

Titre : Sélection de lignées clonales d'épinette blanche à l'aide des prédictions génomiques
Auteurs : Martin Perron, Simon Nadeau¹, André Rainville, Jean Beaulieu², Patrick Lenz³ et Jean Bousquet²
Date : Juillet 2018 (envoi de la liste de lignées) et décembre 2018 (publication de l'avis)

1. Contexte

La propagation clonale permet de capturer le maximum de gains génétiques par la transmission des effets génétiques additifs et non-additifs au matériel de reboisement. Au Québec, pour l'épinette blanche (*Picea glauca* [Moench] Voss), la propagation clonale passe par la production de plants d'origine somatique (POS), avec ou sans multiplication par bouturage.

Le premier cycle d'amélioration génétique de l'épinette blanche au Québec a permis d'identifier les croisements biparentaux les plus performants en croissance à l'âge de 10 ans. En 2004, la Direction de la recherche forestière (DRF) et la Direction générale de la production de semences et de plants forestiers (DGSPF) ont décidé d'intégrer la foresterie clonale dans le programme de reboisement de l'épinette blanche et de multiplier par embryogenèse somatique les semences issues des meilleurs croisements dirigés, afin de bénéficier du gain génétique découlant des effets non additifs. Pour chacune des lignées clonales (tissus en culture issus d'une semence) produites en laboratoire, une partie des embryons somatiques a été utilisée pour produire les plants (clone) qui constitueront les tests de clones, alors que l'autre partie a été mise en cryoconservation (lignée clonale qui pourra être remise en production plus tard).

Les premiers tests de clones ont été mis en terre dès 2007. D'autres ont suivi chaque année jusqu'en 2016. La performance des clones en test a été évaluée lorsqu'ils atteignaient l'âge de 5 ans. Chaque année, une analyse statistique rétablit le classement relatif des clones en tenant compte des plus récentes mesures. La DRF recommande ensuite à la DGSPF une sélection des 30 meilleurs clones pour former une variété multiclonale destinée au reboisement. Ces clones sont utilisés comme pieds-mères pour la production de plants de reboisement par bouturage de masse. La sélection tient également compte de la nécessité de maintenir une bonne diversité génétique au sein de la variété multiclonale qui sera utilisée pour le reboisement opérationnel (nombre de familles représentées, nombre de clones par famille, etc.). À ce jour, plus de 3 000 lignées clonales ont été produites et sont disponibles dans la banque du MFFP conservée

¹ Centre de foresterie des Laurentides, Ressources naturelles Canada

² Chaire de recherche du Canada en génomique forestière de l'Université Laval

³ Centre de foresterie des Laurentides, Centre canadien de la fibre de bois

On peut citer tout ou partie de ce texte en indiquant la référence

© Gouvernement du Québec

dans l'azote liquide; par contre, seulement 1 518 de ces lignées clonales ont été évaluées en tests de clones.

En parallèle, depuis 2001, la sélection génomique est proposée comme moyen d'accélérer l'amélioration génétique chez les productions animales, les plantes agricoles, et plus récemment, les arbres (Meuwissen *et al.* 2001, Beaulieu *et al.* 2014, Park *et al.* 2016, Lenz *et al.* 2017, Crossa *et al.* 2017). Cette technique implique la construction d'un modèle mathématique qui fait le lien entre les valeurs des caractères mesurés en tests au champ (p. ex. la hauteur) pour un groupe de descendants (500-1 000) issus d'un petit nombre de parents (50 à 100) formant un groupe d'élevage, d'une part, et le profil génomique de chaque descendant, constitué des génotypes pour des milliers de marqueurs moléculaires couvrant le génome, d'autre part. Ce modèle permet d'estimer les valeurs génétiques de chacun de ces descendants. Il peut ensuite être utilisé pour prédire la performance de nouveaux descendants apparentés à ceux qui ont été utilisés pour construire le modèle, pourvu qu'on connaisse leur profil génomique, et donc, peu importe leur âge ou stade de développement. Ainsi, la sélection génomique permet d'évaluer, dès le très jeune âge, le potentiel d'individus candidats pour des caractères complexes ou qui requièrent un long délai de testage (p. ex. les propriétés du bois ou la résilience aux stress biotiques et abiotiques).

Depuis 2015, la DRF et la DGSPF participent au projet *FastTRAC*, financé en partie par Génome Canada et Génome Québec, qui vise à mettre en pratique la sélection assistée par la génomique à l'échelle opérationnelle chez les épinettes. Un des objectifs du projet était la détermination des profils génomiques et des valeurs génétiques pour 3 171 lignées clonales d'épinette blanche présentes dans la banque de cryoconservation du MFFP. Cet objectif ayant maintenant été atteint, il est possible de recommander les 30 meilleures lignées clonales pour 2018, ce que vise le présent avis technique.

2. Méthodologie

2.1. Valeurs génétiques par prédiction génomique

Les modèles de prédiction par la génomique du projet *FastTRAC* ont été construits à partir de données phénotypiques mesurées à 15 ans (hauteur, diamètre à hauteur de poitrine [DHP], volume, densité du bois et vitesse acoustique pour estimer la rigidité du bois) sur 4 250 arbres établis dans deux tests de descendance biparentales (Asselin [ASS35799] et Saint-Casimir [SCA36099]), ainsi qu'à partir du génotypage de plus de 5 000 marqueurs moléculaires de type SNPs (*single-nucleotide polymorphisms*) sur ces mêmes arbres (Rapport interne *FastTRAC*; Nadeau *et al.* 2018). Les arbres sont issus de 100 parents répartis en 6 sous-groupes d'élevage de 10-20 parents. Nous avons retenu les modèles de prédiction par la génomique construits à l'aide de la matrice des relations génétiques réalisées (GBLUP : *genomic best linear unbiased prediction*), en raison de la grande flexibilité de celle-ci. Ces modèles ont permis de prédire les valeurs génétiques des 3 171 lignées clonales d'épinette blanche du MFFP pour les caractères mesurés

sur les arbres de 15 ans, à savoir la hauteur, le DHP, le volume, la densité du bois et sa rigidité estimée par la vitesse acoustique. Dans le présent avis, le volume fait référence au tarif de cubage pour le volume total sans écorce de Prégent *et al.* (2010). La valeur génétique de moins d'une dizaine de lignées clonales n'a pu être prédite, en raison d'un trop grand nombre de données manquantes dans leur profil génomique. Pour les besoins du déploiement opérationnel des clones lors du reboisement, nous avons retenu les modèles multisites qui permettent de sélectionner des lignées clonales ayant une grande plasticité phénotypique et une bonne performance à la fois dans les domaines bioclimatiques de l'érablière et de la sapinière à bouleau jaune.

2.2. Choix des caractères

Après l'analyse des résultats d'héritabilité et des corrélations génétiques des caractères disponibles (tableaux 4 et 6 du Rapport interne *FastTRAC*; Nadeau *et al.* 2018), nous avons retenu 3 caractères pour la sélection finale des 30 lignées supérieures :

- Le **volume total sans écorce** comme caractère de croissance, parce qu'il intègre la hauteur et le DHP, qu'il est fortement corrélé à ces derniers et qu'il est modérément héritable.
- La **vitesse acoustique** comme critère de mesure indirecte du module d'élasticité (MOE- rigidité du bois) et critère de qualité du bois, en raison 1) de la valeur plus élevée de l'héritabilité pour ce caractère que pour l'angle des microfibrilles (Nadeau *et al.* 2018) et 2) de l'importance de la rigidité du bois comme propriété à favoriser pour la qualité de plusieurs produits de transformation.
- La **densité du bois** mesurée par densitométrie à rayon X à partir des éprouvettes de sondage. C'est une caractéristique de moindre importance dans cette sélection, puisqu'elle intègre plusieurs caractéristiques liés à la croissance et la qualité du bois.

2.3. Classement des lignées clonales

Rappel : les valeurs d'amélioration classique et les valeurs prédites par la génomique sont distribuées autour de la moyenne de la population évaluée : les valeurs supérieures à la moyenne sont positives, et celles inférieures à la moyenne sont négatives. Ici, la population globale comptait 7 454 descendants biparentaux (Rapport interne *FastTRAC*; Nadeau *et al.* 2018) supérieurs en hauteur d'environ 15 % par rapport à une population non améliorée.

Pour classer les lignées clonales, nous avons d'abord déterminé un indice de sélection (*IS*) optimisant le gain génétique pour les 2 caractères principaux (volume total sans écorce et vitesse acoustique). Après avoir simulé la sélection du 10 % supérieur de la population en accordant divers poids (de 0 à 1) aux valeurs génétiques prédites par la génomique pour ces caractères, nous avons estimé les gains génétiques relatifs de plusieurs groupes de 317 individus (10 % des 3 171 lignées) correspondant aux divers *IS* (divers poids). Le gain relatif (en pourcentage) correspond à la proportion du gain génétique maximal obtenu par la

sélection directe sur un seul caractère (sans autre contrainte). La formule de l'indice de sélection est la suivante :

$$IS = (x \times Vol.VG) + ([1-x] \times ST300.VG)$$

où x est le poids attribué au volume, $Vol.VG$ correspond aux prédictions génomiques des valeurs génétiques du volume total sans écorce et $ST300.VG$ pour la vitesse acoustique à 15 ans.

Avant le calcul des indices, les valeurs génétiques ont d'abord été centrées et réduites afin de les remettre sur une échelle similaire, puisque la moyenne du volume total et de la vitesse acoustique étaient de $33,52 \text{ dm}^3$ et de $2,97 \text{ km} \cdot \text{s}^{-1} \times 10^2$, respectivement, ce qui représente une variation d'échelle de plus d'un ordre de grandeur. Cette mise à l'échelle a été faite avec la moyenne et l'écart-type des 3 171 lignées clonales de la banque du MFFP. La moyenne des valeurs génétiques découlant de la prédiction par la génomique diffèrait de zéro, puisque les lignées clonales constituent un sous-ensemble de la population globale (7 454 descendants) ayant servi pour la prédiction des valeurs génétiques (voir ci-dessus).

Nous avons ensuite calculé les valeurs d' IS pour l'ensemble des 3 171 lignées clonales d'épinette blanche du MFFP avec l' IS retenu précédemment. Finalement, nous n'avons conservé que les lignées ayant une valeur génétique positive pour la densité du bois (application du seuil $Dens.VG > 0$). Ainsi, les lignées clonales retenues ont toutes une valeur génétique supérieure à la moyenne de la population. Cela garantit qu'il n'y aura aucune perte de densité du bois par rapport à la moyenne des arbres mesurés à 15 ans dans les tests de descendance de Saint-Casimir et d'Asselin.

2.4. Sélection finale

Avant la sélection finale des lignées clonales, nous avons testé plusieurs scénarios afin d'obtenir le gain génétique maximal pour chaque caractère et de vérifier l'effet sur le nombre de familles et de parents contribuant aux 30 lignées clonales sélectionnées pour les recommandations de 2018. À titre de comparaison, nous avons aussi inclus les lignées clonales utilisées en 2017 par le laboratoire de Saint-Modeste dans les scénarios de calcul des gains génétiques de la sélection 2018. La sélection finale s'est faite en respectant un nombre maximal de lignées clonales issues d'une même famille, de même qu'un nombre maximal de familles pour lesquelles plus de 2 lignées clonales étaient retenues, tout en comparant les valeurs génétiques de chaque caractère à l'intérieur des familles. Par exemple, pour 2 lignées clonales d'une même famille et ayant des indices de sélection similaires, nous avons comparé les valeurs génétiques de la hauteur et du DHP, afin de retenir la lignée clonale la plus équilibrée pour ces 2 caractères.

3. Résultats

3.1. Classement des lignées clonales

Nous avons déterminé que l'indice optimisant les gains génétiques pour le volume et la vitesse acoustique est :

$$IS = (0,5 \times Vol.VG) + ([1-0,5] \times ST300.VG)$$

Cet indice accorde donc autant d'importance au volume qu'à la vitesse acoustique et permet d'obtenir, pour chacun des 2 caractères, un gain relatif d'environ 75 % de la valeur du gain génétique que l'on obtiendrait en sélectionnant pour un seul d'entre eux (intersection des 2 courbes, figure 1). En comparaison, une sélection uniquement sur le volume ($x = 1$) résulte en une perte (gain négatif) pour la vitesse acoustique (ligne bleue continue vis-à-vis $x = 1$, figure 1), et une sélection uniquement sur la vitesse acoustique résulte en un maintien (gain relatif nul) de la moyenne du volume observé (ligne orange pointillée vis-à-vis $x = 0$, figure 1). L'application du seuil $Dens.VG > 0$ a éliminé 47 % des 3 171 lignées clonales, soit un peu moins que la moitié de la banque, comme attendu, puisque les valeurs génétiques sont distribuées autour de la moyenne de la population évaluée. Cela a également éliminé 14 des 77 familles représentées dans ces 3 171 lignées clonales.

3.2. Sélection

La sélection de 30 lignées clonales sur la base d'un seul caractère à la fois donne des gains génétiques maximaux, mais provient d'un nombre limité de familles (tableau 1) parmi lesquelles, de surcroît, 1 ou 2 familles sont surreprésentées (environ une vingtaine de lignées clonales sur 30). Ceci est observé pour chacun des caractères pris un à la fois (1 ou 2 familles largement supérieures aux autres pour un caractère donné). Il est à noter qu'une amélioration (pourcentage positif) est associée à une valeur décroissante pour l'angle des microfibrilles. La sélection de 30 lignées clonales uniquement sur la base du classement selon l' IS (voir la section 3.1) n'est pas acceptable, puisque 22 lignées clonales seraient alors issues d'une seule famille et que les 30 lignées clonales seraient issues de seulement 3 familles. Cela va à l'encontre d'un principe de précaution en foresterie clonale appliqué par plusieurs gouvernances internationales (p. ex. voir la synthèse dans le tableau 2 de Burdon et Aimers-Halliday 2003) et repris par plusieurs normes de certification forestière, qui requiert que les variétés multiclonales soient issues d'au moins 10 familles non

apparentées.

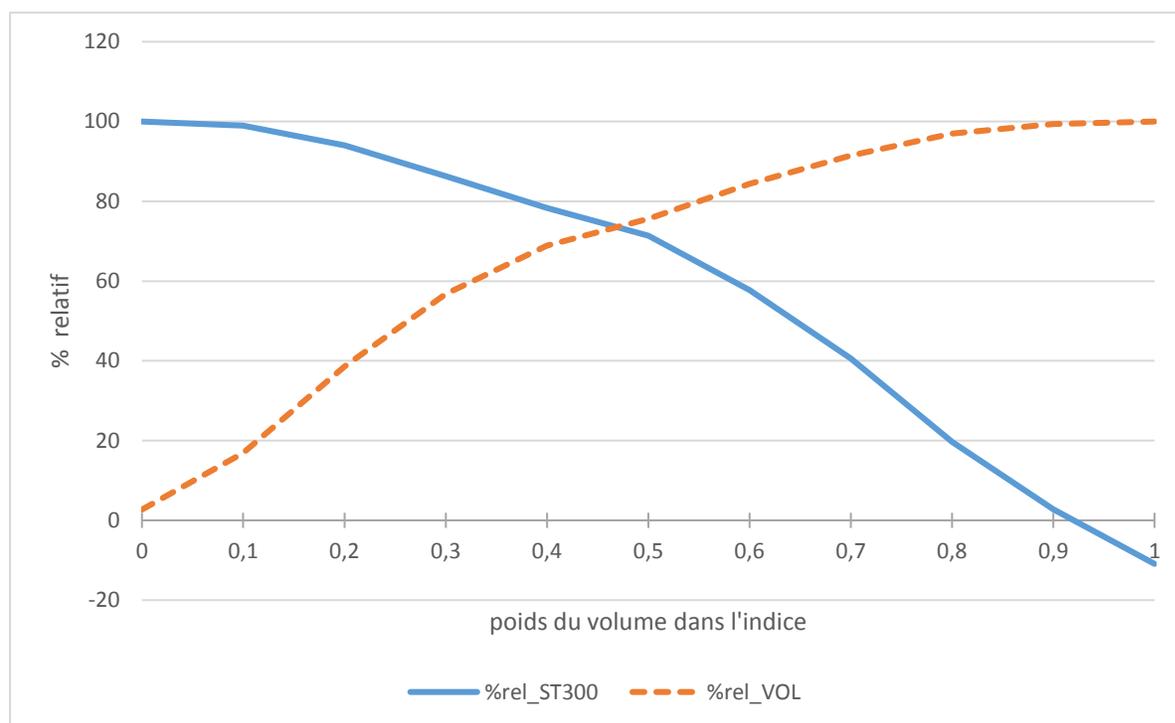


Figure 1. Illustration du gain génétique relatif estimé (%rel) pour le volume total sans écorce (VOL) et la rigidité du bois (vitesse du son mesurée par instrument ST300) pour une sélection du 10 % supérieur des lignées clonales d'épinette blanche en fonction de divers poids (axe des x) attribués au volume dans l'indice de sélection :

$IS = (0,5 \times Vol.VG) + ([1 - 0,5] \times ST300.VG)$. $Vol.VG$ et $ST300.VG$ correspondent aux valeurs génétiques estimées à l'aide de la méthode GBLUP de prédiction par la génomique. Le gain relatif correspond au pourcentage de gain génétique par rapport au gain génétique maximal obtenu par la sélection directe sur un seul caractère (sans autre contrainte).

L'observation du classement et du calcul des gains génétiques des lignées clonales utilisées en 2017 par le laboratoire révèle qu'une partie importante des lignées clonales (26 sur 36) sont déclassées dans le présent exercice, en raison d'une prédiction négative pour la densité du bois ($Dens.VG < 0$). De plus, les gains génétiques prédits à 15 ans sont négatifs ou limités lorsque l'ensemble des caractères sont considérés (tableau 1).

En fin de compte, le scénario optimisant les gains génétiques et la diversité génétique comprend la sélection suivante : une famille avec 3 lignées clonales et 14 familles avec 1 ou 2 lignées clonales chacune (tableau 1).

La liste des 30 lignées clonales recommandées en 2018 a été transmise à la DGSPF, de même qu'une liste de 27 lignées clonales supplémentaires qui pourraient remplacer celles qui ne répondraient pas bien en laboratoire. Le chiffrier Excel et les fichiers ayant servi à la présente sélection ont été déposés dans le répertoire commun de l'équipe de génétique forestière de la DRF. La liste des lignées clonales pour le

déploiement sera établie en fonction des résultats de la mise en culture de ces 57 lignées clonales au mois d'août 2018, à Saint-Modeste.

Tableau 1. Gain génétique à 15 ans, en valeur absolue et en pourcentage (valeurs entre parenthèses), par rapport aux descendants mesurés des tests ASS35799 et SCA36099, pour divers scénarios de sélection de 30 lignées clonales d'épinette blanche à l'aide des valeurs génétiques prédites par la génomique (GBLUP).

Scénario	ST300 ($\text{km}\cdot\text{s}^{-1} \times 10^2$)	Densité du bois ($\text{kg}\cdot\text{m}^{-3}$)	Angle des microfibrilles (Degrés)	Hauteur [‡] (cm)	DHP (mm)	VOL (dm^3)	Nombre de familles
Moyenne*	2,97	376,7	26,31	759,1	111,3	33,52	
Sélection directe	0,33 (11,0)	29,8 (7,9)	-3,52 (13,4)	89,6 (11,8)	13,9 (12,5)	12,8 (38,1)	3-6
Indice de sélection	0,17 (5,7)	4,8 (1,3)	-1,06 (4,0)	85,0 (11,2)	12,0 (10,6)	11,4 (34,0)	3
Choix 2017 du laboratoire	-0,008 (-0,3)	-1,4 (-0,4)	0,31 (-1,2)	20,1 (2,6)	2,9 (2,6)	2,9 (8,5)	13
Scénario 1**	0,21 (7,0)	8,5 (2,3)	-2,11 (8,0)	55,4 (7,3)	8,7 (7,8)	7,8 (23,2)	10
Scénario 2 [§]	0,21 (7,0)	8,2 (2,2)	-2,05 (7,8)	55,7 (7,3)	8,5 (7,7)	7,7 (22,9)	11
Sélection finale[†]	0,20 (6,8)	8,3 (2,2)	-1,80 (6,8)	55,5 (7,3)	7,8 (7,0)	7,1 (21,2)	15

Abréviations : ST300 = mesure de la vitesse acoustique dans le bois (rigidité); DHP = diamètre à hauteur de poitrine; VOL = volume total sans écorce.

‡ Le gain en hauteur exclut le gain de 15 % par rapport à une population non améliorée.

* Moyenne des arbres mesurés à 15 ans dans les tests de descendance ASS35799 et SCA36099.

** Dens.VG > 0 et maximum 4 lignées clonales par famille.

§ Dens.VG > 0 et maximum 3 lignées clonales par famille, sauf une famille avec 4 lignées clonales.

† Dens.VG > 0, une famille avec 3 lignées clonales et 14 familles avec 1 ou 2 lignées clonales.

4. Recommandations

Nous recommandons de ne plus produire les lignées clonales (choix 2017 du laboratoire), puisque leur valeur génétique est négative pour la densité du bois.

La présente sélection, faite à l'aide de valeurs prédites avec l'aide de la génomique (GBLUP), a permis de recommander des lignées clonales ayant à la fois un bon gain génétique en volume et une qualité du bois améliorée. En effet, la sélection offre un gain génétique relativement important pour le module d'élasticité (mesuré par la vitesse acoustique, indicatif de la rigidité du bois), par rapport au gain génétique maximal pour ce caractère, et même un léger gain génétique pour la densité du bois (tableau 1).

5. Références

- Beaulieu, J., T.K. Doerksen, J. Mackay, A. Rainville et J. Bousquet, 2014. *Genomic selection accuracies within and between environments and small breeding groups in white spruce*. BMC Genomics 15: 1048. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-1048>.
- Burdon, R.D. et J. Aimers-Halliday, 2003. *Risk management for clonal forestry with Pinus radiata—Analysis and review. 1. Strategic issues and risk spread*. New Zeal. J. For. Sci. 32(2): 156-180.
- Crossa, J., P. Pérez-Rodríguez, J. Cuevas et collaborateurs, 2017. *Genomic selection in plant breeding: methods, models, and perspectives*. Trends Plant Sci. 22(11): 961-975. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.08.011>.
- Lenz, P.R.N., J. Beaulieu, S. Clément, S. Mansfield, M. Desponts et J. Bousquet, 2017. *Factors affecting the accuracy of genomic selection for growth and wood quality traits in an advanced-breeding population of black spruce (Picea mariana)*. BMC Genomics 18: 335. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3715-5>.
- Meuwissen, T.H.E., B.J Hayes. et M.E. Goddard, 2001. *Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps*. Genetics 157: 1819-1829.
- Nadeau, S., P. Lenz, J. Beaulieu et J. Bousquet, 2018. *Valeurs génétiques prédites par l'approche génomique pour les épinettes blanches du MFFP dans le cadre du projet FastTRAC*. Université Laval. Rapport interne. 27 pages et 8 annexes.
- Park, Y.-S., J. Beaulieu et J. Bousquet, 2016. *Multi-varietal forestry integrating genomic selection and somatic embryogenesis*. Dans: Park, Y.-S., J. Bonga et H.K. Moon (édit.). *Vegetative Propagation of Forest Trees*. National Institute of Forest Science, Seoul, Corée du Sud. p. 302-322.
- Prégent, G., G. Picher et I. Auger, 2010. *Tarif de cubage, tables de rendement et modèles de croissance pour les plantations d'épinette blanche au Québec*. Gouvernement du Québec, ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Direction de la recherche forestière. Mémoire de recherche forestière n° 160. 73 p. [\[https://mffp.gouv.qc.ca/publications/forets/connaissances/recherche/Pregent-Guy/Memoire160.pdf\]](https://mffp.gouv.qc.ca/publications/forets/connaissances/recherche/Pregent-Guy/Memoire160.pdf)

Martin Perron, biologiste, *Ph. D.*
Simon Nadeau, biologiste, M. Sc.
André Rainville, ing.f., M. Sc.
Jean Beaulieu, ing.f., *Ph. D.*
Patrick Lenz, *Ph. D.*
Jean Bousquet, *Ph. D.*