

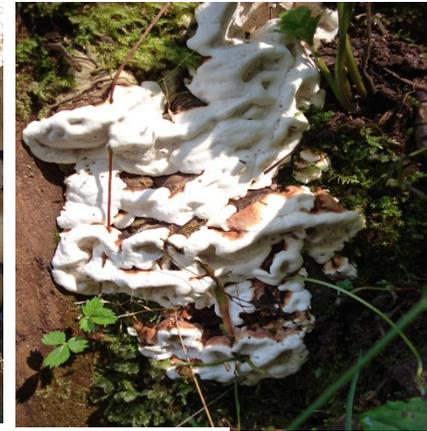


Prise en compte des bioagresseurs dans les programmes d'amélioration des arbres forestiers

Catherine Bastien, Arnaud Dowkiw, Véronique Jorge

INRA, UR0588 « Amélioration, Génétique et Physiologie forestières », Centre Val de Loire, 45160 ARDON

Résistance(s) des arbres forestiers aux bioagresseurs



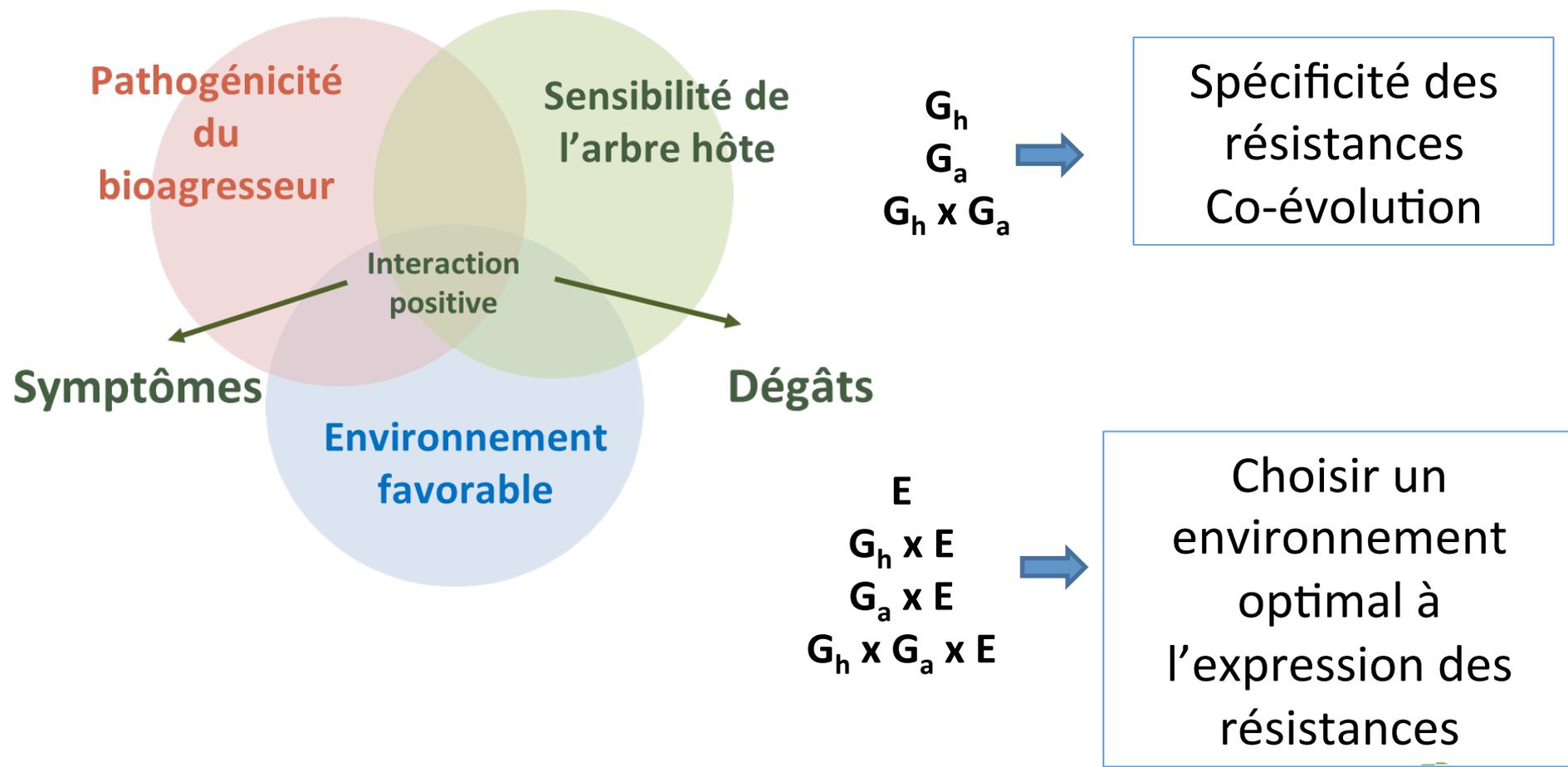
Des mortalités marquées
(invasions biologiques)

Une perte de productivité
quantitative et qualitative

Des critères de sélection qui prennent de l'importance

La prise en compte du triangle épidémique plus que jamais nécessaire

S'intéresser aux interactions multiples



Plan

- **Identifier la variabilité génétique pour les réponses aux bioagresseurs**
 - ✓ se mettre dans des conditions favorables à l'expression de l'interaction
 - ✓ s'intéresser à toutes les réponses possibles de l'arbre au bioagresseur
 - ✓ analyser le contrôle génétique (nb gènes, effets des gènes) de ces réponses
- **Mesurer la spécificité de la résistance en fonction de la variabilité du bioagresseur et évaluer son potentiel d'adaptation**
- **Des stratégies de sélection adaptées**

Comment identifier la variabilité génétique pour les réponses aux bioagresseurs?

- ✓ se mettre dans des conditions favorables à l'expression de l'interaction

En conditions naturelles d'infection

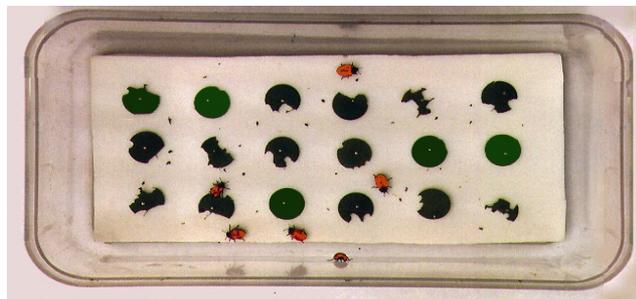


Installer un test d'évaluation en zone exposée
Confirmer le rôle du bioagresseur dans les dégâts
S'assurer d'un niveau d'attaque suffisant
Utiliser une métrique adaptée

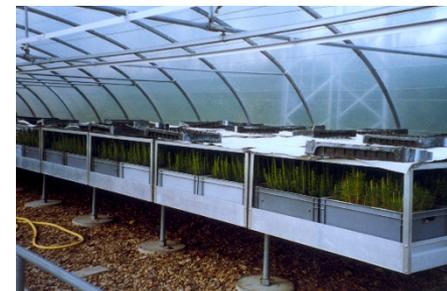
*Si possible avoir recours à des tests d'inoculation artificielle
(contrôle de la pression d'infection, variabilité de l'agresseur, climat)*



Peuplier
rouille foliaire



Peuplier
chrysomèles

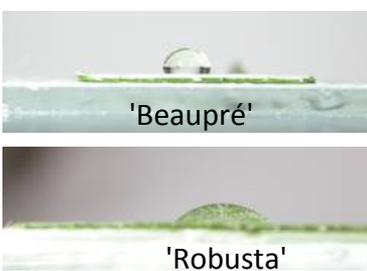


Pin sylvestre
Rouille courbeuse

Comment identifier la variabilité génétique pour les réponses aux bioagresseurs?

✓ s'intéresser à toutes les réponses possibles de l'arbre au bioagresseur

Evitement



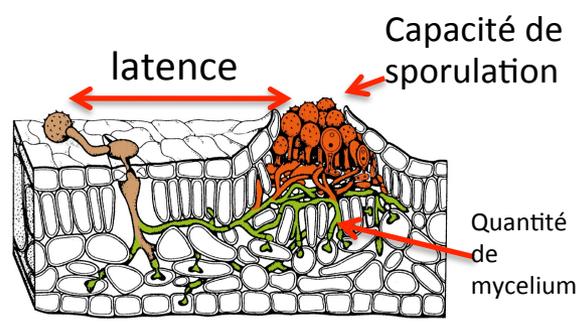
Frey et Husson 2006
Plant Disease



Quencez 1996

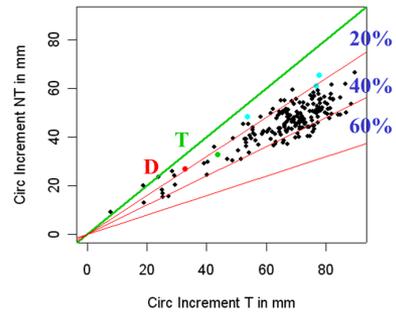
Résistances

Interdit ou limite
le développement
du bioagresseur



rouille foliaire du peuplier

Tolérance



Résilience

✓ analyser l'architecture génétique des résistances

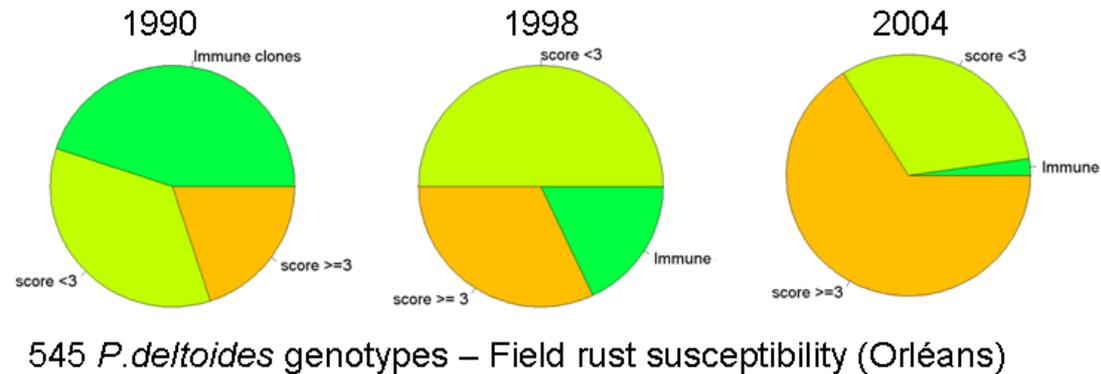


Cas des résistances qualitatives du peuplier deltoides

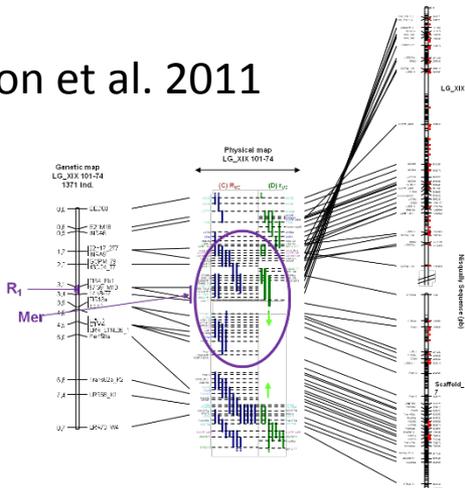


- Des résistances très fréquentes dans les populations naturelles

- Des résistances qui se sont érodées très vite du fait d'une évolution du bioagresseur



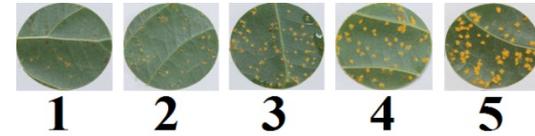
Bresson et al. 2011



- Un contrôle génétique simple (1 ou 2 gènes) avec un allèle R dominant dans des régions génomiques riches en gènes de type NBS-LRR

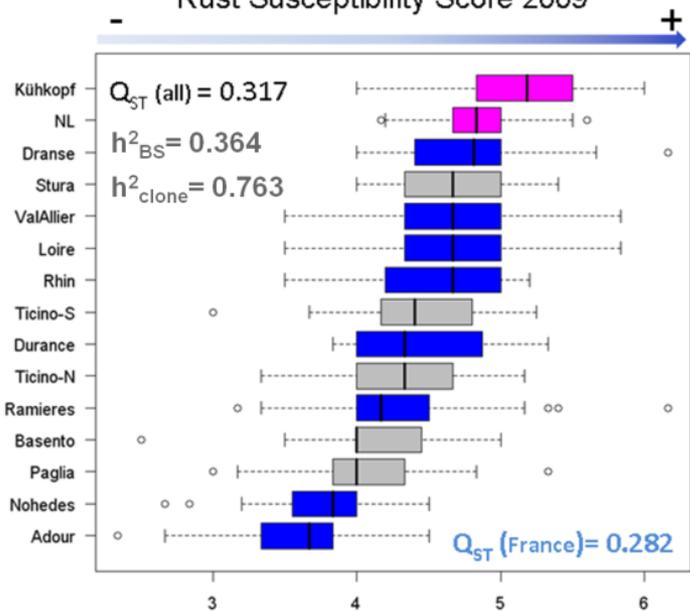
✓ analyser l'architecture génétique des résistances

Cas des résistances quantitatives du peuplier noir

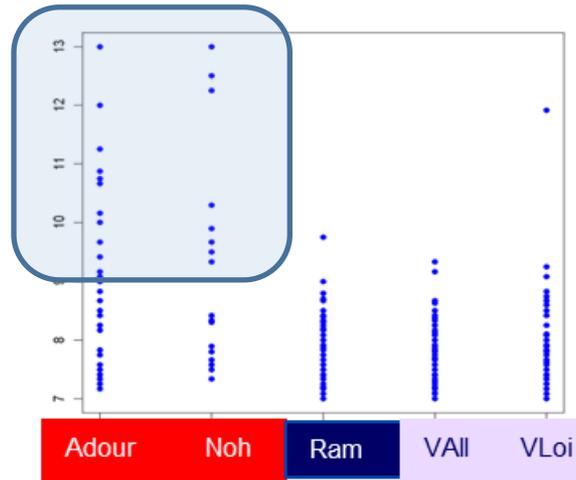


- Des résistances plus fréquentes dans certaines populations naturelles

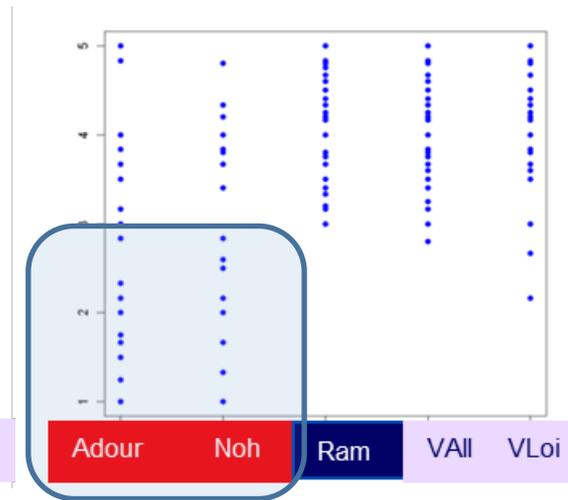
Rust Susceptibility Score 2009



Latence (nb jours pi)



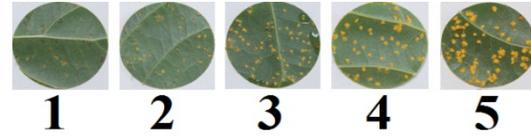
Intensité de sporulation



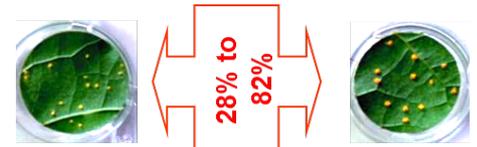
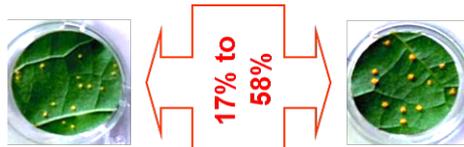
qui limitent le développement de l'épidémie et donc l'impact négatif sur la croissance

✓ analyser l'architecture génétique des résistances

Cas des résistances quantitatives du peuplier noir et du peuplier trichocarpa

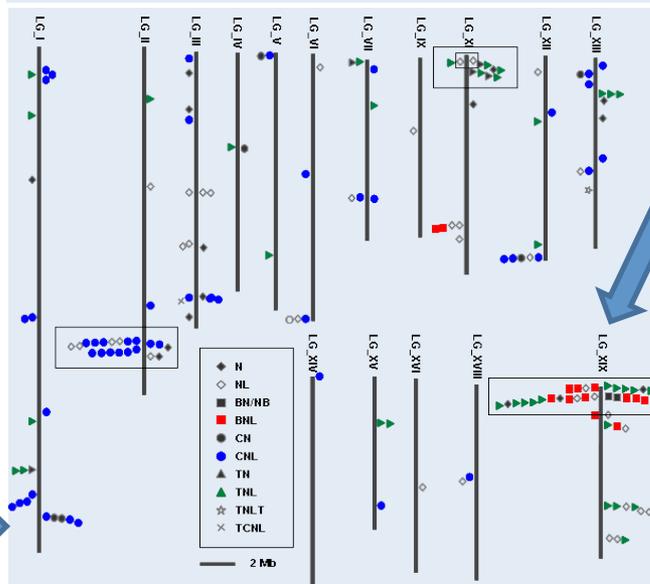
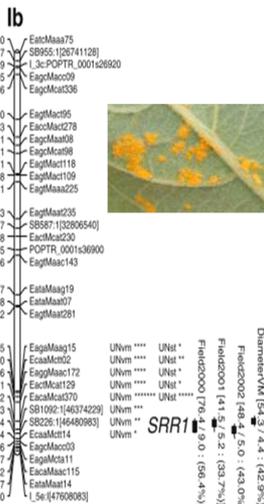
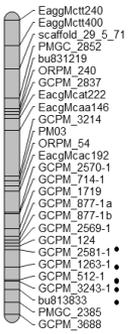


- Mais qui impliquent elles aussi des gènes à effets majeurs dans des régions du génome, riches en clusters de gènes de résistance

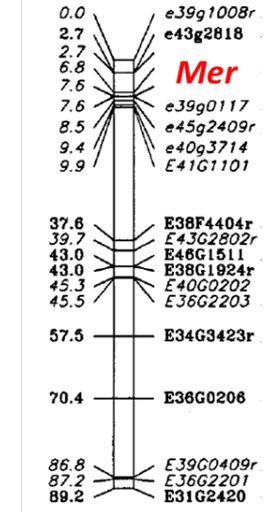
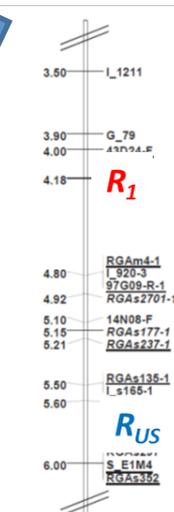


~ 400 NBS-LRR R-genes annotés sur la séquence de *P. trichocarpa*

Chromosome 1



Chromosome 19



El Malki 2013
Samils et al. 2011

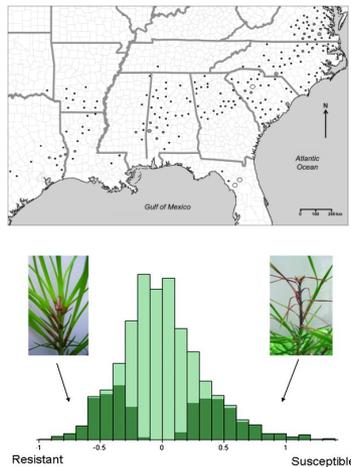
Kohler et al. 2008

Jorge et al 2005
Cervera et al 2001

✓ analyser l'architecture génétique des résistances

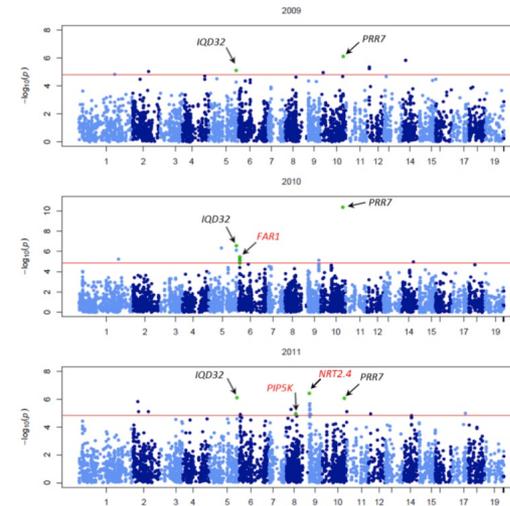
Les recherches les plus récentes dans des populations naturelles de grande taille permettent d'identifier également plusieurs gènes à effets faibles répartis sur le génome

Pin taeda – *Fusarium circinatum*



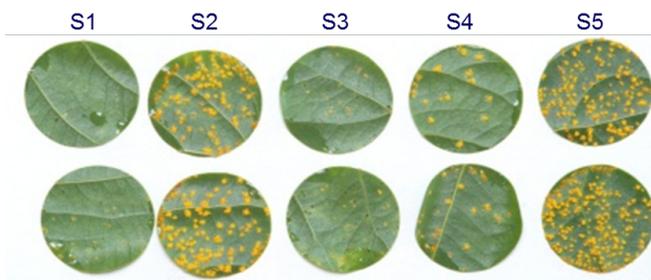
- **10** SNP détectés
[3038 testés]
- **3-7%** V_p observée
- Quesada et al. 2010

Peuplier trichocarpa - *Melampsora columbiana*

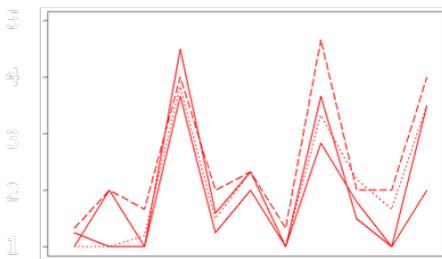
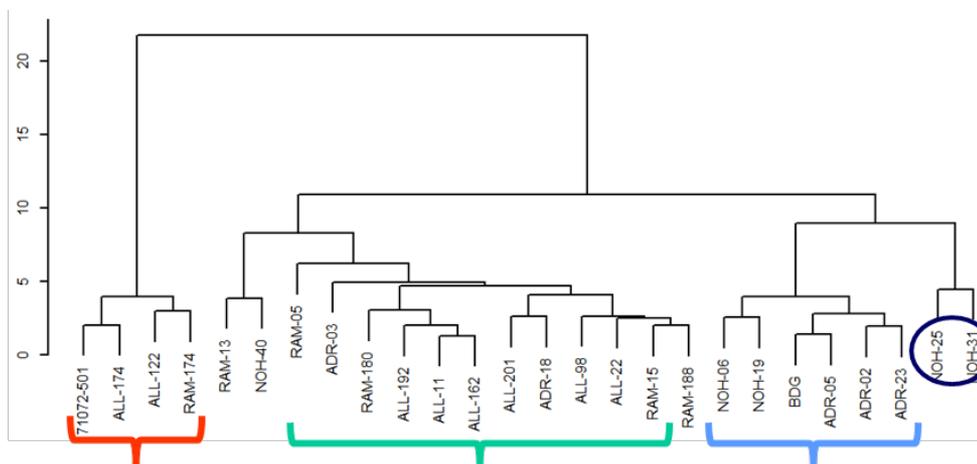


- **40** SNP détectés
[29355 testés]
- **2-5%** V_p observée
- La Mantia et al. 2014

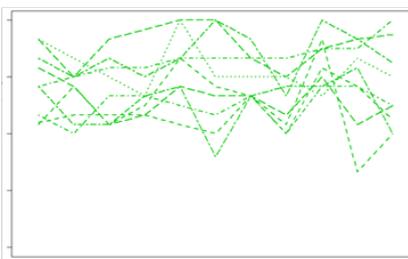
- ✓ mesurer la spécificité de la réponse en fonction de la variabilité du bioagresseur



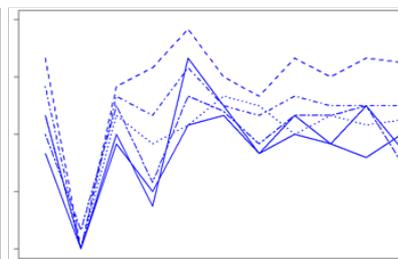
Mise en évidence de fortes interactions **G x Souche** chez *Populus nigra*



Allier, Drôme, Rhône



all populations but high freq Allier, Drôme



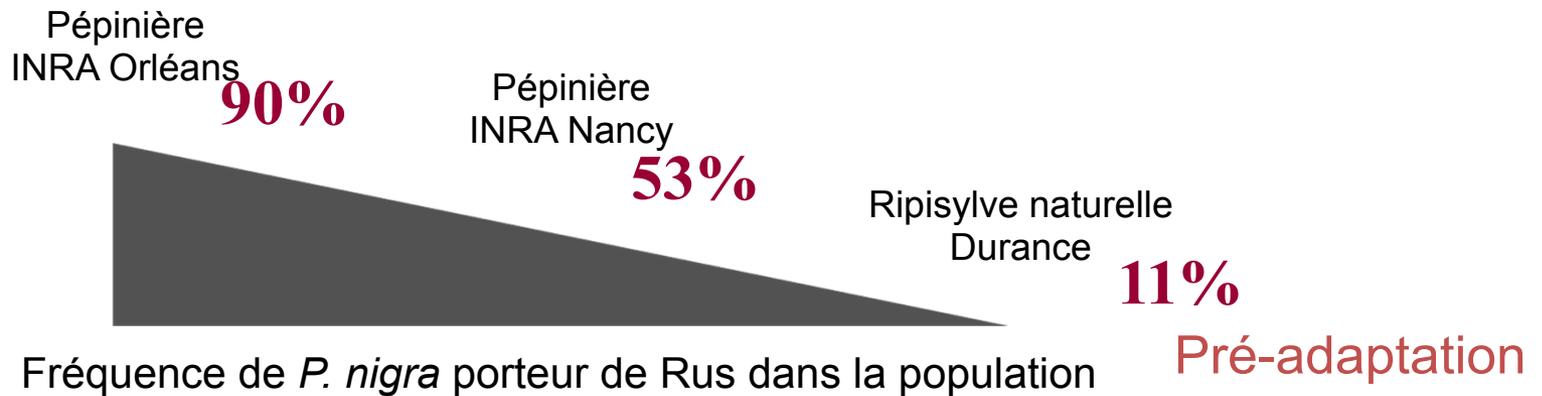
Adour/Pyrenees

Pyrenees

✓ Evaluer le potentiel d'adaptation du bioagresseur à ces résistances

Ce potentiel d'adaptation pré-existe dans les populations de *Melampsora larici-populina* présentes en ripisylves

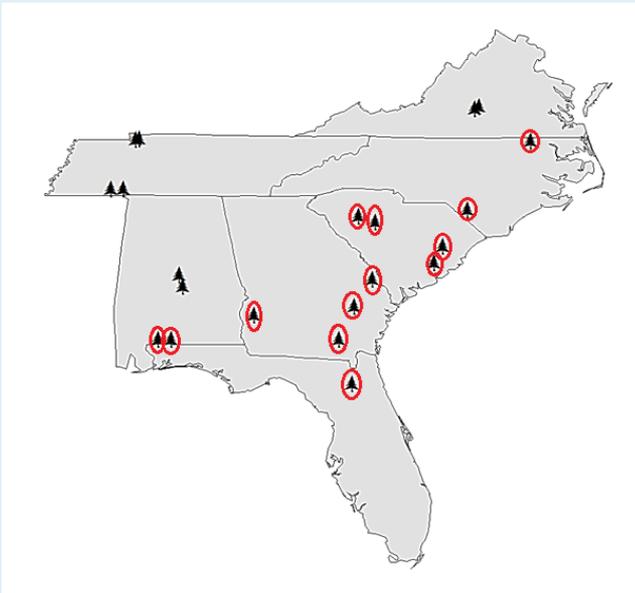
Pression de sélection
exercée par Rus



Proportions de souches contournant la résistance quantitative Rus

Prise en compte de la variabilité du bioagresseur dans le processus de sélection

Tests d'évaluation en plantations multisites



Inoculations contrôlées avec des mélanges d'inoculum



Pin taeda – Rouille fusiforme - source (S. McKeand)

Des stratégies de sélection adaptées

- **Identifier** les populations naturelles à forte fréquence d'individus résistants mais ne pas oublier d'exploiter la variabilité individuelle dans les autres populations
- **Recombinaison** le plus tôt possible les différentes sources de résistance identifiées pour construire des résistances complexes plus durables



- Compléter l'évaluation en conditions d'infection naturelles par des tests d'inoculation de souches de référence couvrant la diversité du bioagresseur et **sélectionner pour un profil de réponse**



- Explorer **l'intérêt de marqueurs moléculaires** (Sélection génomique) pour accélérer le tri, mieux gérer la diversité génétique et piloter la construction de résistances complexes par croisement
- Pour contrebalancer une possible érosion des résistances spécifiques, sélectionner si possible sur la **tolérance** et valoriser des **résistances constitutives**

Conclusions

Une sélection pour une productivité durable des forêts qui nécessite plus que jamais de ...

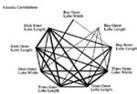


Valoriser les ressources génétiques G_h

Développer des méthodes de tests prenant en compte G_a

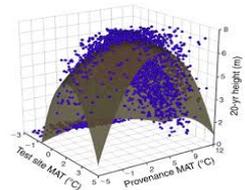


Renforcer les approches multi-géniques et multicaractères



Améliorer la prédiction des réponses en milieu changeant

$G_p \times E$, $G_h \times E$, $G_p \times G_h \times E$



Raisonner la sélection au-delà de l'échelle individuelle (diversité, association)

Accompagner le déploiement des résistances en renouvelant la diversité

Merci de votre attention

