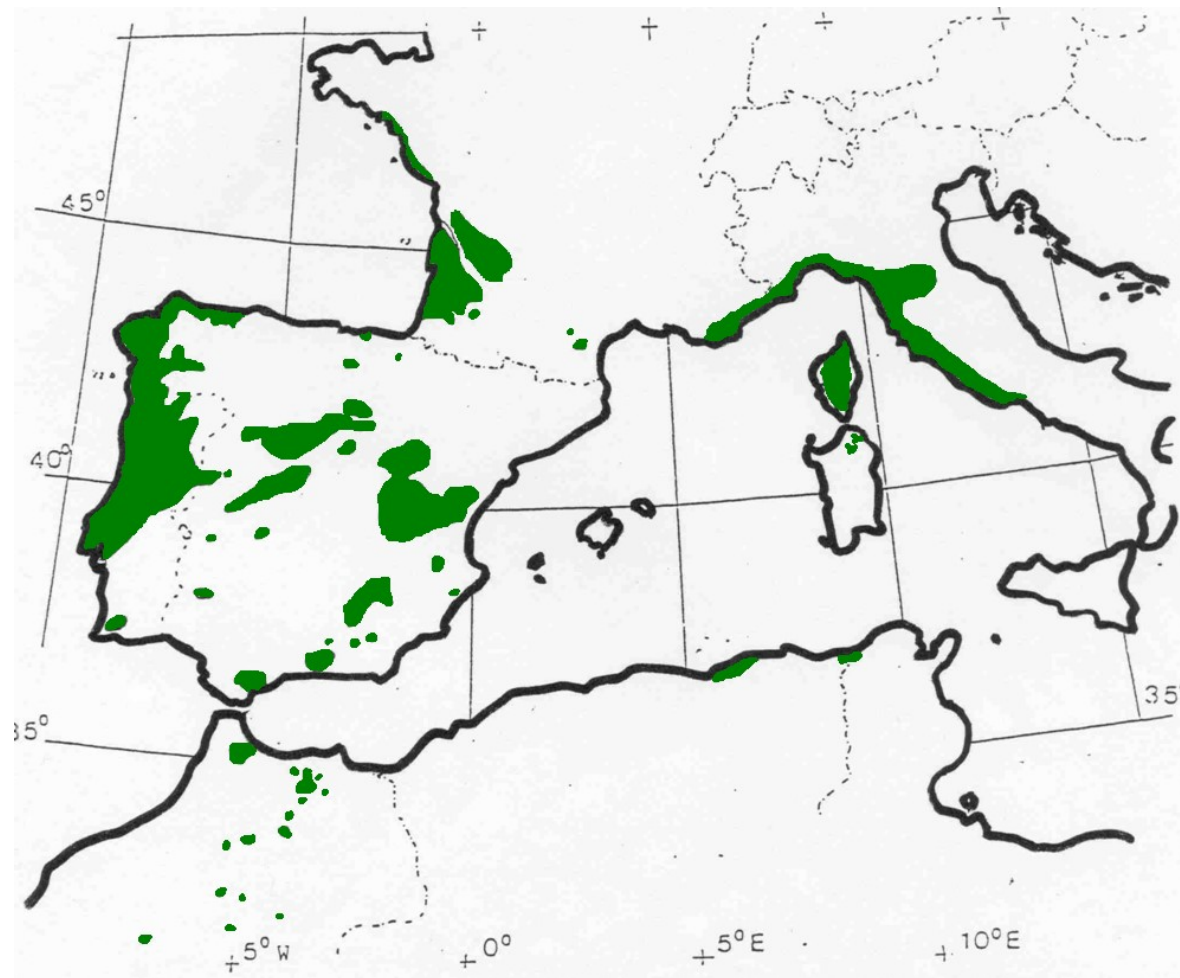
➤ Croisements contrôlés



X



- Aire de distribution naturelle du pin maritime (forte différenciation inter-provenance)
→ Développement de variétés inter-provenances

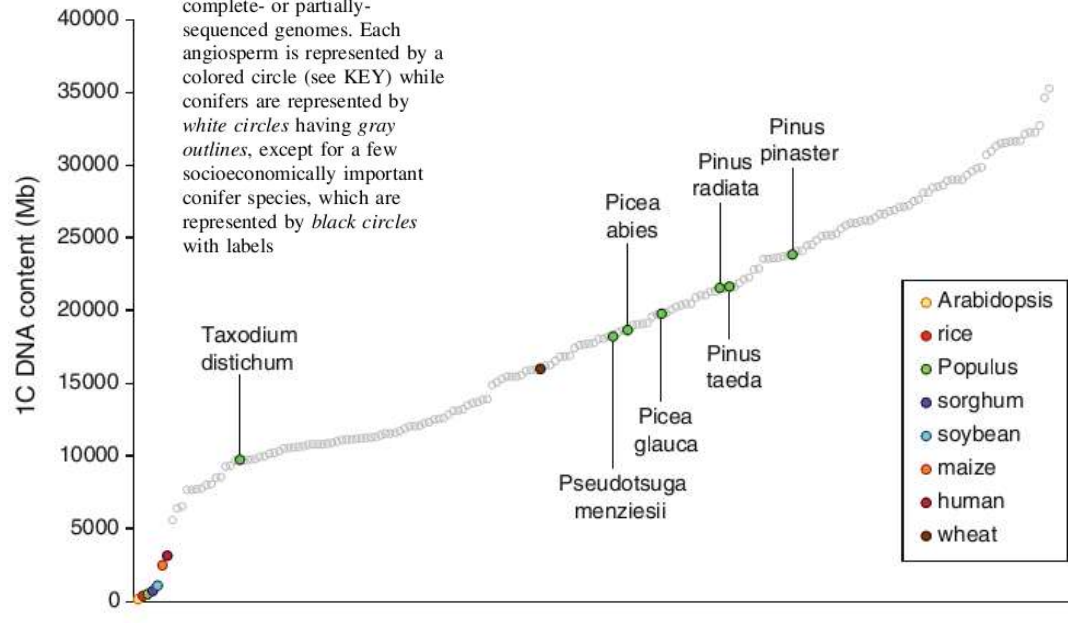


2/ Particularités génétiques

Génome de grande taille

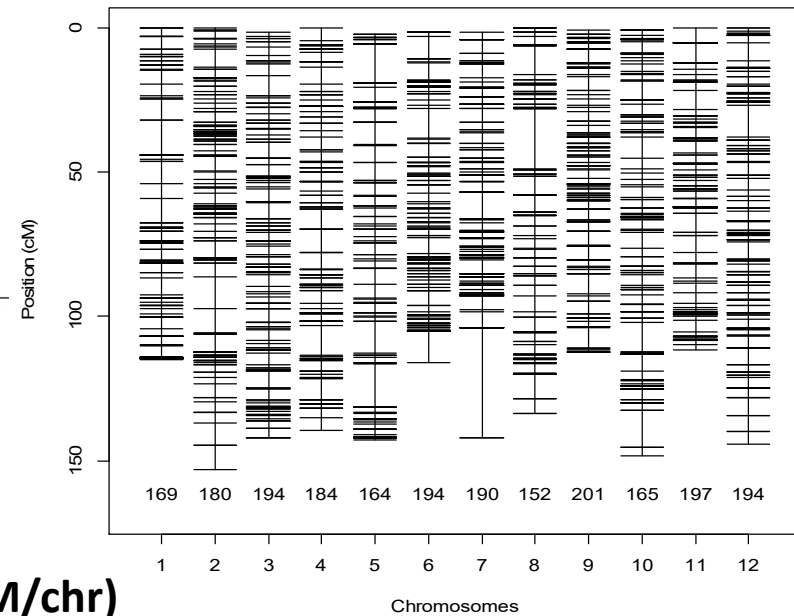
Plant Mol Biol (2012) 80:555–569

Fig. 1 Genome sizes of 181 conifers (Murray et al. 2004) and select angiosperms (Bennett and Leitch 2005) with complete- or partially-sequenced genomes. Each angiosperm is represented by a colored circle (see KEY) while conifers are represented by white circles having gray outlines, except for a few socioeconomically important conifer species, which are represented by black circles with labels



Diploïde
2n=24

11 cartes génétiques sur la base de marqueurs SNPs
1 carte consensus de 4000 SNPs



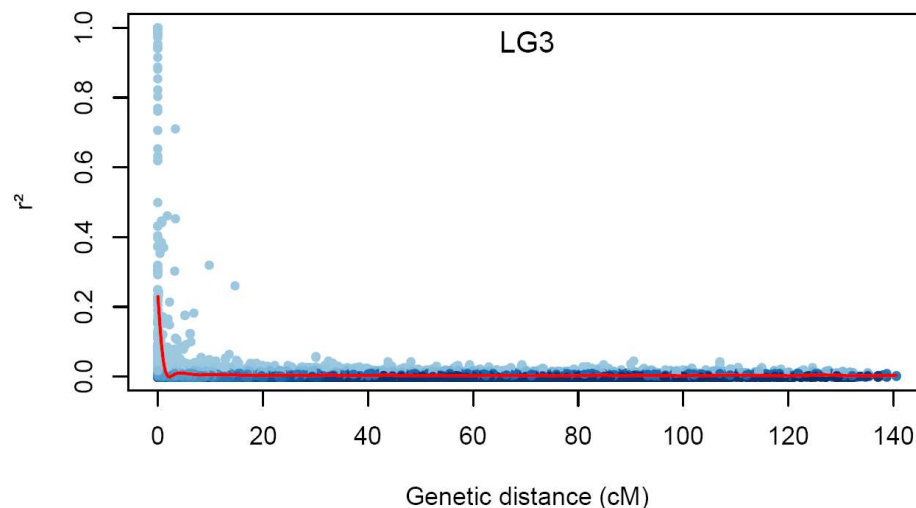
Taille physique gigantesque ~ 24.5 GigaBases
Taille génétique classique (1700 cM soit 100-150cM/chr)

Outils de génotypage

- génome en cours de séquençage
- SNP ds des exons --> puce Illumina de type Infinium (transcriptome de référence: Canales et al. 2014) 384, 1536, 12k, 9k SNPs
- ~4500 SNPs informatifs pour la population d'amélioration (puce Infinium) dont la plupart sont cartographiés
 - ➔ ~3 SNPs / cM

Faible déséquilibre de liaison

- absence de DL à longue distance (échelle génétique) (Plomion et al. 2014, BMC Genomics) dans la population de base du prg d'amélioration
 - faible DL à courte distance (échelle physique) avec une décroissance <0.2 après qq^s 100aines de bp (Pot et al. 2005 New Phytol , Eveno et al. 2008 MBE)
- ➔ conséquence pour la mise en œuvre de la SG : capture d'un DL marqueur-QTL dans des pop de faible taille efficace.



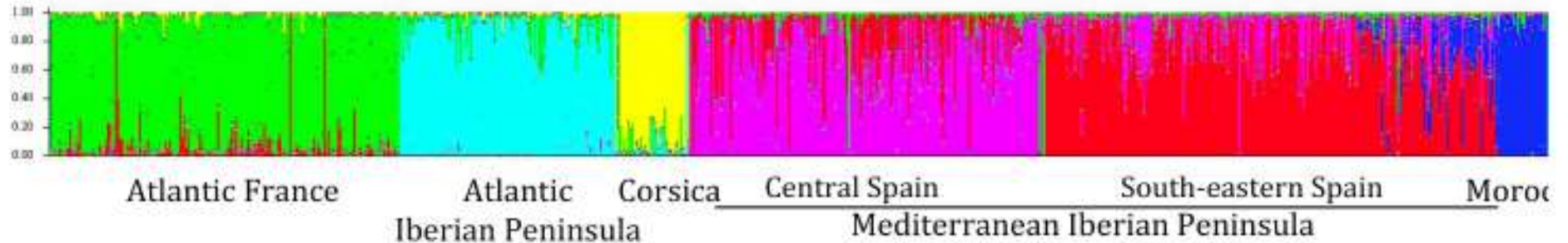
**Ex dans population de 661 arbres
(184 G0 et 477 G1)**

une sur l'absence de perte de diversité (He) par sélection massale

la sélection massale n'a pas fait baissé la diversité

			With monomorphic loci			Without monomorphic loci (in all three pops)		
	N	% monomorphic loci	Number of loci	MAF	Nei's He	Number of loci	MAF	Nei's He
G0	46	0.24222488	5016	0.2012220419	0.266366027	3981	0.2535370215	0.335617179
natura l pop atlanti c coast	50	0.241028708	5016	0.198226008	0.263065482	3981	0.2497610782	0.331458543

Forte structuration au sein de l'espèce *S. Gonzalez-Martinez* (communication personnelle)



mais l'absence de structuration de la pop d'amélio (Plomion et al. 2014 BMC genomics)...ce qui est favorable pour la mise en œuvre de la SG (provenance landaise)

Héritabilité des caractères d'intérêts

- hauteur (0.3)
- circonférence (0.2)
- écart à la verticalité (0.3)
- densité du bois (0.6)

Résultats des études QTL et d'association difficilement valorisables en sélection

- QTLs mis en évidence dans des pedigrees spécifiques
- Très faible variabilité expliquée à partir des études d'association

étude dans des pedigrees: QTL d'effets plus
(WUE, résistance cavitation, SS, densité) ou
moins (croissance) forts
donner l'exemple du QTL de WUE (Marguerit
et al. 2014 J Exp Bot)
cf pour HT et SS les données envoyées à Joost

étude en populations (approche gènes
candidats uniquement avec qqs 100aines de
SNPs) : faibles effets expliqués pour la HT, SS,
lignin (Lepoittevin et al. 2012 TGG)
donner exemple de la figure 3 de cet article

3/ Schéma amélioration

Principales caractéristiques du programme d'amélioration

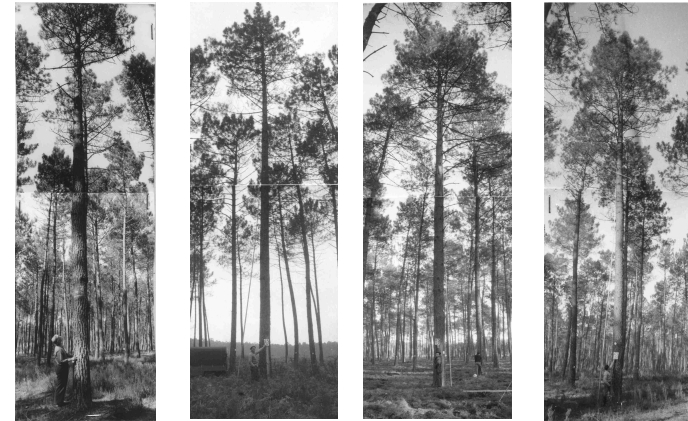
➤ Initié dans les années 60:

- Sélection ~600 arbres plus (population de base)



➤ Critères de sélection:

- Volume + Rectitude basale
- Qualité du bois



➤ Géré par un consortium depuis 1995:

- Groupe d'Intérêt Scientifique « Pin Maritime du Futur » (INRA, FCBA, ONF, CPFA, CRPF)



➤ Gains génétiques:

- variétés généralistes (~30% en volume et rectitude)
- Vergers à graines avec contrat d'obtention (Agri-Obtentions): ONF, Vilmorin, Forélite, regroupement marchands grainiers
- Pépiniéristes (Forélite, Planfor, Robin, Naudet)



Diffusion du gain génétique

% de la surface du massif occupée par les variétés améliorées

■ VF1 ■ VF2 ■ Non Amélioré

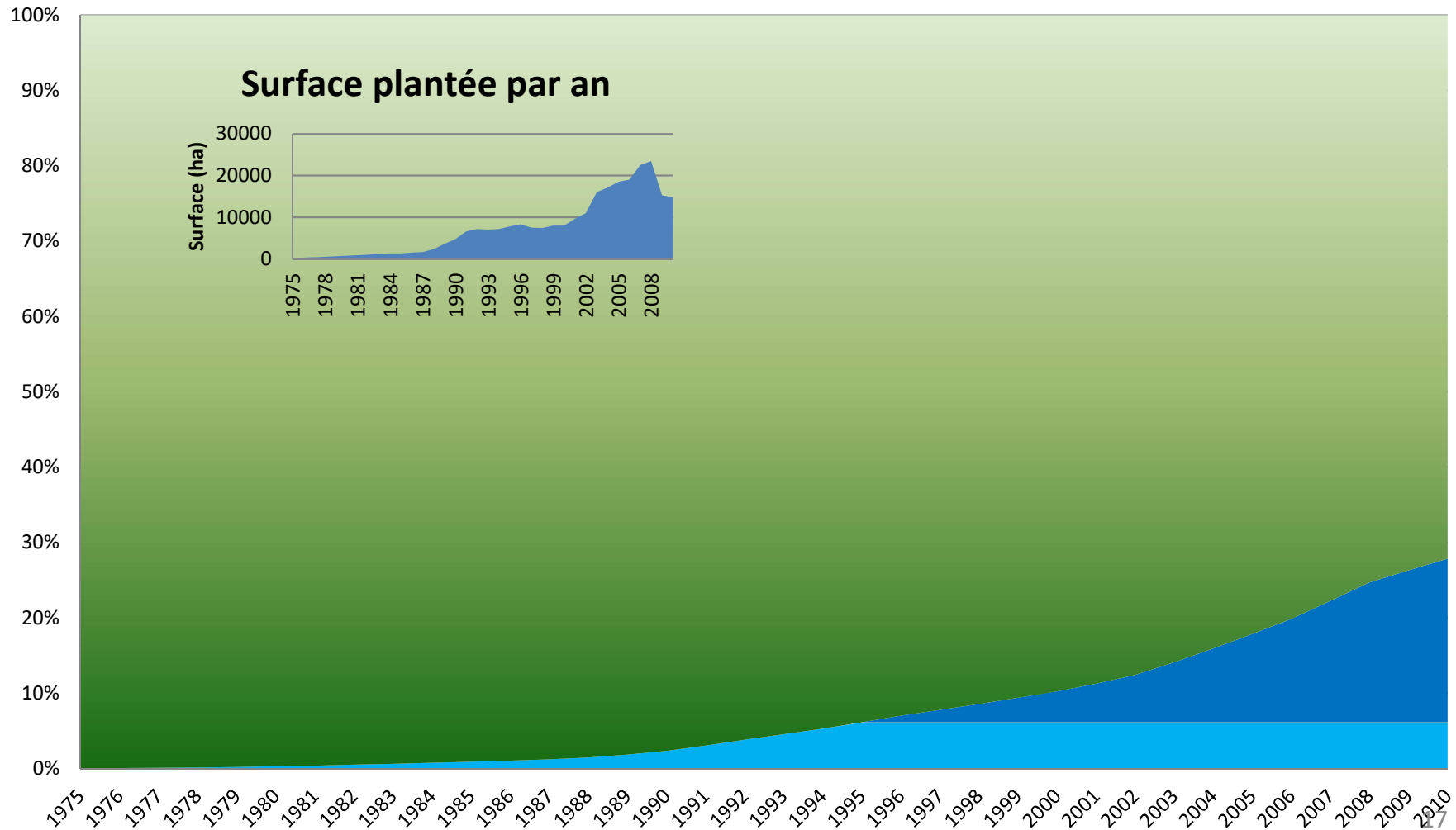
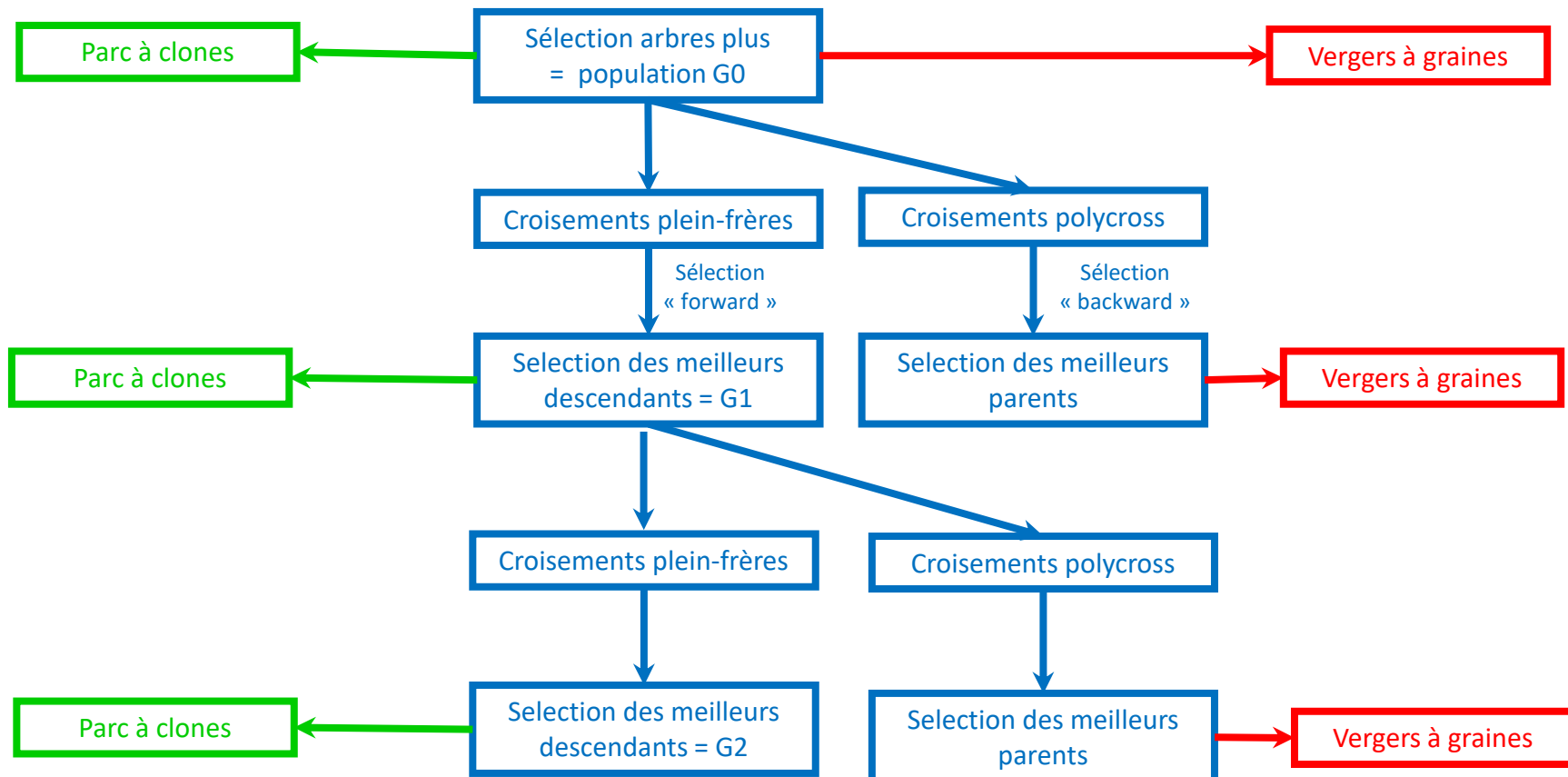


Schéma de sélection recurrente

Population de conservation

Population d'amélioration

Population de multiplication



Taille population d'amélioration

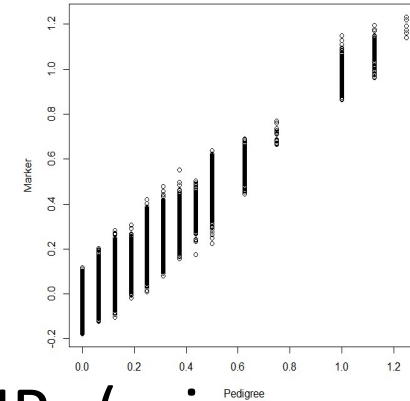
- Pop de base = 635 arbres G0 sélectionnés en forêt
- Dans un premier temps: sélection de 2622 G1 (Ns = 94)

Puis restructuration en 8 lignées soit au total 364 arbres (Ns = 135) issus de 242 G0 + 98 pères inconnus

Et 1 population « élite » (63 arbres, Ns = 24)

4/ Attentes vis-à-vis de la sélection génomique

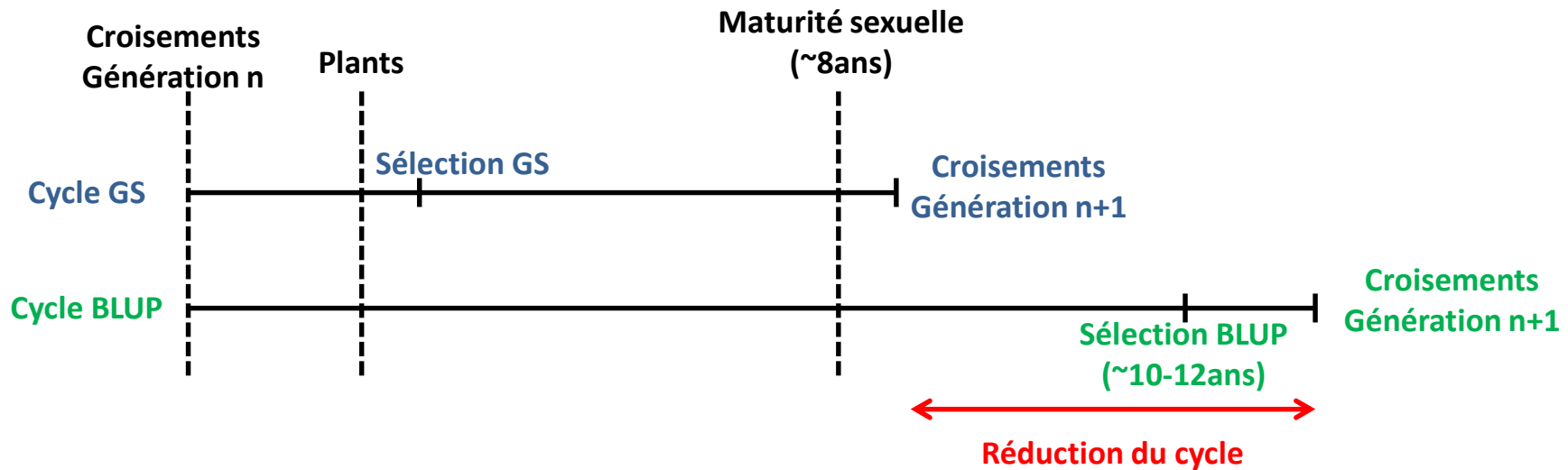
A/ Matrice d'apparentements réels



- Augmentation de la précision des BLUPs (prise en compte de la ségrégation mendélienne)
- Conservation des méthodes d'évaluation actuelles (remplacement de la matrice A par une matrice G)
- Possibilité de construire des matrices d'apparentement hybrides (arbres génotypés et non génotypés) → développer une stratégie pour identifier les individus à génotyper prioritairement

B/ Réduction de la durée des cycles et/ou augmentation de l'intensité de sélection

- Maturité sexuelle tardive → réduction de la durée du cycle de sélection limitée



- Augmentation possible de l'intensité de sélection via pré-sélection associée éventuellement à une simplification des plans de croisements (polycross) voire à du clonage (augmentation de la précision du phénotypage)

C/ Prise en compte de caractères difficiles à mesurer

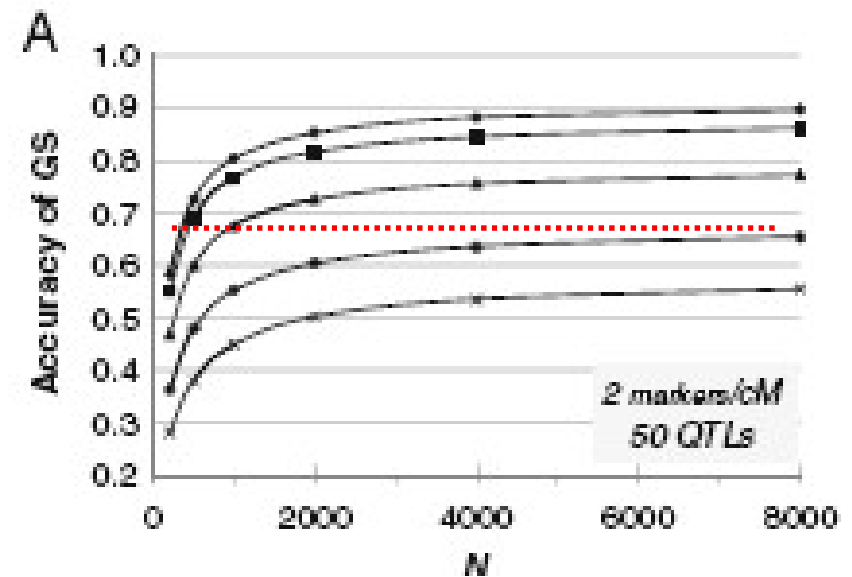
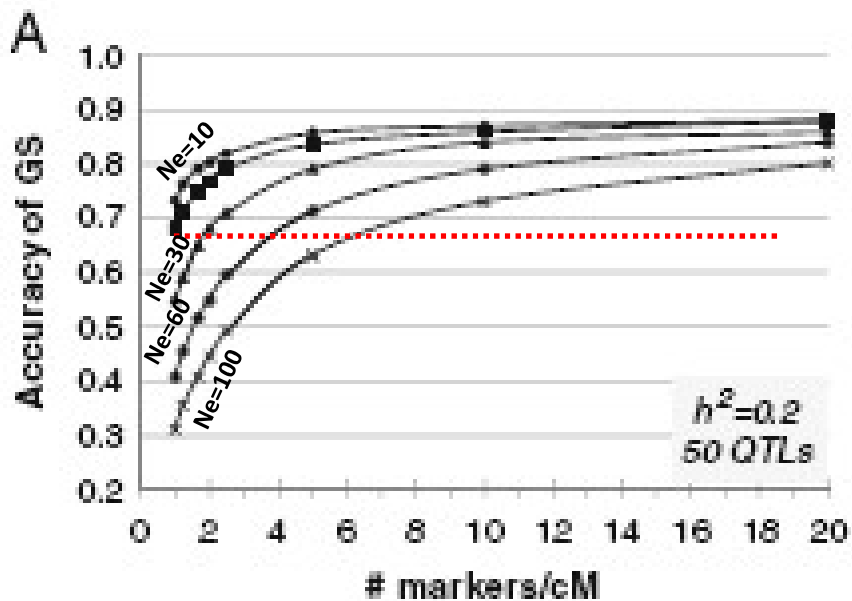
- Population d'entraînement: phénotypage de caractères coûteux (efficacité d'utilisation de l'eau), à expression tardive (qualité en sciage), ou impossible à mesurer sur de très grands effectifs (résistance à la sécheresse, résistance à des pathogènes...)
- Utilisation du modèle de prédiction pour la population d'application

5/ Etudes en cours , résultats préliminaires

Simulations chez les arbres forestiers

Grattapaglia D, Resende MDV (2011) Genomic selection in forest tree breeding.
Tree Genetics and Genomes 7:241-255

- Modèle déterministe (effets uniquement additifs):
 - DL via N_e et nbre de marqueurs par cM
 - Taille de la pop d'entraînement
 - Héritabilité
 - Nombre de QTLs



Deux publications sur *Pinus taeda*

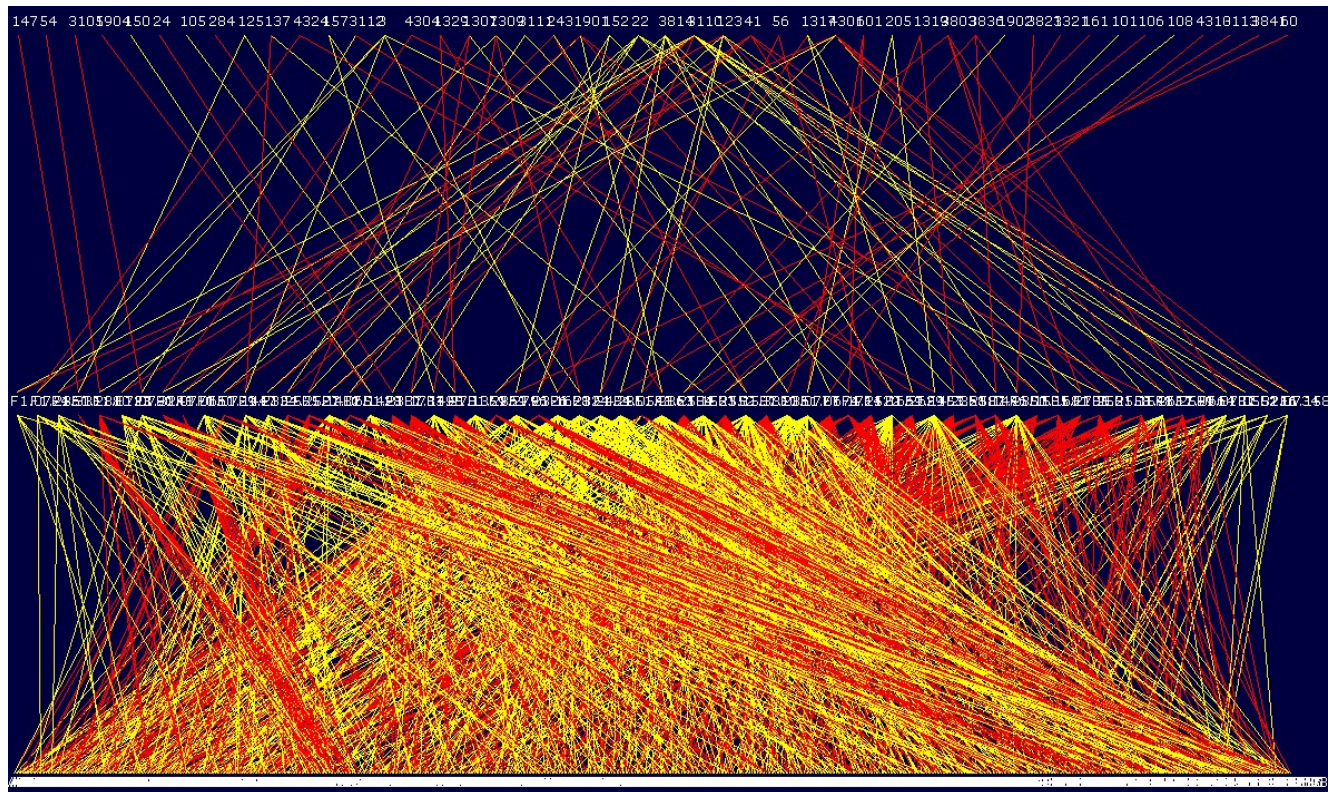
Resende MFR, Munoz P, Acosta JJ, Peter GF, Davis JM, Grattapaglia D, Resende MDV, Kirst M (2012) Accelerating the domestication of trees using genomic selection: accuracy of prediction models across ages and environments. *New Phytologist* 193:617-624.

Zapata-Valenzuela J, Isik F, Maltecca C, Wegrzyn J, Neale D, McKeand S, Whetten R (2012) SNP markers trace familial linkages in a cloned population of *Pinus taeda* – prospects for genomic selection. *Tree Genetics and Genomes* 8:1307-1318.

Authors	Resende et al., 2012	Zapata-Valenzuela et al., 2012
Ne (nber of founders)	32	18 parents
Nber of families	61 FS families	13 FS families
GS Population	~800	149
Phenotyping	8 ramets / genotype x 4 sites	~ 40 ramets / genotype
Markers	4825 SNPs (/ 7216 SNPs)	3406 SNPs (/ 5379 SNPs)
Training vs validation data set	10-fold cross validation approach using random subsampling replication	2 scenario (90% training vs. 10% validation, 50% training vs. 50% validation)
Traits h^2	0.13 - 0.32	0.22 - 0.38
Accuracy GS	0.65 - 0.73 (growth)	0.30 - 0.68 (growth) 0.61 - 0.68 (lignine, cellulose)

Chez le pin maritime, une étude en cours

- **Objectif:** évaluer le concept de la sélection génomique dans notre population d'amélioration (choix d'une population de petite taille efficace en raison du faible nombre de marqueurs disponibles)



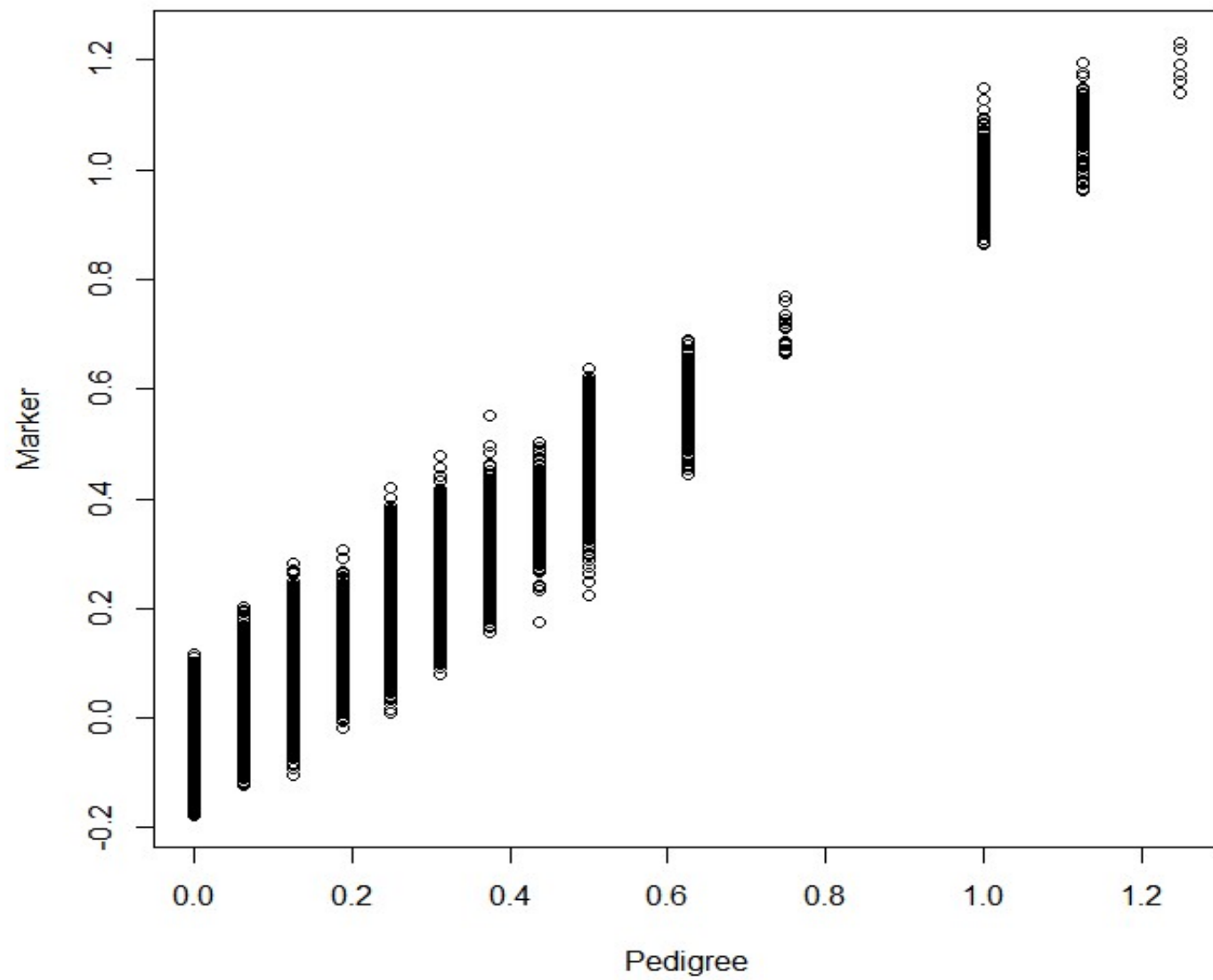
46 G0

62 G1

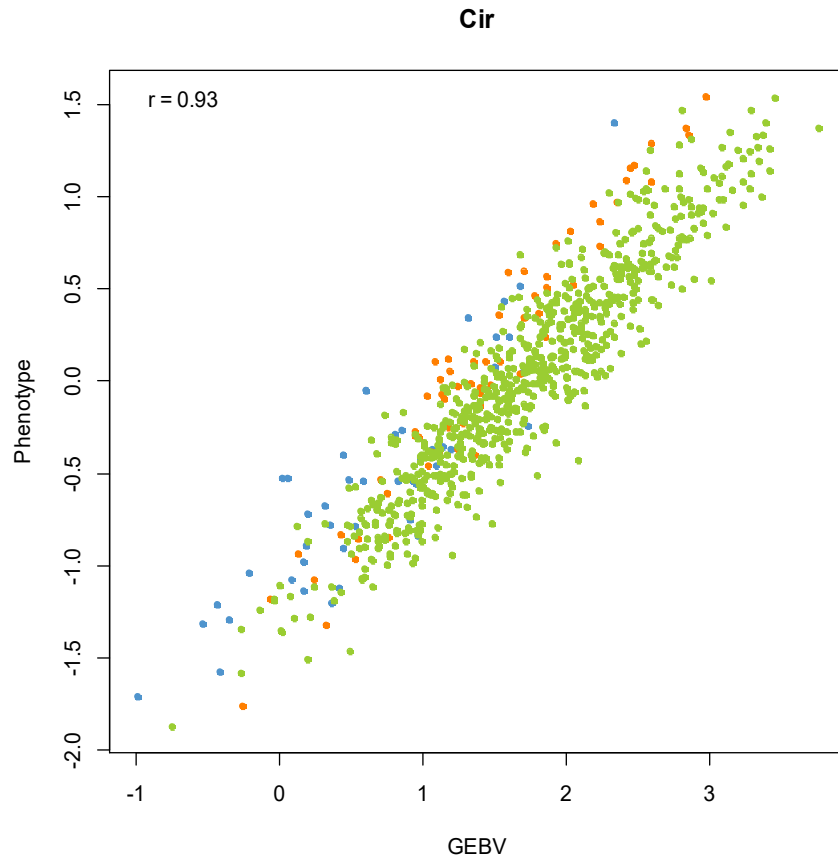
710 G2

Au total: 818 arbres; $N_e=24$

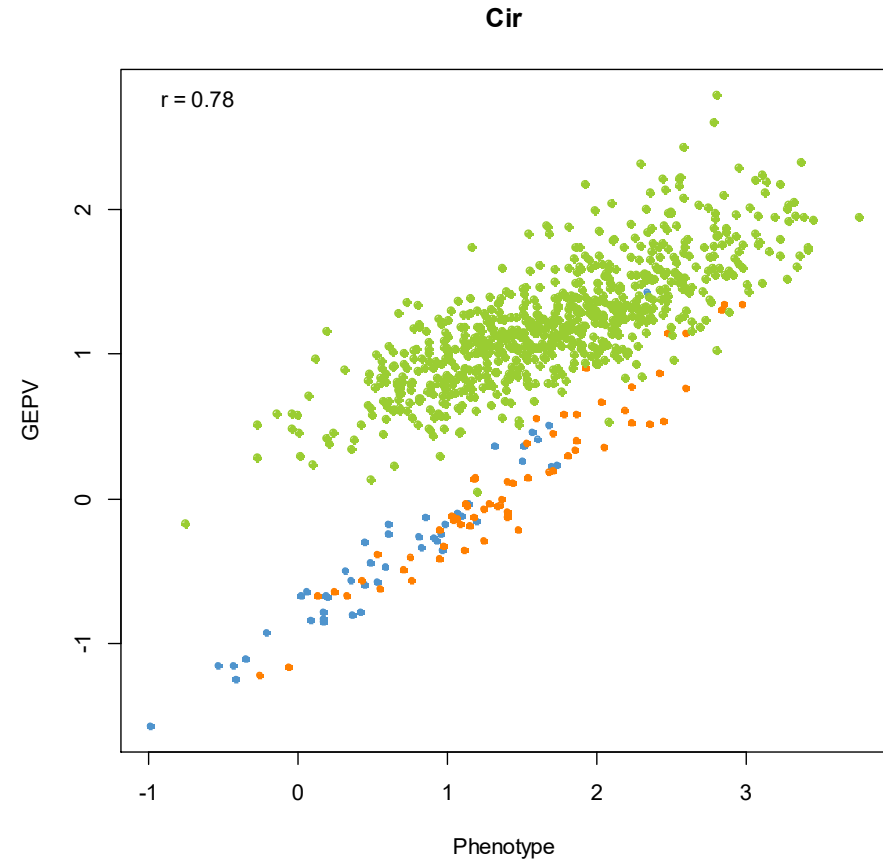
- Génotypage = 4500 SNPs informatifs
- Phénotypage = BLUPs (dérégressés) pour Ht, Cir, Ecart à la verticalité



Modèle construit avec les 3 générations



Modèle construit avec les G0-G1 (points bleu et orange) et appliqué aux G2 (points vert)



➔ Résultats encourageants sur la prédictibilité du modèle pour les générations futures

6/ Freins à la mise en place de la SG

- **Aspects théoriques:**

- Besoin de démonstration de la SG dans nos populations (validité des modèles pour les générations futures?)
- Quid validation des modèles inter-provenances?
- Nombre limité de marqueurs disponibles (genotyping by sequencing?)
- Développer les recherches sur l'âge de la maturité sexuelle (induction florale, top-grafting...)

- **Aspects organisationnels:**

- Besoin de démonstration (espoirs déçus de la SAM)
- Pas de culture « biologie moléculaire » (aucune application des marqueurs aujourd'hui)... mais des développements récents encourageants (vérification de l'identité de clones, reconstitution de pedigree, test de l'origine géographique...)