



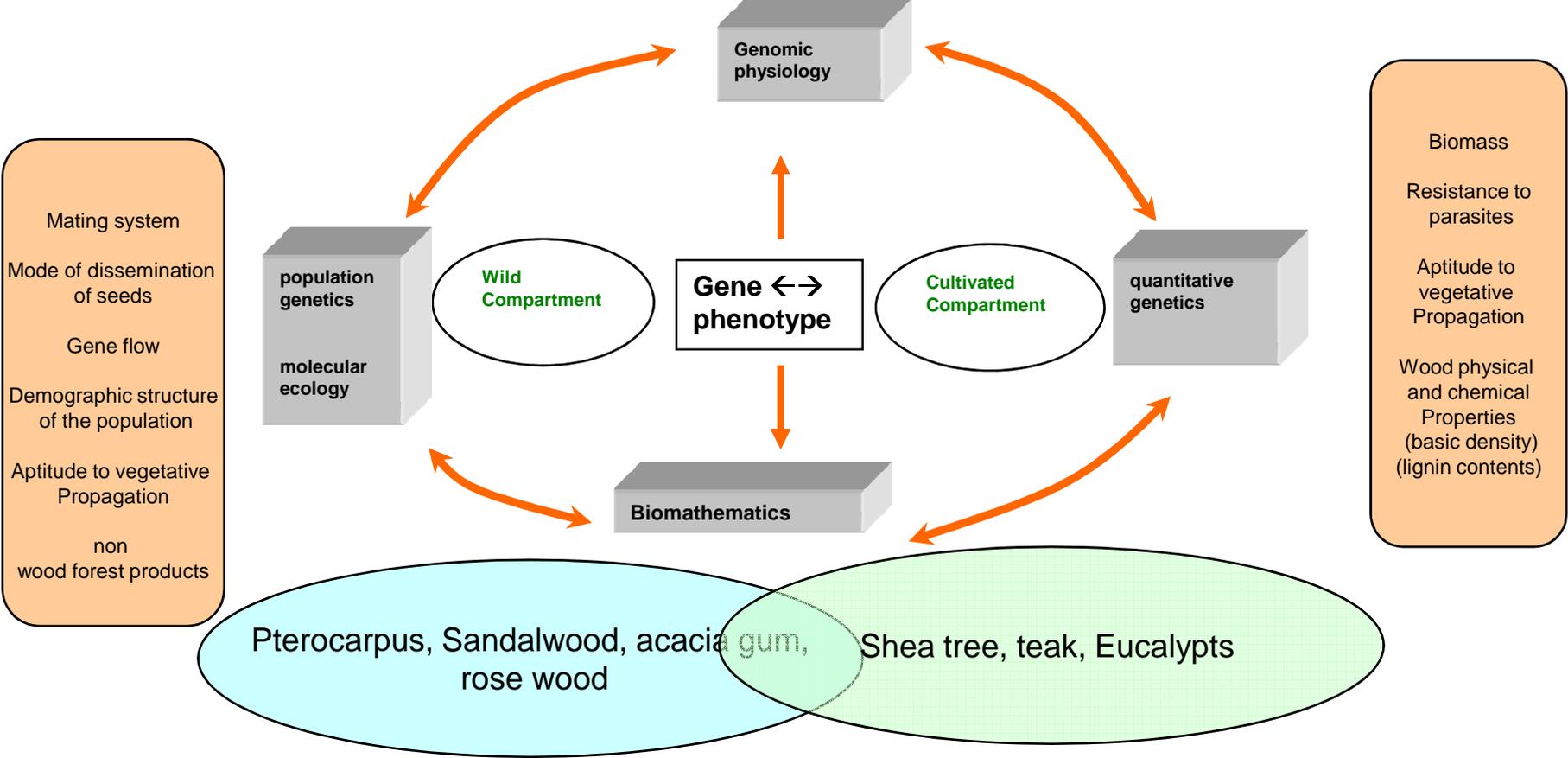
Apport de la SPIR pour les études génétiques de l'eucalyptus

Chaix Gilles

UPR Genetic diversity and breeding of forest tree species

UPR Production and Processing of Tropical Woods

“From gene to phenotype” is the central question of our research activities



- Mating system
- Mode of dissemination of seeds
- Gene flow
- Demographic structure of the population
- Aptitude to vegetative Propagation
- non wood forest products

- Biomass
- Resistance to parasites
- Aptitude to vegetative Propagation
- Wood physical and chemical Properties (basic density) (lignin contents)

- Pterocarpus, Sandalwood, acacia gum, rose wood
- Shea tree, teak, Eucalypts

Genetic control and environmental effects



**Quantitative genetic, mating design, ...
Gene expression controls
SNP approach : allelic and traits variability**

**Wood properties according to end-uses
Adaptative traits (exzemple: dry resistance)**

Trends in development issues : new challenges according to using and climate changes



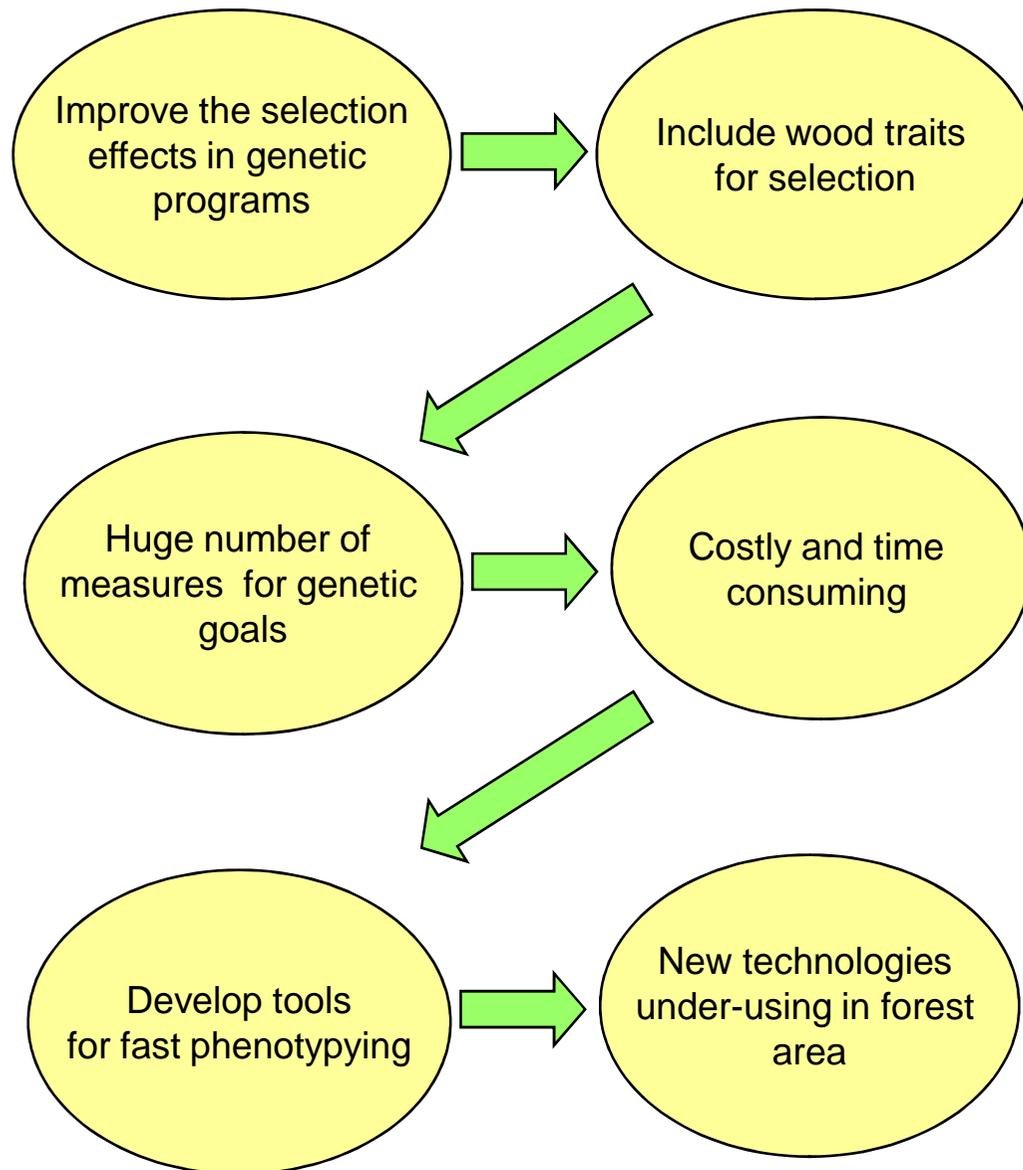
Producing varieties, more stable and adapted to marginal zones, for energy challenges, explore other species for timber production



Increase wood qualities for building, paper and for biomasse energy



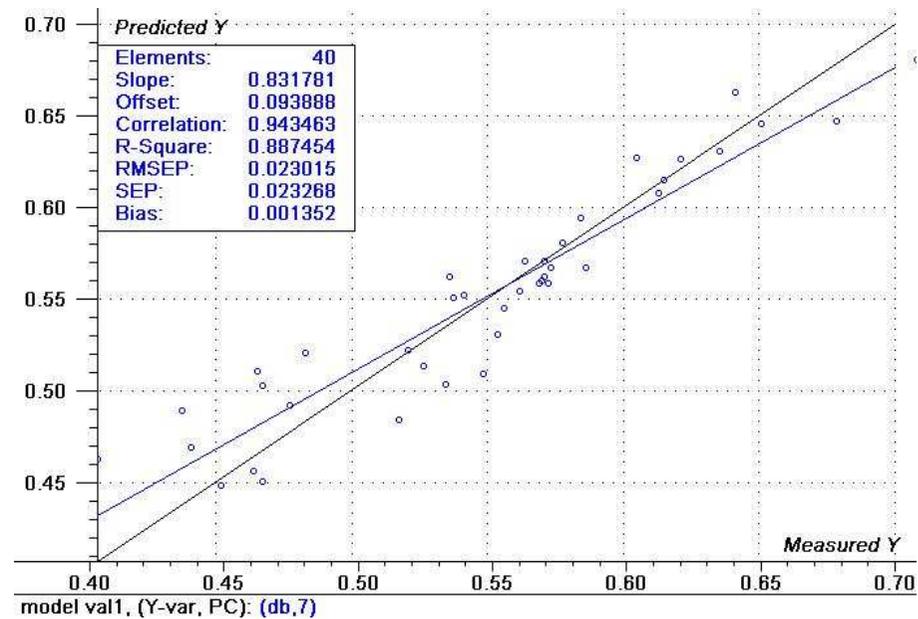
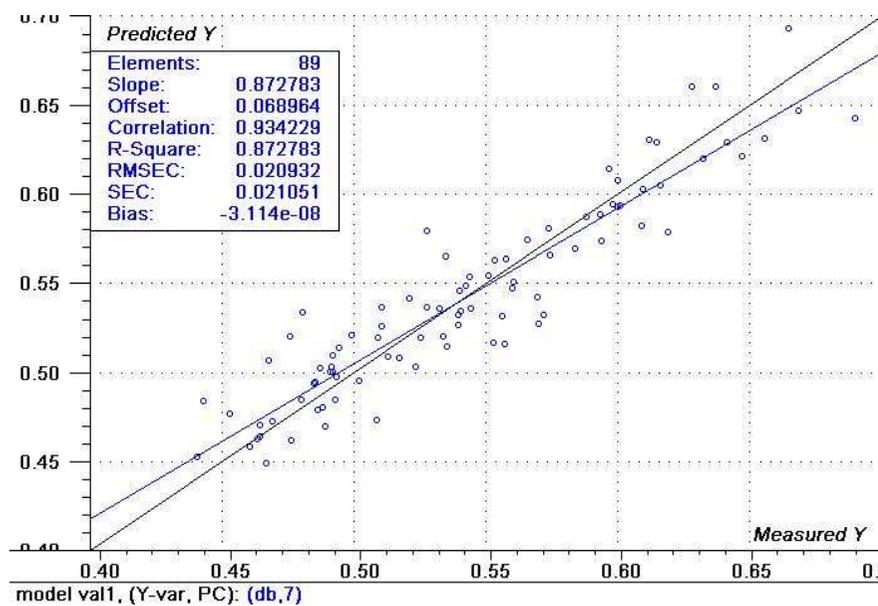
Produce adapted variety according to end-uses



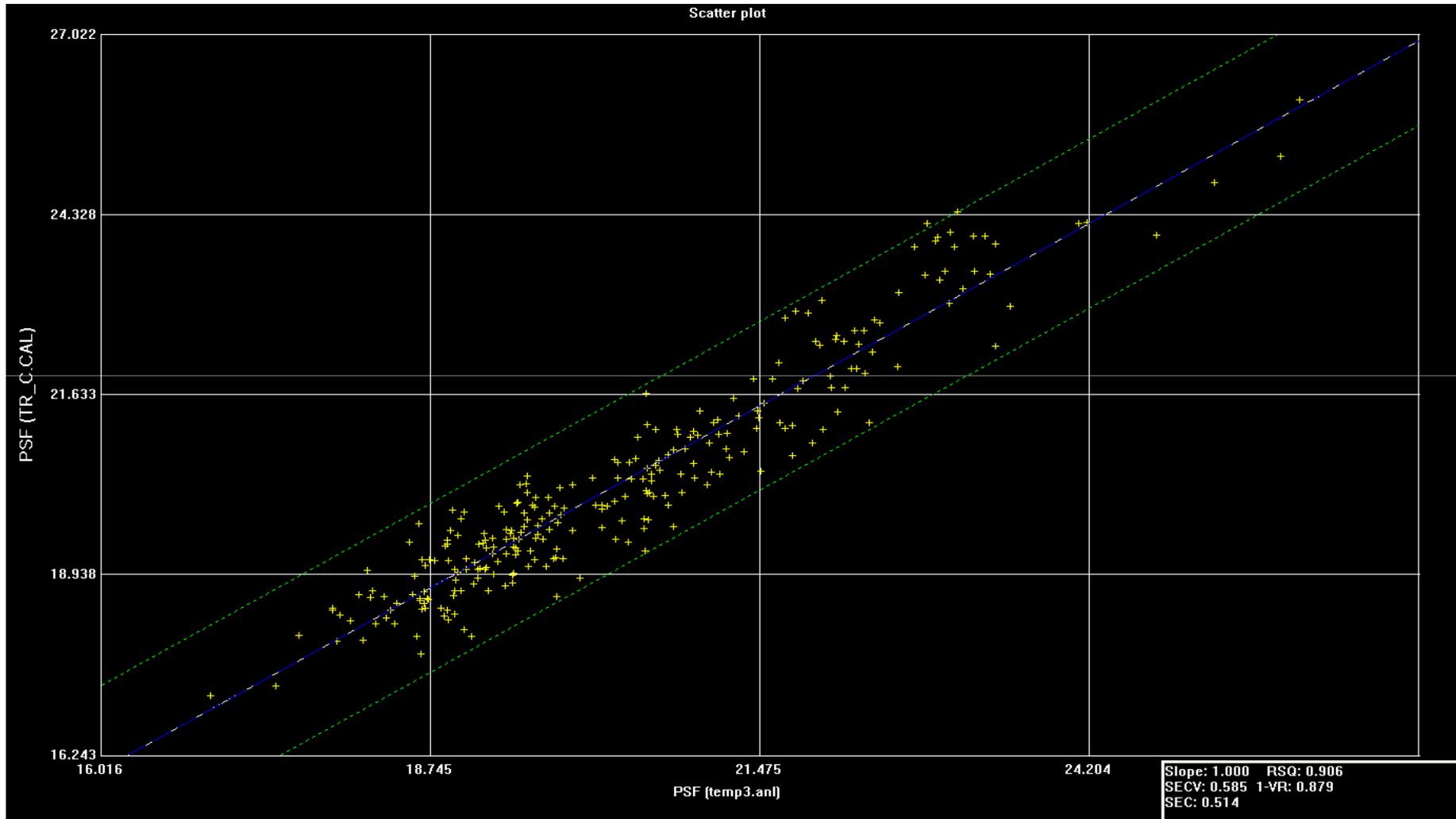
“Non destructive methods”
to evaluate wood
Properties fastly

- **Pulp:** pulp yield, density, lignin, cellulose, PP, WC
- **Charcoal production:** density, lignin, extractives, hemicellulose, charcoal yield, fix carbon
- **Saw timber:** density, MOE, MOR, FSP, shrinkages, natural durability

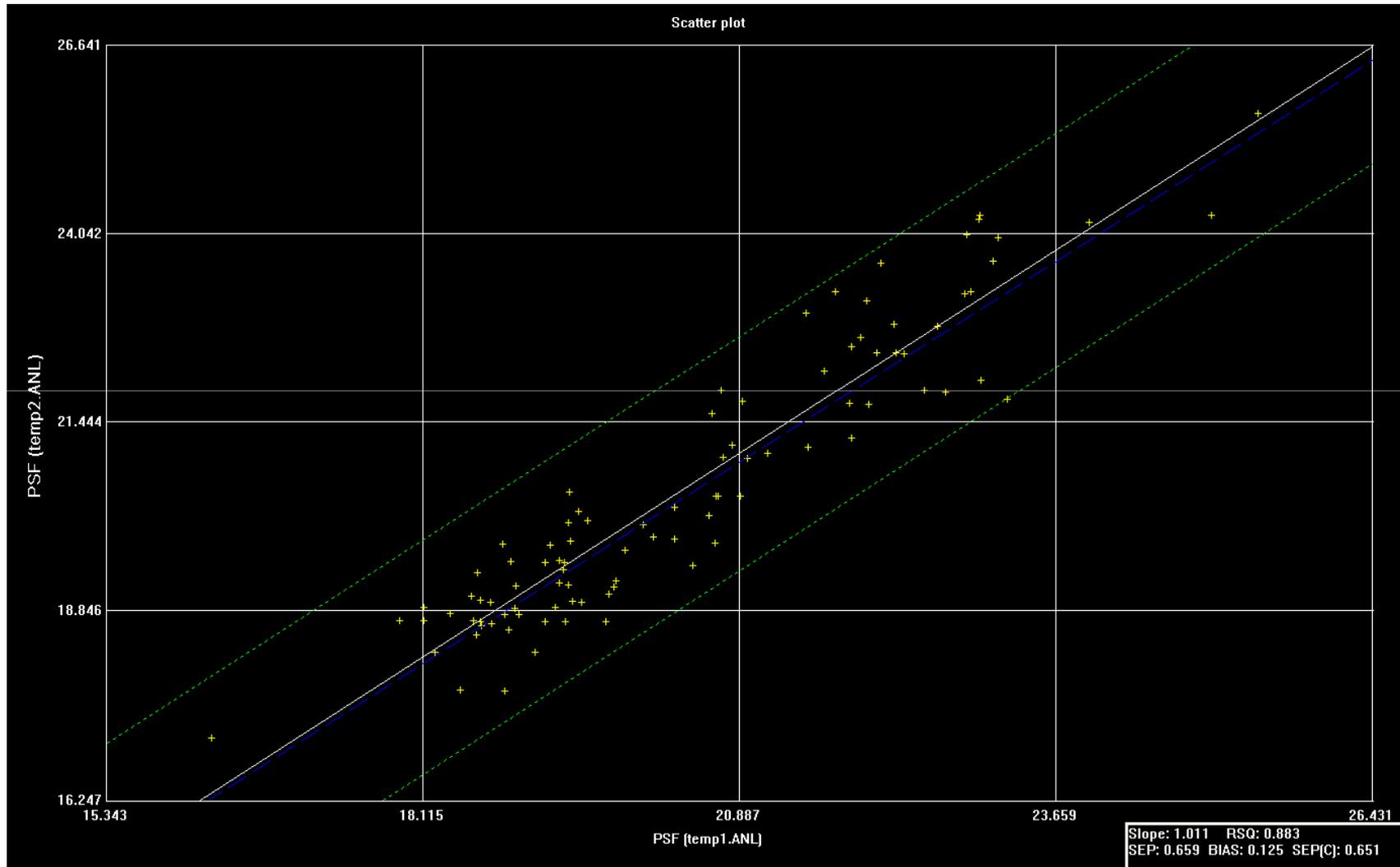
Nirs and eucalyptus wood – basic density



SPIR et bois de teck – retrait et PSF



SPIR et bois de teck – retrait et PSF



Non destructive wood sampling

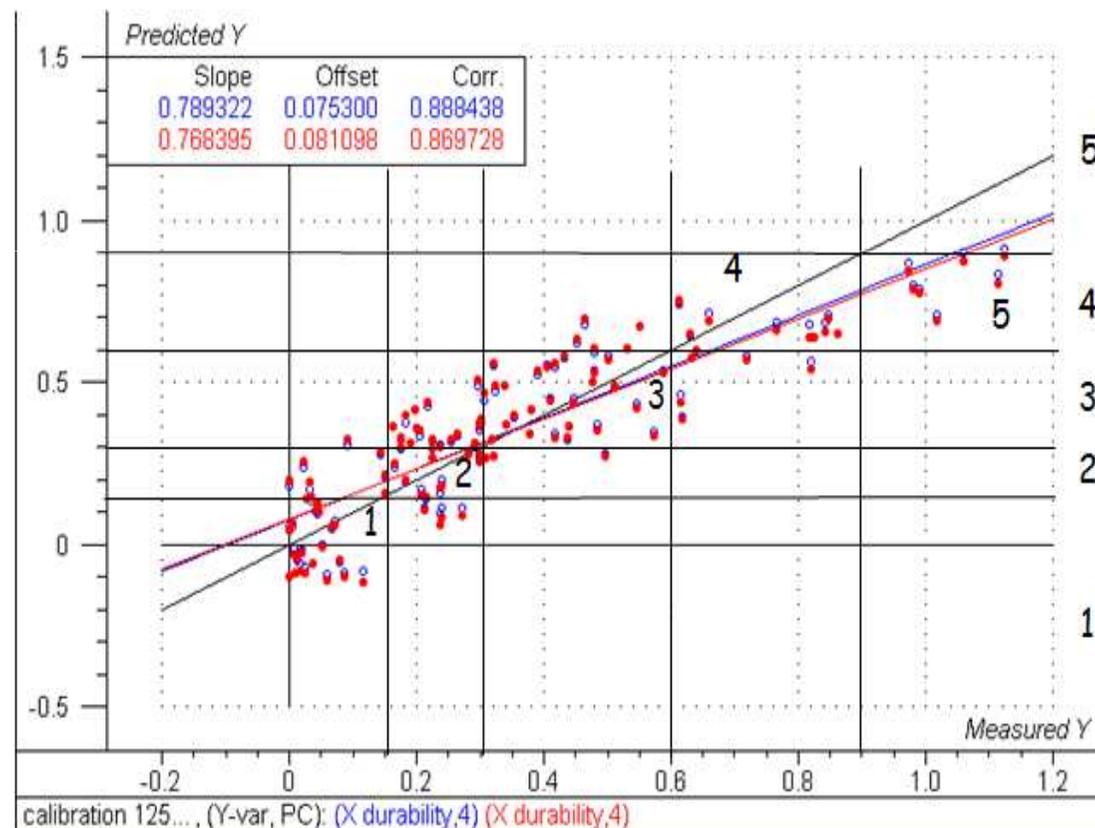


Nirs and natural durability of wood teak



Prédiction de la durabilité naturelle du bois de teck

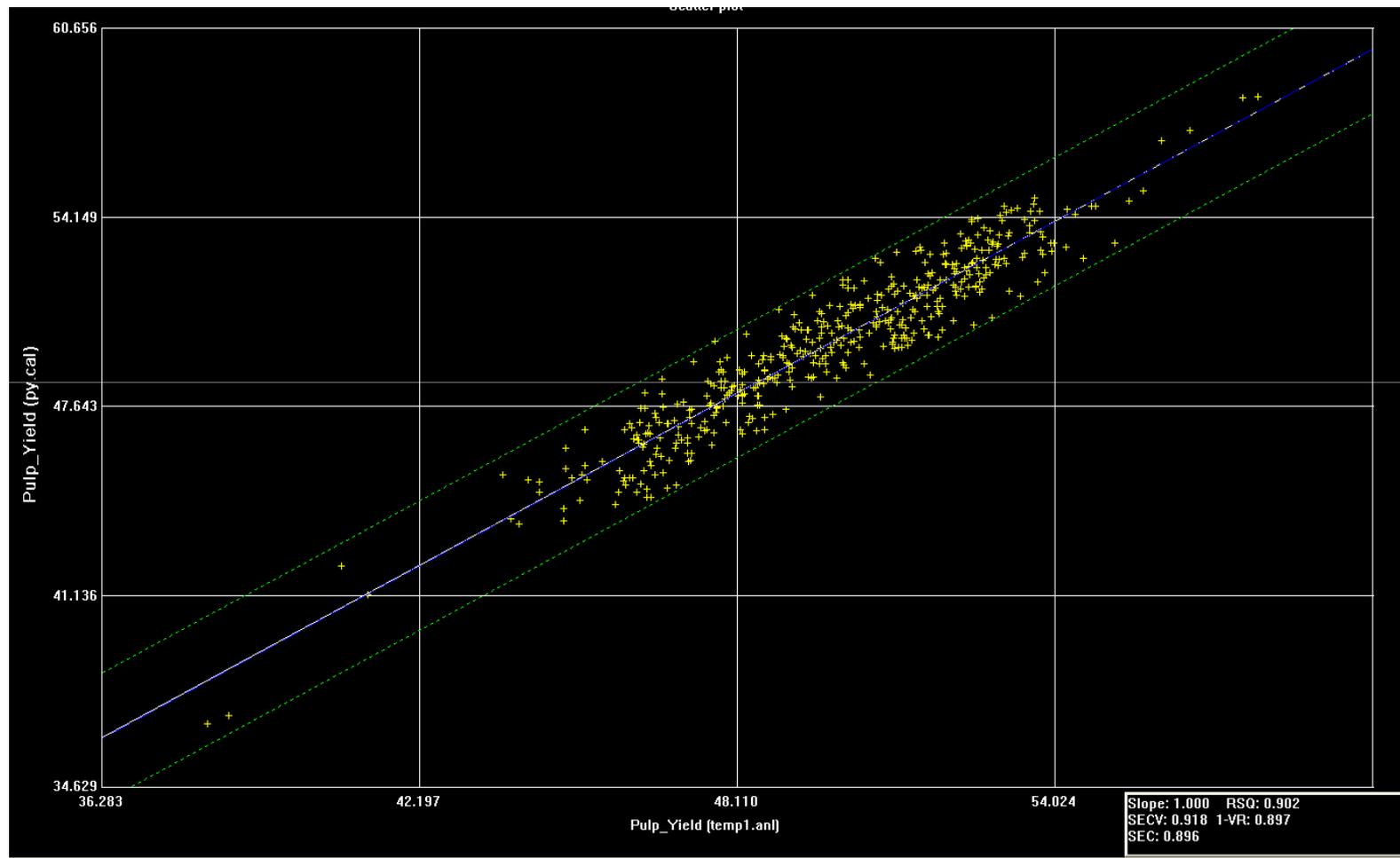
- Teak wood natural durability (= weight loss after fungi attack during 16 weeks /reference, UR 40 laboratoire équipe préservation)



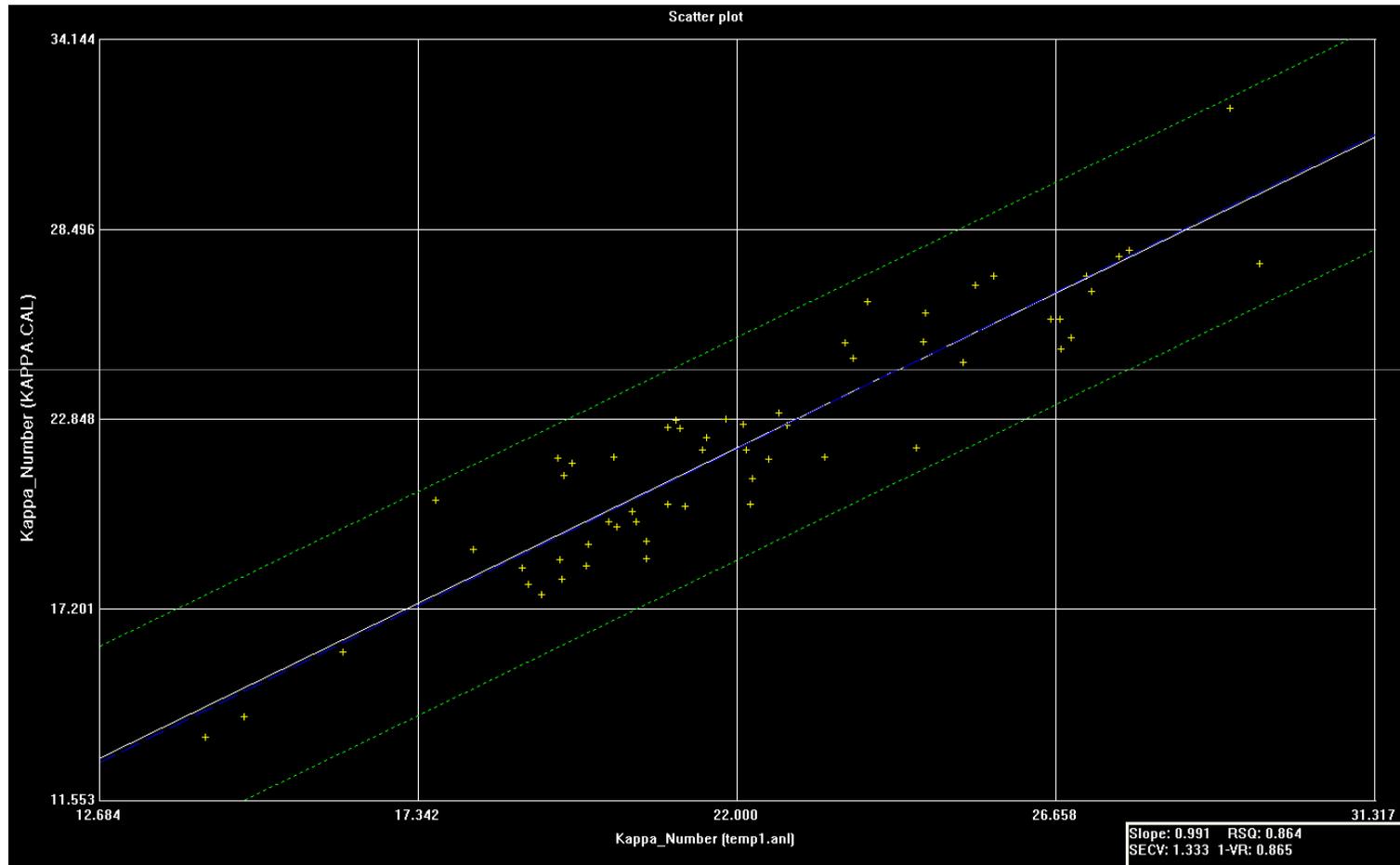
Kokutse, Baudassé, Baillères & Chaix

Rang: 7 R² = 73.56 RMSEE = 4.02

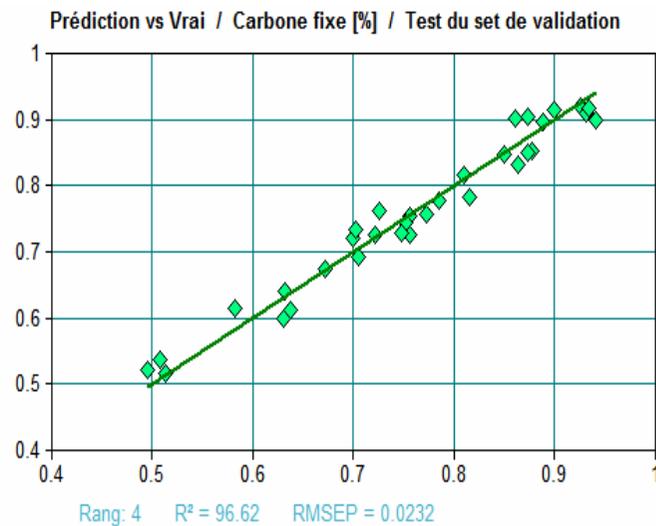
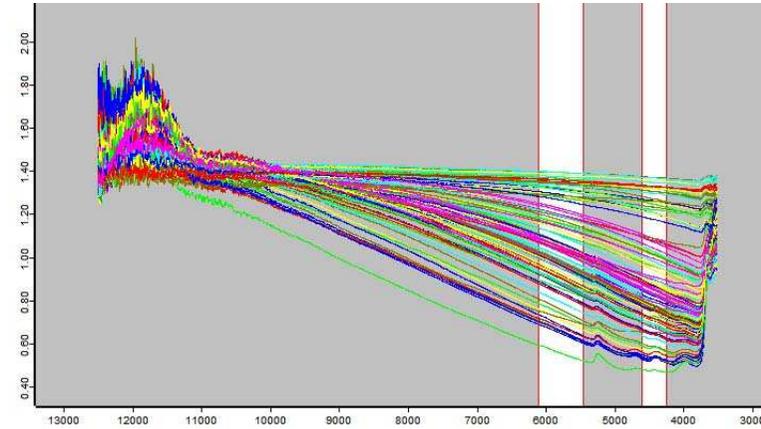
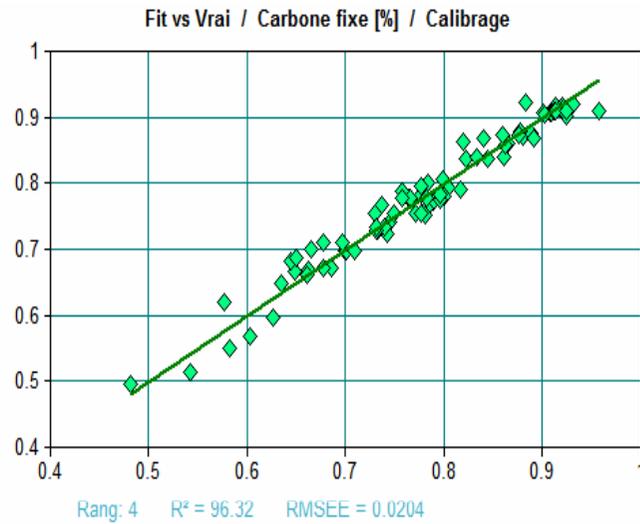
SPIR et pâte à papier eucalyptus – rendement papetier



SPIR et pâte à papier eucalyptus – Kappa number



SPIR et qualité charbon à usage sidérurgique





UNITE DE RECHERCHE
SUR LA PRODUCTIVITE
DES PLANTATIONS
INDUSTRIELLES

Etude controle génétique des caractères de croissance et de qualité de bois



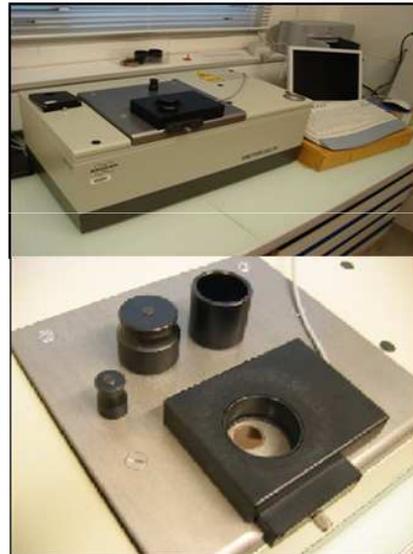
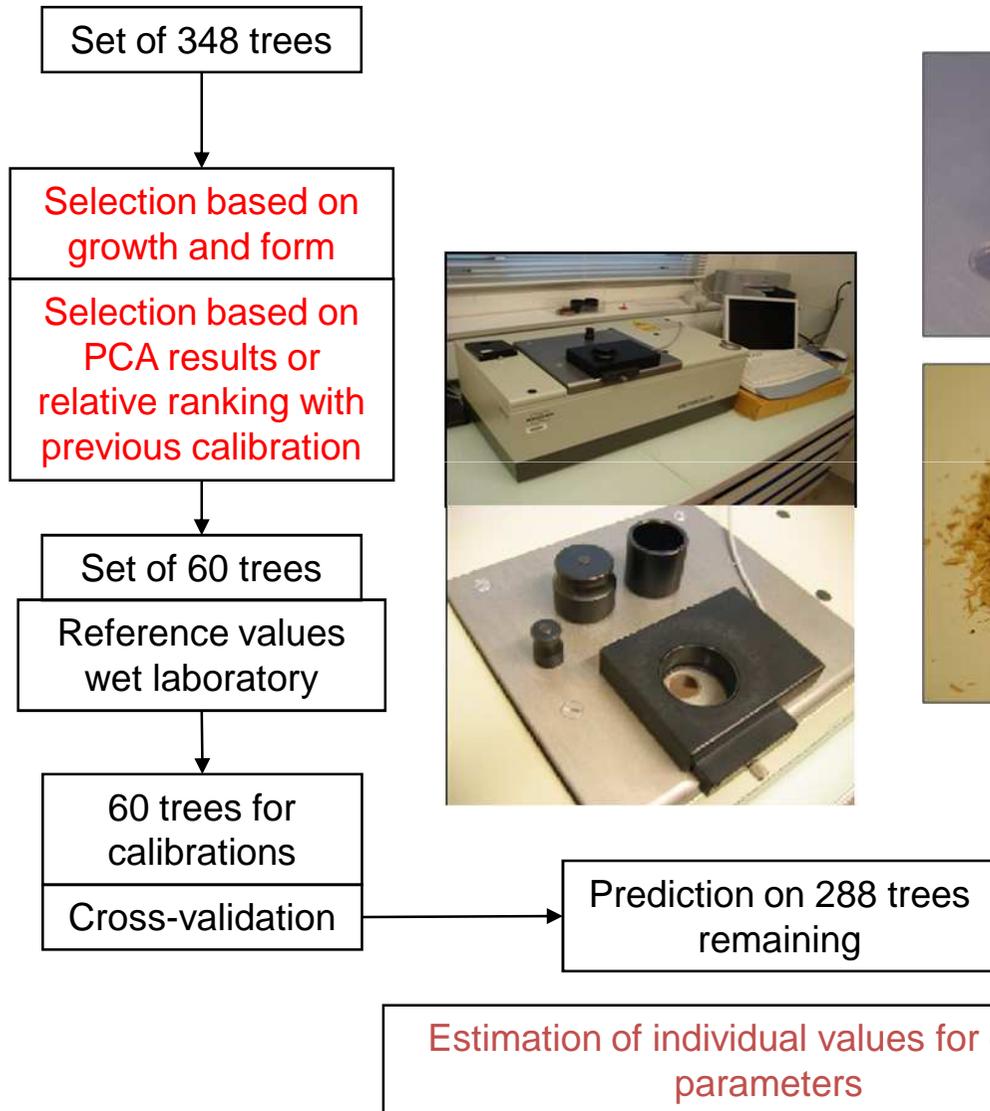
effectif	PERE								
MERE	14-130	14-132	14-135	14-137	14-142	14-146	14-147	14-148	Total
14-128		10	10	10	10	10			50
14-133	10		10			10	10		40
14-136				10		10	10	10	40
14-138	10	10		10	10			10	50
14-140		10	10	10		10	10		50
14-144	10		10		9		10	10	49
14-149		10			9			10	29
14-152	10	10					10	10	40
Total	40	50	40	40	38	40	50	50	348

Plan de croisement factoriel E. urophylla x E. urophylla incomplet et effectifs des 350 familles

	Ht	C	LK	LAS	LT	S/G	DB
N	348	348	60	60	60	60	120
Mean	21.2	53	28,5	1,6	30,1	2,4	0.52
sd	3.7	11.2	1,37	0,21	1,31	0,34	0.04
min	7.8	24	25,1	1,1	26,9	1,7	0.37
max	29.6	84	31,9	2,1	33,2	3,0	0.64
CV (%)	17.4	21.2	4,8	13,2	4,4	14,5	8.2

Statistiques élémentaires des échantillons d'étalonnage (Ht: hauteur totale, C: circonférence, LK: taux de lignine, LAS: lignine soluble, LT: lignine total, S/G: rapport, DB: densité basale)

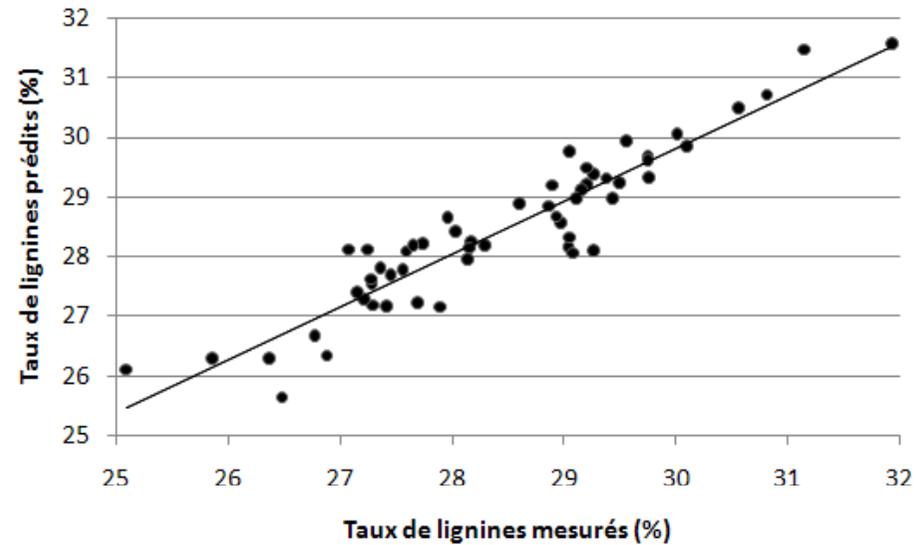
Sampling strategy - NIRS



Nirs and eucalyptus wood – Lignin content



Éléments 57
Outliers 3
R² 0.87
RMSECV 0.48
Rang 4
SEL 0.2



SG	treat	outlier	Term	SEC	SECV	R ² cv	RPD
brut	2d	4	11	0,082	0,160	0,74	2,2
surfaced	1d + n	2	10	0,124	0,196	0,68	1,85
4.00 mm	2d	2	9	0,043	0,118	0,88	2,9
0.50 mm	1d	3	8	0,085	0,129	0,86	2,7

LK	treat	outlier	Term	SEC	SECV	R ² cv	RPD
brut	osd	3	7	0,579	0,735	0,67	1,9
surfaced	1d	6	8	0,437	0,623	0,75	2,2
4.00 mm	1d	3	4	0,423	0,484	0,87	2,8
0.50 mm	osd	3	6	0,545	0,460	0,83	3,0



Prédiction

Analyse de variance données prédites Ht, C, LK, S/G, Densité



Le modèle : $X_{ijk} = \mu_x + \alpha_i + \beta_j + \delta_{ij} + \varepsilon_{ijk}$

μ_x = X_{\dots} est la moyenne de la population

α_i = effet aléatoire de la mère

β_j = effet aléatoire du père

δ_{ij} = effet aléatoire d'interaction mère – père

ε_{ijk} = erreur aléatoire

La variance génétique additive dans la population de descendants est ainsi de :

σ^2A = variance 2 ($\sigma^2m + \sigma^2p$)

σ^2D = variance de dominance = $4 \sigma^2mp$

σ^2G = variance génétique totale = $\sigma^2A + \sigma^2D$ (on fait l'hypothèse de nullité des effets d'épistasie)

La variance phénotypique totale dans la population de descendants est de :

$\sigma^2P = \sigma^2m + \sigma^2p + \sigma^2mp + \sigma^2r$

h^2 = héritabilité au sens strict = σ^2A / σ^2P

C'est le rapport entre la variance génétique additive et la variance phénotypique. Un caractère est d'autant plus propice à la sélection qu'il est héritable.

H^2 = héritabilité au sens large de la valeur familiale = σ^2G / σ^2P

Elle traduit la ressemblance parent/enfant mais ne renseigne pas sur le déterminisme de cette ressemblance.

Dire qu'un caractère dans une population est héritable à 70% ne veut pas dire que ce trait est déterminé à 70% par les gènes et à 30% par l'environnement.

Cela signifie que les différences observées entre les individus pour cette population et dans ce milieu sont associées aux différences génétiques qui existent entre les individus de cette population.

Principaux résultats de l'analyse de variance par caractère



	Ht	C	DB	LK	S/G	Ext
R ² modèle	0.24	0.17	0.37	0.43	0.33	0.44
Prob modèle	<.0001	0.0064	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001
Mère	<.0001	0.0048	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001
Père	0.0006	0.245	0.0003	<.0001	<.0001	<.0001
Mère x Père	0.167	0.197	0.0034	0.103	0.543	0.071

	σ^2Am	σ^2Ap	σ^2A	σ^2D	σ^2G	σ^2P	σ^2A/σ^2G	h^2	H^2
Ht	5.06	3.20	4.13	1.40	5.53	13.59	0.75	0.30	0.41
C	26.20	2.18	14.19	11.90	26.10	127.11	0.54	0.11	0.21
DB	0.0017	0.00030	0.00098	0.00064	0.00162	0.00195	0.61	0.51	0.83
LK	1.48	0.71	1.10	0.12	1.22	1.442	0.90	0.76	0.85
S/G	0.092	0.035	0.064	0.000	0.064	0.098	1.00	0.65	0.65
Ext	3.08	5.49	4.28	0.69	4.98	5.38	0.86	0.80	0.93

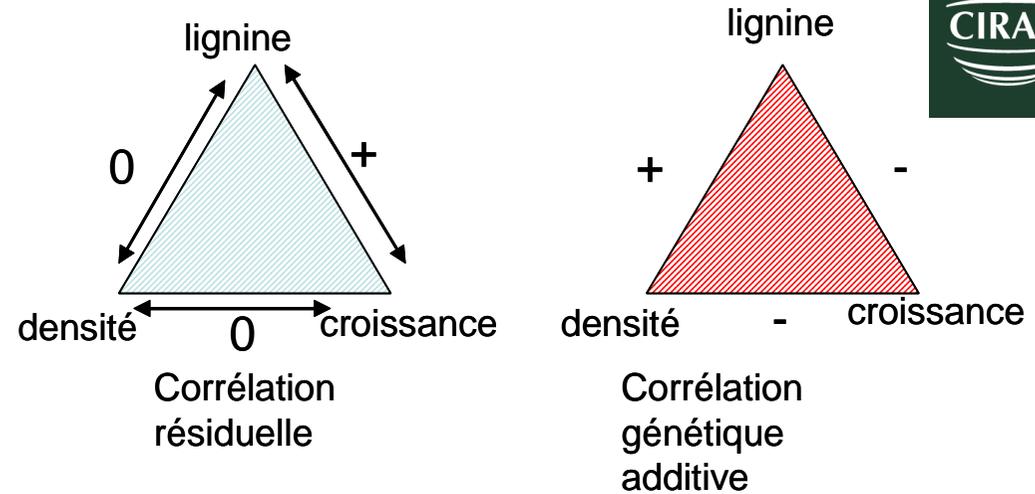
Variances (génétique additive mère σ^2Am , génétique additive père σ^2Ap , génétique additive totale σ^2A , dominance σ^2D , génétique totale σ^2G , phénotypique σ^2P) et héritabilités au sens strict, h^2 , et large de la valeur familiale H^2 .

ρ_P	Ht	C	DB	LK	S/G	Ext
Ht	1	0.76	-0.06	-0.09	0.04	-0.20
C		1	-0.09	0.11	-0.02	-0.08
DB			1	0.15	-0.25	0.26
LK				1	-0.22	0.42
S/G					1	-0.18
Ext						1

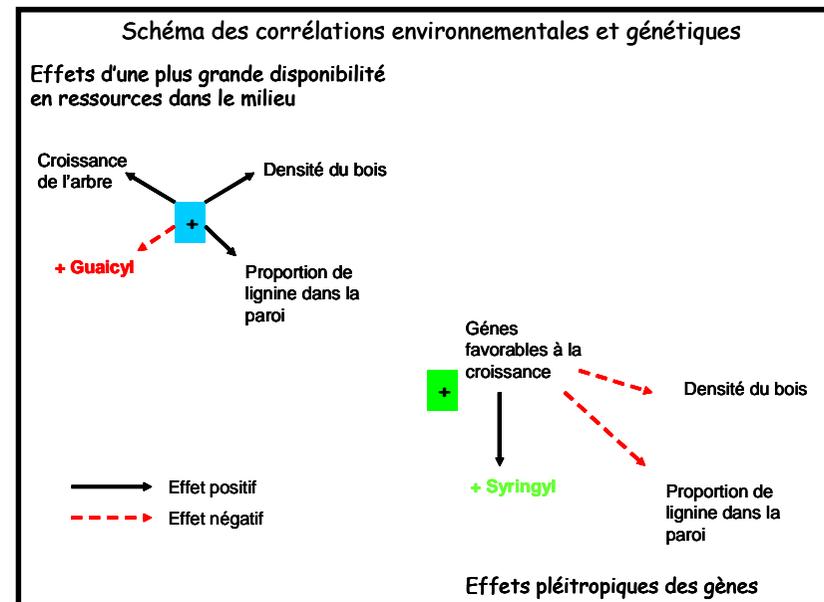
ρ_{GA}	Ht	C	DB	LK	S/G	Ext
Ht	1	0.64	-0.30	-0.55	0.27	-0.50
C		1	-0.66	-0.03	0.37	-0.37
DB			1	0.32	-0.60	0.70
LK				1	-0.15	0.61
S/G					1	-0.25
Ext						1

ρ_E	Ht	C	DB	LK	S/G	Ext
Ht	1	0.82	0.10	0.44	-0.17	0.14
C		1	0.11	0.27	-0.22	0.08
DB			1	0.12	0.22	-0.59
LK				1	-0.39	-0.25
S/G					1	-0.08
Ext						1

Corrélations phénotypiques, génétiques additives et environnementales entre les 6 variables. Les valeurs en grisé ne sont pas significativement différentes de zéro.



Corrélations génétiques et environnementales entre taux de lignine, croissance et densité basale



Analyse de variance – PCA sur données spectrales



	Variables		
	PC01	PC02	PC03
% variance expliquée	76	13	3
R ² modèle	0.49	0.21	0.47
Prob. Modèle	<0.0001	<0.0001	<0.0001
Mère	<0.0001	0.04	<0.0001
Père	<0.0001	<0.0001	<0.0001
Mère x Père	0.005	0.02	0.0006

	PC01	PC02	PC03
% expliqué	76%	13%	3%
% cumulé	76%	89%	92%
Variance additive/variance génétique	0.791	0.225	0.676
Variance génétique/Variance phénotypique	0.676	0.317	0.647
h ² _{Am} (héritabilité sens strict additive mère)	0.42	0	0.35
h ² _{Ap} (héritabilité sens strict additive père)	0.61	0.13	0.5
H ² (héritabilité sens large)	0.68	0.32	0.65

Variabilité allélique et variation des propriétés du bois

