

En amélioration génétique, doit-on choisir les plus grands arbres comme parents?

Café conférence - 2014

Martin Perron



$$P'(t) = \frac{r}{k} P(t)(b - P(t))$$
$$V_{AE,B} = \beta_1 d h \rho_a^2 H_B^2 + c_{2,B}$$

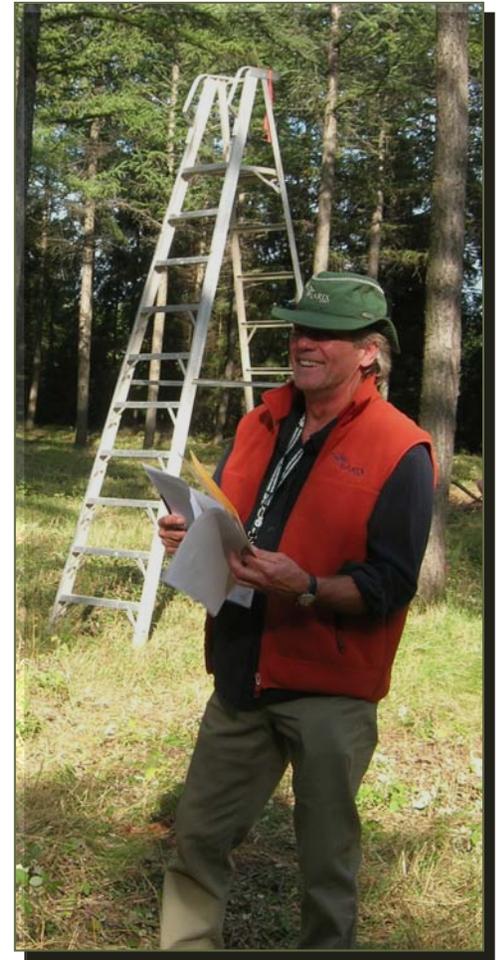


0 10 20 30 40 50 60 70 80 90 100

Forêts, Faune
et Parcs

Québec 

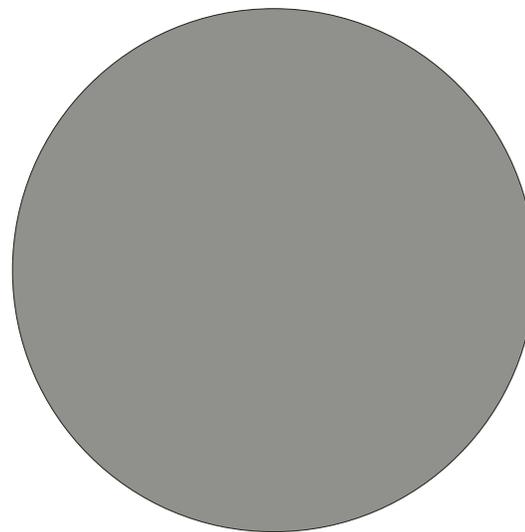
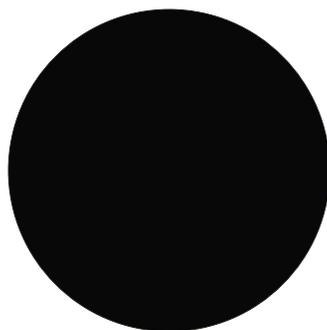
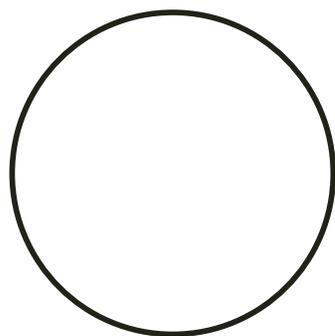
Remerciements



Et autres personnels du MRN
(DRF, région...)



Doit-on sélectionner les plus grands arbres?



Un classique de 1987

« Do we really want taller trees?... »

Article du professeur William J. Libby, (U. of California)

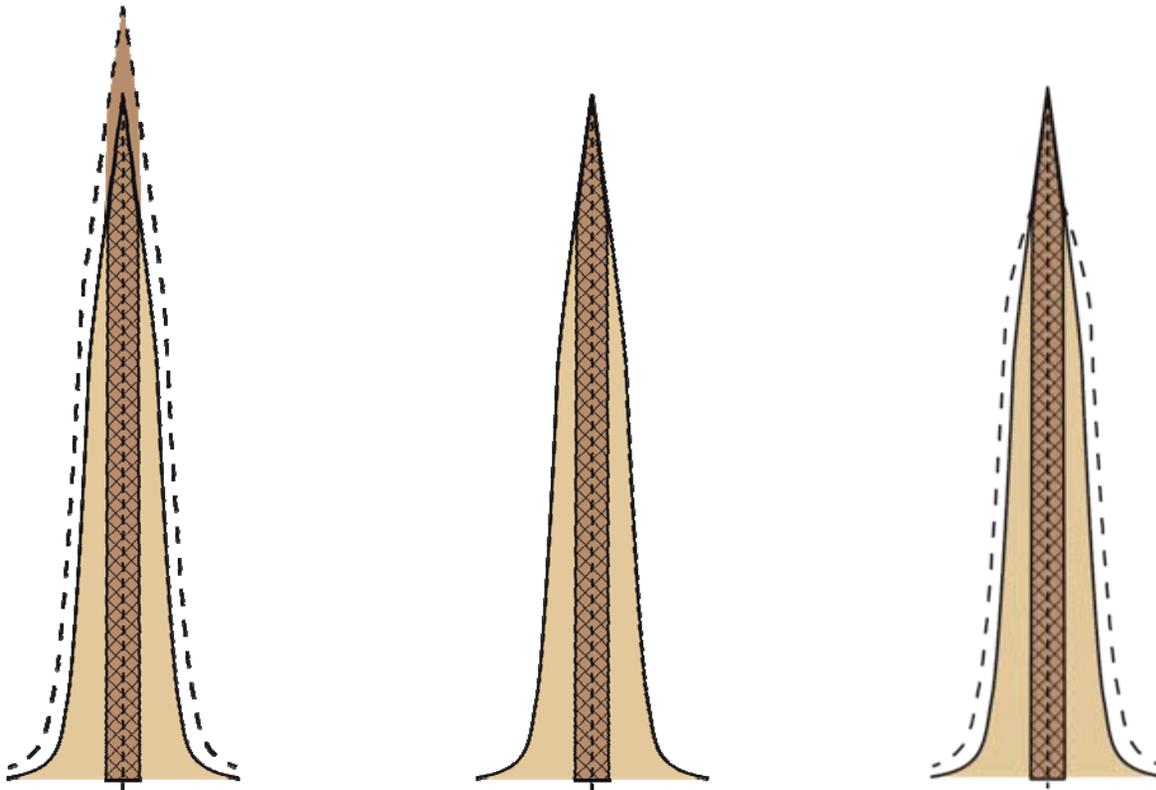
H. R. MacMillan Lectureship in Forestry à UBC, Vancouver

- Pourquoi croisent-on des arbres plus haut?
 - Syndrome du Professeur associé

Un classique de 1987

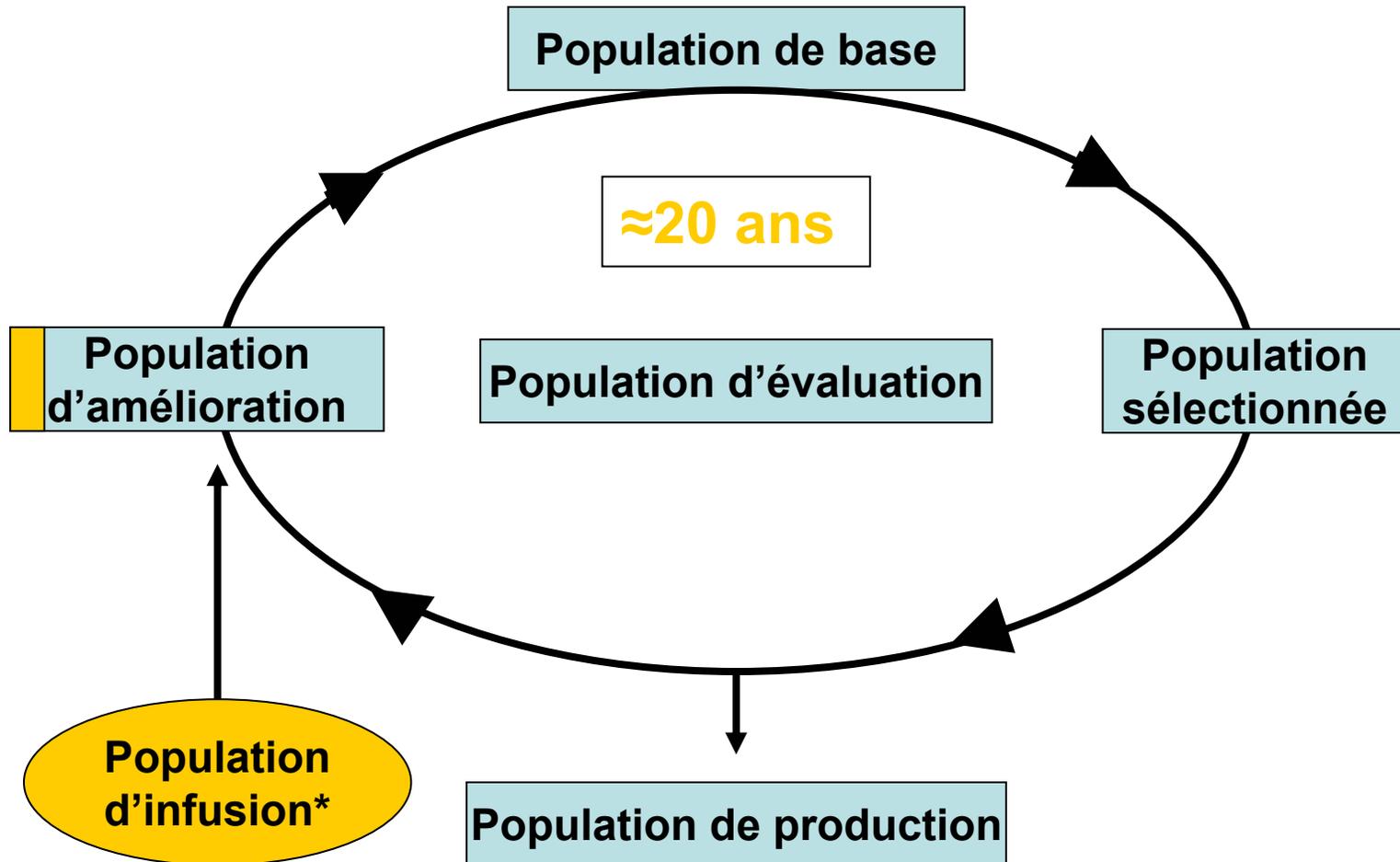
« Do we really want taller trees?... »

- Divers types d'arbres (modifié de Libby 1987)



Module 8- Génération avancée

Populations d'un cycle d'amélioration génétique

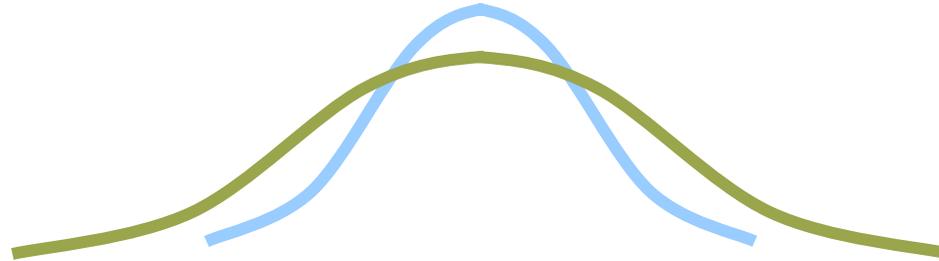


*sauf 1^{ère} et 2^e générations

FOR-3208 / 6008

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

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

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

Précision des paramètres génétiques

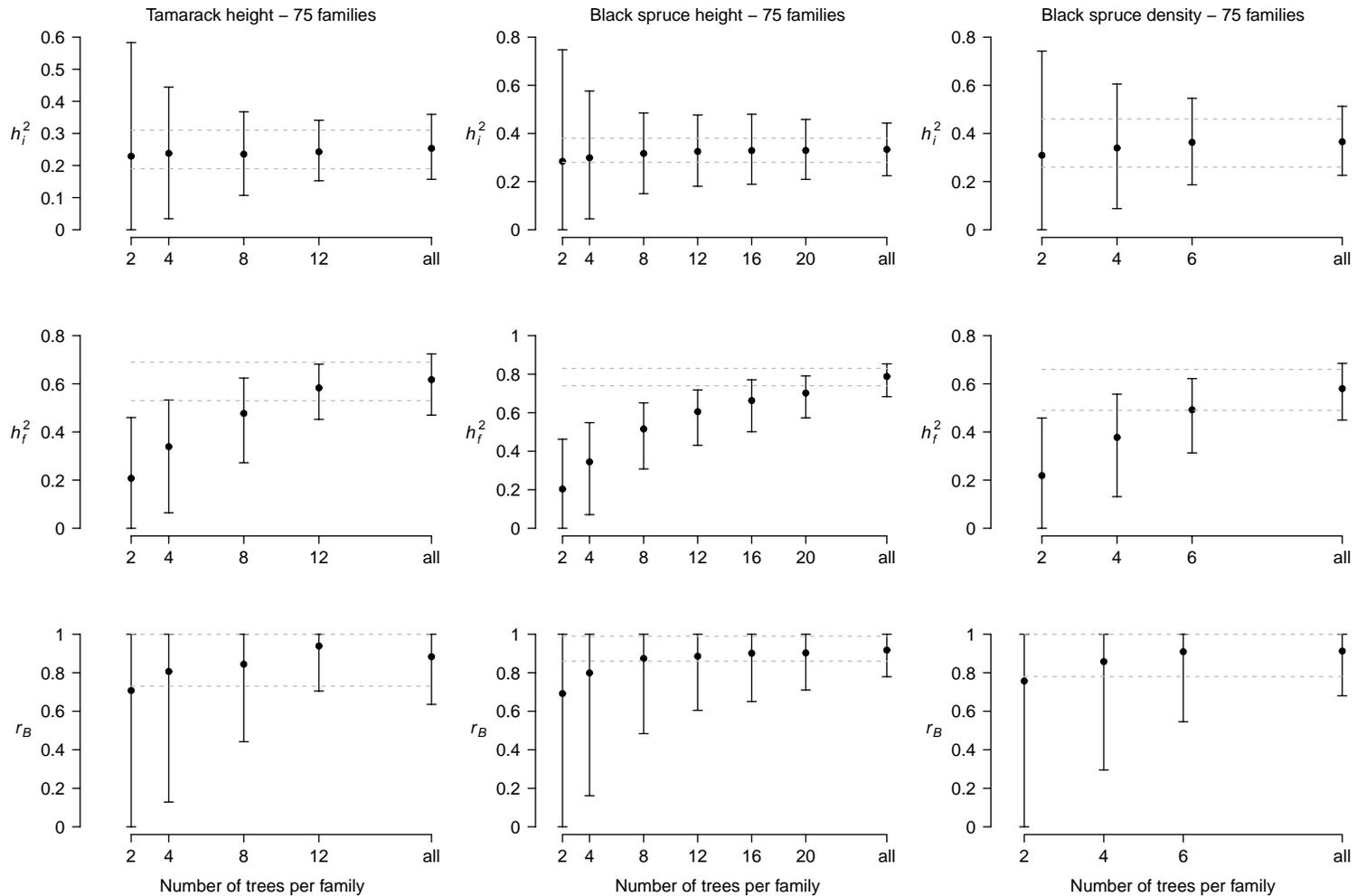


Fig. 2 Effect of number of sampled trees per family per site with 75 families on average values of h_i^2 , h_f^2 and r_B estimates, and observed 95% resampling confidence intervals, based on 1,000 random resamplings without replacement per pair of varying factors. Grey lines correspond to the confidence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

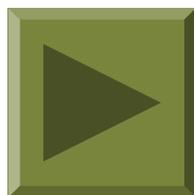
Comment sélectionner

1) Sélection massale

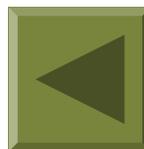
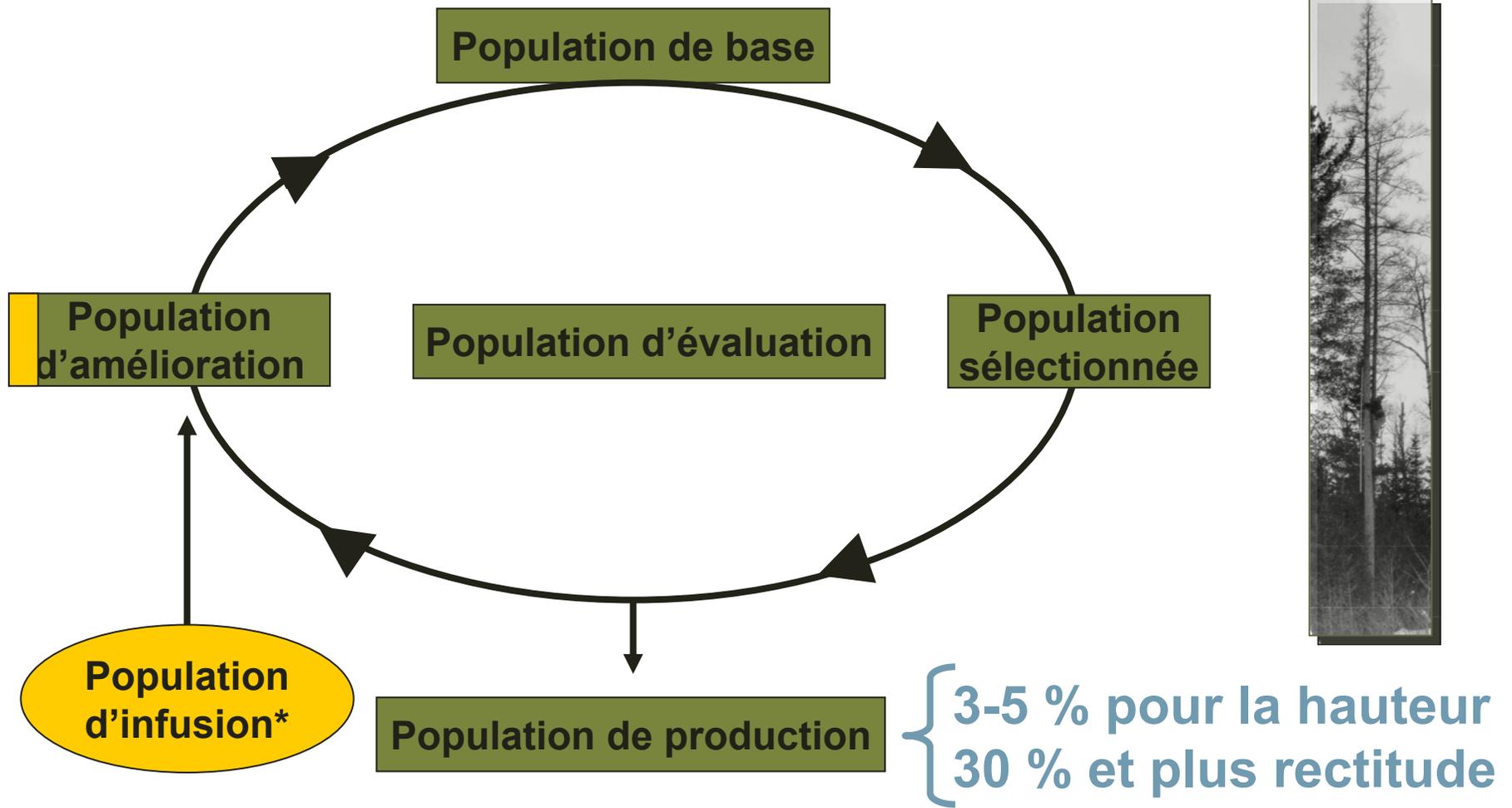
- Basée sur l'observation seule
- Efficace lorsque la transmission est élevée

2) Sélection combinée (familiale et individuelle)

- Requis lorsque la transmission est faible
- Demande l'utilisation de plans d'évaluations



Gains approximatifs après une sélection en forêt



Module 7- Dispositifs de mesures pour les caractères quantitatifs

4- Dispositif expérimental

Idéalement sur une pente légère et régulière:



Plantation d'évaluation DAB61482

Dispositif (1982) :

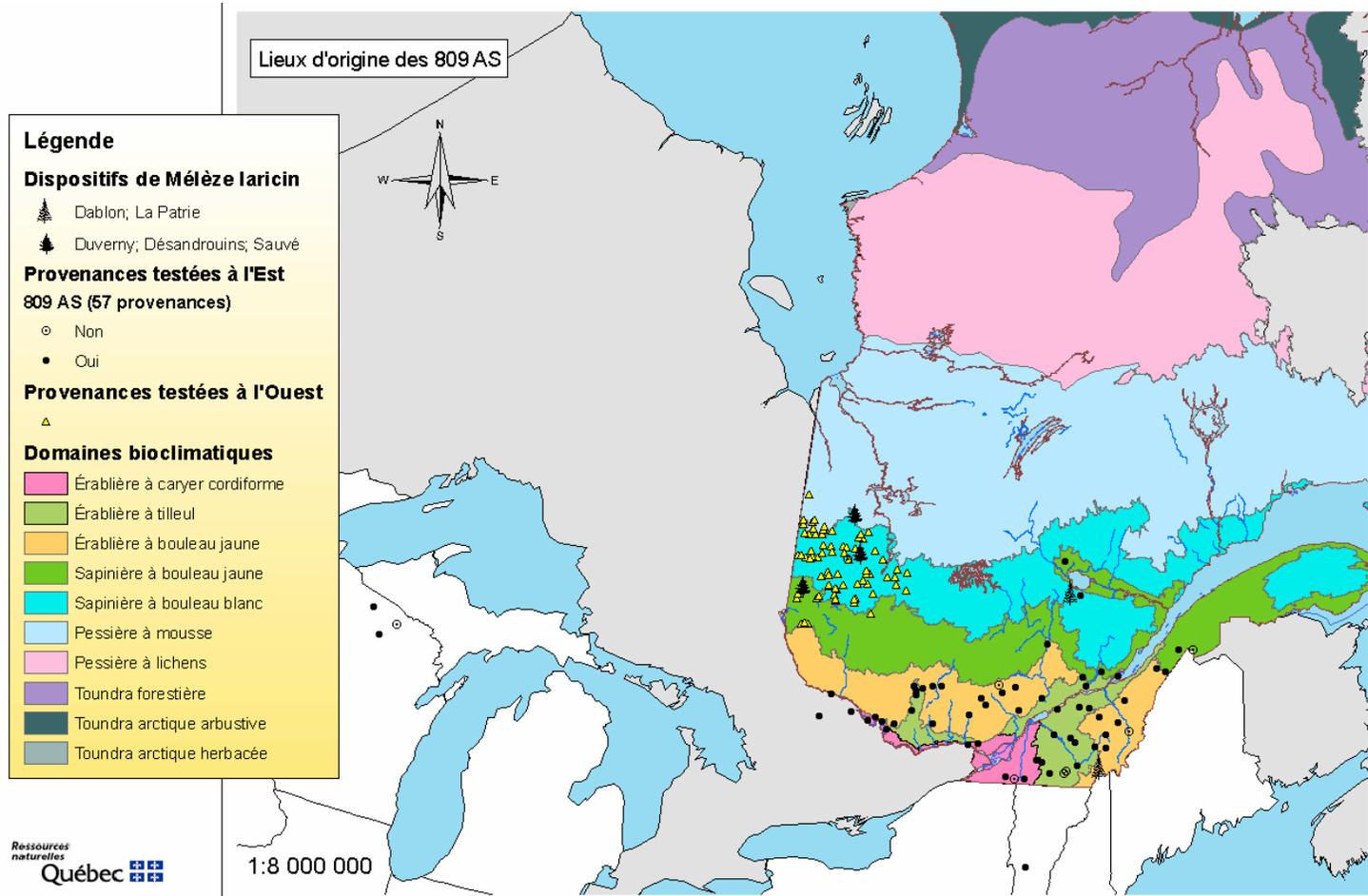
- Bloc aléatoire complet
- 461 familles de MEL
- 8 Blocs
- Parcelle linéaire de 3 arbres/ famille
- 3333 semis à l'hectare
- Éclaircie génétique en 1994

Mesurages :

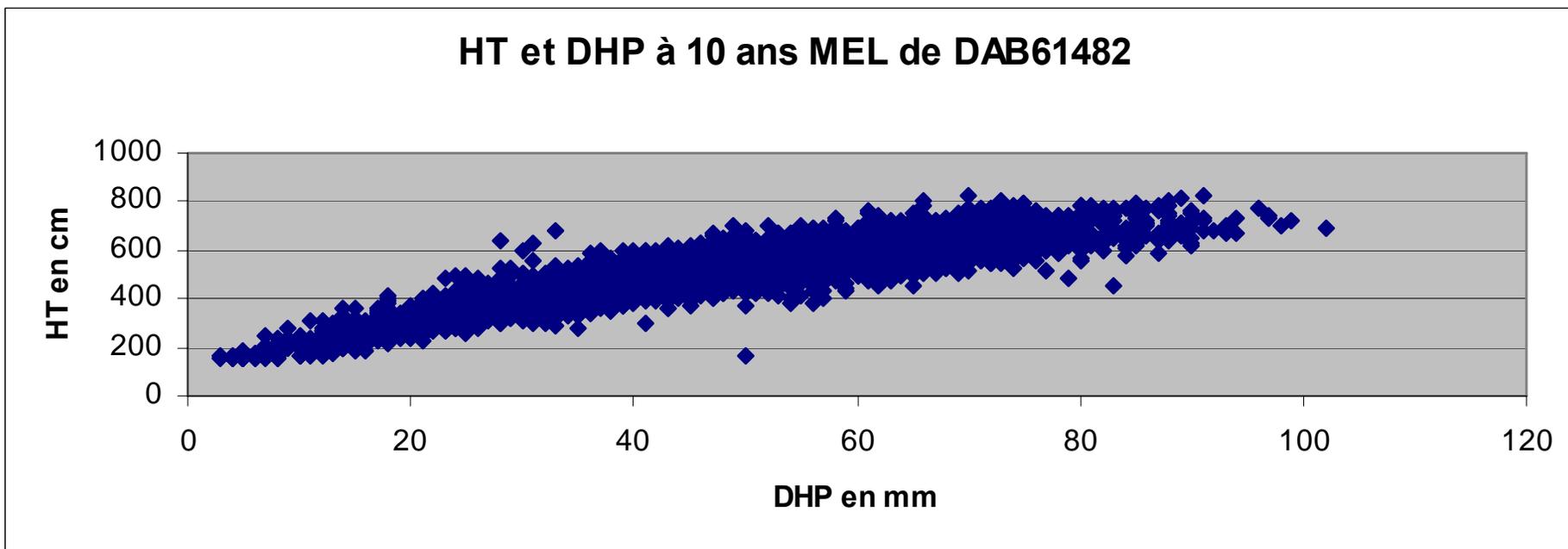
- Pousses 1 an
- HT 1, 5, 10 et 31 ans
- DHP 10 et 31 ans



Localisation des 66 provenances DAB61482



Résultats du mesurage à 10 ans



Moyennes :

$HT_{10 \text{ ans}} = 500 \pm 2,2 \text{ cm}$

$DHP_{10 \text{ ans}} = 46 \pm 0,3 \text{ mm}$

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

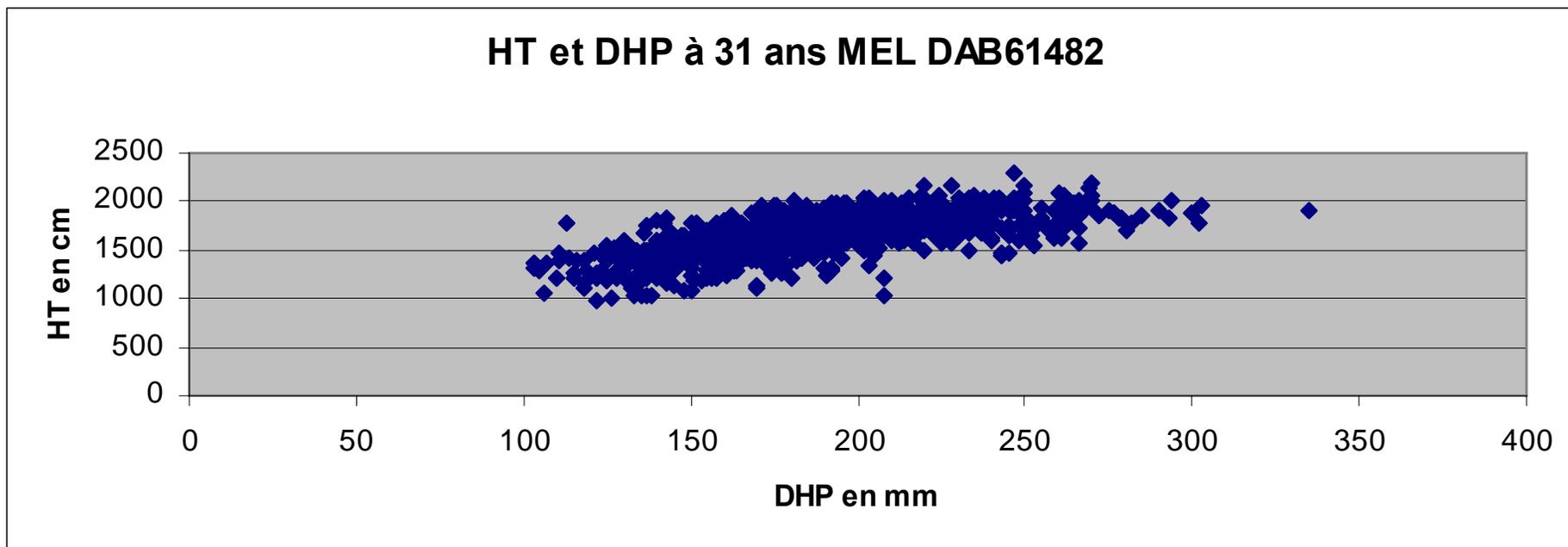
Sélection combinée (familiale et intrafamiliale)

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

Récolte de semences
pour le reboisement en
2011 et 2013



Résultats du mesurage à 31 ans



Moyennes :

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

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

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

Comment sélectionner

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

- $y_{ijkl} = \mu + S_i + B(S)_{j(i)} + F_k + S \times F_{ik} + B(S) \times F_{j(i)k} + E_{ijkl}$
- $VA_k = h^2_{fam}(\mu F_k - \mu)$

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 »
- $VA_{Desc} = 2 * BLUP$ (uniparentale)
- $VAI_{ijkl} = VA_{Desc} + h^2_{intra-fam} * E_{ijkl}$ (uniparentale)



$h^2_{intra-fam}$

HT₁₀
0,29

VME₃₁
0,11

SAS 9.3 Nouvelle procédure
pour le calcul des BLUPs :
PROC HPMIXED

Comment sélectionner

Gain génétique prédit :

Moyenne des VAI_{ijkl}



Messages

1) Les VAs et les gains génétiques prédits présentés seront toujours ceux estimés à l'aide des BLUPs

2) Pour la suite : gain = gain génétique prédit

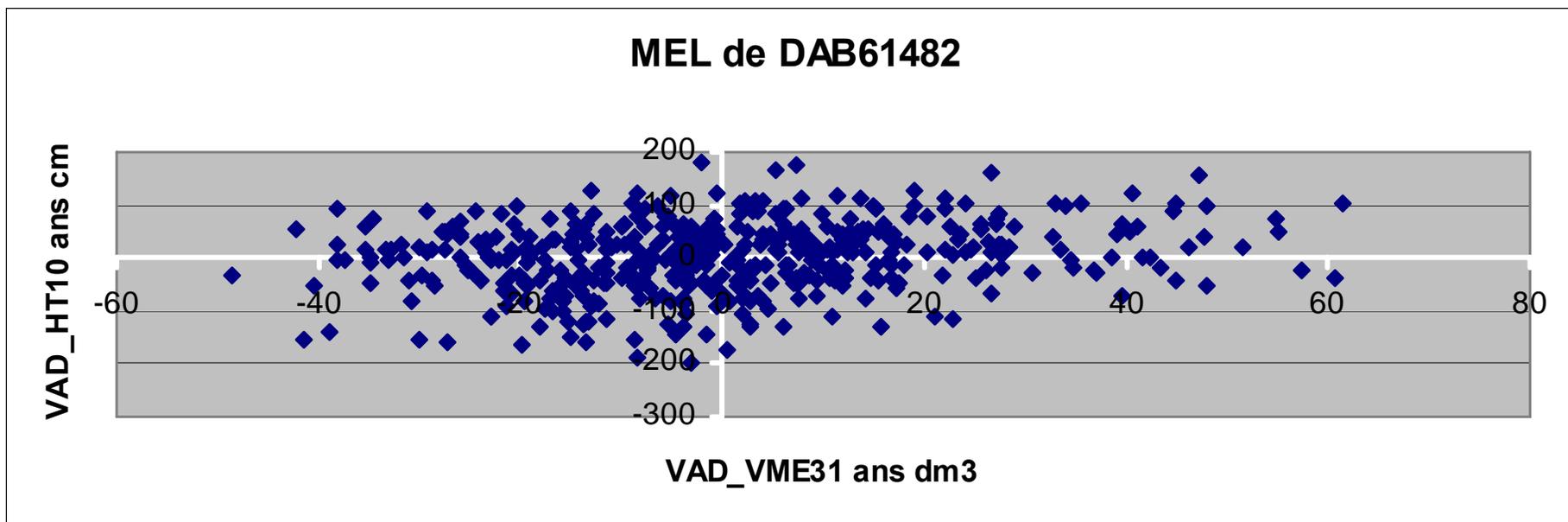
3) Rappel des μ

$HT_{10} \text{ ans} = 500 \pm 2,2 \text{ cm}$

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

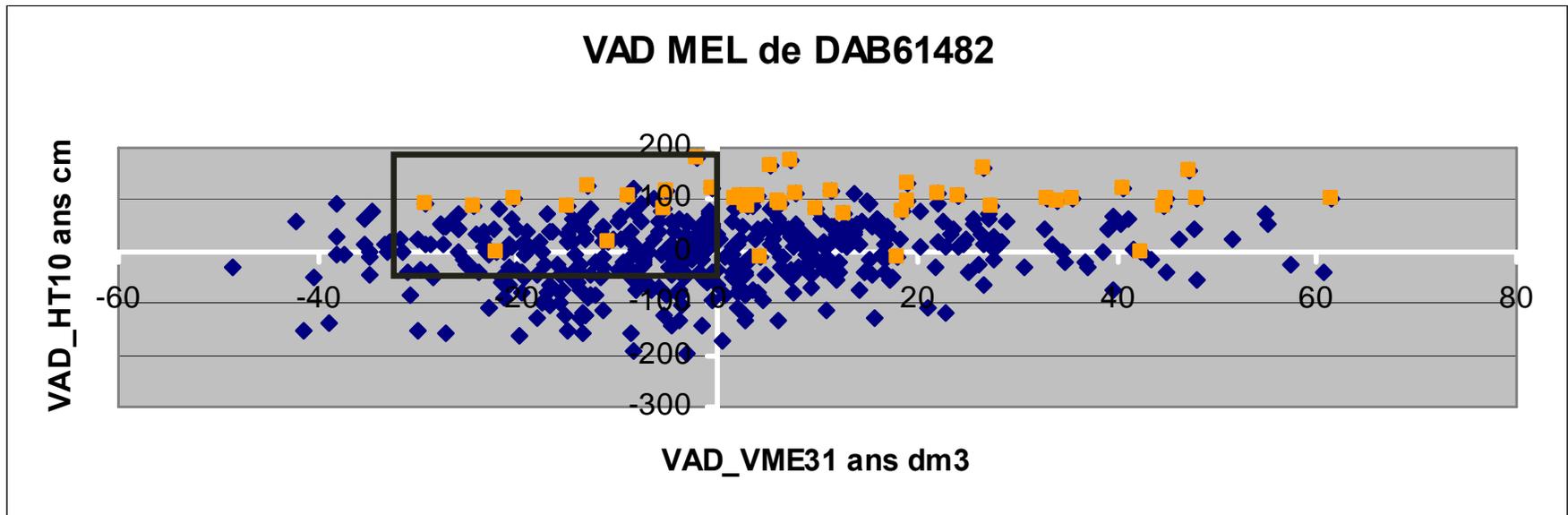
Répartition des valeurs d'améliorations des 454 descendance

$R^2=0,05$



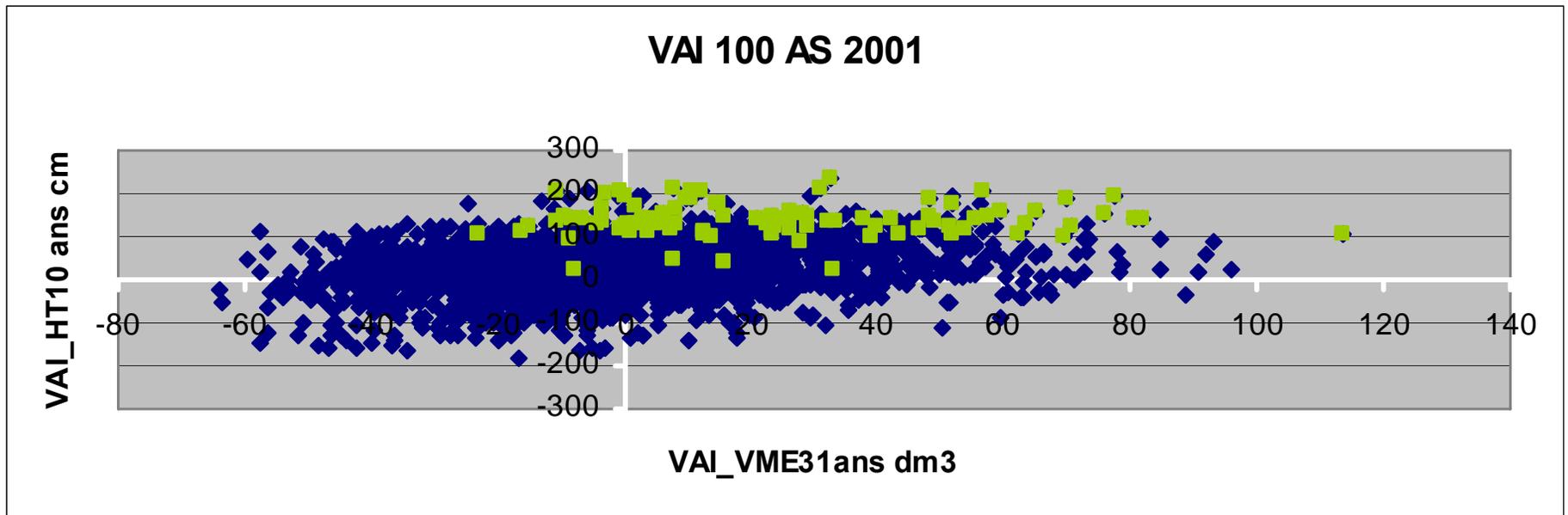
VAD_HT₁₀ ans : entre -197 et 180 cm
VAD_VME₃₁ ans : entre -49 et 61 dm³

Valeurs d'améliorations des 45 descendances sélectionnées d'après la HT₁₀ ans (en 2001)



Valeurs d'améliorations individuelles 100 AS HT₁₀ ans (en 2001)

R²=0,08



Gain en HT₁₀ ans = 139 cm, soit 28 %

Gain en VME₃₁ans = 24,3 dm³, soit 12 %

Pour plus d'un caractère le meilleur système = sélection sur indice

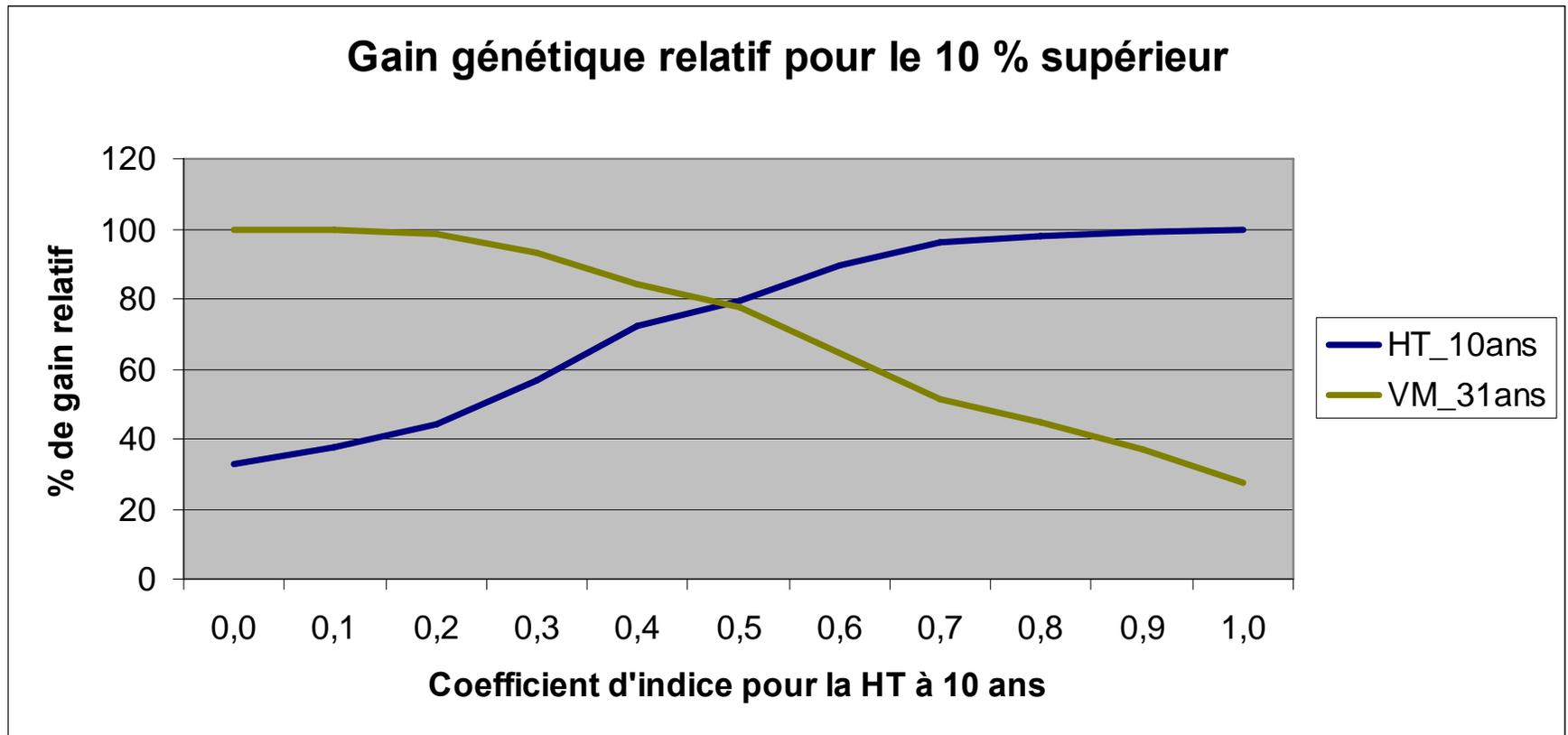
I = indice

$$I = a * \text{BLUP_HT} + b * \text{BLUP_DHP}$$

Ex.: $a = 0,5$ et $b = 0,5$

La sélection est basée sur les indices

Détermination des coefficients

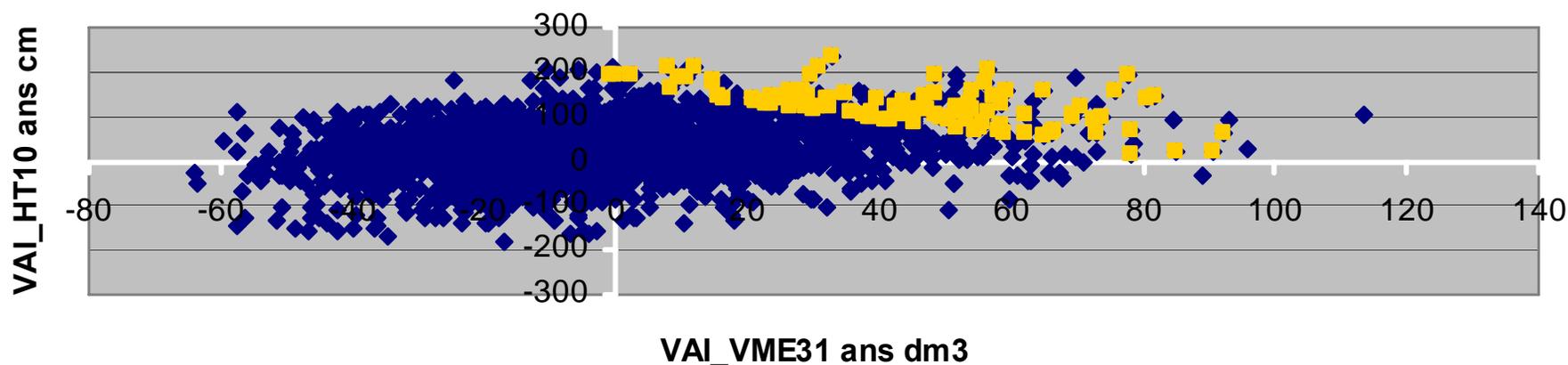


Finalemment :

$$I = 0,55 \cdot \text{BLUP_HT} + 0,45 \cdot \text{BLUP_DHP}$$

Valeurs d'améliorations individuelles 100 arbres sélectionnés sur indice en 2013

VAI 100 AS à l'aide d'un indice

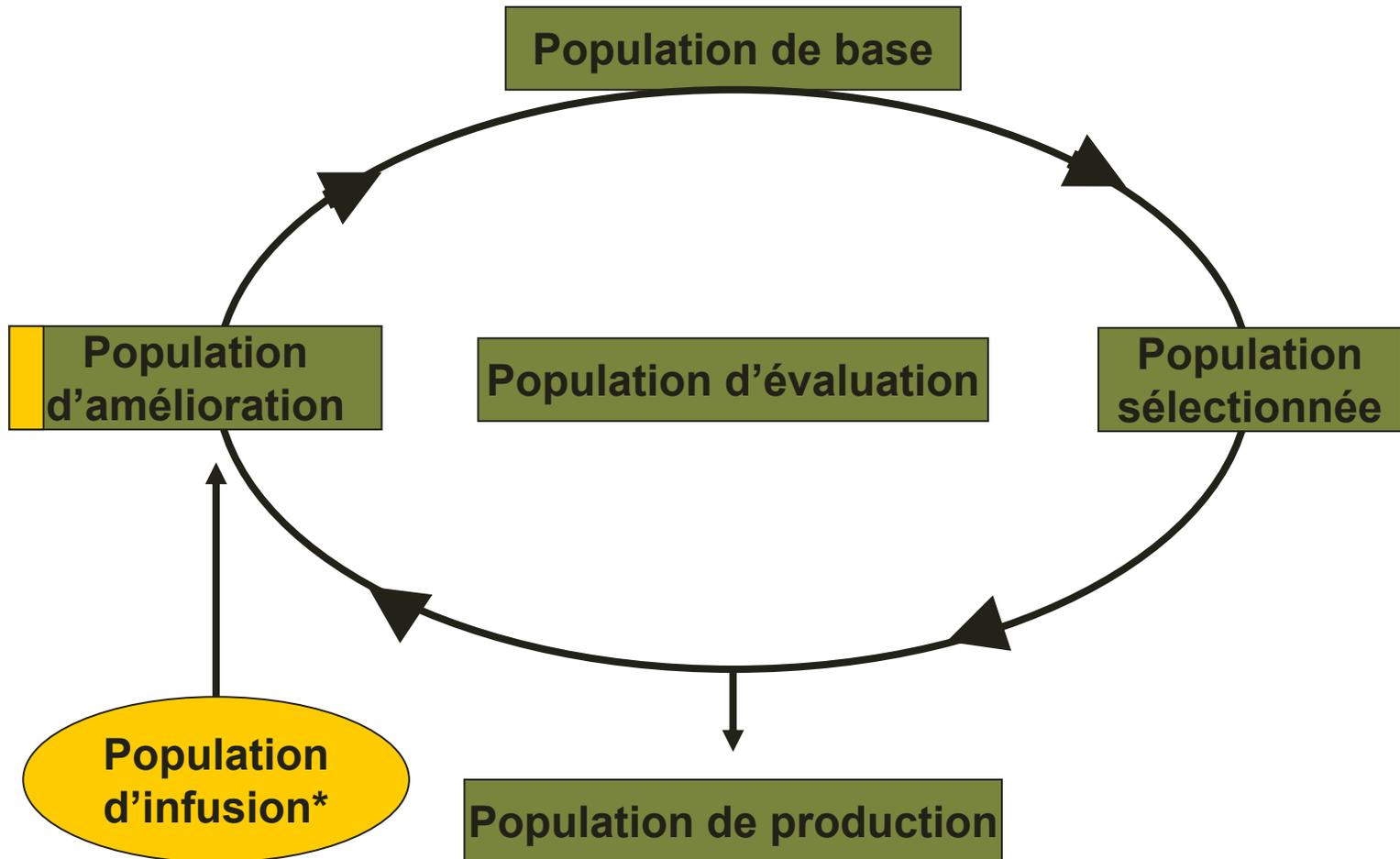


Gain en HT_{10} ans = 125 cm, soit **25 %**
Gain en VME_{31} ans = 45 dm³, soit **23 %**

BLUPs + sélection sur indice

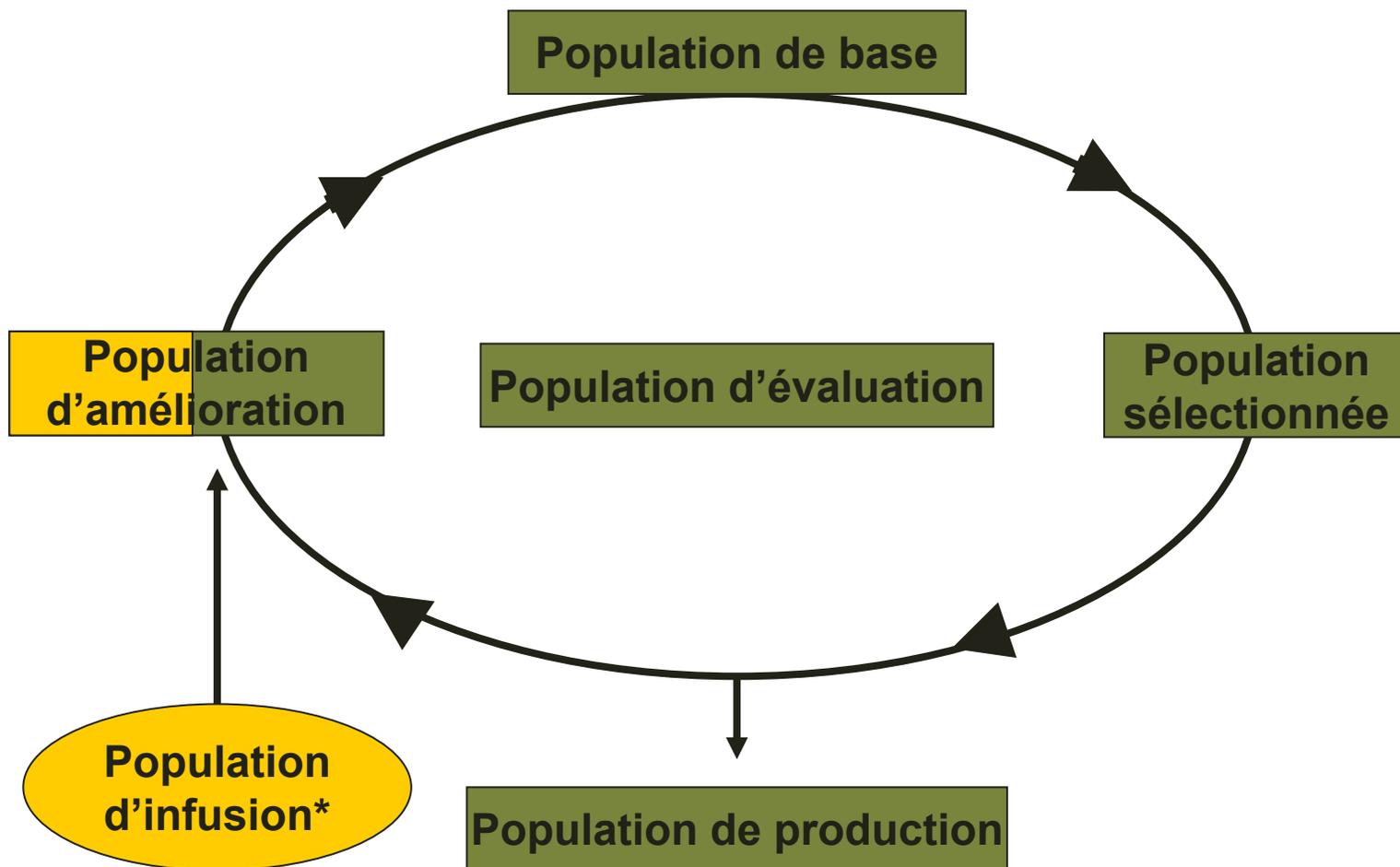
Doit-on sélectionner les plus grands arbres?

1^{er} et 2^e cycle d'A.G. : sélection de parents plus grands (≈ à 10 ans)



2^e et plus :

Infusion avec des parents plus gros issus de familles non retenues auparavant



Conclusions

- La sélection non intuitive est complexe
- Critère de sélection variable selon l'âge :
 - Arbre juvénile - hauteur - ok
 - Arbre mature - DHP - ok
- Infusion de parents plus gros
- Défi à long terme :
 - Suivi des vieux tests
 - Sélection individuelle plus précise
 - Test et analyse

Questions

Eucalyptus spp.

Pinus radiata

