

Sélection génétique : tradition et innovation

Conférence midi Forêts 12 octobre 2016

Martin Perron



$$P'(t) = \frac{r}{k} P(t)(b - P(t))$$
$$V_{AE,ik} = \beta_1 dh p_{ik}^p H_{ik}^p + \varepsilon_{\pm,ik}$$



0 10 20 30 40 50 60 70 80 90 100

Forêts, Faune
et Parcs

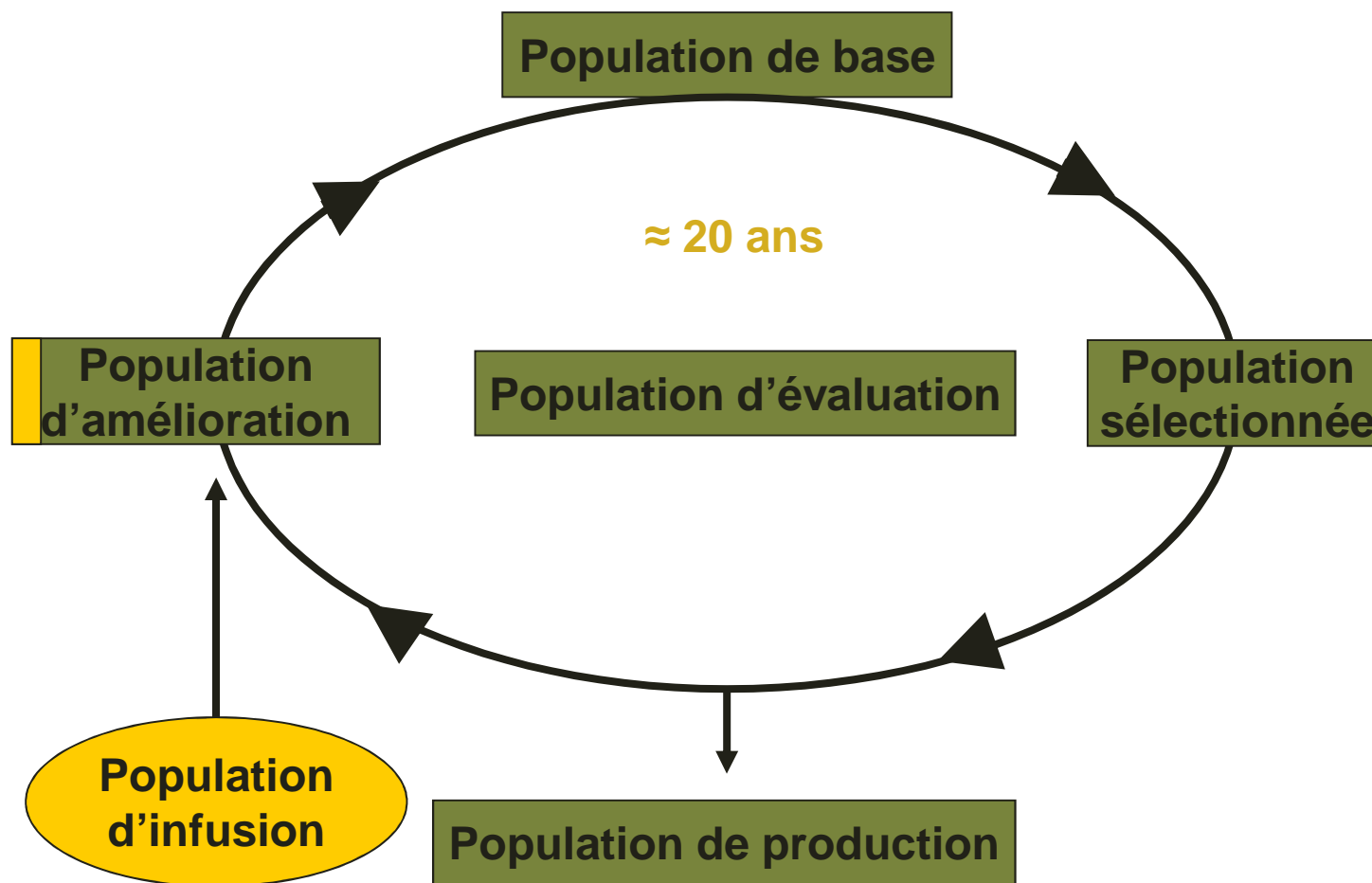
Québec 

Remerciements



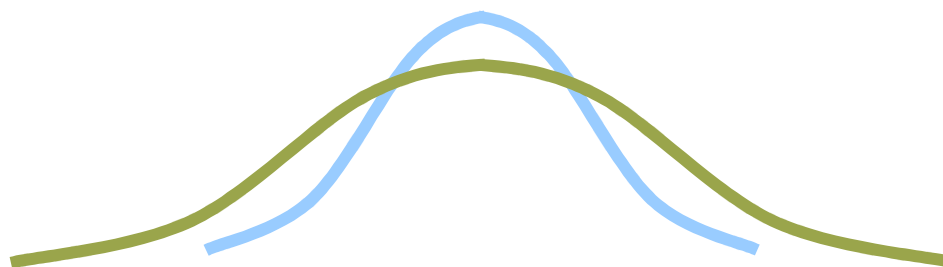
Et autres personnels du MFFP
(DRF, DGSPF, région...)

Amélioration génétique traditionnelle



Préalable pour une sélection efficace

1) Le caractère doit être variable dans la population



2) Le caractère doit être transmissible aux descendants

- Croissance
- Rectitude du tronc

$$h_i^2 = \frac{c * \hat{\sigma}_F^2}{(\hat{\sigma}_F^2 + \hat{\sigma}_{S*F}^2 + \hat{\sigma}_{B(S)*F}^2 + \hat{\sigma}_w^2)}$$

$$h_f^2 = \frac{\hat{\sigma}_F^2}{\left(\hat{\sigma}_F^2 + \frac{\hat{\sigma}_{S*F}^2}{n_s} + \frac{\hat{\sigma}_{B(S)*F}^2}{n_s \cdot n_{hbl}} + \frac{\hat{\sigma}_w^2}{n_s \cdot n_{hbl} \cdot n_{hpl}} \right)}$$

Préalable pour une sélection efficace

3) Précision des paramètres génétiques

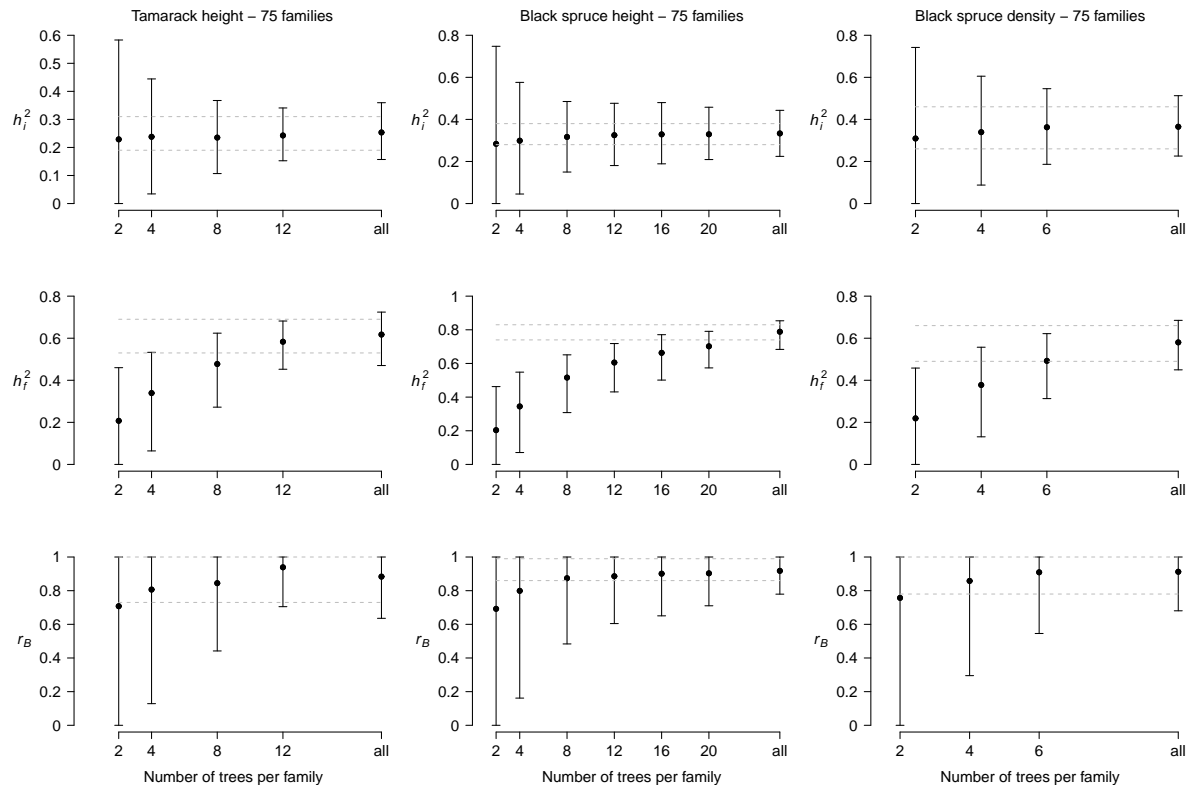


Fig. 2. Effect of number of sampled trees per family per site with 75 families on average values of h_i^2 , h_f^2 and r_B estimates, and observed 95% resampling confidence intervals, based on 1,000 random resamplings without replacement per pair of varying factors. Grey lines correspond to the confidence intervals based on bootstrap values for the whole population (Table 3).

Perron et al. 2013

Comment sélectionner

DIRECTION DE LA RECHERCHE FORESTIÈRE



Comment sélectionner

1) Sélection massale

- Basée sur l'observation seulement
- Efficace lorsque la transmissibilité est élevée



Comment sélectionner

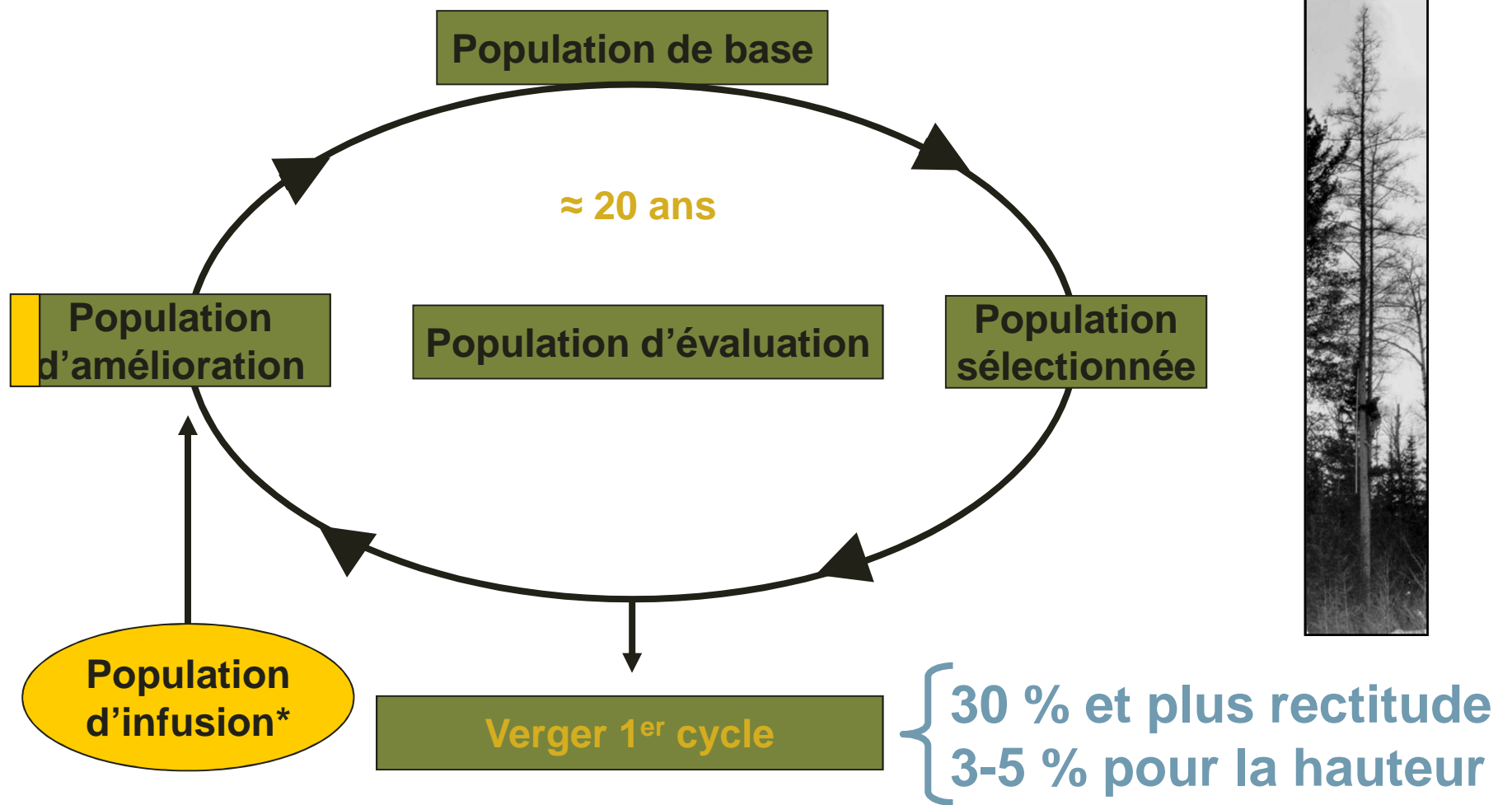
DIRECTION DE LA RECHERCHE FORESTIÈRE



Forêts, Faune
et Parcs

Québec 

Gains approximatifs après une sélection en forêt



Comment sélectionner

DIRECTION DE LA RECHERCHE FORESTIÈRE



Forêts, Faune
et Parcs

Québec 

Comment sélectionner

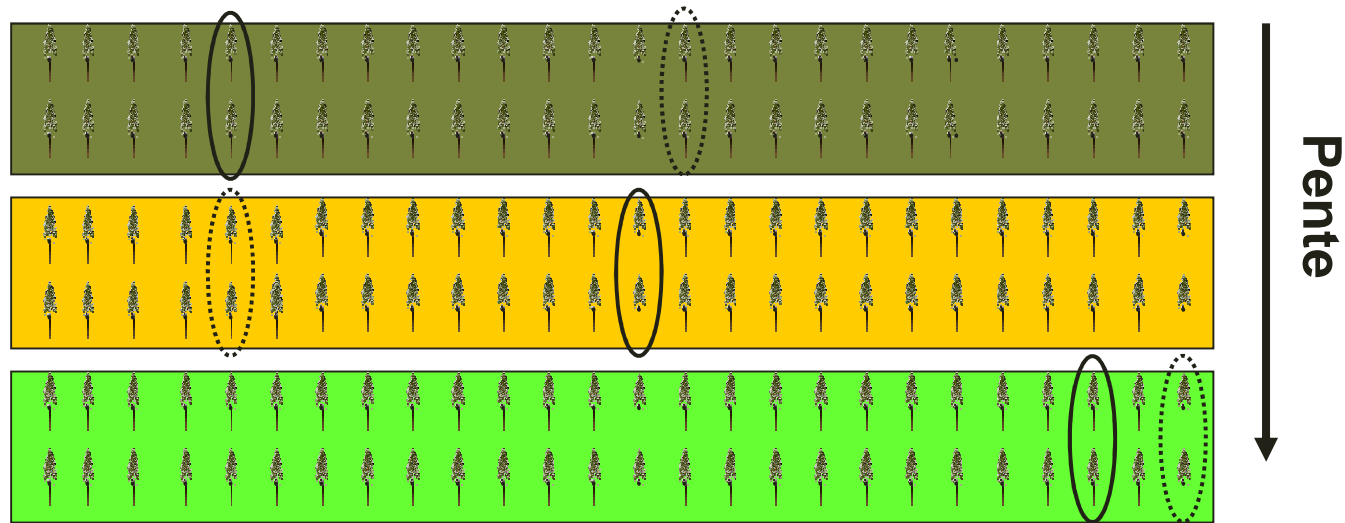
2) Sélection combinée (familiale et intrafamiliale)

- Requis lorsque la transmissibilité est faible
- Demande l'utilisation de plantations d'évaluations



Plantations d'évaluations

Répartition au hasard des éléments génétiques



Répartition de la famille #1

Répartition de la famille #20

Population d'évaluation - Testage



Ex.: plantation d'évaluation DAB61482

Dispositif (1982) :

- Bloc aléatoire complet
- 461 familles de MEL
- 3333 semis à l'hectare
- Plus de 11 000 semis
- Éclaircie génétique à 13 et 25 ans

Mesurages :

- Pousses 1 an
- HT 1, 5, 10 et 31 ans
- DHP 10 et 31 ans



En 2001, sélection basée sur la HT_{10 ans}

Moyenne HT_{10 ans} = 500 ± 2,2 cm

Sélection combinée (familiale et intrafamiliale)

- 45 meilleures familles en HT
- 100 AS (1-4 AS/fam.)



Gain en HT_{10 ans} = 139 cm, soit 28 %

Gain en VME_{31 ans} = 24,3 dm³, soit 12 % ou 7,9 m³ ha⁻¹ année⁻¹

Comment sélectionner

3) Sélection à l'aide d'une valeur d'amélioration (VA)

- **VA = prédiction** de la performance des descendants
- $y_{ijkl} = \mu + S_i + B(S)_{j(i)} + F_k + S \times F_{ik} + B(S) \times F_{j(i)k} + E_{ijkl}$
- $VA_k = h^2_{fam}(\mu F_k - \mu)$

Ex.: $h^2_{fam} = 0,2$ et $\mu = 500$ cm

$\mu F_1 = 600$ cm Donc $VA_1 = 20$ cm ou 4%

$\mu F_2 = 400$ cm Donc $VA_2 = -20$ cm ou -4%

**Implique le respect des hypothèses de départ :
statistique et génétique**

Comment sélectionner

3) Sélection à l'aide d'une VA

- **BLUP** = « Best Linear Unbiased **Prediction** »
- $VA_{fam} = 2 * BLUP$ (uniparentale)
- $VAI_{ijkl} = VA_{fam} + h^2_{intra-fam} * E_{ijkl}$ (uniparentale)



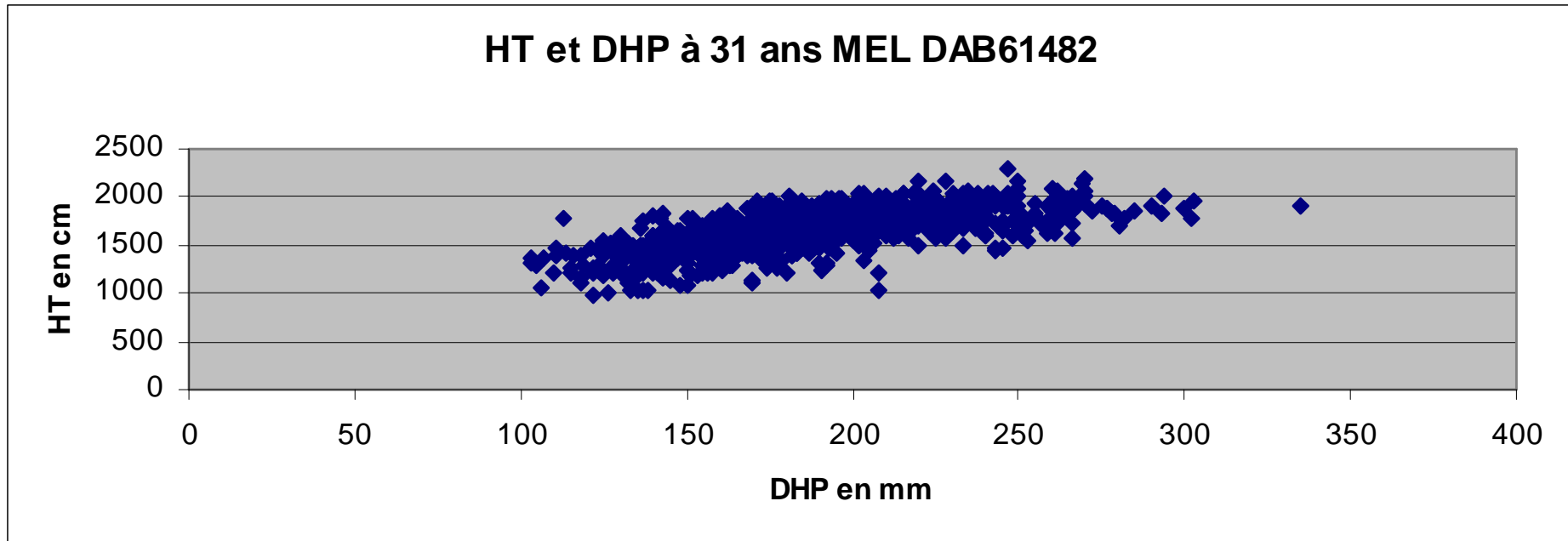
$h^2_{intra-fam}$

HT₁₀
0,29

VME₃₁
0,11

Résultats du mesurage à 31 ans

$R^2=0,46$



Moyennes :

$HT_{31 \text{ ans}} = 1662 \pm 5,6 \text{ cm}$

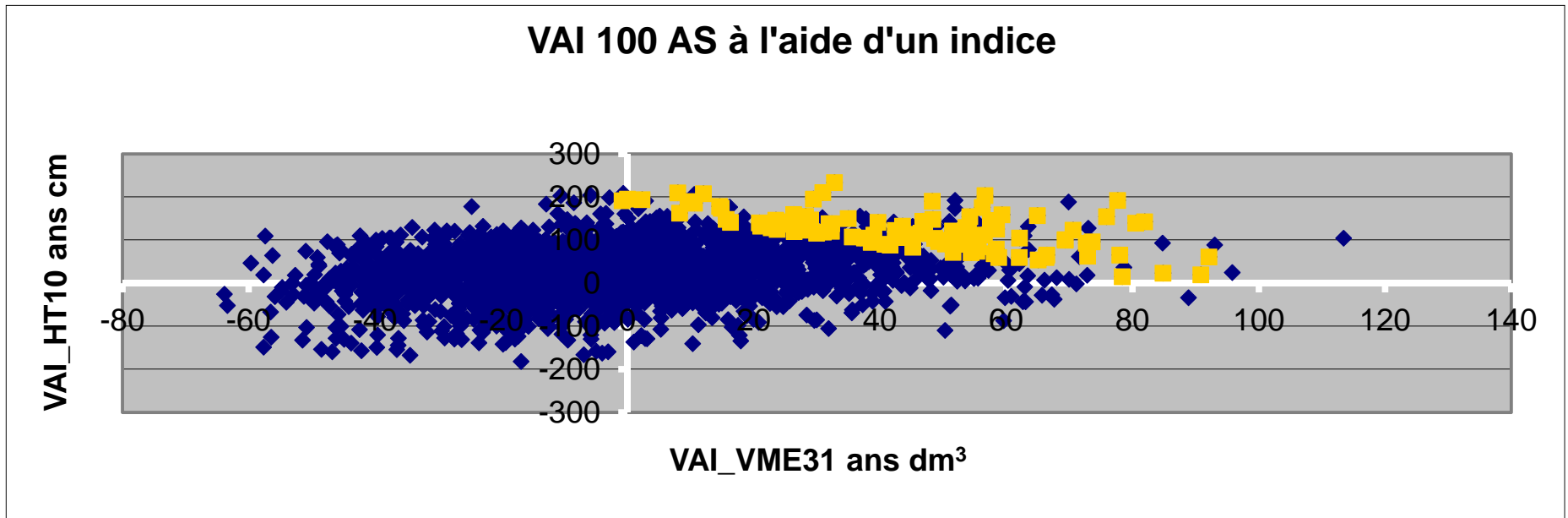
$DHP_{31 \text{ ans}} = 185 \pm 0,8 \text{ mm}$

$VME_{31 \text{ ans}} = 198 \pm 2,2 \text{ dm}^3$

$1100 \text{ tiges ha}^{-1}$ donc $218 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1}$ ou $7 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ année}^{-1}$

Valeurs d'améliorations individuelles

100 arbres sélectionnés sur indice



BLUPs + sélection sur indice

Gain en HT_{10} ans = 125 cm, soit 25 %

Gain en VME_{31} ans = 45 dm³, soit 23 % ou 8,6 m³ ha⁻¹ année⁻¹

Verger 2^e cycle

Fast**TRAC**

Tests Rapides pour l'Amélioration des Conifères

Chercheurs co-responsables : J. Bousquet (U. Laval) et G. Smith (FPI)

Les partenaires :



NBTIC



DIRECTION DE LA RECHERCHE FORESTIÈRE



Chercheurs du projet

- Jean Bousquet, Leader universitaire, Université Laval*
- Guy Smith, Leader des partenaires, FPInnov/CCFB*
- Michel Campagna, MFFPQ*
- Greg Adams, J.D. Irving Ltd*
- Michele Fullarton, NBTIC*
- Yill-Sung Park, CCFB/FPInnov
- Patrick Lenz, CCFB/FPInnov
- François Robichaud, FPInnovations
- Andrew McCartney, J.D. Irving Ltd
- Nathalie Isabel, RNCan
- Martin Perron, MFFPQ
- André Rainville, MFFPQ
- Marie-Josée Mottet, MFFPQ
- Laurence Tremblay, MFFPQ
- Jean Beaulieu, Université Laval

* Comité directeur

Objectifs* (avril 2015 à avril 2018)

- 1) Fournir des modèles de sélection génomique directement dans les programmes d'A.G. de l'Epb et de l'EpØ des partenaires (MFFP, Irving et NBTIC);
- 2) Établir les bénéfices économiques de la sélection génomique et en promouvoir l'utilisation au Canada.

*traduction du conférencier

Sélection Génomique - MFFP

- **Modèles de prédiction pour E_{pb} et E_{p∅} :**
 - Hauteur, DHP;
 - Densité;
 - Angle des microfibrilles;
 - Résistance au charançon du pin blanc (E_{p∅})
- **Livraison des prédictions :**
 - ≈ 4000 E_{pb};
 - ≈ 1000 E_{p∅}.

Étude économique pour le MFFP

Quatre scénarios établis par les améliorateurs de la DRF :

- Nos coûts, activités et contraintes;

Résultats attendus vers décembre 2016

Comment sélectionner

4) Sélection à l'aide de la génomique



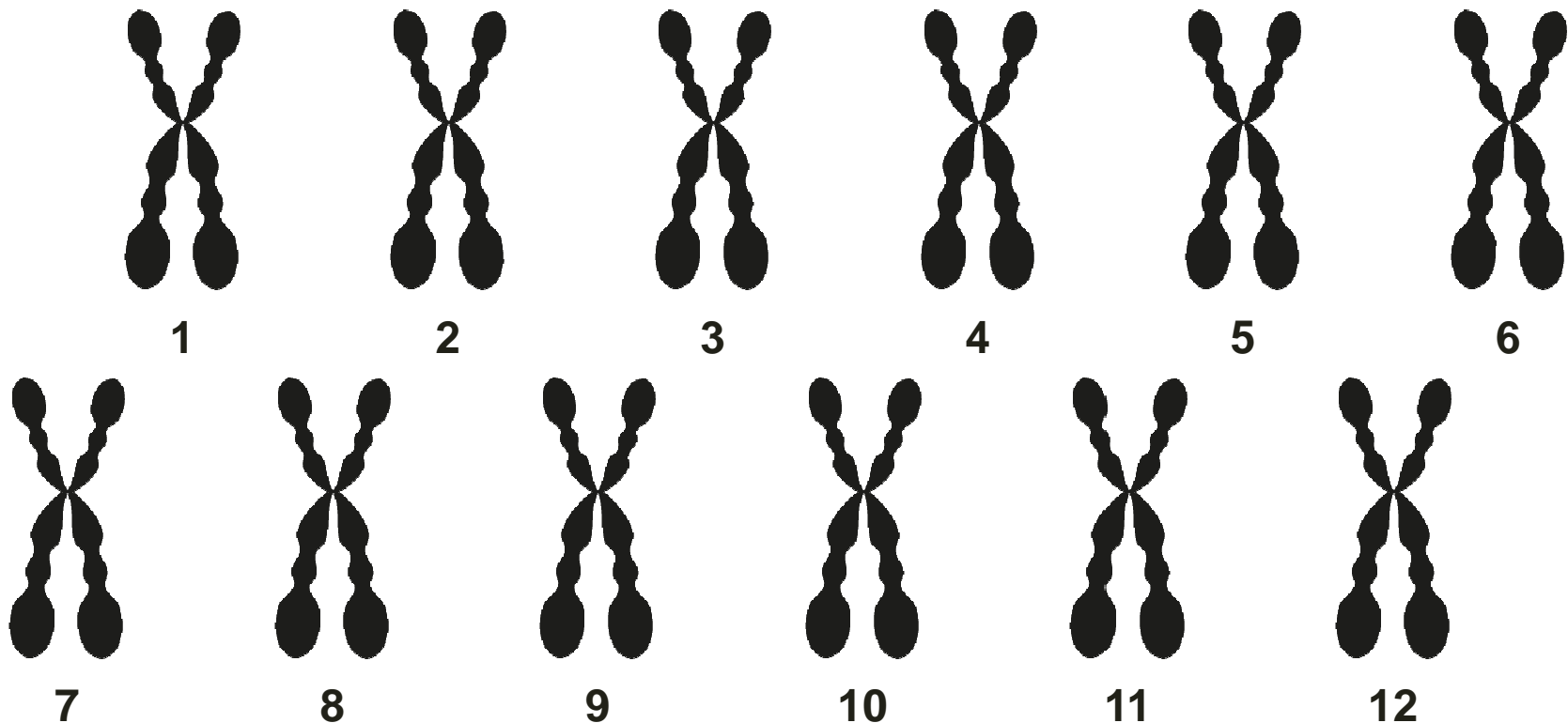
- **Génomique = génétique à grande échelle**
 - Séquençage du génome humain
 - 1989 à 2004 ≈ 3 Milliards \$
 - Génomique forestière au Québec
 - 2002 à aujourd'hui ≈ 25-30 Millions \$
- **Sélection génomique**
(Meuwissen *et al.* 2001)



À savoir pour sélectionner à l'aide de la génomique

Génome = ensemble du matériel génétique

- **ADN mitochondriale (♀) et chloroplastique (♂)**
- **ADN nucléaire = 12 chromosomes chez les conifères***



***sauf quelques exceptions**

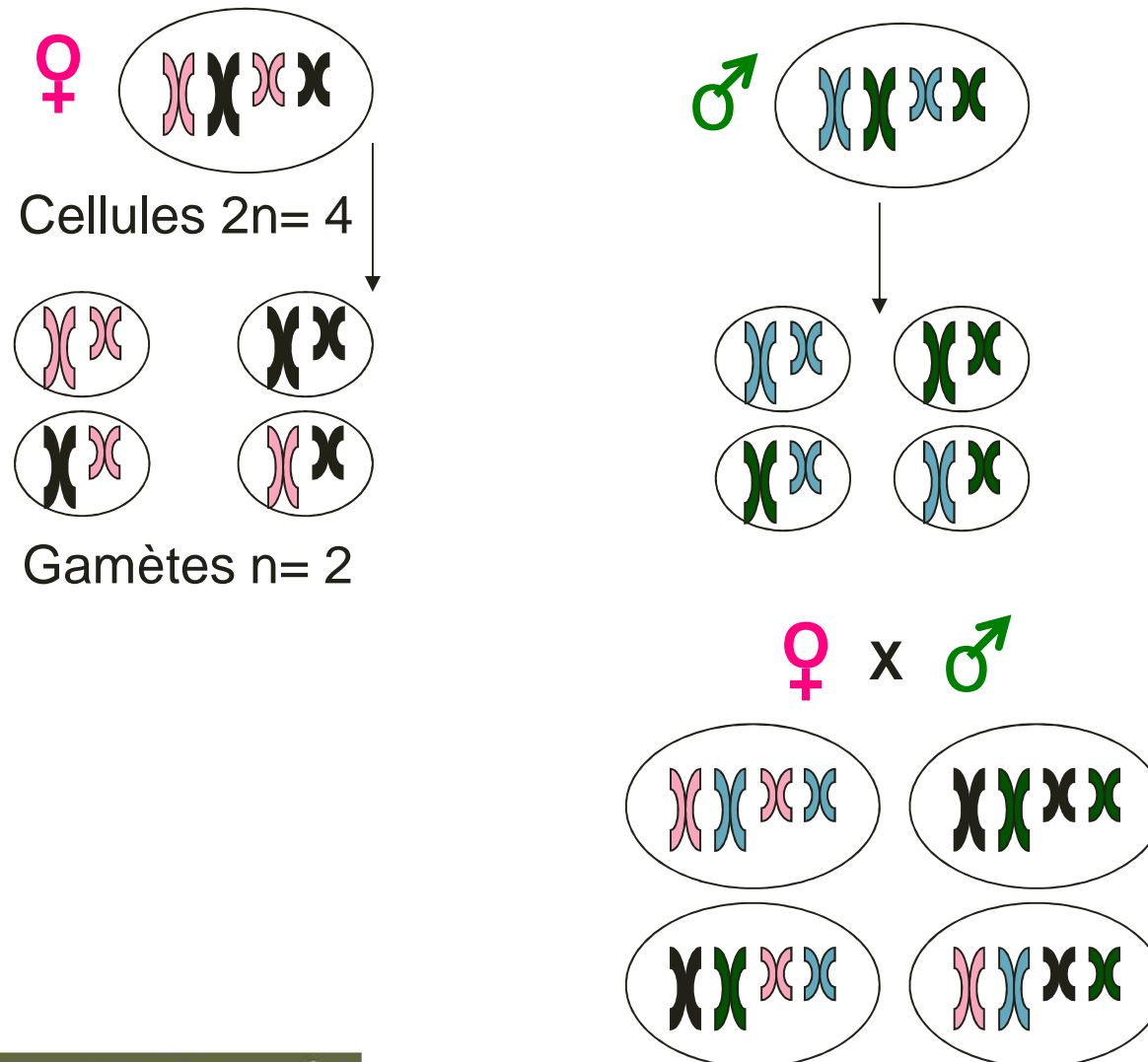
DIRECTION DE LA RECHERCHE FORESTIÈRE

Forêts, Faune
et Parcs

Québec 

À savoir pour sélectionner à l'aide de la génomique

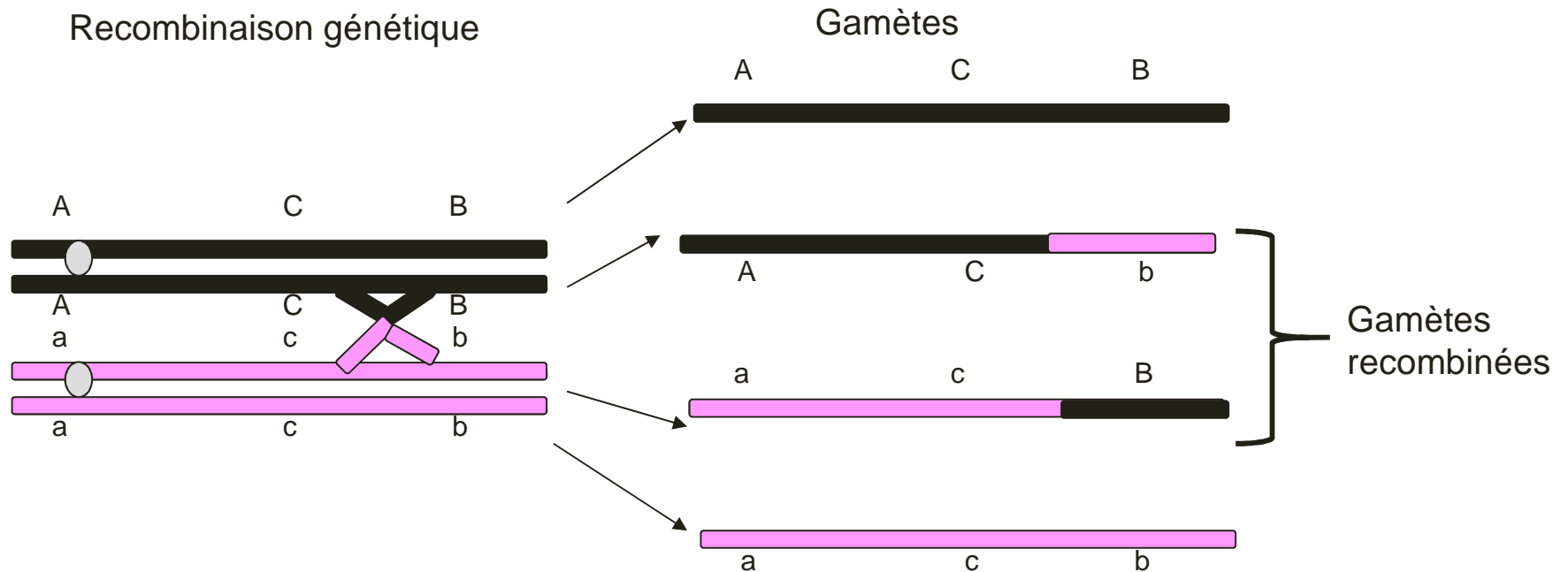
Liaison



À savoir pour sélectionner à l'aide de la génomique

Recombinaison génétique

Il y a **souvent un réarrangement** des gènes, lors de la reproduction



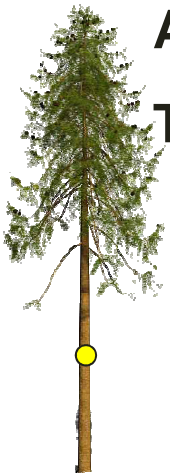
À savoir pour sélectionner à l'aide de la génomique

Position 13



A-T-G-C-A-T-G-C-A-T-G-C-A-T-G-C-A-T-G-C-
T-A-C-G-T-A-C-G-T-A-C-G-T-A-C-G-T-A-C-G-

Position 13

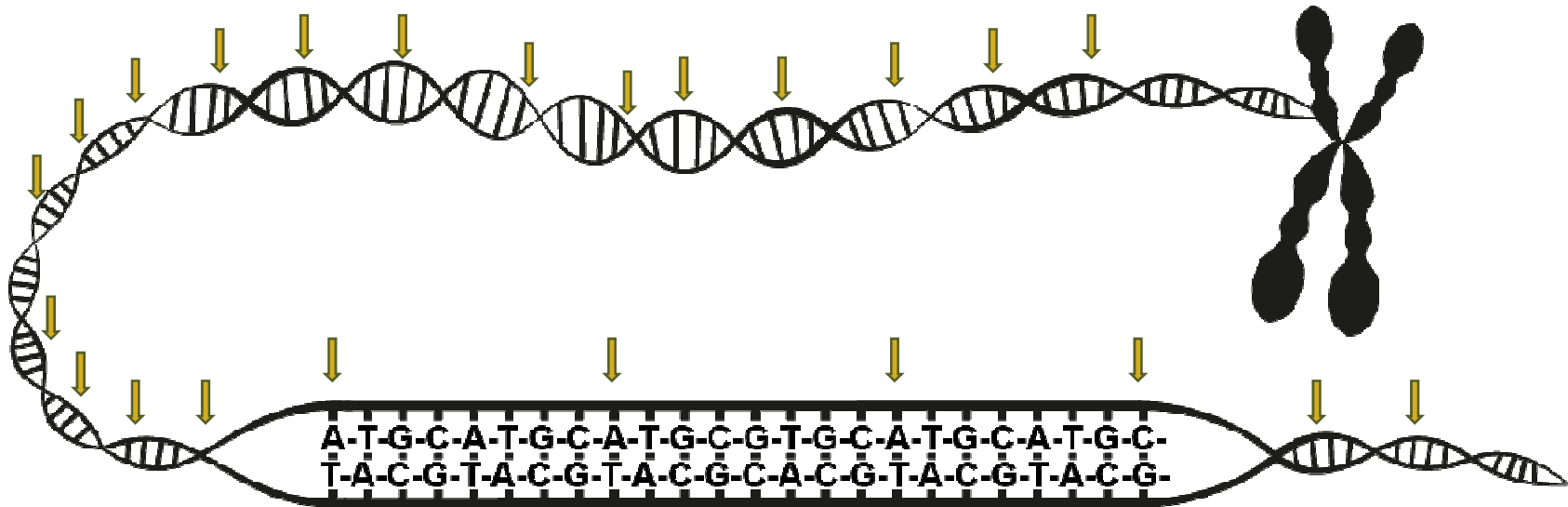


A-T-G-C-A-T-G-C-A-T-G-C-G-T-G-C-A-T-G-C-A-T-G-C-
T-A-C-G-T-A-C-G-T-A-C-G-C-A-C-G-T-A-C-G-T-A-C-G-

Polymorphisme nucléotidique unique (SNP) :
présent dans l'ensemble du génome

À savoir pour sélectionner à l'aide de la génomique

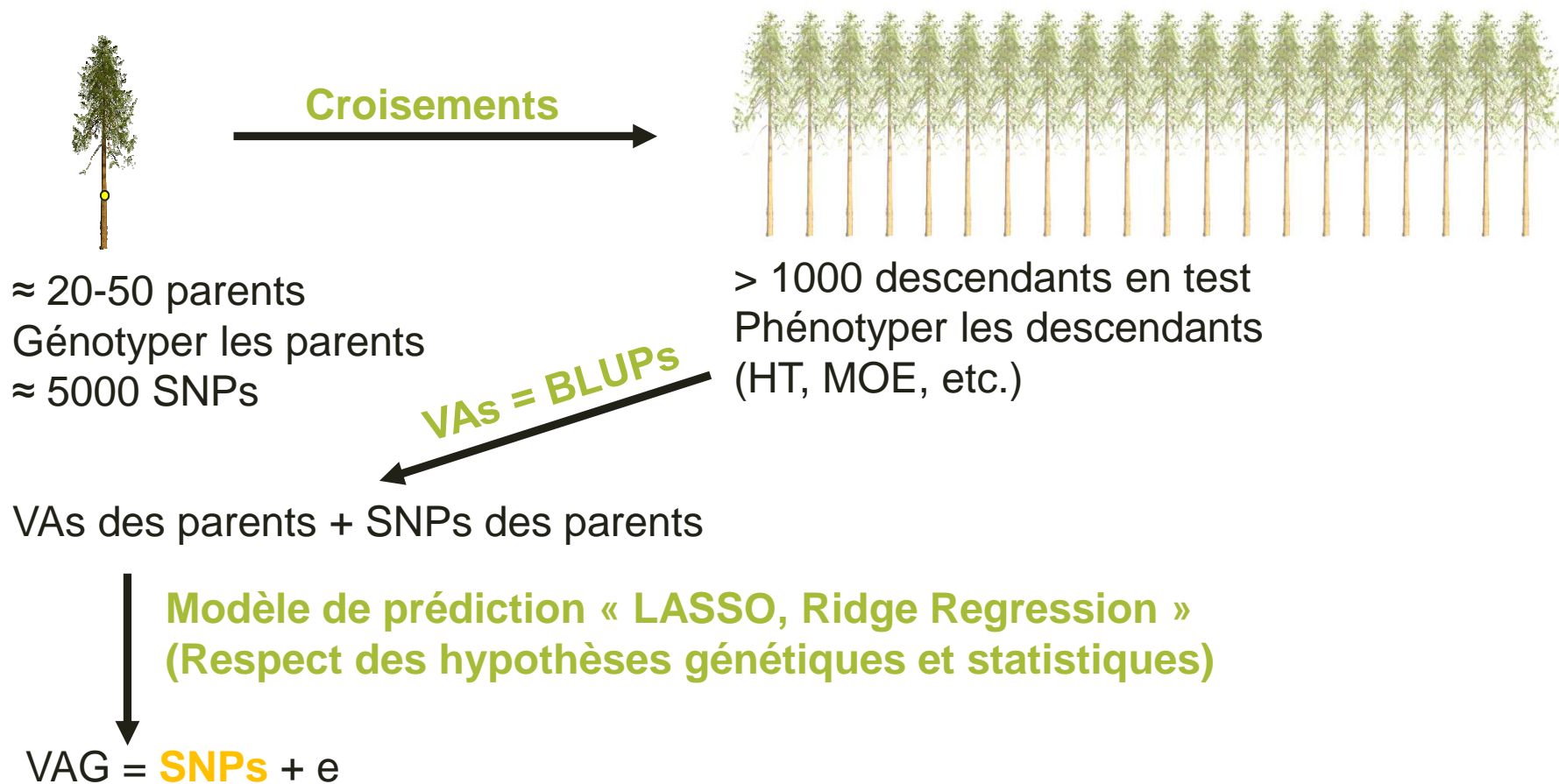
SNPs connus et répartis régulièrement dans l'ensemble du génome



Sélection génomique

Étape 1: Construction du modèle de prédiction

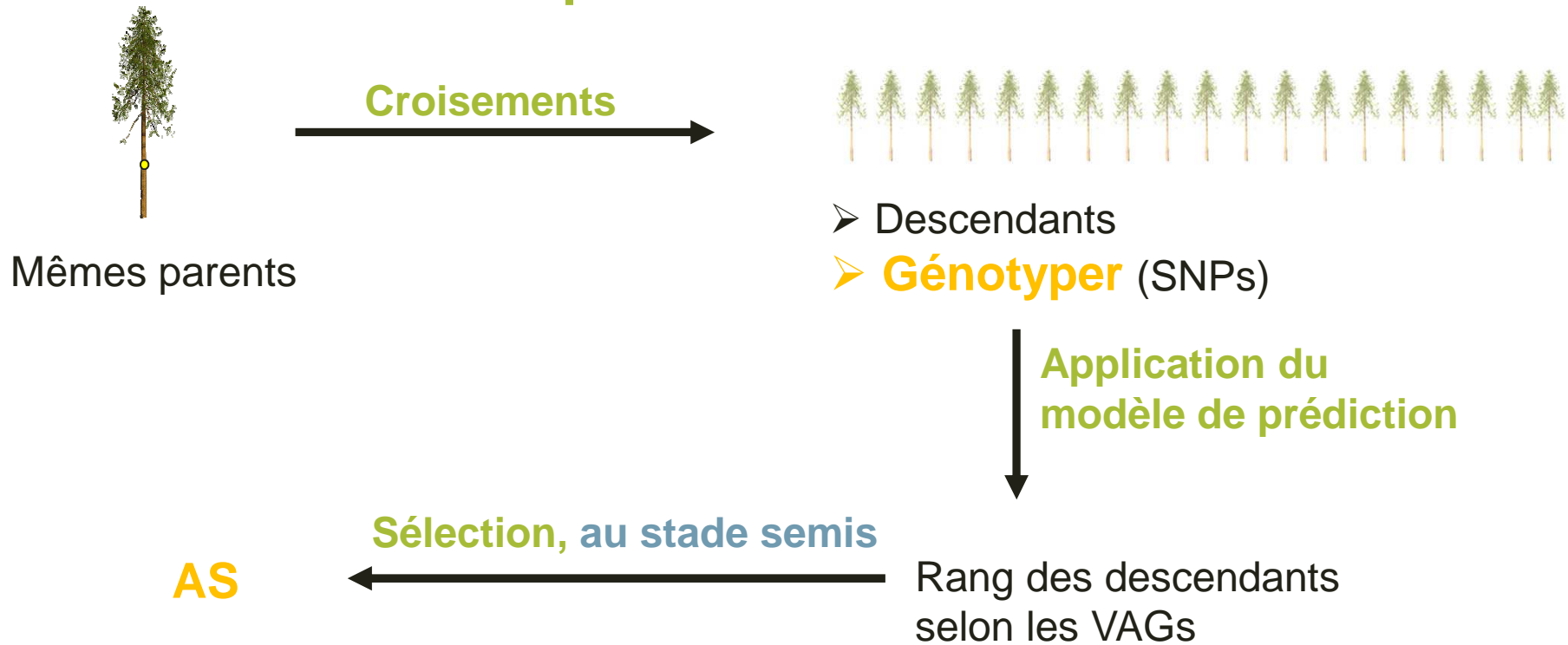
Population de découverte



Sélection génomique

Étape 2 : Application du modèle

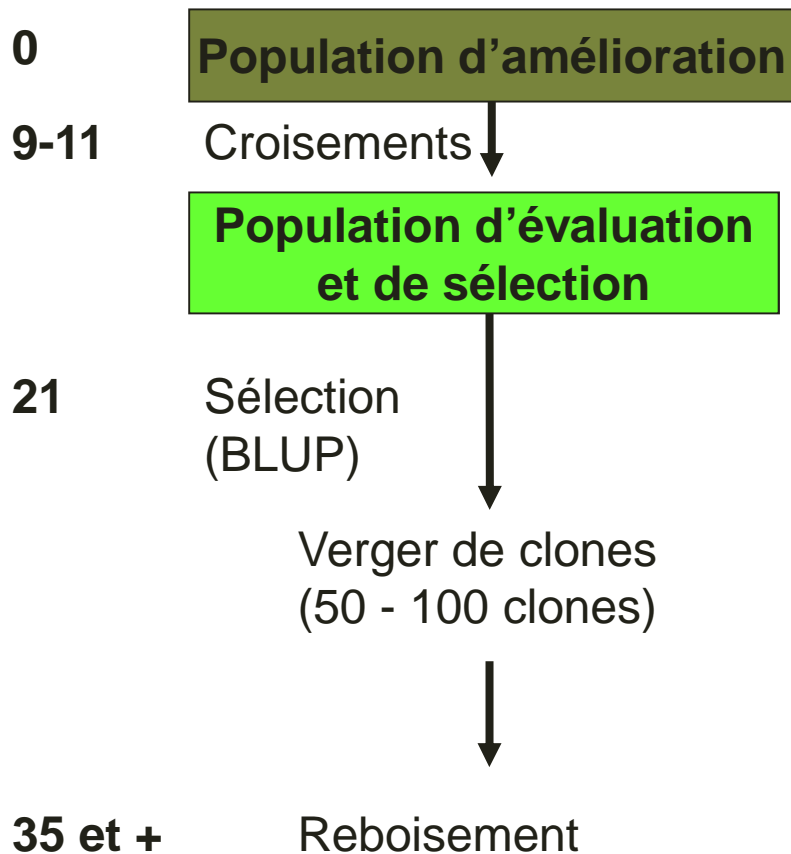
Population de sélection



Programmation idéale

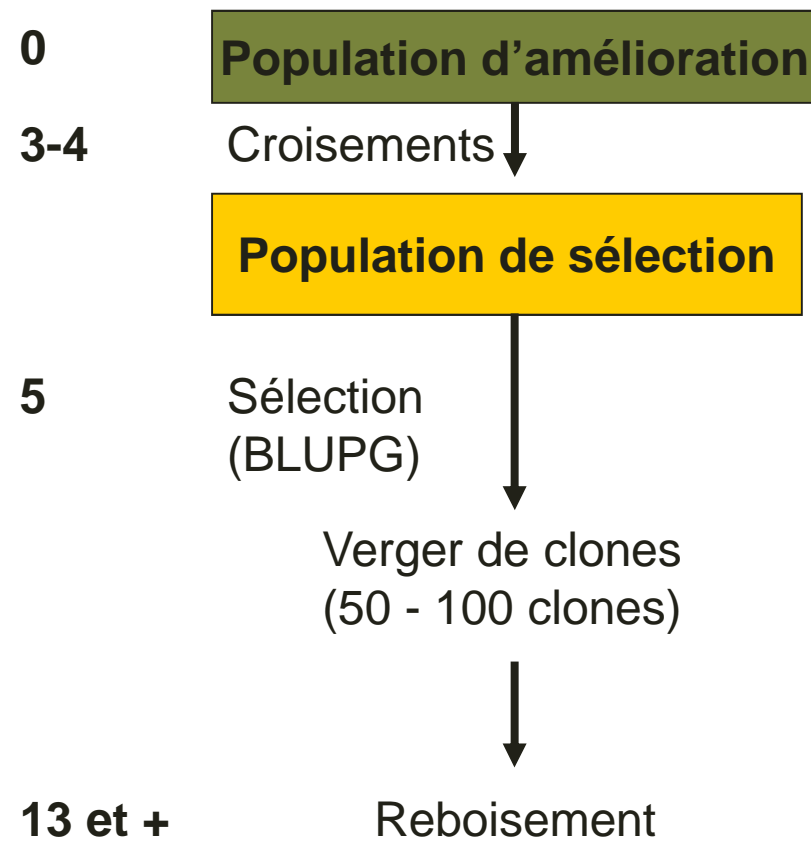
A.G. traditionnelle (cycle avancé)

Année



Sélection génomique + reproduction accélérée

Année



2,7 x plus court

Prédiction de valeurs d'améliorations dans une population d'épinette blanche du MFFP

| Caractère | Précision | | Gain génétique (5 % supérieur) | | | |
|---------------------------|-----------|------|--------------------------------|--------|-------|---------|
| | VA | VAG* | VA | VA/an† | VAG * | VAG/an† |
| HT17ans (cm) | 0,67 | 0,58 | 44,5 | 1,3 | 37,3 | 2,9 |
| DHP17ans (cm) | 0,60 | 0,52 | 4,1 | 0,1 | 3,3 | 0,3 |
| DEN (kg m ⁻³) | 0,86 | 0,79 | 27,8 | 0,8 | 24,3 | 1,9 |
| AMF (°) | 0,84 | 0,77 | -1,6 | -0,05 | -1,3 | -0,1 |

*6932 SNPs

†Cycle de 35 et 13 ans

modifié de Beaulieu et coll. 2014 « Tables 4 and 7 »

Sélection génomique

Avantages

1. Diminution de la durée d'un cycle d'A.G.;
2. Augmentation des gains par unité de temps;
3. Intégration des caractères difficiles en A.G.
 - Volume marchand en fin de révolution (ex.: MEL);
4. Optimisation des croisements dirigés.

En bref

- Verger 1^{er} cycle \approx 5 % de gain HT - sélection massale
- Verger 2^e cycle \approx 20 % de gain HT - VAs
- À l'avenir
 - \approx 20 % de gain HT- 2x plus vite – VAGs
 - gain pour les propriétés du bois
- Le MFFP est bien positionné pour intégrer la sélection génomique

Questions

Eucalyptus spp.

Pinus radiata

