

QUALITE GENETIQUE DE LOTS DE GRAINES RECOLTES DANS DES VERGERS CLONAUX DE PIN MARITIME

Le pin maritime (*Pinus pinaster* Ait.) est la principale espèce forestière résineuse en France. Il est surtout présent en Corse et dans le sud-ouest (1,04 million ha), notamment dans les Landes de Gascogne (0,8 million ha). Cette essence a fourni à elle seule en 2016 près de 18 % de la production nationale correspondant à 20 % du bois d'œuvre et 26 % du bois d'industrie. Dès le début des années 1960, un programme d'amélioration génétique a été développé par FCBA et l'INRA puis conjointement avec d'autres acteurs (CRPF Aquitaine, CPFA, ONF) dans le cadre du GIS Pin Maritime du Futur. Il repose sur une population initiale (« G0 ») constituée d'environ 600 arbres « plus » identifiés en forêt et à partir de laquelle une stratégie de sélection récurrente a été développée. Elle consiste en une succession de cycles associant une phase d'évaluation (test de descendance) et une phase de sélection des meilleurs géniteurs. Chaque cycle dure entre 15 et 20 ans.

A l'issue de la sélection initiale en forêt puis après chaque cycle d'amélioration, des vergers à graines ont été constitués à l'aide de génotypes performants pour permettre la production de variétés améliorées. Les arbres constituant ces vergers ont été sélectionnés principalement pour leur croissance, la rectitude du tronc mais aussi pour leur adaptation aux conditions pédoclimatiques spécifiques du massif landais et leur sensibilité à la rouille courbeuse. Aujourd'hui, plus de 90 % des surfaces reboisées en pin maritime le sont avec des plants issus de graines récoltées dans des vergers en pollinisation libre produisant les variétés améliorées « Vigueur/Forme » de 2^{ème} (VF2, vergers de familles polycross) et de 3^{ème} génération (VF3, vergers de familles polycross et vergers de clones). La demande (2017-2018) est de plus de 40 millions de plants (environ 3 tonnes de graines) correspondant à un reboisement annuel estimé à plus de 30 000 ha. Les vergers destinés à produire les variétés de 4^{ème} génération (VF4) sont en cours d'installation depuis 2016.

Les vergers de clones VF3 sont les plus récents à être entrés en production (depuis 2011). Installés au début des années 2000 (seconde génération d'amélioration), ils sont composés d'une cinquantaine de génotypes sélectionnés et peu apparentés qui ont été multipliés par greffage (les parents « G1 » = géniteurs femelles et mâles). Chaque génotype est donc représenté dans chaque verger par plusieurs arbres (copies végétatives ou ramets) qui assurent la contribution du clone à la variété VF3.

Les gains génétiques espérés pour les variétés améliorées produites dans ces vergers (graines « G2 » récoltées sur les parents G1) sont de l'ordre de 30 % pour la croissance et la rectitude par rapport à du matériel non amélioré. Cependant, du fait de leur configuration en pollinisation libre, la contamination de ces vergers par du pollen extérieur reste possible. On parle de « pollution pollinique » lorsque la fécondation des géniteurs femelles est réalisée par du pollen émis par les plantations de pin maritime environnantes. Son importance est peu connue mais elle est susceptible de réduire la qualité génétique des lots de graines récoltées et donc les performances attendues de ces variétés.



Objectifs

Cette étude vise à déterminer la composition génétique de lots de graines provenant de vergers clonaux VF3 de pin maritime par la technique de marquage moléculaire, dite « SNP » (Single Nucleotide Polymorphism) mise au point au cours d'une thèse Cifre FCBA/INRA (Vidal *et al.* 2015, Vidal 2016).

Plus précisément, il s'agit d'évaluer le taux de pollution pollinique et d'estimer les contributions paternelles dans des lots de graines échantillonnés selon 3 critères :

- ✓ La localisation du verger (3 vergers VF3)
- ✓ L'année de pollinisation (3 années)
- ✓ Le génotype maternel (4 à 24 génotypes)

Dispositif expérimental

L'étude porte sur 3 vergers à graines de clones VF3 (Picard, Vaquey, Saint-Sardos) situés à proximité du massif des Landes de Gascogne dans des conditions pédoclimatiques contrastées (Figure 1, Tableau I). Picard (Saint-Laurent-Médoc) est installé sur des sables humides au sein du massif tandis que Vaquey, (Beychac-et-Caillau) et Saint-Sardos sont installés sur des sols limono-argileux en périphérie du massif.

Les lots de graines étudiés concernent 3 années de pollinisation (2011, 2013 et 2014, Tableau II). La fructification du pin maritime s'étalant sur 2 années, la récolte de ces lots a donc été réalisée en 2012, 2014 et 2015, respectivement.

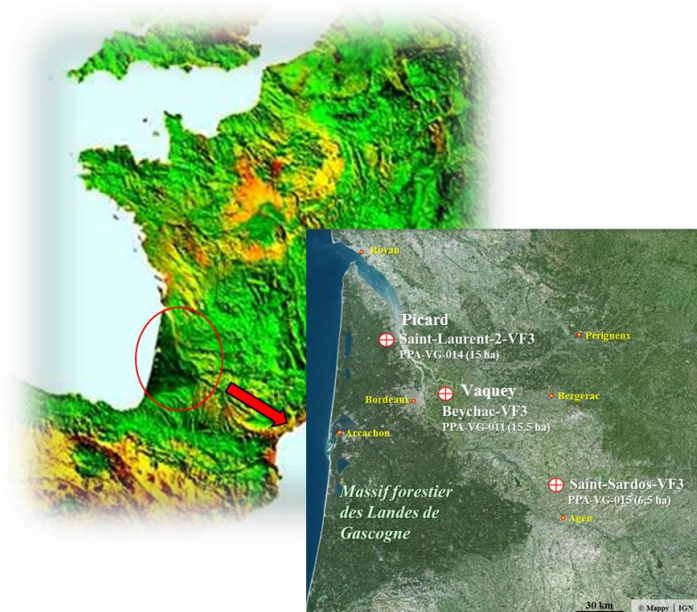


Figure 1 : Localisation des vergers à graines de clones VF3 de Picard, Vaquey et Saint-Sardos.

Picard est situé dans le massif des Landes de Gascogne tandis que Vaquey (Entre-deux-Mers) et Saint-Sardos (Lot-et-Garonne) sont installés à l'extérieur du massif, à une trentaine de km.

| Variété | Site | Nom du matériel de base | Surfaces (ha) | Années d'installation | Années de production | Gestionnaire |
|---------|----------------------------------|-------------------------|---------------|-----------------------|----------------------|--------------|
| VF3 | Picard (Saint-Laurent-Médoc, 33) | Saint-Laurent2-VF3 | 15 | 2006 | 2014-2024 | Vilmorin |
| VF3 | Vaquey (Beychac-et-Caillau, 33) | Beychac-VF3 | 15 | 2002-2003 | 2011-2021 | Forelité |
| VF3 | Saint-Sardos (47) | Saint-Sardos-VF3 | 6 | 2003 | 2013-2023 | Forelité |

D'après Raffin et Alazard (2014).

Tableau I : Caractéristiques des vergers de clones VF3 étudiés.

En 2012 et 2014, les graines ont été récoltées dans chaque verger sur les 4 mêmes clones maternels de référence présentant des phénologies contrastées pour la floraison femelle (clones précoces et tardifs). Une seule zone a été échantillonnée sauf à Picard (2 zones) afin de détecter d'éventuelles disparités de pollution pollinique au sein d'un même verger.

En 2014, en plus des 4 clones de référence, 20 clones maternels supplémentaires de précocité et floribondité (intensité de la floraison) contrastées ont été échantillonnés dans le verger de Vaquey pour affiner les données (24 clones analysés sur 47 disponibles dans ce verger).

En 2015, un lot de type commercial, constitué d'un mélange de graines provenant d'un cône prélevé sur 40 arbres choisis au hasard, a été échantillonné dans les 3 vergers.

D'autre part, tous les génotypes parentaux « G1 » composant les vergers ont été prélevés à raison de 2 ramets par génotype minimum afin de confirmer leur identité.

Pour compléter cette étude et faciliter l'interprétation des données, la précocité de la floraison femelle ainsi que les floribondités femelle et mâle ont été estimées pour l'ensemble des clones présents dans les 3 vergers pour 2 années consécutives (printemps 2015 et 2016). Un classement moyen des clones pour ces paramètres de floraison a été établi (Trontin et al. 2019).

| Verger | Année de pollinisation | Génotypes maternels | Nombre de graines | |
|--------------|------------------------|-------------------------------|----------------------|---------------|
| Picard | 2011 | A, B, C, D 4♀ de référence | Centre | 240 (60/♀) |
| | | | Nord | 240 (60/♀) |
| | 2013 | | Centre | 116 (27-30/♀) |
| | | | Nord | 120 (30/♀) |
| Vaquey | 2011 | A, B, C, D 4♀ de référence | Centre | 240 (60/♀) |
| | | | Nord | 238 (58-60/♀) |
| | 2013 | | 20 ♀ complémentaires | 590 (27-30/♀) |
| | | | Lot commercial | 142 |
| Saint-Sardos | 2011 | A, B, C, D 4♀ de référence | Centre | 240 (60/♀) |
| | | | Nord | 90 (17-29/♀) |
| | 2014 | | Lot commercial | 149 |

Tableau II : Plan d'échantillonnage des vergers VF3.

Au total 2552 graines ont été analysées dans les 3 vergers pour les années de pollinisation 2011 (4 génotypes maternels ♀ de référence), 2013 (4-24 génotypes ♀ selon le verger) et 2014 (lots commerciaux).

Méthode

L'ADN génomique a été extrait et purifié à partir d'aiguilles prélevées sur les arbres échantillonnés pour la population parentale « G1 » et sur l'ensemble des semis (2552 graines « G2 », *Tableau II*) âgés de 6 à 10 mois.

L'ADN a été analysé par la technique de génotypage SNP. Les marqueurs moléculaires SNP permettent de révéler par spectrométrie de masse la variation d'une seule paire de base au niveau d'un site précis (locus) du génome (*Figure 2*). La détermination des variants (allèles) présents à chaque locus SNP permet d'accéder au génotypage de chaque échantillon. Un total de 80 loci SNP a été examiné pour chaque arbre ou graine.

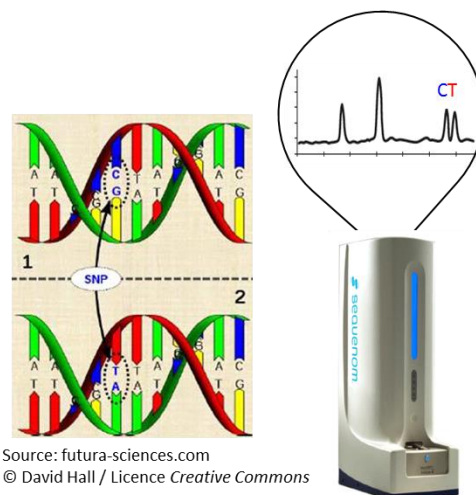


Figure 2 : Marquage moléculaire SNP (Single Nucleotide Polymorphism).

La variation nucléotidique observée à un locus SNP entre 2 chromosomes homologues (ex : « C » au lieu de « T ») est détectée par spectrométrie de masse (Sequenom MassARRAY).

Les données alléliques obtenues à chaque locus SNP ont ensuite été analysées à l'aide d'un logiciel de recherche en paternité/parenté basé sur des calculs de vraisemblance d'un modèle statistique (Cervus 3.0.7, www.fieldgenetics.com). Lorsque les graines ont été prélevées sur une mère connue et

confirmée (lots pollinisés en 2011 et 2013), seul le père est recherché (test de paternité). Dans le cas où l'on ne connaît pas la mère (lots commerciaux pollinisés en 2014), un test de parenté (recherche de la mère et du père) est réalisé. En fixant des paramètres précis d'analyses de paternité ou de parenté, il est alors possible de conclure si le père proposé pour une graine donnée est présent dans le verger ou s'il provient de l'extérieur. Le père est considéré comme appartenant au verger si le trio mère-père-descendant proposé présente un niveau de confiance de 99 % avec au maximum 1 erreur de génotypage. Le taux de pollution pollinique (%) est alors déterminé par le nombre de descendants n'ayant pas de père attribué au sein du verger par rapport au nombre total de descendants dans le lot étudié.

Résultats majeurs et interprétation

Des analyses préliminaires ont permis de vérifier et de sélectionner les meilleurs marqueurs. Sur les 80 loci SNP testés, 60 se sont révélés fiables et de bonne qualité pour réaliser les analyses de recherche de paternité ou de parenté.

Une pollution pollinique élevée et variable selon le verger et l'année

Globalement, le taux de contamination par du pollen extérieur au verger est élevé et très variable (20 à 96 %, Figure 3). La pollution pollinique diffère d'abord largement suivant le verger. Picard, situé dans le massif, est le plus affecté (60-96 %, pas de différences significatives entre les 2 zones centre et nord) suivi de Vaquey (30-59 %) et Saint-Sardos (20-50 %). Elle apparaît également plus élevée en 2011 (50-96 %) qu'en 2013 (20-60 %) ou 2014 (20-70 %).

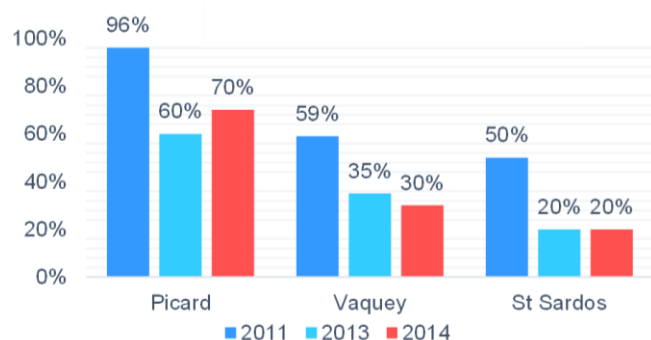


Figure 3 : Taux de pollution pollinique observés selon le verger VF3 et l'année de pollinisation

Les résultats concernent 4 clones de référence (pollinisation 2011 et 2013, lots de graines récoltés en 2012 et 2014) ou des lots de type commercial (pollinisation 2014, lots récoltés en 2015).

Les résultats obtenus pour les lots de graines de type commercial (pollinisation 2014, analyse de parenté, mère inconnue) sont en adéquation avec ceux obtenus pour les lots de référence (pollinisation 2011 et 2013, analyse de paternité, mère connue). Ils permettent donc de valider la méthode d'analyse de parenté qui pourrait être appliquée pour le suivi de lots commerciaux.

La pollution pollinique dépend aussi du génotype maternel

L'analyse plus complète du verger de Vaquey (pollinisation 2013) réalisée sur une sélection de 24 clones maternels (sur 47 disponibles) indique un taux de pollution pollinique de seulement 25 % contre 35 % en considérant les 4 clones de référence.

L'échantillonnage d'un trop petit nombre de clones peut donc conduire à des biais d'estimation.

La Figure 4 montre que la pollution pollinique varie fortement selon le génotype maternel considéré (de 10 à 45 %). Même si les clones à floraison précoce semblent moins affectés, la pollution pollinique n'est pas significativement corrélée avec la précocité de la floraison femelle dans notre étude. L'impact de ce paramètre de floraison mériterait toutefois d'être étudié sur de plus larges échantillons.

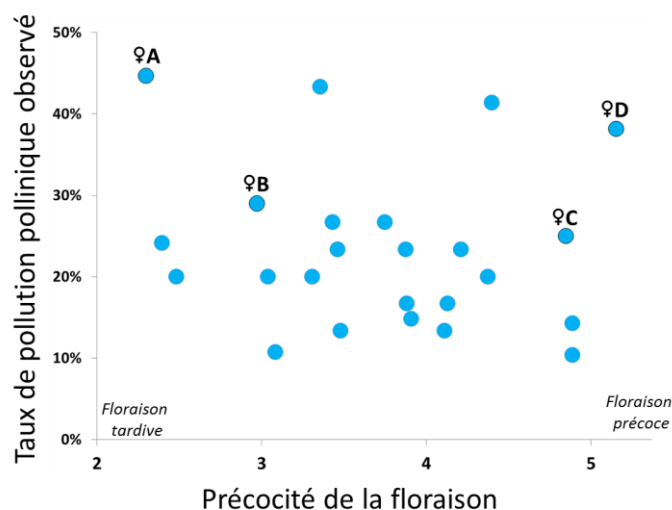


Figure 4 : Taux de pollution pollinique de 24 génotypes maternels observés dans le verger de Vaquey en 2013 selon la précocité de la floraison femelle.

La précocité de la floraison femelle est estimée sur une échelle de 1 à 10 (Trontin *et al.* 2019). Les génotypes maternels (♀) de référence tardifs (A, B) ou précoces (C, D) sont indiqués.

Origine de cette pollution: des facteurs liés au verger (localisation, âge, environnement) ...

En moyenne, le taux de pollution pollinique est plus élevé à Picard (84 %) qu'à Vaquey (47 %) ou Saint-Sardos (42 %).

Le premier facteur pouvant expliquer ces différences est le mode de dispersion du pollen. Le pin maritime est une espèce anémophile qui produit du pollen en quantité importante pouvant être transporté par le vent à plusieurs dizaines de kilomètres. Des études anciennes de contamination pollinique dans le verger à graines de Sore localisé dans les Landes de Gascogne suggèrent toutefois que la pollution pollinique provient à 80 % de pollen local situé dans un rayon de 10 m à 1 km (Baradat *et al.* 1984 ; Castaing et Vergeron 1976) et que les 20 % restants sont liés à des apports plus lointains. Le verger de Picard qui présente une contamination pollinique élevée pourrait ainsi être principalement soumis à d'importants flux de pollen locaux du massif landais dans lequel il est situé. Les vergers de Vaquey et Saint-Sardos, plus isolés à une trentaine de km du massif, pourraient subir des flux moins abondants car plus lointains.

Un deuxième facteur important est l'âge des vergers. En effet, Picard a été installé en 2006 soit 3 à 4 ans plus tard que Vaquey et Saint-Sardos (2002-2003). Pour les lots de graines considérés dans notre étude (2012 à 2015), les géniteurs de Picard sont donc plus immatures et pourraient avoir libéré moins de pollen et/ou de moins bonne qualité qu'à Vaquey ou Saint-Sardos pour concurrencer les flux provenant du massif landais ou d'autres arbres situés dans l'environnement proche des vergers.

Le troisième facteur que nous pouvons évoquer est l'environnement dans lequel est situé chacun des vergers. Les conditions pédoclimatiques très différentes qui y règnent entraînent un décalage phénologique de la floraison de 7 à 10 jours plus précoce à Vaquey et Saint-Sardos (sols limono-argileux à réchauffement durable) qu'à Picard (sables humides). Ainsi, la réceptivité des fleurs femelles pourrait être optimale à Vaquey et Saint-Sardos avant l'émission massive de pollen par le massif landais favorisant donc les géniteurs G1 constituant ces vergers. Picard serait quant à lui synchrone en matière de phénologie de la floraison avec le massif landais et donc plus directement soumis à d'importants flux de pollens extérieurs.

... et aux conditions météorologiques variables

Le taux de pollution pollinique est globalement plus élevé en 2011 (75 %) qu'en 2013 (43 %) ou 2014 (40 %). Cette observation est bien documentée dans les 3 vergers sur les descendants des 4 clones mères « G1 » de référence pollinisés en 2011 et 2013 (Figure 3, Picard : 96 et 60 %, Vaquey : 59 et 35 %, Saint Sardos : 50 et 20 %). Cette diminution importante entre 2011 et 2013 pourrait être liée à la plus grande maturité des arbres « G1 » constituant les vergers (comme évoqué précédemment) mais également à l'impact de conditions météorologiques variables. Le printemps 2011 a ainsi été l'un des plus chauds et secs des 50 dernières années (relevés Météo France), en particulier en Aquitaine. Les années 2013 et 2014 ont été plus fraîches et pluvieuses. Les conditions exceptionnelles de 2011 auraient donc pu favoriser l'émission et la dispersion des pollens à longue distance, notamment en provenance du massif landais.

Les contributions paternelles des clones du verger sont par ailleurs hétérogènes

Nos résultats montrent que la plupart des clones du verger contribue effectivement comme père dans la descendance (94 %). Cependant, cette contribution paternelle est très hétérogène avec, par exemple, de 0 à 50 descendants par père dans le lot 2013 de Vaquey (24 génotypes récoltés). Cette hétérogénéité est sans lien significatif dans notre étude avec le nombre de ramets disponibles pour chaque génotype (Figure 5). Une légère tendance à l'augmentation est observée mais elle nécessiterait d'être confirmée sur de plus larges échantillons.

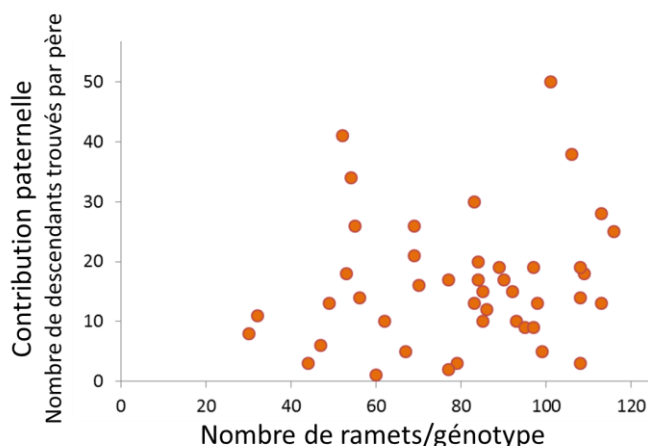


Figure 5 : Contribution paternelle de 24 génotypes aux lots de graines récoltés à Vaquey suivant le nombre de ramets. Contributions paternelles exprimées en nombre de descendants par père (pollinisation 2013, lots de graines récoltés en 2014).

En revanche, les pères très florifères, caractérisés par une production abondante de fleurs mâles, sont ceux qui contribuent le plus à la descendance (Figure 6).

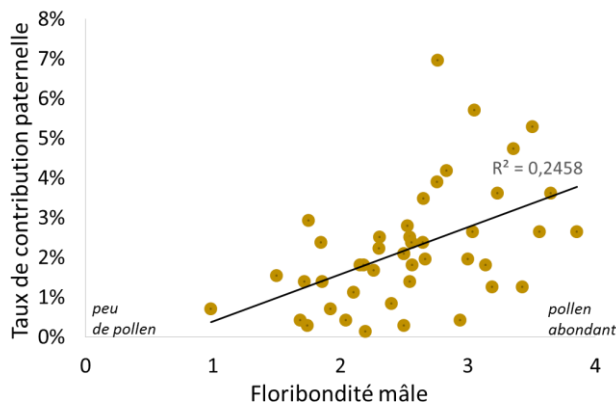


Figure 6 : Taux de contribution paternelle de 24 génotypes aux lots de graines récoltés à Vaquey suivant la floribondité mâle.

La contribution de chaque génotype est exprimée en pourcentage des contributions observées pour l'ensemble des génotypes du verger (pollinisation 2013, lots de graines récoltés en 2014). La floribondité mâle de chaque génotype est exprimée sur une échelle de 0 à 4 (Trontin *et al.* 2019).

Conclusion & perspectives

Cette analyse génétique à l'aide de marqueurs moléculaires performants (SNP) révèle de hauts niveaux de pollution pollinique (20-96 %) dans 3 vergers à graines de clones produisant la variété VF3 de pin maritime. Cette contamination par du pollen extérieur varie selon le verger, l'année de pollinisation et le génotype maternel. Elle peut être expliquée à la lumière de facteurs géographiques (Saint-Sardos et Vaquey sont mieux isolés du massif landais que Picard), ontogénétiques (âge du verger ; les géniteurs sont plus matures à Vaquey et Saint-Sardos), pédoclimatiques (la floraison est plus précoce à Vaquey et Saint-Sardos qui sont installés sur sols limono-argileux), et météorologiques (pollution pollinique élevée en 2011, une année exceptionnellement chaude et sèche au printemps). Par ailleurs les contributions paternelles des géniteurs de ces vergers sont très hétérogènes et apparaissent davantage liées à l'intensité de la floraison mâle qu'à la représentation clonale.

La pollution pollinique associée à cette hétérogénéité des contributions parentales peut entraîner une réduction du gain génétique espéré pour la variété VF3. En considérant la seule pollution pollinique (49 % globalement dans cette étude), on peut ainsi calculer que le gain génétique espéré pour la variété VF3 par rapport à du matériel non amélioré est réduit de 7 % en moyenne (de 30 à 23 %).

Différentes méthodes de réduction de la pollution pollinique sont d'ores et déjà envisagées pour accroître le gain génétique effectivement réalisé par les variétés améliorées. La supplémentation pollinique pendant la période de pleine réceptivité des fleurs femelles avec du pollen amélioré (projet POLLENSUP, 2018-2020, Région Nouvelle Aquitaine, coord. FCBA) est une solution envisageable à court terme pour un coût limité. A plus long terme, la gestion de vergers à graines dans des conditions strictement contrôlées, sous serre, est à l'étude (projet B4EST, 2018-2021, UE, coord. INRA).

Des analyses génétiques pluriannuelles d'un nombre élargi de génotypes maternels associées à de nouvelles données météo, de floraison (phénologie, intensité) et de fructification (rendements en cônes/graines) permettraient de mieux comprendre le déterminisme de la pollution pollinique et de

l'hétérogénéité des contributions parentales qui concourent à la réduction du gain génétique. En ce sens, une étude de la floraison/fructification dans les vergers de pin maritime est en cours dans le cadre du projet SECUR-MF (2018-2020, MAA, coord. INRA). Sur cette base élargie, des conseils pourront être prodigués pour optimiser l'installation des vergers et la gestion des récoltes. Nos résultats permettent déjà d'entrevoir que la pollution pollinique pourrait être réduite en installant les vergers :

- ✓ à bonne portée du massif landais (> 30 kms),
- ✓ dans des conditions pédoclimatiques favorisant un décalage phénologique de la floraison par rapport au massif landais,
- ✓ en limitant les récoltes commerciales aux vergers suffisamment matures (après 8-10 ans) et sur un large éventail de génotypes.

Ce projet a jeté les bases d'un test génétique simple et fiable de contrôle de la composition génétique des lots de graines commerciales produits par les vergers VF3 de pin maritime. Le développement d'un tel service destiné aux opérateurs de vergers est envisageable.

Pour en savoir plus

Baradat P., Marpeau A., Bernard-Dagan C. (1984). Les terpènes du pin maritime, aspects biologiques et génétiques. VI. - Estimation du taux moyen d'autofécondation et mise en évidence d'écarts à la panmixie dans un verger à graines de semis. *Ann For Sci* 41 (2) : 107-134.

Bouffier L., Debille S., Alazard P., Pastuszka P., Raffin A., Harvengt L., Lelu-Walter M.-A., Musch B., Trontin J.-F. (2017). Pollen contamination and mating structure in maritime pine clonal seed orchards. *IUFRO Seed Orchard Conference* (2.09.01 Unit), 04-06 sept. 2017, Bålsta (Suède). Poster disponible sur le site BAOGREFF (<http://base-sylviculture-genetique.fcba.fr/index.php/2018/12/06/etude-floraison-pin-maritime/>). *Prix du meilleur poster par le Comité Scientifique de la conférence.*

Castaing J.P., Vergeron P. (1976). Etude expérimentale de la contamination pollinique du verger à graines de pin maritime de Sore (Landes). *Ann For Sci* 33 (3) :161-175.

Raffin A., Alazard P. (2014). Les cahiers de la reconstitution. Matériel végétal de reboisement. *GIS Pin Maritime du Futur*, N°4-juin 2014, 20 p.

Trontin J.-F., Alazard P., Debille S., Bouffier L. (2019). Flowering traits as a component of reproductive success in maritime pine clonal seed orchards. In: Bonga JM, Park YS, Trontin JF (Eds), *Proceedings of the 5th International Conference of the IUFRO Unit 2.09.02 on "Clonal Trees in the Bioeconomy Age: Opportunities and Challenges."* 10-15 sept. 2018. Coimbra, Portugal, pp. 173-179. Publication en ligne sur le site IUFRO : <https://www.iufro.org/science/divisions/division-2/20000/20900/20902>.

Vidal M., Plomion C., Harvengt L., Raffin A., Boury C., Bouffier L. (2015). Paternity recovery in two maritime pine polycross mating designs and consequences for breeding. *Tree Genetics & Genomes* 11: 105.

Vidal M. (2016). Optimisation des stratégies d'amélioration génétique du pin maritime grâce à l'utilisation de marqueurs moléculaires. Thèse de Doctorat, Université de Bordeaux (Ecole Doctorale Sciences & Environnements). 130 p. <http://www.theses.fr/2016BORD0044>.

Glossaire

ADN: acide désoxyribonucléique, molécule support de l'information génétique constituée de l'ensemble des gènes (séquences d'ADN ayant une fonction) et des autres séquences de fonction inconnue.

Allèle: forme particulière que peut prendre une séquence d'ADN au niveau d'une région spécifique du génome (locus). Un individu possède 2 allèles (identiques ou différents) à chaque locus examiné.

Clone: ensemble des copies végétatives (ramets) d'un même individu (ortet). Ramets et ortet sont génétiquement identiques (même génotype). Greffage et bouturage sont des techniques classiques de clonage.

Gain génétique: gain qu'offre le matériel amélioré par rapport à du

matériel non amélioré. Il résulte de la sélection des arbres sur leur valeur génétique. Le gain génétique peut être :

- ✓ réalisé : gain réellement observé en plantation comparative entre matériels amélioré et non amélioré.
- ✓ espéré : gain estimé sur la base de paramètres génétiques et l'évaluation des tests de descendance.

Génotype: allèles observés à un locus chez un individu. Par extension, la combinaison unique d'allèles observés à différents loci.

Marquage moléculaire: techniques révélant des différences de séquences d'ADN entre individus. Les marqueurs moléculaires (ex : SNP) permettent de détecter ce polymorphisme à chaque locus examiné.

SNP (Single Nucleotide Polymorphism): polymorphisme très fin, d'un seul nucléotide, détectable dans une séquence d'ADN. Il faut examiner un grand nombre de marqueurs SNP pour différencier des individus.

Pollution pollinique: fécondation des fleurs femelles d'un verger à graine par du pollen extérieur (peuplements environnants). Cette pollution entraîne une diminution du gain génétique espéré pour la variété produite.

Test de descendance: plantation dans un environnement donné de descendants provenant de croisements entre différents parents afin d'évaluer leur valeur génétique (objectif : sélection)

Verger à graines: plantation d'individus sélectionnés sur leur valeur génétique (objectif : production commerciale de semences améliorées).

Verger de clones/de familles: le verger de clones est constitué à partir de greffes d'arbres sélectionnés. Le verger de familles comporte des lots de graines issus de croisements contrôlés entre parents sélectionnés.

Cette étude a été réalisée en partenariat avec l'UMR 1202 INRA-Université de Bordeaux (Biogeco, L. Bouffier, P. Pastuszka, A. Raffin, INRA) et l'UMR 0588 INRA-ONF (BioForA, M.-A. Lelu-Walter, INRA ; B. Musch, ONF).



Ce projet a reçu le soutien du Ministère de l'Agriculture / MAA (QUASEGRAINE / 2014-352 / coord. ONF), des Régions Nouvelle Aquitaine (IMAF / 12009468-052 / coord. FCBA) et Centre-Val de Loire (IMTEMPERIES / 2014-00094511 / coord. INRA). Nous remercions le GIS « Pin Maritime du Futur » pour son soutien à travers le projet FORTIUS (coord. INRA) soutenu par la Région Nouvelle Aquitaine et le MAA. Nous remercions également les opérateurs Forelité et Vilmorin pour l'accès aux vergers lors des différentes récoltes. Le génotypage SNP a été réalisé avec le support de la Plateforme Génome-Transcriptome de Bordeaux financée par la Région Nouvelle Aquitaine (20030304002FA, 20040305003FA), les fonds FEDER de l'Union Européenne (2003227) et l'ANR (XYLOFOREST / ANR-10-EQPX-16, plateau XYLOMIC). Ce travail a également bénéficié du support technique du plateau XYLOBIOTECH de XYLOFOREST.



Contacts

Sandrine DEBILLE ● sandrine.debille@fcba.fr
Jean-François TRONTIN ● jean-francois.trontin@fcba.fr
Tél. 05 56 79 95 00



Pôle Biotechnologie & Sylviculture Avancée
71, route d'Arcachon, Pierroton, 33610 Cestas



Laurent BOUFFIER ● laurent.bouffier@inra.fr
Tél. 05 35 38 53 60
UMR 1202, Biogeco
69, route d'Arcachon, Pierroton, 33612 Cestas