

Marjorie Vidal

OPTIMISATION DES STRATÉGIES D'AMÉLIORATION GÉNÉTIQUE DU PIN MARITIME GRÂCE À L'UTILISATION DE MARQUEURS MOLÉCULAIRES

Optimization of maritime pine breeding strategies using molecular markers

Thèse de doctorat en Ecologie Evolutive, Fonctionnelle et des Communautés
 sous la Direction de Laurent Bouffier, Christophe Plomion (INRA Cestas-Pierroton) et Luc Harvengt (FCBA Cestas-Pierroton).

Thèse soutenue le 06-04-2016 à Bordeaux. Ecole doctorale Sciences et Environnements (Talence, Gironde). En partenariat avec l'Université de Bordeaux, l'UMR Biodiversité, Génés et Communautés (BioGeCo) de l'INRA à Cestas-Pierroton (équipe d'accueil) et le Pôle Biotechnologie et Sylviculture avancée (BSA) de FCBA à Cestas-Pierroton (équipe d'accueil).

Doctoral thesis in Evolutive and Functional Ecology and Ecology of Communities under the supervision of Laurent Bouffier, Christophe Plomion (INRA Cestas-Pierroton) and Luc Harvengt (FCBA Cestas Pierroton).

Defended on 06-04-2017 in Bordeaux. Doctoral School Sciences and Environments (Talence, Gironde). Partnership between University of Bordeaux, the UMR Biodiversity, Genes and Communities (BioGeCo) of INRA at Cestas-Pierroton (co-hosting team) and the Biotechnology and Advanced Forestry Department (BSA) of FCBA at Cestas-Pierroton (co-hosting team).



Résumé

Le pin maritime (*Pinus pinaster* Ait.) est l'une des principales espèces forestières en France, fournissant près d'un quart de la production nationale de bois. Un programme d'amélioration, mis en place dans les années 1960, propose des variétés génétiquement améliorées pour la croissance et la rectitude du tronc. Cette thèse explore la possibilité d'introduire les marqueurs moléculaires dans les stratégies d'amélioration génétique du pin maritime en Aquitaine. Les marqueurs sont utilisés afin de reconstituer a posteriori les pedigrees au sein d'un test de descendance « polycross », pour d'une part vérifier les hypothèses sur lesquelles repose la sélection backward, et d'autre part, pour proposer une stratégie de sélection innovante. Tout d'abord, la reconstitution du pedigree de 984 individus à l'aide de 63 marqueurs SNPs permet de valider les hypothèses de la sélection backward, et montre que les estimations des paramètres génétiques et des valeurs génétiques maternelles, basées sur l'information d'un pedigree partiel ou complet, diffèrent peu. Puis, les meilleurs descendants du test polycross sont présélectionnés et génotypés pour évaluer la faisabilité d'une stratégie de sélection forward. Enfin, des vergers à graines sont simulés selon différentes stratégies de sélection (backward, forward, mixte) afin de comparer les gains génétiques des variétés améliorées ainsi obtenues. Une stratégie de sélection forward chez le pin maritime permettrait d'accélérer les cycles de sélection et d'augmenter la fréquence des sorties variétales. De plus, le jeu de marqueurs SNPs développé dans cette étude est en cours de valorisation dans différentes étapes du programme d'amélioration.

Abstract

Maritime pine (*Pinus pinaster* Ait.) is one of the main economical forest species in France, providing about twenty five percent of the national round wood production. A breeding program, implemented since the 60's, offers genetically improved varieties for growth and stem straightness. This PhD explores the use of molecular markers in breeding strategies for maritime pine in Aquitaine. Molecular markers were used for pedigree recovery in a polycross progeny trial to test assumptions of backward selection on one hand, and to evaluate the feasibility of a new breeding strategy on the other hand. First, the pedigree of 984 progeny was recovered with 63 SNPs allowing to verify the assumptions of backward selection. We also showed that genetic parameters and maternal breeding value estimates were not much modified by inclusion of full pedigree information. Then, the best progenies in the polycross trial were preselected and genotyped to investigate the possibility of carrying out a forward selection strategy. Finally, establishment of clonal seed orchards were simulated from various breeding strategies (backward, forward, mixed) in order to compare genetic gains from the improved varieties obtained thereby. This study opens new perspectives towards an implementation of forward selection in the French maritime pine breeding program, to speed the selection cycles up and to increase the frequency of variety renewal. Moreover, the set of SNP markers developed is now used in different steps of the breeding program.

Prix / Award

Lauréate du Prix de la Recherche Forestière lors du salon ForestInnov (Charnay-Lès-Mâcon, 25 novembre 2016). Prix décerné par le fonds « Plantons pour l'Avenir ».

Winner of the Forest Research Prize at the Salon ForestInnov (Charnay-Lès-Mâcon, November 25, 2016). Awarded by the Fund « Plantons pour l'Avenir ».

Publications / Publications

Vidal, M., Plomion, C. Harvengt, L., Raffin, A., Boury, C. and Bouffier L. (2015). Paternity recovery in two maritime pine polycross mating designs and consequences for breeding. *Tree Genetics & Genomes* 11: 1-13. doi:10.1007/s11295-015-0932-4.

Vidal, M., Plomion, C., Raffin, A., Harvengt, L., and Bouffier, L. (2017). Forward selection in a maritime pine polycross progeny trial using pedigree reconstruction. *Annals of Forest Science* 74, 21. doi:10.1007/s13595-016-0596-8.

Contact / Contact

Plateforme XYLOFOREST :

Jean-François TRONTIN (XYLOBIOTECH) — jean-francois.trontin@fcba.fr
 Rémy PETIT (XYLOMIC) - remy.petit@inra.fr