



L'amélioration génétique de l'épinette noire au Québec : Bilan et perspectives

par Mireille Desponts et Gaétan Numainville

MÉMOIRE DE RECHERCHE FORESTIÈRE N° 169

DIRECTION DE LA RECHERCHE FORESTIÈRE

L'amélioration génétique de l'épinette noire au Québec : Bilan et perspectives

par Mireille Desponts, M. Sc., *Ph. D.* et Gaétan Numainville, techn. for.

MÉMOIRE DE RECHERCHE FORESTIÈRE N° 169

DIRECTION DE LA RECHERCHE FORESTIÈRE

Mandat de la DRF

La Direction de la recherche forestière a pour mandat de participer activement à l'orientation de la recherche et à l'amélioration de la pratique forestière au Québec, dans un contexte d'aménagement forestier durable, en réalisant des travaux de recherche scientifique appliquée. Elle acquiert de nouvelles connaissances, du savoir-faire et du matériel biologique et contribue à leur diffusion ou leur intégration au domaine de la pratique. Elle subventionne aussi des recherches en milieu universitaire, le plus souvent dans des créneaux complémentaires à ses propres travaux.

Les mémoires de recherche forestière de la DRF

Depuis 1970, chacun des Mémoires de recherche forestière de la DRF est révisé par au moins trois pairs indépendants. Cette publication est produite et diffusée à même les budgets de recherche et de développement, comme autant d'étapes essentielles à la réalisation d'un projet ou d'une expérience. Ce document à tirage limité est également disponible dans notre site Internet en format pdf.

Vous pouvez adresser vos demandes à :

Ministère des Ressources naturelles
Direction de la recherche forestière
2700, rue Einstein, Québec (Québec)
Canada, G1P 3W8
Courriel : recherche.forestiere@mrn.gouv.qc.ca
Internet : www.mrn.gouv.qc.ca/forets/connaissances/recherche

© Gouvernement du Québec
On peut citer ce texte en indiquant la référence.

Toutes les publications produites par la Direction de la recherche forestière, du ministère des Ressources naturelles, sont protégées par les dispositions de la Loi sur le droit d'auteur, les lois, les politiques et les règlements du Canada, ainsi que par des accords internationaux. Il est interdit de reproduire, même partiellement, ces publications sans l'obtention préalable d'une permission écrite.

ISSN : 1183-3912
ISBN : 978-2-550-66801-5
ISBN (PDF) : 978-2-550-66802-2
F.D.C. 165
L.C. SD 399.5

Notes biographiques



Mireille Despots est biologiste, diplômée de l'Université de Montréal en 1982. Après une maîtrise sur la génétique des populations d'épinette noire, elle obtient en 1990 un doctorat en biologie végétale à l'Université Laval. Elle a ensuite réalisé une étude sur l'impact du programme d'amélioration sur la diversité génétique chez l'épinette blanche dans le cadre d'un stage postdoctoral à Forêts Canada, puis travaillé dans un programme d'études sur la biodiversité des forêts anciennes en sapinière boréale, à titre de professionnelle de recherche à l'Université Laval. Depuis 2001, elle est chercheuse à la Direction de la recherche forestière. Ses travaux portent sur l'amélioration génétique de l'épinette noire et du pin gris, ainsi que sur l'étude génétique des propriétés du bois.



Gaétan Numainville est technicien en foresterie, diplômé du Cégep de Sainte-Foy en 1975. Depuis 1977, il travaille au Service de la génétique, de la reproduction et de l'écologie à la Direction de la recherche forestière, à titre de technicien spécialiste. De 1977 à 1984, il a participé à l'installation de dispositifs expérimentaux dans les 19 arboretums de la province. Depuis 1984, il s'occupe des tests de descendance d'épinette noire de première et de deuxième génération. Il contribue activement à l'implantation des programmes informatiques de collecte des données dans les dispositifs expérimentaux.

Remerciements

Nous remercions l'ensemble du personnel du ministère des Ressources naturelles qui a été impliqué dans l'une ou l'autre étape du programme au cours des 40 dernières années, notamment les artisans de la première heure du Service de la recherche, en particulier MM. Gilles Vallée, Ante Stipanovic, et bien sûr, Michel Villeneuve, l'architecte du projet actuel. Nous sommes très reconnaissants envers Mmes Josianne DeBlois et Lise Charette pour leur apport en statistique et en programmation, ainsi que M. Guy Prigent qui a développé les logiciels de calcul d'indice de qualité de station et de prédiction du rendement des plantations d'épinette noire. Au fil du temps, ce programme a mobilisé un grand nombre de personnes du Ministère. Nous tenons à souligner que ces travaux n'auraient pu être réalisés sans l'étroite complicité du personnel de la Direction générale des pépinières et des stations piscicoles (DGPSP, anciennement la Direction de la production des semences et des plants ou DPSP), aussi bien à Québec que dans l'ensemble des

pépinières forestières. Il en va de même pour tous ceux qui ont participé aux travaux à la station forestière de Duchesnay. Nous avons aussi bénéficié de la précieuse collaboration de la plupart des unités de gestion de la province pour la mise en place, le suivi et l'entretien des nombreux dispositifs, situés parfois dans les secteurs les plus improbables du territoire. Nous remercions les deux réviseurs externes pour leurs commentaires des plus constructifs, ainsi que M. Rock Ouimet qui a agi comme éditeur associé, de même que M. Martin Perron pour ses commentaires sur une version précédente du document. Nous remercions également Mme Denise Tousignant pour la révision et l'édition, ainsi que Mmes Brigitte Boudreault, Maripierre Jalbert et Sylvie Bourassa, pour le graphisme et la mise en page du document. Finalement, le programme d'amélioration génétique de l'épinette noire n'existerait pas sans l'appui financier constant du ministère des Ressources naturelles (projet numéro 1120548-112310074).

Résumé

Ce mémoire de recherche présente les faits saillants du programme québécois d'amélioration génétique de l'épinette noire (*Picea mariana* [Mill.] B.S.P.), depuis ses prémices, il y a plus de 40 ans, jusqu'à l'achèvement de la première génération d'amélioration et le démarrage d'une seconde génération d'amélioration. Le document décrit brièvement le contexte historique du programme ainsi que les principales étapes préliminaires, puis présente les méthodologies employées ainsi que les résultats obtenus pour la première génération. Les perspectives d'avenir, considérant une deuxième génération en voie de réalisation, sont aussi exposées.

À l'origine, l'objectif du programme était de produire rapidement et en grande quantité des plants de qualité pour le reboisement. Dès le début des années 1980, on entreprenait les travaux pour établir un vaste réseau de tests de descendance et de vergers à graines en vue de produire des arbres génétiquement améliorés pour l'ensemble du territoire forestier du Québec. Au total, entre 1982 et 1993, 42 tests de descendance et 25 vergers à graines ont été établis dans 5 zones d'amélioration. Les vergers à graines ont été éclaircis à la lumière des résultats d'analyses statistiques basées sur la hauteur totale des arbres dans les tests de descendance à 10 ans. Pour ce caractère estimé à 10 ans, l'héritabilité familiale au sens strict s'élève en moyenne à 0,55, et l'héritabilité individuelle au sens strict, à 0,26. Des gains génétiques de l'ordre de 2 à 9 % en croissance en hauteur et de 2 à 12 % en volume sont prédits pour les sélections familiales, après l'éclaircie génétique des vergers à graines.

Dans une deuxième étape, entre 1996 et 2003, des sélections individuelles ont été réalisées dans l'ensemble des tests de descendance. Des tests de clones et un verger de clones comportant de 60 à 181 arbres sélectionnés reproduits par bouturage ont été établis dans chacune des zones d'amélioration. Les gains prédits pour ces vergers de clones non éclaircis sont de 14 à 20 % en hauteur et de 13 à 19 % en volume à 35 ans, selon la zone d'amélioration. Depuis les années 2000-2010, la grande majorité des épinettes noires mises en terre proviennent des vergers éclaircis de semis. Graduellement, au cours des prochaines années, les vergers de clones fourniront l'essentiel des plants d'épinette noire pour le reboisement au sud du 50^e parallèle.

Finalement, parmi les 540 000 arbres testés pour la première génération, 1 200 arbres ont été sélectionnés pour produire la deuxième génération d'amélioration. Pour préserver la diversité génétique des populations d'amélioration, ces sélections de grande intensité (seuls environ 0,2 % des arbres testés ont été retenus) ont tenu compte à la fois de la provenance des arbres-plus d'origine et du nombre de familles et de génotypes inclus dans les croisements à venir. Depuis 2006, des boutures de ces individus font l'objet de croisements dirigés en vue de créer de nouvelles populations de production encore plus performantes.

Mots clés : Amélioration génétique, sélection, rendement, épinette noire, plantation, gain génétique.

Abstract

*This report presents the highlights of Québec's genetic improvement program for black spruce (*Picea mariana* [Mill.] B.S.P.), from its beginnings, forty years ago, to the completion of a first generation and the start of a second generation of improvement. It briefly describes the program's historical context and main preliminary steps, and then presents the methodology and results for the first generation. Future prospects for the ongoing second generation are also outlined.*

The first aim of the program was to rapidly mass-produce high-quality trees for plantation. Work began in the early 1980s to establish a vast network of progeny tests and seed orchards, in order to produce genetically improved trees for all of Québec's forested territory. Between 1982 and 1993, a total of 42 progeny trials and 25 seed orchards were established in 5 improvement zones. The seed orchards were rogued after statistical analyses of total height data obtained from 10-year-old progeny trials. For this trait estimated at 10 years, mean narrow-sense family heritability was 0,55 and narrow-sense individual heritability was 0,26. Predicted genetic gains range from 2% to 9% for height growth of selected families in the rogued seed orchards, and from 2% to 12% for volume.

The second phase, between 1996 and 2003, involved individual tree selections within the entire network of progeny trials. For each improvement zone, clonal trials and a clonal seed orchard were established using 60 to 181 selected trees reproduced by cuttings. Predicted gains range from 14% to 20% for height growth in these unrogued clonal seed orchards, and from 13% to 19% for volume at 35 years, depending on the improvement zone. Since 2000-2010, the vast majority of planted black spruce comes from the rogued seed orchards. Gradually, over the next years, most of black spruce trees planted south of the 50th parallel in Québec will originate from the clonal seed orchards.

Finally, among the 540 000 tested in the first generation, 1200 trees (or 0,2% of those tested) were selected for the second generation of improvement. To preserve genetic diversity of the improvement populations, these high-intensity selections took into account the provenance of the plus-trees, as well as the number of families and genotypes to be included in future crosses. Since 2006, controlled crosses are made among cuttings of these selected trees, in order to produce new high performance production populations.

Keywords : Tree improvement, black spruce, selection, yield, plantation, genetic gains.

Table des matières

Résumé	v
Abstract	vi
Liste des tableaux	ix
Liste des figures	xi
Introduction	1
Chapitre premier – Matériel et méthodes	3
1.1 Étapes préliminaires	3
1.1.1 Établissement des tests de provenances	3
1.1.2 Délimitation des zones d'amélioration	3
1.2 Première génération d'amélioration	3
1.2.1 Stratégie d'amélioration	3
1.2.2 Sélection d'arbres-plus	4
1.2.3 Établissement des tests de descendance	4
1.2.4 Établissement des tests de clones	8
1.2.5 Prise de données et critères de sélection	8
1.3 Analyses statistiques	9
1.3.1 Analyse de variance	9
1.3.2 Sélections	9
1.3.3 Calcul du gain génétique	10
1.4 Mise en place de la seconde génération d'amélioration	11
Chapitre deux – Résultats de la première génération	13
2.1 Vergers associés aux tests de descendance de première génération	13
2.2 Vergers de clones	16
2.3 Diversité génétique	16
Chapitre trois – Discussion	23
Conclusion	25
Références bibliographiques	27

Liste des tableaux

Tableau 1.	Description des tests de descendance d'épinette noire utilisés pour l'éclaircie des vergers à graines de semis de première génération et la sélection des populations subséquentes d'amélioration.....	6
Tableau 2.	Description des tests de clones associés aux vergers de clones de première génération.....	8
Tableau 3.	Performance à 10 ans des arbres des tests de descendance de première génération	14
Tableau 4.	Gains génétiques prédits à la suite de l'éclaircie des vergers à graines de semis de première génération.....	15
Tableau 5.	Gains génétiques prédits pour la sélection individuelle pour les vergers de clones de première génération	17

Liste des figures

Figure 1.	Schéma de la stratégie d'amélioration génétique de l'épinette noire	5
Figure 2.	Carte des tests de descendance et vergers de semis de la première génération du programme d'amélioration génétique de l'épinette noire	7
Figure 3.	Carte des tests et vergers de clones de la première génération du programme d'amélioration génétique de l'épinette noire	7
Figure 4.	Indice de qualité de station (IQS_{25}) des tests de descendance en fonction du coefficient de variation (%) de la hauteur individuelle des arbres à 10 ans	13
Figure 5.	Carte et répartition proportionnelle de tous les arbres-plus sélectionnés pour la zone d'amélioration A dans le cadre du programme d'amélioration génétique de l'épinette noire, des arbres-plus parents des familles sélectionnées pour l'éclaircie des vergers à graines de semis et des arbres-plus parents des arbres sélectionnés pour les vergers de clones, selon les sous-régions écologiques	18
Figure 6.	Carte et répartition proportionnelle de tous les arbres-plus sélectionnés pour la zone d'amélioration B dans le cadre du programme d'amélioration génétique de l'épinette noire, des arbres-plus parents des familles sélectionnées pour l'éclaircie des vergers à graines de semis et des arbres-plus parents des arbres sélectionnés pour les vergers de clones, selon les sous-régions écologiques	19
Figure 7.	Carte et répartition proportionnelle de tous les arbres-plus sélectionnés pour la zone d'amélioration C dans le cadre du programme d'amélioration génétique de l'épinette noire, des arbres-plus parents des familles sélectionnées pour l'éclaircie des vergers à graines de semis et des arbres-plus parents des arbres sélectionnés pour les vergers de clones, selon les sous-régions écologiques	20
Figure 8.	Carte et répartition proportionnelle de tous les arbres-plus sélectionnés pour la zone d'amélioration D dans le cadre du programme d'amélioration génétique de l'épinette noire, des arbres-plus parents des familles sélectionnées pour l'éclaircie des vergers à graines de semis et des arbres-plus parents des arbres sélectionnés pour les vergers de clones, selon les sous-régions écologiques	21
Figure 9.	Carte et répartition proportionnelle de tous les arbres-plus sélectionnés pour la zone d'amélioration N dans le cadre du programme d'amélioration génétique de l'épinette noire, des arbres-plus parents des familles sélectionnées pour l'éclaircie des vergers à graines de semis et des arbres-plus parents des arbres sélectionnés pour les vergers de clones, selon les sous-régions écologiques	22

Introduction

Au Québec, l'épinette noire (*Picea mariana* [Mill.] B.S.P.) se retrouve dans tous les domaines bioclimatiques du territoire forestier et, bien au-delà, jusqu'à la limite septentrionale des arbres. Son abondance dans la forêt boréale, ainsi que la qualité de son bois (fibres longues et densité élevée), en ont fait une espèce prisée par les industries forestières. De plus, elle est peu attaquée par les insectes et les maladies. C'est l'essence la plus plantée depuis plusieurs décennies dans le cadre du programme provincial de reboisement.

En 1969, le Service de la recherche du ministère des Terres et Forêts du Québec proposait un programme d'amélioration génétique incluant des espèces indigènes et exotiques. Celui-ci prévoyait l'établissement de tests de provenances et de descendance, ainsi que l'aménagement de peuplements semenciers (VALLÉE 1969, 1975). Ces investissements se justifiaient par une demande accrue en plants de reboisement et la volonté de produire des arbres de meilleure qualité, tout en augmentant la rentabilité des plantations. Compte tenu de son importance économique, l'épinette noire a tôt fait l'objet de travaux visant à produire des semences de qualité à partir de peuplements semenciers.

Avant de travailler sur l'amélioration génétique à proprement dite, il est nécessaire de bien connaître la génétique de l'espèce visée. En 1974 et 1975, à l'initiative des chercheurs du Service canadien des forêts, six tests pandomaniaux de provenances¹ ont été établis dans autant de régions où l'épinette noire est plantée au Québec (BEAULIEU *et al.* 1989). Ces tests visaient plus particulièrement à caractériser des patrons de variation de la croissance en fonction des conditions bioclimatiques, et à délimiter des zones d'amélioration génétique. Dix ans plus tard, en 1984, le Service de l'amélioration des arbres du gouvernement provincial du Québec établissait un réseau de 16 tests de provenances (des lots de semences provenant de différentes régions forestières du Québec) dans les arboretums de la province. Ces tests avaient aussi pour but d'étudier les caractéristiques génécologiques de l'épinette noire, et d'obtenir des informations quantitatives sur la variabilité de diverses caractéristiques de l'espèce en fonction de variables pédoclimatiques.

Les bases du programme d'amélioration génétique à proprement dit ont succédé à ces étapes préliminaires. Au début des années 1980, des milliers d'arbres-plus ont été sélectionnés en forêt naturelle. Avec les semences de ces arbres, un réseau de tests de descendance et de vergers à graines a ensuite été implanté entre 1985 et 1993. Au total, 42 tests de descendance et 25 vergers à graines ont été plantés (VILLENEUVE 1988, 1999). L'établissement de ces dispositifs, dans toutes les régions forestières du Québec, représentait un investissement important, mais jugé nécessaire pour satisfaire rapidement la demande en semences génétiquement améliorées, dans le contexte d'un besoin grandissant en plants de reboisement associé à l'expansion des coupes à blanc vers le nord (VALLÉE 1969). Les tests de descendance représentaient l'étape essentielle pour évaluer la qualité génétique des arbres-plus et prédire le gain génétique associé aux sélections (LAMONTAGNE 1992, BEAUDOIN *et al.* 1993).

Dans cette première phase, les meilleures familles ont été identifiées dans les tests âgés de 10 ans, ce qui a permis d'éclaircir les vergers à graines et de produire une première génération d'arbres génétiquement améliorés. Par la suite, à partir de 1996, des sélections individuelles d'une grande intensité (0,1 à 0,2 % des populations) ont été réalisées dans ces mêmes tests de descendance. Avec les boutures prélevées sur ces arbres sélectionnés, 5 vergers de clones et 10 tests de clones ont été établis pour desservir l'ensemble du territoire forestier québécois. Ce nouveau réseau de vergers à graines issu de clones, auquel est associé une augmentation importante du gain génétique espéré, a été complété en 2006. Depuis les années 2000-2010, la grande majorité des épinettes noires mises en terre au sud du 50^e parallèle proviennent des vergers de semis éclaircis. Graduellement, d'ici quelques années, ce seront les vergers de clones qui fourniront l'essentiel des plants d'épinette noire pour le reboisement.

Depuis 2007, des boutures de ces arbres sélectionnés sont aussi utilisées pour réaliser des croisements dirigés, et leurs descendants constitueront la seconde génération d'épinettes noires génétiquement améliorées. Il s'agit d'un processus qui se déroulera sur de nombreuses années afin de

¹ Dispositifs expérimentaux comportant des provenances de l'ensemble de l'aire de répartition naturelle de l'espèce.

constituer de nouvelles populations de production encore plus performantes.

Nous en sommes donc à établir un bilan des travaux réalisés pour la première génération d'amélioration de l'épinette noire. Dans le présent mémoire, nous présentons les stratégies retenues pour mettre en place les dispositifs de la première génération d'amélioration pour l'épinette noire. Les

méthodologies employées ainsi que les résultats obtenus par les sélections familiales et individuelles sont présentés. La stratégie envisagée pour la réalisation d'une deuxième génération d'amélioration est exposée. Finalement, nous expliquons comment la diversité génétique est prise en compte lors des sélections, et discutons des perspectives d'avenir pour l'avancement du programme et la production de plants de reboisement de qualité améliorée.

Chapitre premier

Matériel et méthodes

1.1 Étapes préliminaires

1.1.1 Établissement des tests de provenances

Les tests de provenances sont composés de semis provenant de plusieurs arbres d'un peuplement d'une région donnée. Les tests du Service canadien des forêts comportaient une centaine de provenances majoritairement du Québec, de l'Ontario et des Maritimes, mais aussi de toute l'aire de répartition de l'espèce. Au total, 6 tests de provenances ont été implantés au Québec, pour couvrir le spectre des principales conditions bioclimatiques du territoire forestier (BEAULIEU *et al.* 1989). Les plantations étaient composées de 6 blocs aléatoires complets avec des parcelles carrées de 16 arbres. Ces tests visaient plus particulièrement à caractériser des patrons de variation géographique de la croissance et à délimiter des zones d'amélioration génétique et semencières, ainsi qu'à identifier les provenances les mieux adaptées pour chacune d'elles.

Par ailleurs, au début des années 2000, les mesures prises dans ces tests de provenances, ainsi que dans trois tests rétrospectifs de descendance issues de ces mêmes provenances, ont permis d'élaborer des modèles mathématiques expliquant les variations de caractères d'adaptation répartis le long d'un gradient latitudinal. Il est reconnu que le déplacement de provenances vers le nord permet des gains en croissance (BOYLE 1986a, FOWLER et PARK 1982), mais qu'il risque aussi d'entraîner une baisse de rendement ou du taux de survie au stade de semis ou juvénile, attribuable principalement au gel en automne (MORGENSTERN et MULLIN 1990). L'analyse de mesures phénologiques et de caractères de croissance au stade juvénile, reliée à celle des tests de provenances au stade mature, a permis de développer un nouvel outil d'aide à la décision pour les déplacements de semences d'épinette noire (BEAULIEU *et al.* 2004). Cet outil permet dorénavant d'estimer le risque relié à ces déplacements; il a été mis à jour pour tenir aussi compte des changements climatiques (BEAULIEU 2009).

Les 16 tests de provenances établis en 1984 étaient identiques, tous composés d'une vingtaine de provenances du Québec. Les dispositifs comportaient 6 blocs aléatoires complets avec des

parcelles linéaires de 25 arbres. Ces tests ont aussi permis d'identifier des provenances ayant démontré leur rusticité et une bonne croissance pour une région particulière ou pour l'ensemble du territoire. Les résultats ont notamment permis de préciser les règles de déplacement des semences.

1.1.2 Délimitation des zones d'amélioration

À la lumière des informations obtenues à partir des tests de provenances du Service canadien des forêts au Québec, BEAULIEU *et al.* (1989) ont recommandé de créer cinq zones d'amélioration génétique relativement uniformes quant à leurs conditions climatiques. La délimitation finale de ces zones a ensuite été harmonisée avec les contours des domaines bioclimatiques de THIBEAULT et HOTTE (1985). Une population d'amélioration distincte devait être développée pour chacune des zones. Puisque ces dernières couvrent parfois de très vastes superficies, l'objectif d'uniformité des conditions pédoclimatiques aurait pu dicter de les subdiviser. En effet, les conditions de sols, de précipitations et d'aridité, notamment, diffèrent entre les secteurs est et ouest de chaque zone. Il a cependant été décidé de ne considérer que les principaux facteurs d'adaptation macro-environnementaux, en raison de la difficulté et de la charge de travail associées à la gestion d'un trop grand nombre de dispositifs. De plus, les risques liés à une mauvaise adaptation paraissaient acceptables. Les tests de provenances du Québec et d'autres dispositifs semblables implantés en Ontario et dans les Maritimes (MORGENSTERN 1978, MORGENSTERN et MULLIN 1990) ont mis en évidence que l'épinette noire, particulièrement en milieu boréal continental, démontrait surtout des variations de nature clinale qui suivent les gradients de température et de photopériode. À l'échelle régionale, les patrons de variation avec différents facteurs environnementaux sont apparus beaucoup moins clairs. (PARKER *et al.* 1994, PARKER et VAN NIEJENHUIS 1996).

1.2 Première génération d'amélioration

1.2.1 Stratégie d'amélioration

Une stratégie d'amélioration génétique pour une espèce d'aussi vaste amplitude écologique que l'épinette noire résulte d'un compromis entre la

volonté de produire des variétés bien adaptées aux différentes conditions pédoclimatiques du territoire, les ressources et le temps mis à la disposition des améliorateurs, et la nécessité de produire en grande quantité des semis de qualité pour toutes les régions où l'espèce est plantée.

La stratégie retenue est présentée à la figure 1. Elle visait d'abord à constituer cinq populations d'amélioration distinctes correspondant chacune à une zone d'amélioration. Pour cette première phase, les vergers à graines et leurs tests de descendance respectifs ont été conçus pour répondre aux besoins d'une région ou d'une unité administrative en particulier. Chaque verger et ses tests comportaient environ 350 familles, essentiellement d'origine régionale. Le bassin génique total de 5740 arbres-plus (Figure 1a) a été subdivisé en groupes comportant de 700 à 2200 familles descendant de ces arbres-plus, selon leur zone d'amélioration d'origine. Entre 60 000 et 120 000 arbres ont été testés par zone. On compte de 4 à 6 vergers de semis de première génération par zone d'amélioration, pour un total de 42 tests de descendance (Figure 1b) et 25 vergers à graines (Figure 1e, Tableau 1 et Figure 2). La sélection familiale (Figure 1c) a été réalisée avec les mesures des tests de descendance âgés de 10 ans, et les vergers ont été éclaircis (Figure 1d) avec une intensité variant selon les besoins prévus en plants de reboisement pour chaque région.

Dans une deuxième phase, une sélection individuelle a été réalisée dans les tests de descendance (Figure 1f). Au total, 1200 arbres supérieurs ont été sélectionnés dans les zones A, B, C et D pour la poursuite du programme d'amélioration génétique, à raison de 300 arbres par zone. Ces arbres ont été reproduits par bouturage (Figure 1g) et implantés en parc d'hybridation au Centre d'expérimentation et de greffage de Duchesnay (Figure 1h). D'autres boutures de ces mêmes arbres ont aussi été rassemblées pour constituer deux tests de clones¹ (Figure 1i, Tableau 2 et Figure 3) ainsi qu'un verger de clones (Figure 1k) pour chaque zone d'amélioration. Ces vergers comportent entre 100 et 180 clones provenant de 4 à 11 tests de descendance selon la zone. Des prescriptions pour l'éclaircie génotypique (Figure 1j) des vergers ou des récoltes dirigées seront précisées à mesure que les tests de clones atteindront l'âge de 10 ans.

1.2.2 Sélection d'arbres-plus

La sélection des arbres-plus (Figure 1a) s'est effectuée sur une base régionale, en vue de desservir le territoire couvert par chaque futur verger à graines, habituellement à l'échelle d'une région administrative. La sélection consistait à parcourir de façon systématique des peuplements naturels uniformes et de belle venue, et d'y choisir des individus démontrant les meilleurs phénotypes selon des critères prédéterminés (LAMONTAGNE 1978), principalement la croissance et la forme des arbres (rectitude du tronc et branchaison), des caractères en partie héréditaires. Les arbres-plus ont été sélectionnés dans plusieurs peuplements; lorsque plusieurs individus étaient choisis dans un même site, ils devaient être distants d'au moins 100 m. Le nombre d'arbres-plus retenus dans un peuplement pouvait varier de un à plus d'une centaine.

1.2.3 Établissement des tests de descendance

Les semences d'arbres-plus ont servi à établir à la fois des tests de descendance (Figure 1b) et les populations d'arbres semenciers dans chacun des vergers à graines régionaux (Figure 1e). Les tests ont été établis entre 1984 et 1993. Leur structure permet d'évaluer statistiquement la valeur génétique des arbres-mères en identifiant et en contrôlant les effets environnementaux sur le phénotype (ZOBEL et TALBERT 1991), et d'estimer des paramètres génétiques tels que l'hérédité des caractères mesurés et les gains génétiques associés aux sélections. Chaque test de descendance comporte environ 350 descendance ou familles uniparentales². Au moins deux tests de descendance ont été établis pour chacun des vergers (Tableau 1 et Figure 2), ce qui représente un grand avantage pour les analyses. En effet, on peut ainsi estimer l'interaction entre l'environnement et le génotype et obtenir des estimations non biaisées des paramètres génétiques.

Les dispositifs expérimentaux des tests de descendance (Figure 1b) sont composés habituellement de 8 à 12 blocs aléatoires complets comportant des parcelles linéaires de 4 arbres espacés de 2 m. Un total de 32 à 48 arbres par test est considéré suffisant pour l'obtention de résultats précis. Ce nombre permet de former des petits blocs suffisamment uniformes pour respecter les exigences de l'analyse de variance (WRIGHT 1976).

¹ Un clone est constitué de tous les individus (ramets) issus par reproduction végétative d'un même parent (ortet) et donc, génétiquement identiques.

² Une famille est constituée de l'ensemble des descendants d'un arbre-plus; elle est dite uniparentale lorsque les descendants n'ont qu'un seul parent en commun.

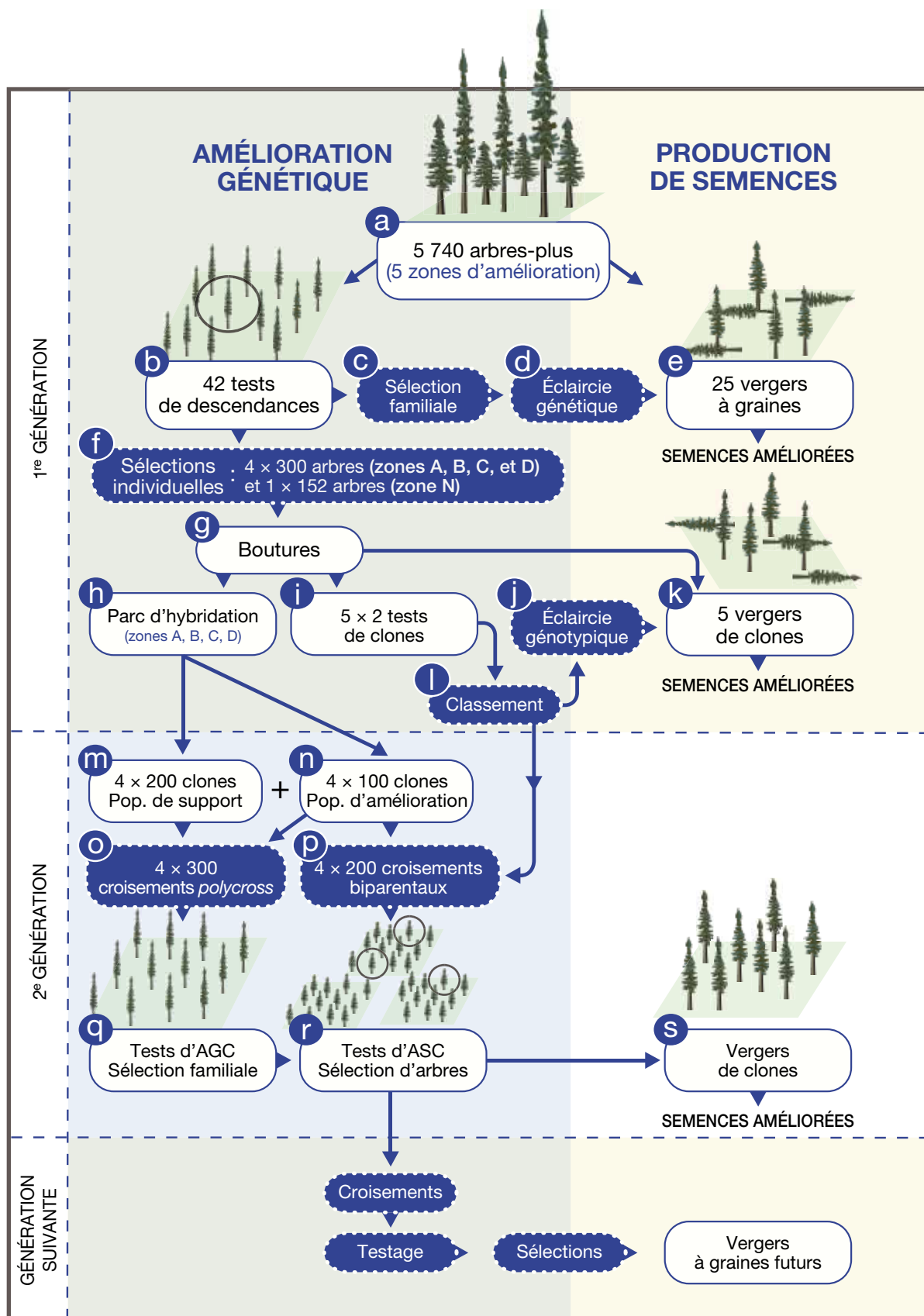


Figure 1. Schéma de la stratégie d'amélioration génétique de l'épinette noire.

Tableau 1. Description des tests de descendance d'épinette noire utilisés pour l'éclaircie des vergers à graines de semis de première génération et la sélection des populations subséquentes d'amélioration.

Zone et nom du test	Code	N°	Année d'établissement	Latitude	Longitude	Nombre de descendances	Nombre de blocs	Nombre total d'arbres	Vergers à graines correspondant
Zone A									
Bellecombe	BEL	752	1985	48° 01' 13"	78° 56' 24"	399	11	17560	Gaboury 04
Bickerdike	BIC	810	1987	47° 42' 42"	72° 26' 54"	205	12	9500	Chasseur
Lortie	LOR	811	1987	47° 43' 06"	74° 15' 47"	221	12	10192	
Créquy	CRE	822	1988	46° 58' 45"	73° 46' 10"	336	8	10752	Laviolette
Laviolette	LVI	823	1988	46° 52' 47"	73° 55' 07"	336	8	10752	
Lac Genest	LGE	824	1988	47° 17' 25"	75° 54' 15"	350	6	8400	Mitchell-Lépine
Lac Burne	LBU	825	1988	47° 30' 17"	75° 39' 35"	350	10	14000	
Désandrouins	DES	826	1988	47° 58' 41"	79° 09' 16"	359	8	11416	Laubanie
Landanet	LAN	827	1988	47° 46' 29"	78° 19' 53"	358	8	11456	
Oléron	OLE	891	1989	46° 40' 00"	77° 10' 45"	353	8	11296	Mitchell-Baskatong
Mitchell	MIT	892	1989	46° 54' 08"	76° 07' 00"	353	5	7024	
Zone B									
Brunet	BRU	768	1986	46° 40' 08"	74° 57' 38"	360	12	17280	Léman
Ditton	DIT	820	1988	45° 22' 15"	71° 16' 25"	274	8	8764	Cleveland*
Wotton	WOT	821	1988	45° 41'	71° 45'	271	10	10828	
Hackett	HAC	889	1989	47° 05' 45"	72° 38' 28"	350	8	11200	Radnor
Kaine	KAI	890	1989	46° 44' 33"	73° 32' 17"	350	8	11776	
Lafontaine	LAF	98	1993	47° 11' 12"	69° 49' 45"	300	8	10076	Watford
Linière	LIN	99	1993	46° 01' 30"	70° 24' 00"	300	8	9912	
Lotbinière	LOT	100	1993	46° 29' 24"	71° 55' 24"	300	8	9768	
Zone C									
Ducreux	DCR	770	1986	48° 03' 04"	70° 19' 13"	454	12	21588	DeSales
Lacoste	LAC	769	1986	47° 45' 28"	70° 30' 37"	465	12	22588	
Rivière Chicoutimi	RCH	808	1987	48° 05' 52"	71° 29' 38"	324	12	15544	Riv. Chicoutimi
Plessis	PLE	809	1987	48° 17' 56"	71° 28' 23"	324	12	15480	
Rivière Valant	RVA	806	1987	49° 51' 40"	68° 47' 58"	374	12	17952	Labrosse
Lac Kergus	LKE	807	1987	48° 36' 46"	69° 43' 29"	374	12	17748	
Milot	MIL	818	1988	49° 00' 53"	71° 41' 50"	331	8	10572	Garnier
Garnier	GRN	819	1988	48° 43' 59"	71° 38' 02"	331	4	5280	
Zone D									
Champou	CHP	776	1986	49° 01' 54"	65° 13' 04"	445	12	20260	Champou et Robidoux, Boutet
Larocque	LRO	775	1986	48° 51' 06"	64° 52' 23"	456	12	21764	
Garin	GAR	774	1986	48° 12' 18"	65° 23' 59"	458	12	21584	
Boutet	BOU	817	1988	48° 42' 22"	66° 46' 29"	343	12	16316	Boutet
Estcourt	EST	771	1986	47° 31' 38"	69° 08' 03"	281	12	13272	Estcourt et Lepage-Thivierge
Lac Bellefontaine	LBE	773	1986	48° 01' 46"	68° 05' 02"	263	12	12432	
Neigette	NEI	772	1986	48° 25' 23"	68° 16' 48"	275	12	12852	
Zone N									
Céloron	CEL	753	1985	49° 07' 02"	78° 25' 46"	339	15	20320	Gaboury 01
Rivière Mistassibi	RMI	751	1985	49° 22' 30"	71° 57' 26"	429	10	17160	Dolbeau
Scott	SCO	736	1985	49° 45' 50"	74° 34' 00"	356	10	14216	Lévy
Lac Travers	LTR	8	1991	49° 56' 56"	68° 44' 10"	350	8	11800	Ragueneau
Lac Micoua	LMC	9	1991	49° 46' 12"	68° 49' 00"	350	8	11800	
Rivière Pentecôte	RPE	10	1991	49° 59' 40"	67° 23' 27"	350	8	11800	
Lac aux Epaules	LEP	981	1982	48° 36'	73° 42'	450	13	23400	Harrington*
Lac Minou	LMI	980	1984	48° 42'	73° 54'	454	4	7264	

* Annulé

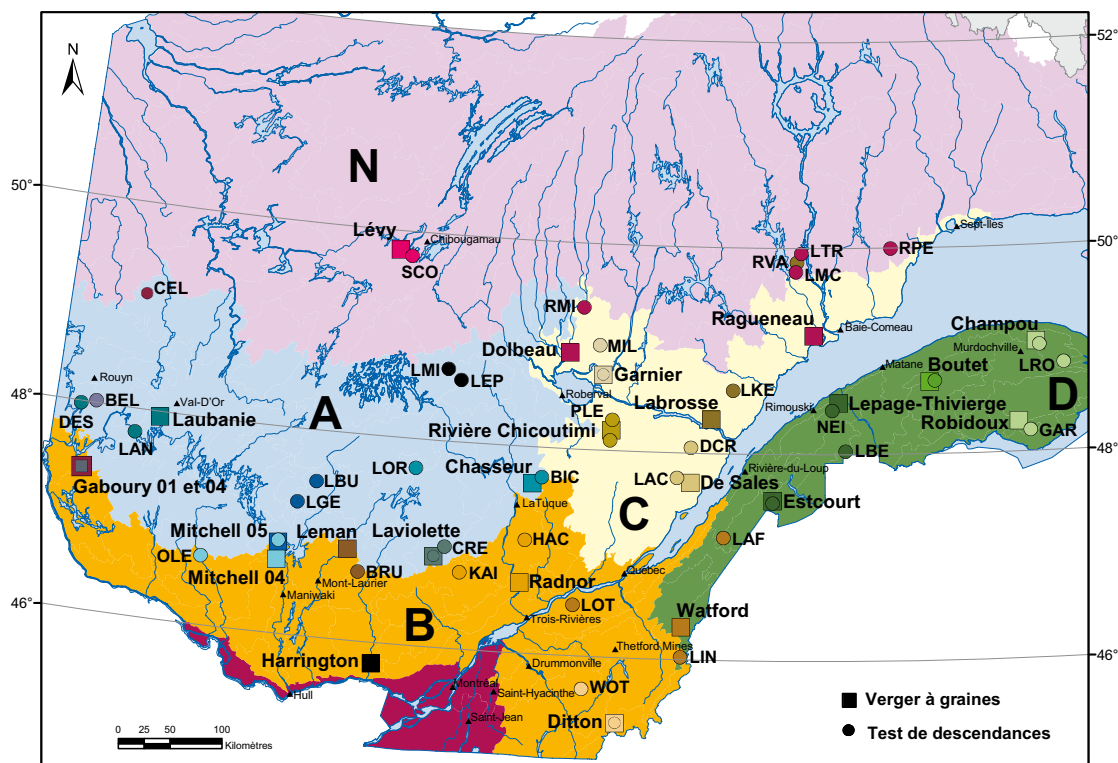


Figure 2. Carte des tests de descendance et vergers de semis de la première génération du programme d'amélioration génétique de l'épinette noire. Le verger et les tests de descendance lui correspondant sont identifiés par des carrés et cercles de même couleur. Les zones d'amélioration sont représentées par des lettres majuscules et des couleurs.

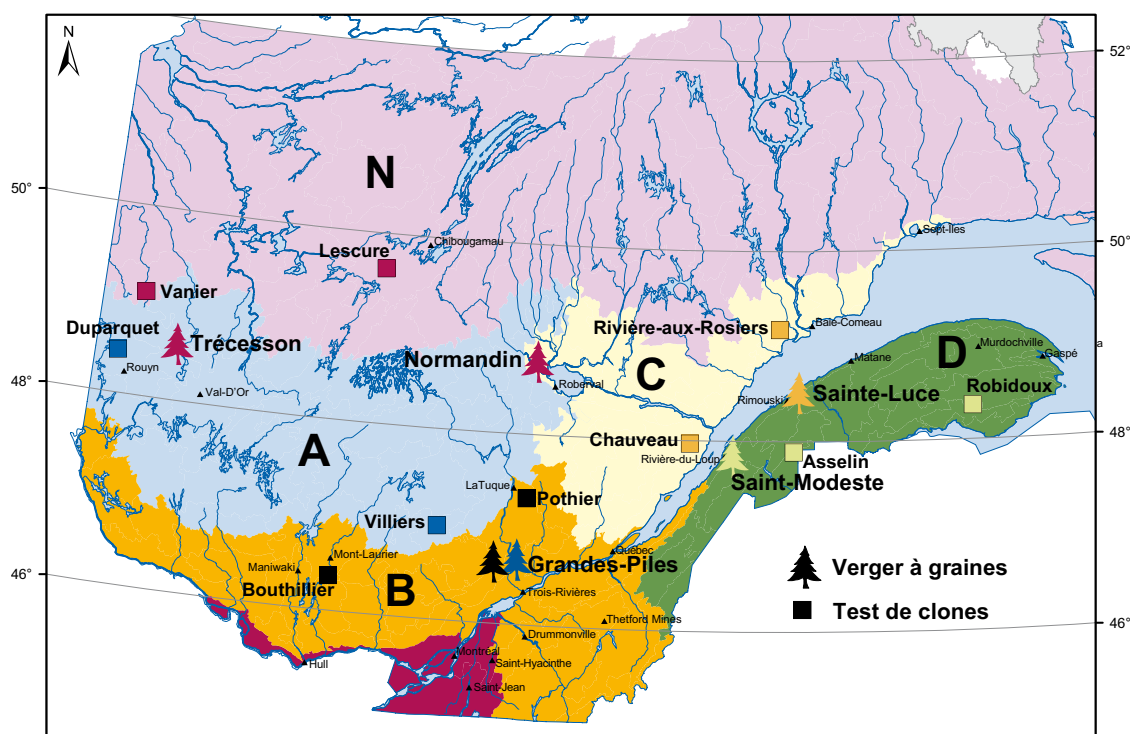


Figure 3. Carte des tests et vergers de clones de la première génération du programme d'amélioration génétique de l'épinette noire. Le verger et les deux tests de clones lui correspondant sont identifiés par des carrés et cercles de même couleur. Les zones d'amélioration sont représentées par des lettres majuscules et des couleurs.

Tableau 2. Description des tests de clones associés aux vergers de clones de première génération.

Zone et nom du test	Code	N°	Année d'établissement	Latitude	Longitude	Nbre de clones	Nbre de blocs	Nbre total d'arbres	Verger correspondant
Zone A (est)									
Duparquet	DUP	469	2003	48° 27' 19"	79° 09' 46"	116	10	2246	Grandes-Piles
Villiers	VIL	470	2003	46° 59' 14"	73° 55' 34"	115	10	2178	
Zone A (ouest)									
Duparquet	DUP	520	2005	48° 27' 19"	79° 09' 46"	103	10	1936	Grandes-Piles
Villiers	VIL	519	2005	46° 59' 14"	73° 55' 34"	103	10	1894	
Zone B									
Bouthillier	BTL	771	2006	46° 22' 03"	75° 30' 29"	99	10	1720	Grandes-Piles
Pothier	POT	773	2006	47° 19' 54"	72° 34' 28"	98	10	1698	
Zone C									
Rivière-aux-Rosiers	RRO	414	2001	49° 10' 37"	68° 40' 10"	109	10	2054	Sainte-Luce
Chauveau	CHV	415	2001	47° 58' 28"	70° 04' 28"	94	10	1796	
Zone D									
Robidoux	ROB	348	1999	48° 21' 41"	65° 37' 27"	97	10	1856	Saint-Modeste
Asselin	ASS	351	1999	47° 53' 30"	68° 27' 00"	98	10	1948	
Zone N									
Vanier	VAN	436	2002	49° 05' 57"	78° 50' 58"	146	10	2759	Trécesson et Normandin
Lescure	LES	461	2002	49° 38' 00"	75° 03' 08"	142	10	2738	

Les sites étaient représentatifs des conditions écologiques des territoires où les semences récoltées dans les vergers à graines seront utilisées, et habituellement des zones de coupes récentes. Les terrains choisis devaient être uniformes d'abord et avant tout, mais aussi avoir une pente de moins de 10 % et une fertilité suffisante pour le reboisement par des semis. Dans les secteurs méridionaux, la préparation de terrain se résumait à une mise en andain des débris de coupe; plus au nord, dans les sites aux sols organiques, on procédait à un scarifiage du terrain au moyen de disques.

1.2.4 Établissement des tests de clones

Les tests de clones (Figure 1i) sont composés des arbres sélectionnés à la fois pour faire partie des vergers à graines de clones et de la population d'amélioration pour la deuxième génération de chacune des cinq zones d'amélioration. De 1999 à 2006, deux tests identiques ont été implantés pour chacun des vergers dans des secteurs représentatifs des conditions pédoclimatiques d'une zone d'amélioration (Tableau 2 et Figure 3). Les tests ont été établis selon les mêmes modalités que pour les tests de descendance. Ils comportent 10 blocs aléatoires complets avec des parcelles de 2 arbres.

Chaque clone est donc évalué par 40 ramets dans 2 sites. Selon le cas, les tests comportent de 97 à 146 clones.

1.2.5 Prise de données et critères de sélection

Des mesures de croissance et des observations sur les dégâts d'insectes, de maladies et la morphologie des arbres ont été prises à 5 et 10 ans. Lorsque la taille des arbres le permettait, le diamètre à hauteur de poitrine était aussi pris en note. La hauteur à 10 ans a été mesurée aux 5 cm près, alors que le diamètre l'a été au millimètre près. La hauteur totale des arbres à 10 ans a été utilisée pour les analyses de variance et l'éclaircie génétique des vergers à graines (Figure 1d). C'est l'âge à partir duquel les corrélations génétiques juvéniles-adultes ainsi que l'estimation des paramètres génétiques sont jugées suffisamment fiables pour l'épinette noire (BOYLE 1986b, LU et CHARRETTE 2008).

La sélection des familles (Figure 1c) et l'éclaircie des vergers à graines (Figure 1d) ne se sont basées que sur la croissance en hauteur, car les caractères tels que la rectitude du tronc ou les caractéristiques de la branchaison sont très stables chez l'épinette noire (COLES 1979, MORGENSTERN et HALL 1990).

La sélection individuelle (Figure 1f) s'est aussi effectuée selon le critère de la croissance en hauteur à 10 ans ou, parfois, à un âge plus avancé lorsque le test de descendance avait été remesuré. Cependant, lorsque les données étaient disponibles, le choix s'est parfois porté sur des individus des meilleures familles démontrant un diamètre exceptionnel, malgré une croissance en hauteur légèrement moindre. La sélection finale s'est réalisée sur le terrain, les arbres sélectionnés ne devant démontrer aucun signe de maladie, ni défaut apparent de forme. Les sélections n'ont eu lieu que dans les tests de descendance les plus uniformes ayant un taux de mortalité relativement faible.

1.3 Analyses statistiques

1.3.1 Analyse de variance

Les analyses statistiques ont été faites sur les données individuelles ajustées pour l'effet de voisinage selon la méthode de MAGNUSSEN (1993) ou celle de WRIGHT (1978), afin de réduire le biais attribuable à l'autocorrélation spatiale. Les paramètres génétiques (héritabilité individuelle au sens strict $[h_i^2]$, héritabilité familiale au sens strict $[h_f^2]$ et corrélations génétiques) ont été estimés séparément pour chacun des tests de descendance. Pour ce faire, les composantes de la variance ont été estimées à l'aide d'un modèle d'analyse linéaire de la variance, en utilisant la procédure MIXED de SAS (LITTELL *et al.* 1996). Les blocs ont été considérés comme un facteur à effets fixes, et les effets de familles et ceux des interactions ont été considérés aléatoires (WHITE et HODGE 1989). Le modèle linéaire suivant a été utilisé (Équation 1) :

$$y_{jkl} = \mu + B_j + F_k + \varepsilon_{jk} + \zeta_{jkl} \quad [1]$$

où

y_{jkl} est la hauteur corrigée de l'arbre l de la famille k du bloc j ,

μ est la moyenne générale,

B_j est l'effet fixe du bloc j ,

F_k est l'effet aléatoire de la famille k ($F_k \sim N(0, \sigma_f^2)$),

ε_{jk} est l'erreur aléatoire expérimentale due aux parcelles (effet bloc x famille) ($\varepsilon_{jk} \sim N(0, \sigma_p^2)$), et

ζ_{jkl} est l'erreur aléatoire d'échantillonnage due aux arbres (intraparcelle) ($\zeta_{jkl} \sim N(0, \sigma_w^2)$).

L'héritabilité individuelle (h_i^2) est donnée par l'équation 2 :

$$h_i^2 = 4 * \sigma_f^2 / (\sigma_f^2 + \sigma_p^2 + \sigma_w^2) \quad [2]$$

où le chiffre 4 réfère au lien de parenté entre les individus d'une même famille (demi-frères).

L'héritabilité familiale (h_f^2) est donnée par l'équation 3 :

$$h_f^2 = \sigma_f^2 / (\sigma_f^2 + \sigma_p^2 / b_h + \sigma_w^2 / (n_h b_h)) \quad [3]$$

où

b_h correspond à la moyenne harmonique du nombre de blocs par descendance, et

n_h correspond à la moyenne harmonique du nombre d'arbres par parcelle.

1.3.2 Sélections

Lors des premières analyses, la sélection était basée sur le classement des familles selon la moyenne de leurs hauteurs ajustées, pondérée en fonction du nombre d'arbres inclus dans le calcul. Lorsque plusieurs tests comportant les mêmes descendance étaient intégrés dans la sélection, les familles étaient classées grâce au calcul d'un indice intégrant la performance de la famille dans chacun des tests et l'héritabilité familiale estimée du test (Équation 4) :

$$I_k = \frac{(MHT_{ks1} - \mu_{s1})}{\sigma_{fs1}} \cdot h_{fs1}^2 + \frac{(MHT_{ks2} - \mu_{s2})}{\sigma_{fs2}} \cdot h_{fs2}^2 \quad [4]$$

où

I_k est l'indice de sélection de la descendance k pour les sites 1 ($s1$) et 2 ($s2$),

MHT_{ks1} et MHT_{ks2} sont la moyenne ajustée de la hauteur totale de la descendance k dans les sites 1 et 2, respectivement,

μ_{s1} et μ_{s2} sont la moyenne générale des sites 1 et 2, respectivement,

σ_{fs1} et σ_{fs2} sont l'écart-type de la descendance k dans les sites 1 et 2, respectivement, et

h_{fs1}^2 et h_{fs2}^2 sont l'héritabilité familiale des sites 1 et 2, respectivement.

À partir de 1998, cette méthode de sélection familiale avec des sites multiples a graduellement fait place à celle des BLP (*Best Linear Predictions*, WHITE et HODGE 1989). Cette méthode optimise la prédiction de la valeur en croisement de chaque arbre-plus, et conséquemment, elle fournit un classement des familles en fonction de leur valeur génétique prédite plutôt que de leur valeur phénotypique observée. Cette estimation se veut la plus proche possible de la vraie valeur génétique, car elle pondère la valeur de la famille en fonction du rapport entre sa variance additive et sa variance phénotypique. Elle tient aussi compte de l'erreur attribuable à l'environnement, en combinant les résultats de plusieurs tests composés des mêmes familles (estimation non biaisée des paramètres génétiques). Le modèle linéaire d'analyse de variance est alors (Équation 5) :

$$y_{ijkl} = \mu + S_i + B(S)_{j(i)} + F_k + (S * F)_{ik} + \varepsilon_{ijk} + \zeta_{ijkl} \quad [5]$$

où

y_{ijkl} est la hauteur corrigée de l'arbre l de la descendance k du bloc j situé dans le site i ,

μ est la moyenne générale,

S_i est l'effet fixe du site i ,

$B(S)_{j(i)}$ est l'effet fixe du bloc j situé dans le site i ,

F_k est l'effet aléatoire de la descendance k
 $(F_k \sim N(0, \sigma_f^2))$

$(S * F)_{ik}$ est l'effet aléatoire de l'interaction site x famille $((S * F)_{ik} \sim N(0, \sigma_{sf}^2))$,

ε_{ijk} est l'erreur aléatoire expérimentale due aux parcelles (effet bloc (site) x famille)
 $(\varepsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma_p^2))$, et

ζ_{ijkl} est l'erreur aléatoire d'échantillonnage due aux arbres (intraparcelle) $(\zeta_{ijkl} \sim N(0, \sigma_w^2))$.

Cette méthode de BLP permet de classer aussi bien les familles que les individus, à partir de l'analyse de plusieurs sites. Lorsque les tests de descendance n'étaient pas répétés sur plusieurs sites, le classement individuel des arbres s'est plutôt effectué par la méthode de sélection combinée de FALCONER et MACKAY (1996). Celle-ci tient compte des paramètres génétiques ainsi que des valeurs phénotypiques de

l'individu et de la descendance pour calculer l'indice de sélection (Équations 6 et 6a) :

$$I_{jkl} = P_{jkl} + \left[\frac{(r - t)}{(1 - r)} \cdot \frac{nf_h}{(1 + (nf_h - 1))} \cdot t \right] \cdot P_k \quad [6]$$

où

I_{jkl} est l'indice de sélection combinée de l'arbre l de la descendance k situé dans le bloc j ,

P_{jkl} est la valeur phénotypique de l'arbre l de la descendance k situé dans le bloc j (hauteur corrigée et standardisée [moyenne = 0, écart-type = 1]),

r est le coefficient de relation = $1/4$ (demi-frères),

t est la corrélation intraclasse
 $t = h_f^2 / 4 = \sigma_f^2 / (\sigma_f^2 + \sigma_p^2 + \sigma_w^2)$,

P_k est la valeur phénotypique de la famille k à laquelle l'individu appartient (hauteur moyenne corrigée et standardisée).

$$nf_h = \frac{f}{\sum_{k=1}^f (1/r_k)} \quad [6a]$$

où

nf_h est la moyenne harmonique du nombre d'arbres par famille,

f correspond au nombre de familles, et

r_k est le nombre d'arbres de la famille k .

Le modèle linéaire mixte d'analyse de variance utilisé et l'estimation des héritabilités sont les mêmes que ceux décrits aux équations 2, 3 et 5.

1.3.3 Calcul du gain génétique

Le gain génétique prédit pour la sélection familiale (G_f) correspond à la moyenne des gains en hauteur calculés pour chaque famille (WRIGHT 1976) (Équation 7) :

$$G_f = (\text{Moyenne de la hauteur de la famille sélectionnée} - \text{moyenne du test}) \cdot h_f^2 \quad [7]$$

où

h_f^2 est l'héritabilité familiale.

Le gain génétique prédit pour la sélection individuelle est estimé par la réponse prévue à la sélection combinée (R_c) de FALCONER et MACKAY (1996). La réponse est calculée pour l'ensemble des arbres sélectionnés dans un test de descendance (Équation 8) :

$$R_c = i \cdot \sigma_p \cdot h^2 \sqrt{1 + \frac{(r-t)^2}{(1-t)} \cdot \frac{(n-1)}{1 + [(n-1) \cdot t]}} \quad [8]$$

où

R_c est la réponse prévue à la sélection combinée d'un groupe d'individus dans un test de descendance,

i est l'intensité de la sélection (écart de sélection exprimé en écart-type),

σ_p est l'écart-type des valeurs phénotypiques des individus,

h^2 est l'héritabilité des valeurs individuelles,

r est le coefficient de relation = $\frac{1}{4}$ (demi-frères),

t est la corrélation intraclasse
 $t = h_i^2/4 = \sigma_f^2 / (\sigma_f^2 + \sigma_p^2 + \sigma_w^2)$, et

n est le nombre d'individus dans les familles.

Toutefois, lors d'analyses par la méthode des BLP, le gain génétique est calculé directement à partir des valeurs en croisement estimées individuellement ou par famille.

1.4 Mise en place de la seconde génération d'amélioration

Au départ, les vergers à graines de première génération, et par le fait même, leurs tests de descendance, n'avaient pas été planifiés en vue d'une amélioration génétique intensive, mais plutôt en vue d'assurer un approvisionnement sécuritaire de semences de qualité. Ce fait s'est reflété dans la méthode d'échantillonnage des arbres-plus. Le nombre d'arbres choisis par peuplement varie de 1 à 167 et, parfois, peu de peuplements sont représentés dans un même verger. De plus, les peuplements échantillonnés sont tous situés dans la même région que le lieu d'utilisation prévu pour les semences. Conséquemment, la stratégie pour la deuxième génération devait tenir compte de problèmes éven-

tuels liés à la diversité génétique pour certaines zones d'amélioration, et veiller à reconstituer une base génétique plus large à partir des sélections.

D'emblée, il a été décidé de ne pas développer une deuxième génération d'amélioration pour la zone du nord, car le milieu était considéré trop contraignant pour la croissance et pour permettre aux génotypes supérieurs d'exprimer leur plein potentiel génétique. Les résultats obtenus par la suite, dans les tests de descendance de cette zone, ont confirmé cette assertion. La poursuite du programme d'amélioration en deuxième génération s'est donc limitée aux quatre zones d'amélioration méridionales (A, B, C et D); elle est basée sur des sélections individuelles faites à l'intérieur de ces zones.

Au total, 300 arbres ont été sélectionnés dans chaque zone (Figure 1f). Ces 1200 arbres ont été multipliés par bouturage à la pépinière forestière de Saint-Modeste (Figure 1g), puis plantés en parc d'hybridation à la station forestière de Duchesnay (Figure 1h). Les 100 à 180 arbres comportant les indices de sélection les plus élevés constituent les vergers de clones (Figure 1k). Ces mêmes individus ont aussi été évalués dans deux tests de clones en milieu forestier par zone d'amélioration (Figures 1i et 3). Ces tests permettent de comparer, sur un même site, des clones sélectionnés dans plusieurs tests espacés parfois de plusieurs centaines de kilomètres, de façon à reclasser les arbres les uns par rapport aux autres.

La stratégie de croisement pour établir la deuxième génération d'amélioration s'inspire de celle du *nucleus breeding* présentée par COTTERILL *et al.* en 1988. Cette approche allie les croisements intensifs entre les individus possédant les rangs les plus élevés, pour maximiser les gains génétiques, et le maintien à long terme de la diversité génétique dans la population d'amélioration. Elle se base sur la constitution d'une population d'amélioration avec les 100 meilleurs arbres de chaque zone d'amélioration (Figure 1n), parmi lesquels sont réalisés des croisements biparentaux¹ (Figure 1p). Les 200 autres arbres constituent une population de « support », destinée à assurer le maintien de la diversité génétique à long terme (Figure 1m).

Pour l'ensemble des 300 arbres retenus pour chaque zone d'amélioration, un croisement de type *polycross*² est aussi réalisé avec un mélange de

¹ Croisements dirigés visant à constituer des descendance (familles) ayant les deux parents en commun.

² Croisements dirigés réalisés avec un mélange de pollen (polymixte), constitué d'un volume égal de pollen provenant de plusieurs individus.

pollens provenant de 20 arbres choisis parmi des provenances pancanadiennes testées au Québec et recommandées pour la zone d'amélioration (Figure 1o). Ceci assure l'absence de lien de parenté récente avec ces 300 arbres. Les descendants des croisements *polycross* sont évalués dans au moins deux tests de descendance établis en milieu naturel (Figure 1q), notamment pour déterminer l'aptitude générale à la combinaison (AGC) des 300 arbres parents de chaque zone d'amélioration, en vue d'une sélection familiale. Les tests d'AGC permettront notamment de déterminer le rang des familles biparentales constituées dans chaque zone d'amélioration, grâce à l'indice de meilleur appariement qui combine l'AGC des deux parents (COTTERILL et DEAN 1990, cité par BEAULIEU 1996).

Parallèlement, pour chaque zone d'amélioration, des croisements biparentaux plus intensifs (Figure 1p) sont effectués entre les 50 à 60 individus représentant les arbres du premier rang de chaque famille (Figure 1p), selon les résultats du classement des tests de clones (Figure 1l). Le schéma de

croisements de type diallèle partiel systématique (ZOBEL et TALBERT 1991), aussi appelé progressif, favorise les croisements assortis entre les individus possédant un indice de sélection maximal. À raison de 1 à 6 croisements par arbre, selon le classement de celui-ci dans les tests de clones, et avec l'ajout de croisements supplémentaires réalisés dans la population de support, un total d'environ 200 descendance biparentales sont produites par zone d'amélioration (Figure 1p), tout en évitant des liens de parenté entre les arbres impliqués. Les descendants biparentaux seront établis en tests visant à déterminer leur aptitude spécifique à la combinaison en vue de la sélection d'arbres (tests ASC, Figure 1r). Ces tests sont composés de grandes parcelles de 49 arbres et sont reproduits dans au moins 2 sites. Au sein de chaque famille comportant un indice élevé de meilleur appariement, le plus beau phénotype identifié sera retenu. L'ensemble constituera éventuellement des vergers de clones de deuxième génération (Figure 1s). Ces vergers devraient comporter de 50 à 60 clones non apparentés.

Chapitre deux

Résultats de la première génération

2.1 Vergers associés aux tests de descendance de première génération

Dix ans après la mise en terre, les taux de survie des arbres dans les tests de descendance s'élèvent à 78 % environ (Tableau 3), mais sont très variables d'un test de descendance à l'autre (de 58 à 94 %). On ne peut cependant attribuer ces variations à un facteur biogéographique puisque la moyenne, d'une zone d'amélioration à l'autre, demeure relativement stable. Une grande part de la mortalité des arbres est survenue au cours des premières années suivant la mise en terre. Les pertes les plus importantes sont surtout attribuables à des conditions climatiques défavorables ou à la compétition prévalant au cours des premières années.

La hauteur moyenne des arbres à 10 ans variait de 115 à 382 cm selon le test de descendance, avec une moyenne globale de 239 cm (Tableau 3). Les valeurs varient globalement selon un gradient sud – nord du territoire, avec des plantations hautes de moins de 2 m en moyenne dans la zone N, et d'autres atteignant presque 3 m dans le sud du Québec. Ce gradient se reflète aussi sur l'indice de qualité de station (IQS₂₅) des tests de descendance calculé selon la méthode de PRÉGENT *et al.* (1996), dont les valeurs varient de 6,8 à 14,6 m (Tableau 3).

On remarque que quelques tests dans le sud du territoire présentent des valeurs particulièrement faibles, car ils ont été établis sur des sols sablonneux ou peu fertiles. Le coefficient de variation de la hauteur des arbres s'élève en moyenne à 25 %, mais des écarts importants apparaissent entre les valeurs, selon les sites, au nord-ouest et au sud-est du territoire.

Nous avons noté l'existence d'une relation quasi linéaire entre l'IQS₂₅ des tests de descendance et le coefficient de variation de la hauteur individuelle des arbres (coefficient de corrélation linéaire de Pearson $r = -0,71$, Figure 4). Un lien du même ordre de grandeur est observé entre la hauteur moyenne de l'ensemble des arbres et le même coefficient de variation ($r = -0,81$). La figure 4 révèle qu'il s'agit surtout d'un gradient géographique du sud-est au nord-ouest, ce qui illustre l'importance de facteurs tels que la fertilité de la station, les conditions bioclimatiques et la latitude, sur le coefficient de variation de la hauteur des arbres. Ainsi, on notera la présence de sites peu fertiles des zones A et C (tests LVI et MIT, OLE, MIL) dans une position semblable à celle des plantations du nord-ouest (zone N : tests RMI, SCO et CEL), de même que celle de certains tests de la Côte-Nord (zone N : tests RPE, LMC et LTR) au centre du gradient. Ces derniers, bien que parmi les

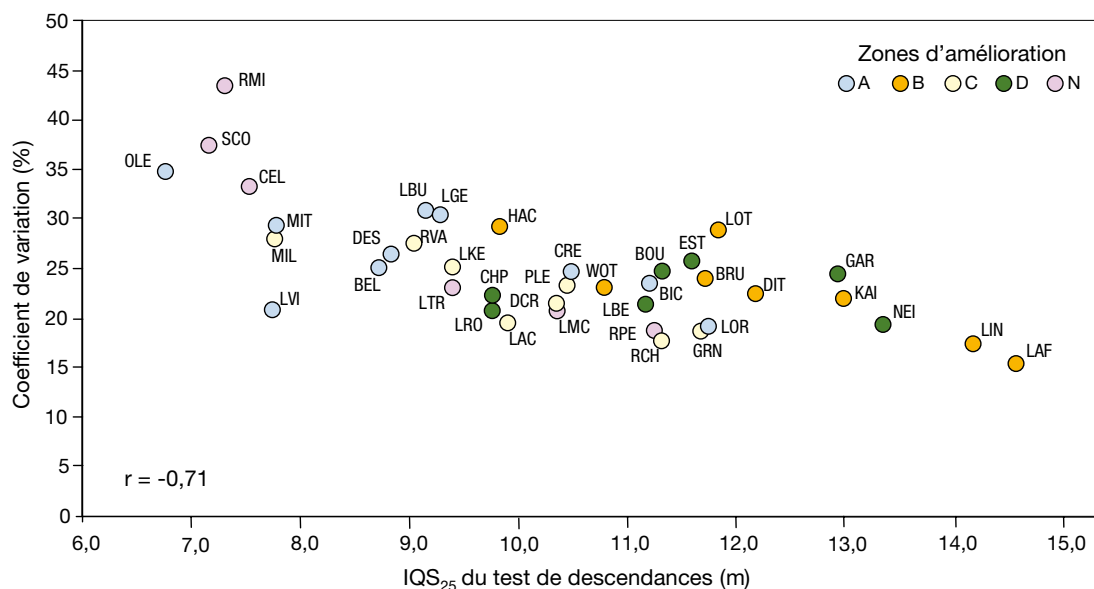


Figure 4. Indice de qualité de station (IQS₂₅) des tests de descendance en fonction du coefficient de variation (%) de la hauteur individuelle des arbres à 10 ans. Les codes à trois lettres désignant les tests correspondent à la liste du tableau 1.

Tableau 3. Performance à 10 ans des arbres des tests de descendance de première génération.

Zone et code du test	Année du mesurage	Âge au mesurage (ans)	Taux de survie (%)	Hauteur (cm)	C.V. hauteur des arbres (%)	Héritabilité familiale (h_f^2)	IQS ₂₅ (m)
Zone A							
BEL	1994	10	80,2	206	25,0	0,60	8,7
BIC	1996	10	76,3	264	23,4	0,64	11,2
LOR	1996	10	87,3	295	19,1	0,68	11,8
CRE	1997	10	75,4	239	24,5	0,40	10,5
LVI	1997	10	77,3	185	20,9	0,51	7,8
LGE	1997	10	71,5	198	30,4	0,35	9,3
LBU	1997	10	72,9	193	30,7	0,54	9,2
DES	1997	10	63,5	200	26,3	0,37	8,8
OLE	1998	10	67,5	137	34,7	0,65	6,8
MIT	1998	10	76,1	164	29,3	0,47	7,8
Zone B							
BRU	1994	9	72,6	282	24,0	0,65	11,7
DIT	1997	10	57,6	292	22,4	0,30	12,2
WOT	1997	10	59,0	270	23,1	0,31	10,8
HAC	1998	10	65,4	198	29,2	0,60	9,8
KAI	1998	10	73,6	320	21,9	0,65	13,0
LAF	2002	10	79,0	382	15,2	0,61	14,6
LIN	2002	10	83,4	360	17,3	0,63	14,2
LOT	2002	10	79,3	264	28,7	0,36	11,9
Zone C							
DCR	1995	10	64,5	250	21,3	0,40	10,4
LAC	1995	10	72,6	242	19,5	0,55	9,9
RCH	1996	10	94,0	284	17,8	0,68	11,3
PLE	1997	11	67,1	287	23,2	0,55	10,5
RVA	1996	10	90,6	195	27,4	0,54	9,0
LKE	1996	10	84,2	211	24,9	0,48	9,4
MIL	1996	9	92,0	143	27,8	0,43	7,8
GRN	1996	9	88,8	248	18,6	0,38	11,7
Zone D							
CHP	1995	10	81,9	235	22,2	0,76	9,8
LRO	1995	10	90,9	234	20,8	0,84	9,8
GAR	1994	9	91,9	256	24,3	0,82	12,9
BOU	1997	10	74,3	260	24,6	0,75	11,3
EST	1995	10	84,8	271	25,7	0,36	11,6
LBE	1995	10	69,2	272	21,3	0,51	11,2
NEI	1995	10	86,0	332	19,2	0,77	13,4
Zone N							
CEL	1994	10	63,3	166	33,2	0,39	7,5
RMI	1994	10	85,9	115	43,4	0,50	7,3
SCO	1994	10	93,0	130	37,5	0,52	7,2
LTR	2000	10	82,1	215	22,9	0,64	9,4
LMC	2000	10	83,1	245	20,7	0,65	10,4
RPE	2000	10	88,7	279	18,6	0,76	11,3
Moyenne globale			78,1	238,9	24,6	0,55	10,3

plus nordiques en latitude, bénéficient de sols relativement fertiles et, notamment, d'une pluviométrie plus favorable à l'espèce.

Les valeurs d'héritabilité familiale estimées pour la hauteur totale à 10 ans s'élèvent en moyenne à 0,55 (Tableau 3). Elles varient peu d'une zone d'amélioration à l'autre, sinon pour la zone D (0,69 en moyenne), où plusieurs tests ont une héritabilité estimée de plus de 0,75 (Tableau 3). Lorsque 2 ou 3 tests identiques sont associés à un même verger (Tableau 4), on note que les valeurs non biaisées sont généralement comparables à la moyenne de celles estimées avec des tests individuels, ce qui indique une interaction génotype-environnement faible.

Règle générale, de 50 à 70 % des familles ont été éliminées des vergers lors de l'éclaircie à 10 ans. Cette proportion varie en fonction des besoins estimés en plants pour la région et l'objectif de maximiser le gain génétique attendu. Les gains prédits pour la hauteur sont en moyenne d'environ 5 %, une valeur stable d'une zone à l'autre, et qui varie peu selon le test de descendance (Tableau 4). Le gain projeté en volume à 35 ans (PRÉSENT *et al.* 1996) varie de 2 à 12 % avec une moyenne de 5 %. Certains tests du nord (vergers Dolbeau et Lévy) présentent des valeurs plus élevées (12 et 9 % respectivement) en raison d'écarts de sélection très importants, attribuables à l'irrégularité des plantations (Figure 4). La validité de ces gains obtenus à partir de projections apparaît d'autant sujette à caution.

Tableau 4. Gains génétiques prédits à la suite de l'éclaircie des vergers à graines de semis de première génération.

Zone et code du test	Verger	Familles retenues	Familles retenues (%)	Héritabilité familiale (h_f^2)	Gains en hauteur (%)	Gains en volume (%)	Gains en volume ($m^3 \cdot ha^{-1}$)*
Zone A							
BEL	Gaboury 04 et Bellecombe†	166	41,6	0,60	3,7	3,3	4,5
BIC-LOR	Chasseur	100	47,0	0,61 ^{nb}	5,9	4,7	7,6
CRE-LVI	Laviolette	176	52,4	0,52 ^{nb}	9,5	7,1	10,1
LGE-LBU	Mitchell-Lépine	118	33,7	0,64 ^{nb}	4,4	4,8	7,0
DES-LAN	Laubanie	158	44,0	0,37	2,2	2,5	3,3
OLE-MIT	Mitchell-Baskatong	100	28,3	0,56	6,5	10,7	10,2
Zone B							
BRU	Léman	50	13,9	0,65	8,0	5,9	9,6
DIT-WOT	Ditton†	83	30,5	0,30	5,9	2,8	4,6
HAC-KAI	Radnor	163	46,6	0,63	4,2	2,9	4,8
LAF-LIN-LOT	Watford	65	21,7	0,74 ^{nb}	4,7	2,9	4,9
Zone C							
DCR-LAC	DeSales	100	21,8	0,48	3,2	3,1	5,1
RCH-PLE	Rivière Chicoutimi	100	30,9	0,65 ^{nb}	4,6	3,7	6,1
RVA-LKE	Labrosse	100	26,7	0,51	4,5	4,8	7,0
MIL-GRN	Garnier	110	33,2	0,40	3,4	2,2	3,5
Zone D							
CHP-LRO-GAR	Champou et Robidoux	190	41,9	0,81	5,5	3,7	6,0
EST-LBE-NEI	Lepage-Thivierge et Estcourt	113	41,4	0,55	3,0	2,6	4,3
BOU	Boutet	110	32,1	0,75	7,1	5	8,1
Zone N							
CEL	Gaboury 01 et Céloron†	149	43,9	0,39	2,6	4,2	4,3
RMI	Dolbeau	188	43,8	0,50	5,7	12,0	11,4
SCO	Lévy	156	43,8	0,52	4,2	8,7	8,0
LTR-LMC-RPE	Ragueneau	211	60,3	0,69 ^{nb}	6,9	5,7	9,3
Moyenne globale					4,9	4,8	6,5

* Gains projetés en volume à 35 ans, à partir des tables de rendement de PRÉSENT *et al.* 1996, en tenant compte de l'âge, de l'IQS des plantations, et des arbres dominants.

† Tests de descendance aménagés en vergers à graines.

^{nb} Estimations non biaisées, provenant des mesures de 2 ou 3 tests identiques.

2.2 Vergers de clones

Dans la majorité des cas, la sélection individuelle a été réalisée avec les mêmes mesures relevées à 10 ans, à l'exception de quelques tests remesurés plus tard (Tableau 5). Le nombre d'individus sélectionnés dans chaque zone d'amélioration varie de 60 à 181 arbres, selon les besoins en plants de reboisement estimés pour les décennies à venir. Les héritabilités individuelles estimées varient peu d'une zone d'amélioration à l'autre ou entre ces tests. On note que les valeurs d'héritabilité familiale des tests remesurés à 14, 15 et 17 ans demeurent sensiblement les mêmes que celles estimées avec les données de 10 ans, ce qui suggère que ces paramètres seraient relativement stables à ces âges pour la croissance en hauteur. Parmi les valeurs non biaisées calculées à partir des BLP, l'héritabilité individuelle est en moyenne de 0,26 et l'héritabilité familiale, de 0,64. La valeur de l'héritabilité individuelle représente de 30 à 40 % de l'héritabilité familiale, une proportion comparable aux estimations obtenues à partir de tests individuels.

La sélection individuelle a été particulièrement intense; globalement, les populations d'amélioration ont été réduites de plus de 99 % par rapport au nombre d'individus d'origine, et les descendances ne représentent plus que de 3 à 9 % de l'ensemble des arbres-plus (familles) d'origine. Les gains génétiques en hauteur prédits pour les vergers de clones sont beaucoup plus élevés que pour les vergers de semis, avec des valeurs variant de 14 à 20 % selon la zone d'amélioration. Les gains projetés en volume varient de 13 à 19 %, avec une fois de plus une valeur maximale dans la zone d'amélioration du nord (N). Exprimés en pourcentages, ces gains génétiques sont

comparables à ceux obtenus pour l'épinette noire au Nouveau-Brunswick (SIMPSON et TOSH 1997). Ils sont cependant moindres en valeurs absolues (hauteur et volume), en raison de la croissance globalement plus faible observée dans les plantations québécoises.

2.3 Diversité génétique

Les sélections très intensives pratiquées parmi plus de 540 000 arbres testés ont permis d'obtenir des gains génétiques importants. Cette réduction importante d'effectif a cependant été faite avec le souci de préserver la diversité génétique des populations d'amélioration sélectionnées, par le maintien d'un nombre suffisant d'individus et le regroupement des descendances d'une même zone d'amélioration en un seul verger comportant des provenances de plusieurs régions. Le nombre d'arbres sélectionnés dans une même famille s'est généralement limité à trois. Le maintien d'un grand nombre de provenances réduit le risque d'une perte de diversité génétique, notamment pour les allèles peu fréquents. Les figures 5 à 9 montrent que la répartition géographique globale des arbres-plus est bien répartie à l'échelle des sous-régions écologiques (ROBITAILLE et SAUCIER 1998), dans les vergers de clones et les populations d'amélioration, et ce, malgré des changements dans leur représentativité proportionnelle. Plus des trois quarts des sous-régions où des arbres-plus ont été échantillonnés sont toujours représentées dans les vergers de clones. La zone N fait toutefois exception, car la proportion y a été réduite à 70 % du fait qu'il n'y a pas eu de sélections individuelles dans les trois tests du verger Ragueneau (LMC, LTR et RPE) sur la Côte-Nord. Ceci explique l'absence d'individus de plusieurs sous-régions de l'est dans le verger de clones.

Tableau 5. Gains génétiques prédits pour la sélection individuelle pour les vergers de clones de première génération.

Zone et code des tests	Nb de descen- dances	Nb de prove- nances	Nb total d'arbres	Âge (ans)	Nombre de familles sélectionnées	Nombre d'arbres sélectionnés	Héritabilité individuelle (h_i^2)	Héritabilité familiale (h_f^2)	Gains génétiques prédits*		
									Hauteur (%)	Volume (%)	Volume (m ³ /ha)
Zone A	2227	3	122 148		108	181			18,1	19,2	18,8
RMI	429	.	17 160	10	9	10	0,19	0,35			
BEL	399	.	17 560	17	8	15	0,27	0,62			
BIC	205	.	9 500	10	15	37	0,26 ^{nb}	0,61 ^{nb}			
LOR	221	.	10 192	10	7	9	0,26 ^{nb}	0,61 ^{nb}			
CRE	336	.	10 752	10	17	31	0,28 ^{nb}	0,52 ^{nb}			
LVI	336	.	10 752	10	3	4	0,28 ^{nb}	0,52 ^{nb}			
LGE	350	.	8 400	10	10	15	0,23 ^{nb}	0,64 ^{nb}			
LBU	350	.	14 000	10	14	15	0,23 ^{nb}	0,64 ^{nb}			
DES	359	.	11 416	10	11	18	0,21	0,37			
DUV [†]	137	3	5 392	13	9	10	0,30	0,68			
MIT	353	.	7 024	10	15	17	0,30	0,42			
Zone B	1220	11	84 020		50	60			14,0	13,0	23,2
BRU	360	.	17 280	17	16	21	0,39	0,69			
WOT	271	.	10 828	15	1	1	0,18	0,39			
HAC	350	.	11 200	14	7	8	0,27 ^{nb}	0,67 ^{nb}			
KAI	350	.	11 776	14	8	8	0,27 ^{nb}	0,67 ^{nb}			
MAS [‡]	98	6	3 180	10	2	2	0,22	0,55			
LAF	300	5	10 076	10	8	11	0,23 ^{nb}	0,74 ^{nb}			
LIN	300	5	9 912	10	4	4	0,23 ^{nb}	0,74 ^{nb}			
LOT	300	5	9 768	10	4	5	0,23 ^{nb}	0,74 ^{nb}			
Zone C	1465		98 228		53	100			15,5	13,0	16,6
DCR	454	.	21 588	10	10	17	0,21	0,40			
LAC	465	.	22 588	10	11	17	0,26	0,54			
RCH	324	.	15 544	10	5	17	0,28 ^{nb}	0,65 ^{nb}			
PLE	324	.	15 480	11	11	17	0,28 ^{nb}	0,65 ^{nb}			
LKE	374	.	17 748	10	9	16	0,17	0,49			
GRN	331	.	5 280	9	12	16	0,36	0,38			
Zone D	739		60 140		70	100			20,3	16,6	21,2
GAR	458	.	21 584	9	51	60	0,30	0,82			
EST	281	.	13 272	10	8	9	0,26	0,73			
LBE	263	.	12 432	10	6	6	0,24	0,67			
NEI	275	.	12 852	10	14	25	0,40	0,77			
Zone N	1523	90	77 896		58	152			18,2	19,4	15,7
CHI [§]	.	90	8 640	20	10	22					
BEL	399	.	17 560	10	5	5	0,28	0,60			
CEL	339	.	20 320	10	19	61	0,15	0,43			
SCO	356	.	14 216	10	27	58	0,21	0,52			
RMI	429	.	17 160	10	6	6	0,19	0,35			

* Gains projetés en volume à 35 ans, à partir des tables de rendement de PRÉSENT *et al.* 1996, en tenant compte de l'âge, de l'IQS des plantations, et des arbres dominants.

† Test sur l'héritabilité de la densité du bois.

‡ Test de descendance biparentales, de provenances pancanadiennes.

§ Test de provenances pancanadiennes.

^{nb} Estimations non biaisées, combinant des mesures de 2 ou 3 tests identiques.

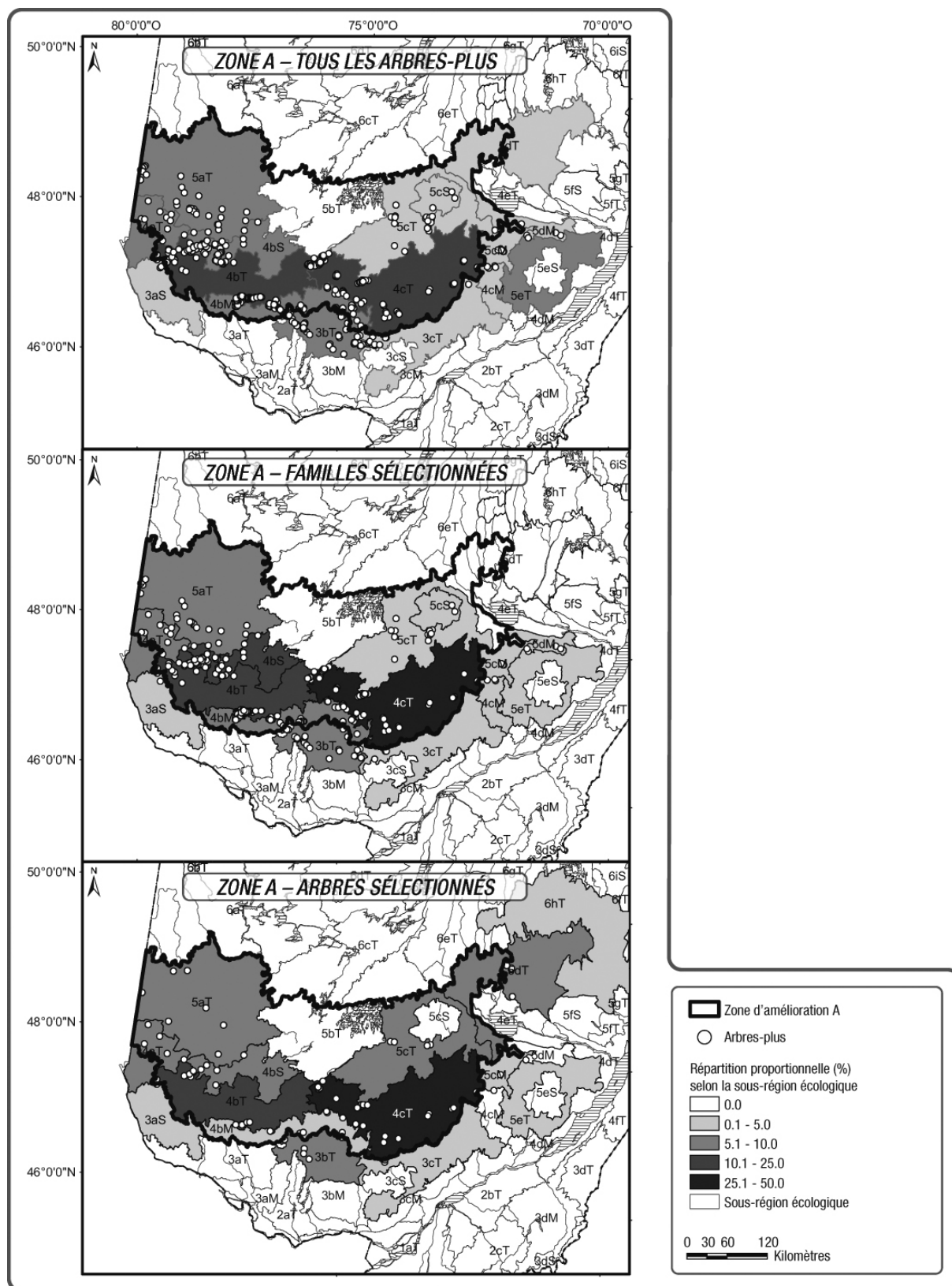


Figure 5. Carte et répartition proportionnelle de tous les arbres-plus sélectionnés pour la zone d'amélioration A dans le cadre du programme d'amélioration génétique de l'épinette noire, des arbres-plus parents des familles sélectionnées pour l'éclaircie des vergers à graines de semis et des arbres-plus parents des arbres sélectionnés pour les vergers de clones, selon les sous-régions écologiques.

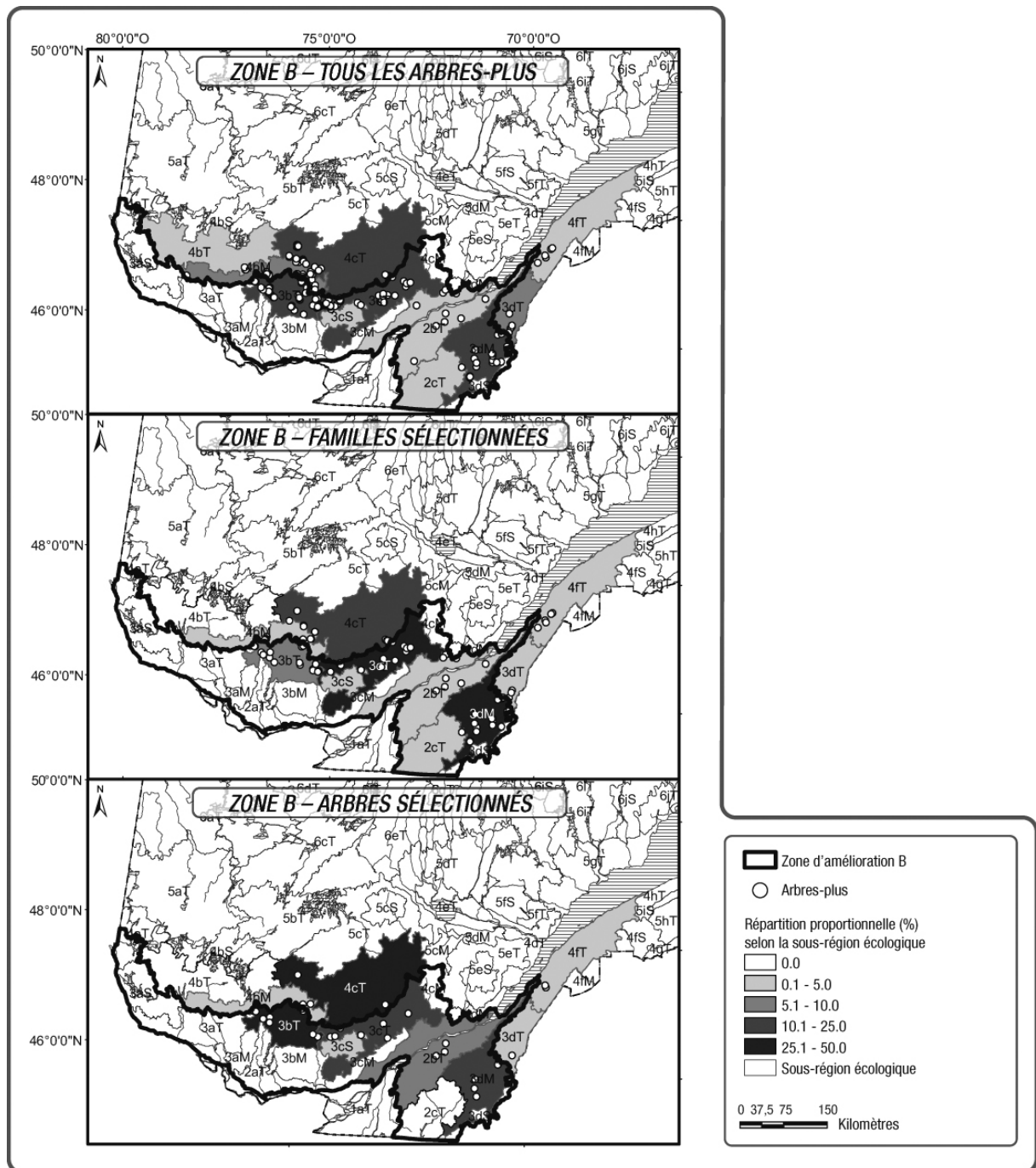


Figure 6. Carte et répartition proportionnelle de tous les arbres-plus sélectionnés pour la zone d'amélioration B dans le cadre du programme d'amélioration génétique de l'épinette noire, des arbres-plus parents des familles sélectionnées pour l'éclaircie des vergers à graines de semis et des arbres-plus parents des arbres sélectionnés pour les vergers de clones, selon les sous-régions écologiques.

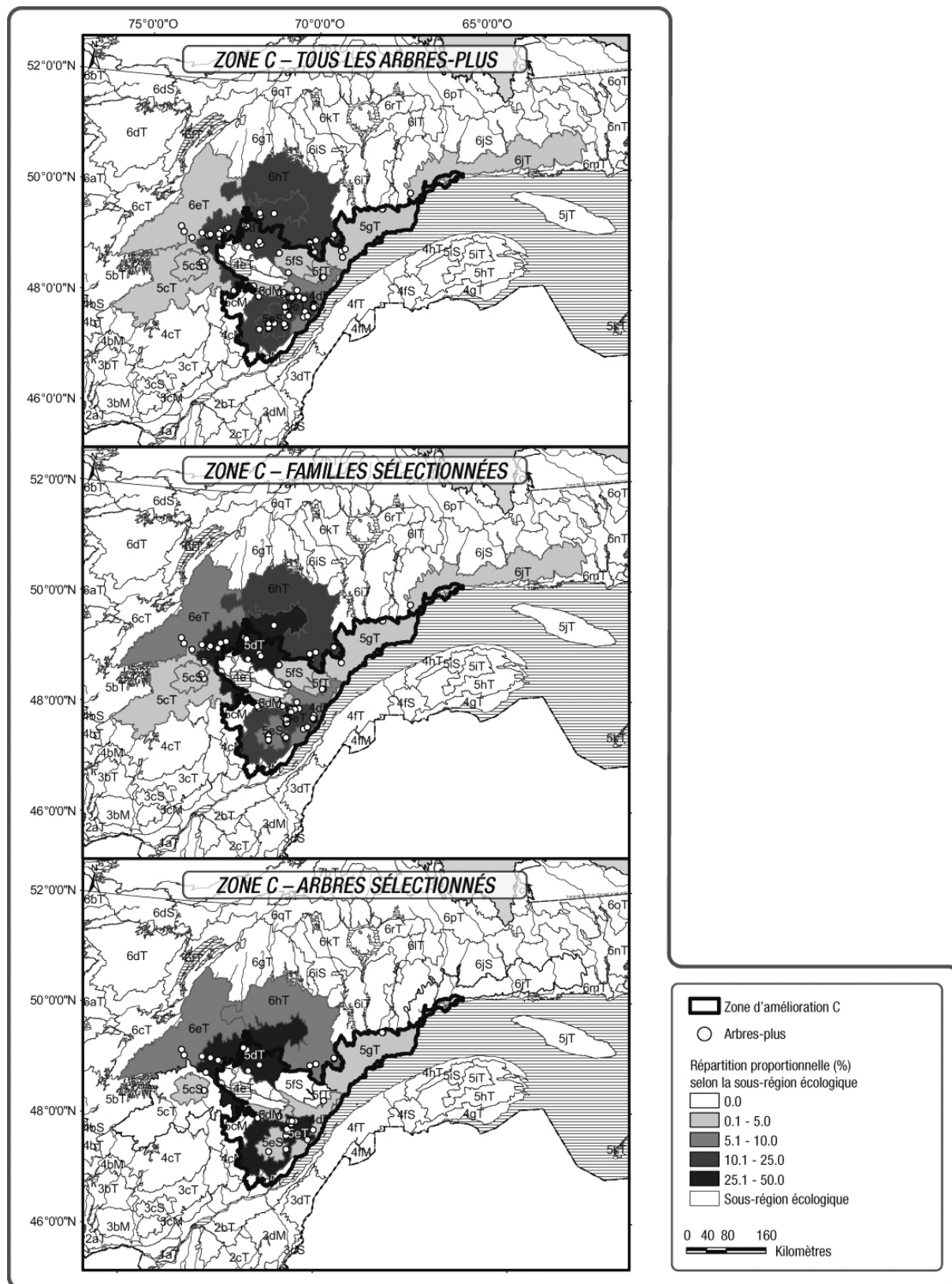
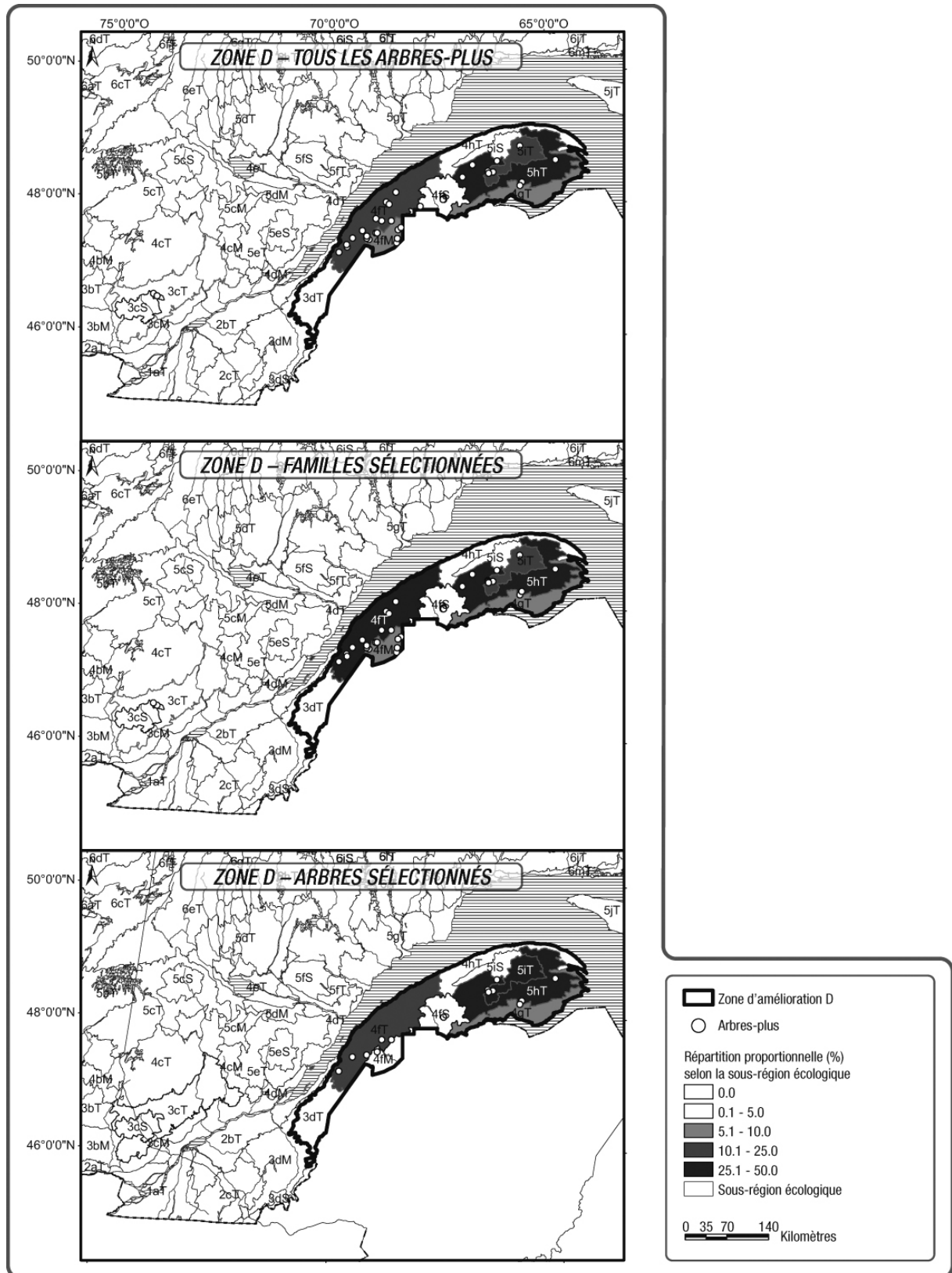


Figure 7. Carte et répartition proportionnelle de tous les arbres-plus sélectionnés pour la zone d'amélioration C dans le cadre du programme d'amélioration génétique de l'épinette noire, des arbres-plus parents des familles sélectionnées pour l'éclaircie des vergers à graines de semis et des arbres-plus parents des arbres sélectionnés pour les vergers de clones, selon les sous-régions écologiques.



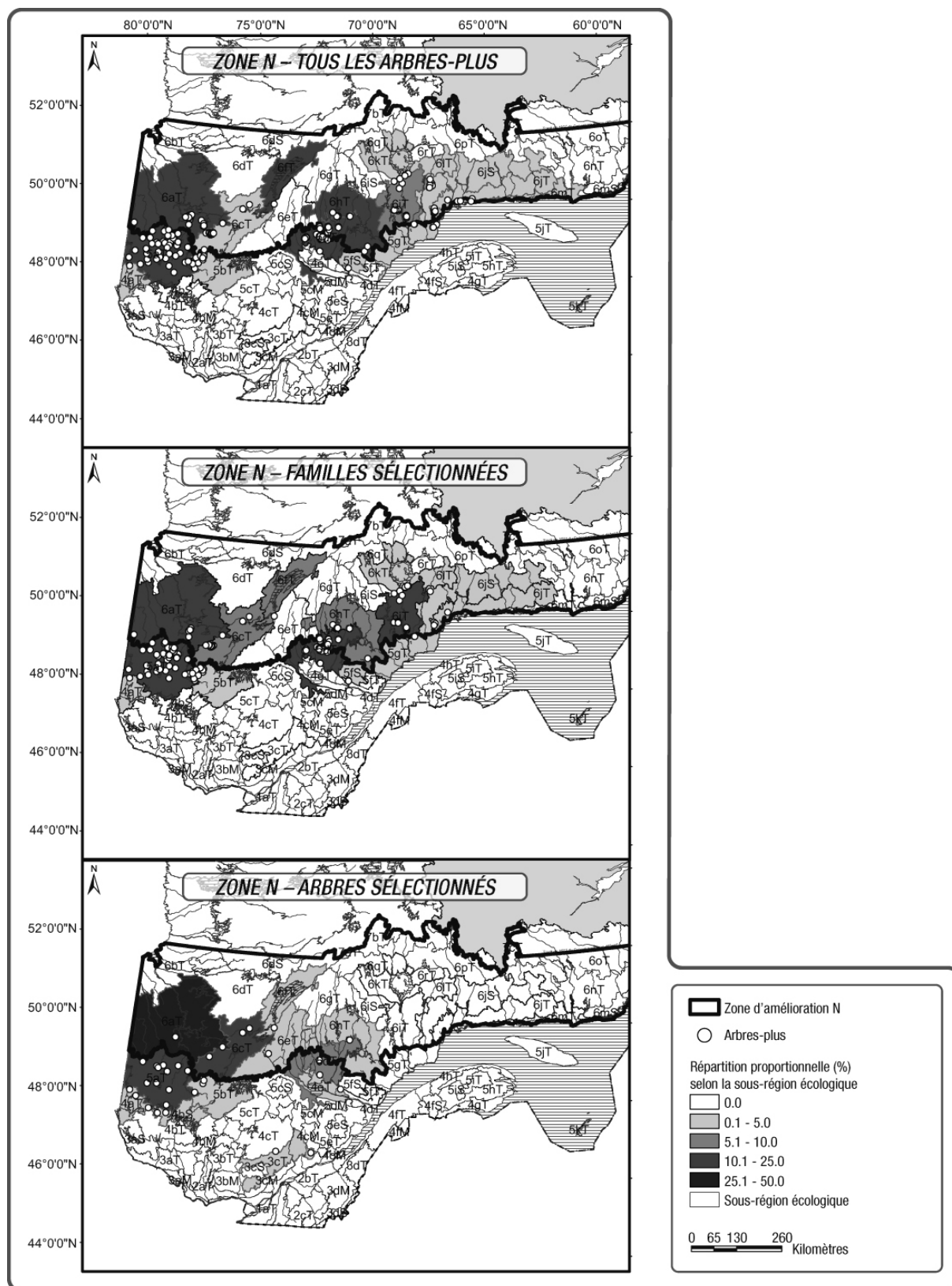


Figure 9. Carte et répartition proportionnelle de tous les arbres-plus sélectionnés pour la zone d'amélioration N dans le cadre du programme d'amélioration génétique de l'épinette noire, des arbres-plus parents des familles sélectionnées pour l'éclaircie des vergers à graines de semis et des arbres-plus parents des arbres sélectionnés pour les vergers de clones, selon les sous-régions écologiques.

Chapitre trois

Discussion

Pour l'essentiel, le programme amorcé au début des années 1980 a atteint son objectif premier, c'est-à-dire produire des plants d'épinette noire génétiquement améliorés et adaptés à toutes les régions forestières du Québec. Depuis les années 2000-2010, 85 % des épinettes noires mises en terre sont améliorées. Graduellement, d'ici quelques années, les cinq zones d'amélioration disposeront aussi de nouvelles sources de semences améliorées offrant un rendement attendu encore plus élevé. Le seul bémol est l'absence de sources améliorées pour les zones les plus septentrionales actuellement sous aménagement au-delà du 50° parallèle, car les coupes forestières en zones aussi nordiques n'avaient pas été prévues il y a 30 ans. Mentionnons cependant qu'un verger de semis comportant des descendances d'arbres-plus provenant de territoires situés entre le 50° et le 51° parallèle est en voie d'établissement pour le centre de ce territoire, et qu'un verger spécifique au secteur nord-est, comprenant les arbres sélectionnés des tests de descendances du verger Ragueneau, est planifié pour les prochaines années.

Le choix de démarrer le programme d'amélioration de l'épinette noire avec des tests de descendances s'est avéré judicieux. En effet, il a permis, en une vingtaine d'années, de répondre aux besoins en plants améliorés avec du matériel offrant un gain génétique relativement élevé. La sélection familiale et le calcul du gain génétique basé sur l'héritabilité familiale, dont la valeur est souvent de 2 à 3 fois plus grande que l'héritabilité individuelle, a rendu particulièrement efficace l'éclaircie des vergers à graines de première génération. Les sélections individuelles ont bénéficié des mêmes avantages : comme la valeur d'héritabilité de la famille est prépondérante dans le processus de sélection, l'héritabilité familiale est prise en compte dans le calcul du gain génétique, en plus de l'héritabilité individuelle.

Entre 2005 et 2008, des tests de gains réels, conçus pour comparer le rendement de lots de semences de différents degrés d'amélioration dans des dispositifs à grandes parcelles (CARSON *et al.* 1999), ont été établis dans toutes les zones d'amélioration, à l'exception de celle du sud du Québec. Ces

tests permettront de valider les estimations des tests de descendances en matière de gains génétiques attendus.

L'aptitude au bouturage de l'épinette noire et la mise au point de techniques opérationnelles pour la production de masse de plants issus de boutures (TOUSIGNANT *et al.* 1995 et 1996) nous a fourni l'occasion d'établir simultanément des vergers, des parcs d'hybridation et des tests de clones composés des mêmes arbres sélectionnés. Ces tests nous ont déjà permis de classer, sur un même site, des clones provenant de plusieurs régions différentes et de déterminer les plans de croisements avec plus de sûreté. Les résultats de ces tests serviront éventuellement à orienter l'éclaircie ou la récolte dirigée dans les vergers à graines.

Dans un avenir rapproché, nous serons en mesure d'évaluer la stabilité phénotypique des clones, tant pour la croissance que la qualité du bois (densité et module d'élasticité), et d'établir une procédure pour la sélection de clones basée sur plusieurs critères. Déjà, des mesures ont été entreprises sur les arbres sélectionnés dans les tests de descendances (ortets), rendus approximativement au tiers de leur période de rotation (entre 20 et 25 ans), pour prédire leur performance à plus long terme. Ces mesures viseront notamment à estimer le potentiel de croissance en volume de ces arbres, une donnée habituellement absente des mesures à 10 ans. Ces renseignements seront très utiles pour confirmer les résultats des sélections individuelles réalisées au même moment. En effet, en d'autres circonstances, celles-ci pourraient comporter une part d'imprécision quant aux rangs des arbres sélectionnés. Par exemple, dans les provenances pancanadiennes, les sélections précoces de provenances en pépinière se sont avérées tout à fait inadéquates (MORGENSTERN 1973, CORRIVEAU 1982, BOYLE 1986a). En milieu naturel, on note encore des changements importants dans le rang des provenances après 15 ans (MORGENSTERN et HALL 1990). Cependant, l'expérience nous a montré que la composition d'ensemble des familles conservées dans un verger après éclaircie serait peu influencée par une sélection plus tardive, car globalement, les meilleures familles demeurent les

mêmes, même si le rang respectif de chaque famille est susceptible de varier à l'intérieur du groupe. En ce qui concerne les arbres sélectionnés, le suivi des arbres de plus de 20 ans ainsi que celui des tests de clones nous permettront de valider leur choix.

Le maintien de la diversité génétique des populations de production est un souci constant en amélioration génétique. En effet, ce facteur est susceptible d'influencer l'adaptabilité des plantations aux variations des conditions climatiques ainsi que leur rendement à long terme. Cette question est abordée de plus en plus fréquemment par les améliorateurs, vu l'avancement des programmes d'amélioration génétique et la diminution progressive de la taille des populations d'amélioration. Chez les conifères en général, et notamment chez l'épinette blanche et le pin gris, il a été démontré qu'un groupe restreint de 20 à 80 individus sélectionnés est susceptible de comporter, globalement, une diversité génétique comparable à celle d'une population naturelle (DESPONTS *et al.* 1993, GODT *et al.* 2001, YANCHUK 2001). Par contre, le risque de perdre des allèles rares ou peu fréquents augmente à mesure que la taille de la population diminue. Il faut aussi mentionner que la répartition des allèles rares peut être restreinte géographiquement, et qu'un échantillon provenant d'un grand nombre d'individus dans un seul peuplement ou dans un secteur limité risque aussi de ne pas comporter plusieurs de ces allèles peu fréquents. Considérant ces faits, on peut raisonnablement émettre l'hypothèse que les vergers de clones actuels comportent une diversité génétique comparable, sinon supérieure, à celles des vergers de semis pris individuellement, dont les provenances étaient généralement limitées à une région. Pour leur part, les populations d'amélioration et de support, qui comprennent 300 individus d'au moins 200 familles différentes par zone d'amélioration, ont une taille suffisante pour maintenir leur diversité au cours des prochains cycles d'amélioration, moyennant une gestion adéquate des ressources génétiques. D'un

point de vue plus global, une stratégie de conservation intégrale des ressources génétiques nécessite des milliers de génotypes. Dans ce contexte, les tests de descendance et les vergers de première génération pourront constituer en eux-mêmes une réserve de diversité de niveau intermédiaire entre les populations naturelles et les populations d'amélioration des générations à venir. Ce concept est désigné par le terme *inter-situ* (YANCHUK 2001).

Nos résultats ont notamment mis en évidence la nécessité d'une fertilité minimale des sites pour réaliser une sélection efficace. L'épinette noire est une espèce boréale très rustique, qui peut s'accommoder d'un grand nombre d'habitats jusqu'en zone hémis-arctique. Cependant, lorsque le milieu devient contraignant pour le développement des arbres, des variations dans la nature du sol à l'échelle du micro-site peuvent induire des différences de croissance importantes entre individus voisins, masquant l'effet du génotype. Cette variance accrue de la hauteur des arbres semble étroitement liée au rendement de l'ensemble d'une plantation ou des arbres dominants. Les paramètres génétiques peuvent se situer à un niveau comparable à celui de l'ensemble des dispositifs, mais leur validité peut être remise en cause. En particulier, les écarts de sélection peuvent s'avérer exagérés et se traduire par des gains génétiques biaisés. Selon nos résultats, la sélection risque d'être beaucoup moins efficace au-delà du 50° parallèle, en particulier en milieu continental. À titre d'exemple, un dispositif a été établi en 1996 au nord du lac Saint-Jean pour évaluer les gains réels de vergers non éclaircis. Ce dispositif comprend quatre tests identiques. Les résultats à 10 ans indiquent un IQS₂₅ de 7,4 m et de 8,0 m pour les deux dispositifs situés au 49° parallèle (49° 25' N. et 49° 15' N.), contre seulement 5,2 et 5,3 m pour les deux autres dispositifs situés près du 50° (50° 03' N. et 50° 07' N.). Au-delà du 50° parallèle, le développement des arbres est donc nettement limité par les conditions pédoclimatiques.

Conclusion

Les travaux de la première génération d'amélioration génétique de l'épinette noire nous ont permis de sélectionner des arbres-plus au sein d'une masse très importante d'individus testés partout au Québec. Cette première phase en était une de filtrage des populations naturelles, essentiellement en fonction de la croissance en hauteur; elle a mené à un gain génétique important. Depuis 2006, des individus « élites », descendant de ces arbres-plus, font l'objet de croisements dirigés, en vue de constituer de nouvelles populations de deuxième génération encore plus performantes pour les quatre zones d'amélioration les plus méridionales. Ces croisements se poursuivront encore pendant quelques années; les descendants biparentaux seront ensuite testés pendant au moins 8 à 10 ans en milieu naturel. Les sélections à venir parmi ces derniers sont susceptibles d'apporter encore un gain additionnel important en croissance, mais elles seront aussi l'occasion de choisir des familles ou des individus en fonction de plusieurs critères supplémentaires, notamment la qualité du bois. Une étude en cours montre que la densité et le module d'élasticité du bois d'épinette noire sont des caractères dont l'héritabilité se compare aux caractères de croissance, et que ces traits peuvent

aisément s'intégrer dans le processus de sélection grâce à des mesures non destructives sur les arbres en plantation.

Entre-temps, le mesurage des tests de clones et des arbres sélectionnés dans les tests de descendance de plus de 20 ans nous permettra, d'ici peu, d'améliorer les populations sélectionnées autant sur le plan de la croissance et du rendement en volume que de la qualité du bois. Les résultats des tests de clones permettront de sélectionner les individus avec une précision inégalée. Cela devrait mener à une production de plants de plus grande qualité, soit par de nouveaux croisements qui seront ensuite reproduits végétativement en masse, soit par des récoltes dirigées dans les vergers à graines existants, soit par l'éclaircie de ces vergers. Ajoutons que d'autres études devant mener à la sélection au niveau moléculaire se poursuivent, notamment pour des caractères d'adaptation à l'environnement et à la qualité du bois. L'identification de tels marqueurs représenterait un tournant majeur dans la poursuite du programme, à un degré qu'il nous est d'ailleurs encore difficile à mesurer.

Références bibliographiques

- BEAUDOIN, R., Y. LAMONTAGNE et M. VILLENEUVE, 1993. *L'implantation du réseau de tests de descendance qui accompagnent les vergers à graines de semis. Bilan des réalisations*. Gouvernement du Québec, ministère des Ressources naturelles, Direction de la recherche. Note de recherche forestière n° 54. 10 p. [www.mrn.gouv.qc.ca/publications/forets/connaissances/recherche/Beaudoin-Roger/NOTE54.pdf].
- BEAULIEU, J., 1996. *Programme et stratégie d'amélioration génétique de l'épinette blanche au Québec*. Ressources naturelles Canada. Service canadien des forêts, Centre de foresterie des Laurentides, Sainte-Foy, Québec. Rapport d'information LAU-X-117. 26 p.
- BEAULIEU, J., 2009. OPTISOURCE : un outil pour optimiser le transfert de semences. L'éclaircie n° 55. Ressources naturelles Canada, Service canadien des forêts, Centre de foresterie des Laurentides. 2 p. [cfs.nrcan.gc.ca/pubwarehouse/pdfs/31543.pdf].
- BEAULIEU, J., A. CORRIVEAU et G. DAOUST, 1989. *Stabilité phénotypique et délimitation de zones d'amélioration de l'épinette noire au Québec*. Forêts Canada, Région du Québec, Sainte-Foy (Québec). Rapport d'information LAU-X-85. 42 p.
- BEAULIEU, J., M. PERRON et J. BOUSQUET, 2004. *Multivariate patterns of adaptive genetic variation and seed source transfer in Picea mariana*. Can. J. For. Res. 34 : 531-545.
- BOYLE, T.J.B., 1986a. *Tests de provenances dans l'aire de distribution de l'épinette noire en Ontario*. Service canadien des forêts, Institut forestier national de Petawawa, Chalk River, Ontario. Rapport d'information PI-X-57F. 36 p.
- BOYLE, T.J.B., 1986b. *Ten-year height growth of open-pollinated black spruce families in Ontario*. Canadian Forestry Service, Petawawa National Forestry Institute, Chalk River, Ontario. Information Report PI-X-61. 25 p. [cfs.nrcan.gc.ca/publications/download-pdf/32588].
- CARSON, S.D., O. GARCIA et J.D. HAYES, 1999. *Realized gain and prediction of yield with genetically improved Pinus radiata in New Zealand*. For. Sci. 45 : 186-200.
- COLES, J.F., 1979. *New Brunswick tree improvement council makes impressive strides*. For. Chron. 55 : 32-33.
- CORRIVEAU, A.G., 1982. *Variabilité spatiale et temporelle de la croissance juvénile des provenances d'épinette noire au Québec*. Compte-rendu de la 18^e conférence de l'Association canadienne pour l'amélioration des arbres. Duncan, Colombie-Britannique, 17-20 août 1981. Partie 1. Environnement Canada, Service canadien des forêts, Institut forestier national de Petawawa, Chalk River, Ontario. p. 181-187.
- COTTERILL, P., C. DEAN, J. CAMERON et M. BRINDBERGS, 1988. *Nucleus breeding : A new strategy for rapid improvement under clonal forestry*. Dans : *Breeding tropical trees: population structure and genetic improvement strategies in clonal and seedling forestry*. Compte-rendu d'une conférence de l'IUFRO. Pattaya, Thaïlande. 28 novembre-2 décembre 1988. p. 39-51.
- DESPONTS, M., A. PLOURDE, J. BEAULIEU et G. DAOUST, 1993. *Impact de la sélection sur la variabilité génétique de l'épinette blanche au Québec*. Can. J. For. Res. 23 : 1196-1202.
- FALCONER, D.S. et T.F.C. MACKAY, 1996. *Introduction to quantitative genetics*. Fourth Edition. Pearson Education Limited, Edinburgh, Royaume-Uni. 480 p.
- FOWLER, D.P. et Y.S. PARK, 1982. *Range-wide black spruce provenance trials in the Maritimes*. Environment Canada, Canadian Forestry Service, Maritimes Forestry Centre. Fredericton, Nouveau-Brunswick. Information Report M-X-137. 25 p.
- GODT, M.J.W., J.L. HAMRICK, M.A. EDWARDS-BURKE et J.H. WILLIAMS, 2001. *Comparisons of genetic diversity in white spruce (Picea glauca) and jack pine (Pinus banksiana) seed orchards with natural populations*. Can. J. For. Res. 31 : 943-949.
- LAMONTAGNE, Y., 1978. *Guide relatif à la sélection d'arbres-plus*. Gouvernement du Québec, ministère de l'Énergie et des Ressources, Service pépinières et reboisement. 30 p.
- LAMONTAGNE, Y., 1992. *Vergers à graines de première génération et tests de descendance implantés au Québec pour les espèces résineuses. Bilan des réalisations*. Gouvernement du Québec, ministère des Forêts, Direction de la recherche. Mémoire de recherche forestière n° 106. 40 p. [www.mrn.gouv.qc.ca/publications/forets/connaissances/recherche/Divers/Memoire106.pdf].

- LITTELL, R.C., G.A. MILLIKEN, W.W. STROUP et R.D. WOLFINGER, 1996. *SAS system for mixed models*. SAS Institute, Cary, NC. 633 p.
- LU, P. et P. CHARRETTE, 2008. *Genetic parameter estimates for growth traits of black spruce in northwestern Ontario*. Can. J. For. Res. 38 : 2994-3001.
- MAGNUSSEN, S., 1993. *Bias in genetic variance estimates due to spatial autocorrelation*. Theor. Appl. Genet. 86(2-3) : 349-355.
- MORGENSTERN, E.K., 1973. *Heritability and genetic gain for height growth in a nursery experiment with black spruce*. Petawawa Forest Experiment Station. Chalk River, Ontario. Information Report PS-X-44. 10 p.
- MORGENSTERN, E.K., 1978. *Range-wide genetic variation of black spruce*. Can. J. For. Res. 8 : 463-473.
- MORGENSTERN, E.K. et J.P. HALL, 1990. *Genetic aspects of black spruce silviculture*. Dans : *The silvics and ecology of boreal spruces*. Proceedings of the 11th IUFRO Northern Forest Silviculture and Management Working Party S1.05-12 Symposium, Terre-Neuve, 12-17 Août, 1989. Forêts Canada, Rapport d'information N-X-271, p. 107-111.
- MORGENSTERN, E.K. et T.J. MULLIN, 1990. *Growth and survival of black spruce in the range-wide provenance study*. Can. J. For. Res. 20 : 130-143.
- PARKER, W.H. et A. VAN NIEJENHUIS, 1996. *Regression-based focal point seed zones for Picea mariana from northwestern Ontario*. Can. J. Bot. 74 : 1227-1235.
- PARKER, W.H., A. VAN NIEJENHUIS et P. CHARETTE, 1994. *Adaptive variation in Picea mariana from northwestern Ontario determined by short-term common environment tests*. Can. J. For. Res. 24 : 1653-1661.
- PRÉGENT, G., V. BERTRAND et L. CHARRETTE, 1996. *Tables préliminaires de rendement pour les plantations d'épinette noire au Québec*. Gouvernement du Québec, ministère des Ressources naturelles, Direction de la recherche forestière. Mémoire de recherche forestière n° 118. 70 p. [www.mrn.gouv.qc.ca/publications/forets/connaissances/recherche/Pregent-Guy/Memoire118.pdf].
- ROBITAILLE, A. et J.P. SAUCIER, 1998. *Paysages régionaux du Québec méridional*. Les Publications du Québec. 213 p.
- SIMPSON, D. et K. TOSH, 1997. *The New Brunswick tree improvement council is 20 years old*. For. Chron. 73(5) : 572-577.
- THIBEAULT, M. et D. HOTTE, 1985. *Les régions écologiques du Québec méridional*. Deuxième approximation. Ministère de l'Énergie et des Ressources, Service de la cartographie. Carte.
- TOUSIGNANT, D., M. VILLENEUVE, M. RIOUX et S. MERCIER, 1995. *Effect of tree flowering and crown position on rooting success of cuttings of 9-year-old black spruce of seedling origin*. Can. J. For. Res. 25 : 1058-1063.
- TOUSIGNANT, D., P. PÉRINET et M. RIOUX, 1996. *Le bouturage de l'épinette noire à la pépinière de Saint-Modeste*. Gouvernement du Québec, ministère des Ressources naturelles. Code de diffusion RN96-3004. 33 p. [www.mrn.gouv.qc.ca/publications/forets/connaissances/recherche/Tousignant-Denise/Rapport-le-bouturage.pdf].
- VALLÉE, G., 1969. *Programme général pour l'amélioration des arbres forestiers au Québec*. Gouvernement du Québec, ministère des Terres et Forêts, Service de la recherche. Rapport interne n° 40. 59 p.
- VALLÉE, G., 1975. *L'amélioration des arbres forestiers au ministère des Terres et Forêts du Québec*. For. Chron. 51(6) : 236-239.
- VILLENEUVE, M., 1988. *Notes sur la conception des tests de descendance*. Gouvernement du Québec, ministère de l'Énergie et des Ressources. Direction de la recherche et du développement, Service de l'amélioration des arbres. Rapport interne n° 302. 21 p.
- VILLENEUVE, M., 1999. *Le programme d'amélioration génétique de l'épinette noire : déjà 30 ans*. Dans : *Les programmes d'amélioration génétique : Bilan des réalisations*. Gouvernement du Québec, ministère des Ressources naturelles, Forêt Québec, Direction de la recherche forestière. Colloque tenu à Rivière-du-Loup (Québec), 28-30 septembre 1999. p. 47-51.
- WHITE, T.L. et G.R. HODGE, 1989. *Predicting breeding values with applications in forest tree improvement*. Collection Forestry Sciences, Volume 33. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, Pays-Bas. 367 p.
- WRIGHT, J.W., 1976. *Introduction to forest genetics*. Academic Press Inc., New York. 463 p.

- WRIGHT, J.W., 1978. *An analysis method to improve statistical efficiency of a randomized complete block design*. *Silvae Genet.* 27 : 12-14.
- YANCHUK, A.D., 2001. *A quantitative framework for breeding and conservation of forest tree genetic resources in British Columbia*. *Can. J. For. Res.* 31 : 566-576.
- ZOBEL, B. et J. TALBERT, 1991. *Applied forest tree improvement*. Waveland Press Inc. 505 p.



Voilà plus de 100 ans que les pépinières publiques du Québec produisent des plants forestiers. Avec l'expansion du programme de reboisement au début des années 1980, des investissements importants ont été consentis par la Direction de la recherche forestière pour l'amélioration génétique des arbres. Des projets structurés ont vu le jour pour les principales essences commerciales, notamment l'épinette noire, afin de produire des arbres de meilleure qualité et augmenter le rendement des plantations. Des variétés génétiquement améliorées d'épinette noire adaptées aux différentes régions écologiques du territoire forestier québécois sont maintenant disponibles. Ce mémoire présente la stratégie adoptée pour la production d'une première génération d'amélioration de l'épinette noire, les résultats obtenus ou anticipés, ainsi que les travaux en cours pour la production d'une deuxième génération encore plus performante.

**Ressources
naturelles**

Québec 

