

Avis technique

SGEF-29

Direction de la recherche forestière

Titre :	Intégration du gain génétique des arbres améliorés dans les courbes de rendement en plantation : prudence et patience
Auteur(s) :	Martin Perron, Julie Barrette, Isabelle Auger et Josianne DeBlois
Date :	Novembre 2023

Les améliorateurs évaluent le gain génétique en hauteur des arbres en plantations comparatives, au cours des 15 premières années de croissance. Toutefois, cette mesure ne permet pas d'estimer précisément le gain en volume marchand attendu au moment de la récolte. Sur la base de la relation entre le gain en hauteur moyenne et celui en hauteur dominante, nous recommandons de réduire de moitié le pourcentage de gain génétique en hauteur, lorsque celui-ci est appliqué à la hauteur dominante utilisée pour les tables de rendement. Dans cet avis, nous présentons une démonstration théorique confirmant qu'une telle réduction est nécessaire et justifiée.

1. Contexte

Un des objectifs du Comité de liaison du Bureau du Forestier en chef (BFEC) et du Secteur des Forêts est de déterminer comment intégrer le rendement accru des plants de reboisement issus de l'amélioration génétique dans le calcul des possibilités forestières.

Les courbes de rendement actuellement utilisées dans le calcul des possibilités forestières sont basées sur des mesurages de plantations établies avant le déploiement des plants améliorés. Or, depuis plus de 50 ans, les principales espèces utilisées pour le reboisement au Québec font l'objet de programmes d'amélioration génétique (**AG**) visant à augmenter la croissance et le rendement des arbres plantés (Rainville *et al.* 2003). Le gain génétique en hauteur mesuré dans le cadre de ces programmes gagne donc à être pris en compte afin d'ajuster à la hausse les courbes de rendement existantes pour refléter le rendement accru des plants améliorés génétiquement.

En effet, la croissance juvénile en hauteur et les traits d'adaptation sont les critères de sélection prioritaires utilisés par les généticiens (p. ex. : Perron 2010, Despots et Numainville 2013). Au fil des années, les travaux des programmes d'AG ont permis de constituer et d'améliorer les populations de production, notamment celles des vergers à graines implantés depuis 1978 sur le territoire forestier québécois (Lamontagne 1993). Depuis les premières récoltes dans ces vergers et les recommandations récurrentes issues des programmes d'AG, les plants utilisés pour le reboisement ont montré un potentiel de croissance

supérieur à celui des arbres de la forêt naturelle. Depuis le milieu des années 2000, plus de 50 % des plants livrés pour le reboisement au Québec étaient améliorés (Carles et Montmigny 2017) et depuis 2017, ce pourcentage est d'environ 90 % (86-94 %; Sylvie Carles, Direction de l'expertise et de la coordination de la direction générale de la production de semences et de plants forestiers, communication personnelle).

Cependant, les courbes de rendement à partir desquelles les tables de rendement actuelles sont construites sont basées sur des mesurages de plantations ayant été établies avant le déploiement de tels plants améliorés. L'intégration des gains génétiques en hauteur dans les calculs des possibilités forestières et dans les tables de rendement des plantations, bien que nécessaire, doit être faite avec justesse. Comme il s'agit d'un exercice complexe, nous illustrerons ici plusieurs aspects et connaissances qui doivent être pris en considération pour cette intégration; notamment à l'aide d'un bref survol de la littérature.

2. Méthode de calcul du gain génétique

Le gain génétique associé à un trait pour un parent ou un groupe de parents (p. ex. : un verger à graines donné) est exprimé par la valeur d'amélioration (**VA**). Il s'agit de la prévision de la performance des descendants, exprimée en écart à la moyenne de la population testée, généralement obtenue à l'aide de la méthode BLUP (« Best Linear Unbiased Prediction » ou meilleure prévision linéaire non biaisée), dont l'un des avantages est de tenir compte de la précision de l'évaluation des éléments génétiques (p. ex. : famille, clone) dans la prévision de la VA. Les VA s'interprètent comme un gain ou une perte. Ainsi, les meilleurs éléments génétiques et les arbres sélectionnés (**AS**) comme parents ont des VA positives, exprimées soit en pourcentage, soit dans l'unité du trait mesuré. Les méthodes modernes d'analyse et de prévision des VA prennent en compte les effets spatiaux (effet de proche voisinage et effet de grande tendance de site) et de compétition (effet génétique indirect), ce qui améliore la précision des valeurs d'amélioration, le classement des arbres-candidats, les sélections et bien entendu les prévisions de gains génétiques.

Message à retenir :

1) *Le gain génétique est exprimé en fonction de la moyenne de la population testée.*

3. Le gain génétique en hauteur juvénile et l'estimation du volume marchand

Dans le but de rapidement transférer des gains génétiques en croissance dans les populations de production (p. ex. : des vergers à graines) pour qu'ils se concrétisent lors du reboisement opérationnel, les programmes d'AG des arbres appliquent une sélection indirecte pour améliorer le volume marchand (trait cible), notamment par l'entremise de la hauteur juvénile (trait mesuré) des futurs parents. Cette approche s'explique par le long cycle de reproduction et la longue révolution des arbres forestiers. La hauteur, mesurée au stade juvénile, est le principal trait ciblé dans les programmes de sélection des arbres (p. ex. : Zobel et Talbert 1984, White *et al.* 2007). Ainsi, les classements et les sélections pour les principales

espèces de reboisement au Québec ont été basés sur des mesures de hauteurs à 8, 10 et 15 ans, selon les espèces et les séries de tests.

Toutefois, la prévision du gain génétique en hauteur juvénile à partir de données des tests génécologiques (plantations comparatives de plusieurs éléments génétiques; p. ex. : tests de descendance pour comparer des familles) ne suffit pas toujours pour prévoir précisément le gain en productivité (volume marchand à l'hectare) associé à la croissance supérieure des arbres issus d'un programme d'AG (p. ex. : Kimberley *et al.* 2015). Les tests génécologiques utilisent généralement des parcelles à arbre unique ou des parcelles linéaires d'individus d'un même élément génétique, afin de comparer et de classer efficacement un grand nombre (plusieurs centaines) d'éléments génétiques. Cependant, dans les tests génécologiques, la compétition peut amplifier les différences de croissance entre les éléments génétiques et ainsi occasionner une surestimation du gain génétique. En effet, dans ces conditions, les éléments génétiques dominés n'exprimeront pas leur plein potentiel de croissance, ce qui réduira la moyenne de la population testée qui sert de base de comparaison. C'est pourquoi les généticiens ont recours à des tests de gains réels (voir la section 5) dont les conditions de croissance s'apparentent davantage à celles rencontrées dans les plantations commerciales. Cela permet de mieux évaluer le volume marchand à l'hectare des plantations améliorées.

Le défilement ou le rapport hauteur/diamètre (**H/D**) figure parmi les facteurs qui préoccupent les généticiens dans la détermination du volume marchand des arbres améliorés. Il est connu que l'allocation de la biomasse varie entre les espèces et que les arbres d'un même volume peuvent avoir des défilements ou des rapports H/D différents. Actuellement, pour plusieurs espèces, on ne sait pas si ni comment la sélection pour la hauteur juvénile modifie la relation hauteur-diamètre une fois que l'arbre est parvenu à maturité. Un changement dendrométrique à maturité chez les AS sur la base de leur hauteur juvénile pourrait occasionner des biais dans l'estimation du volume, puisque le diamètre et la hauteur sont directement utilisés dans les équations de défilement et les tarifs de cubage actuels.

Présentement, il ne semble pas y avoir de variation génétique associée au rapport H/D (ou au rapport diamètre/hauteur, **D/H**) mesuré au stade juvénile. En effet, dans de nombreux programmes de sélection à travers le monde, notamment pour les genres *Pinus*, *Picea* et *Larix*, on rapporte que le rapport H/D (ou D/H) des AS au stade juvénile (lors de la sélection) est semblable à celui des arbres non sélectionnés. Toutefois, l'importance de la variation génétique pour cette relation à maturité est peu connue. Pour le moment, au stade de maturité ou de fin de révolution, il a été observé que :

- Chez *Pinus sylvestris* L. (27-28 ans après plantation), les AS pour leur hauteur juvénile et leurs familles présentent un rapport D/H différent des autres familles et sont plus minces (Kroon *et al.* 2008); en conséquence, ils produiront moins de volume marchand.
- Chez *Larix laricina* (26 et 31 ans) (Du Roi) K. Koch et *P. banksiana* Lambert (37 ans), les AS pour leur hauteur juvénile (VA positive) présentent deux classes de diamètre à hauteur de poitrine (DHP)

à maturité (certaines VA négatives, d'autres positives) et une seule classe de hauteur. Ainsi, certains arbres (individus ou familles) sont minces et d'autres gros, mais il y a absence de variation génétique en hauteur à maturité (Martin Perron *et al.*, données inédites).

Du fait que la variabilité génétique du rapport H/D à maturité n'est pas bien connue et qu'elle semble varier différemment pour divers genres, il y a de l'incertitude concernant la différence d'allocation de la biomasse entre des arbres améliorés ou non sur la base de la hauteur juvénile. Comme les arbres non améliorés ont servi pour la construction des tables de rendement actuelles, cette incertitude se répercute dans l'estimation du volume marchand d'arbres améliorés.

Encore aujourd'hui, à travers le monde, pour la majorité des espèces, la relation entre la hauteur juvénile et le volume marchand à maturité reste à définir pour divers indices de qualité de station (IQS).

Messages à retenir :

- 2) *Le gain génétique en hauteur juvénile à partir de tests génécologiques pourrait être surestimé.*
- 3) *Le volume marchand en fin de révolution des arbres améliorés n'a pas encore fait l'objet de mesurage.*
- 4) *La relation entre la hauteur juvénile et le volume marchand en fin de révolution reste à définir.*
- 5) *Les rapports H/D et le défilement des AS selon leur hauteur juvénile restent à préciser à maturité pour plusieurs genres et espèces.*

4. Variation du gain génétique en hauteur juvénile selon l'IQS de plantation

En plantation, l'IQS correspond à la hauteur dominante (H_D) à 25 ans exprimée en mètres, soit la hauteur moyenne des 100 arbres dominants et codominants les plus hauts sur une surface d'un hectare (p. ex. : Prégent *et al.* 2010). D'après les observations issues des tests génécologiques des programmes d'AG de plusieurs espèces, la variation génétique de la croissance en hauteur juvénile serait plus grande dans les stations avec les meilleurs IQS (p. ex. : Desponts *et al.* 2017). Par contre, nous avons aussi observé l'inverse pour *Picea abies*, et ceci suggère que pour cette espèce, il y a des familles moins exigeantes et peu de facteurs limitants dans les stations avec de bons IQS (Mottet *et al.* 2015).

De plus, les gains génétiques ne s'appliqueraient pas au reboisement dans tous les domaines bioclimatiques, notamment celui de la pessière à mousses, puisque les conditions de croissance défavorables limitent l'expression du potentiel de croissance des arbres (p. ex. : Prégent et Végiard 2000), et de ce fait, l'expression des gains génétiques en croissance. Pour ce domaine, il a d'ailleurs été observé que les grandes variations de fertilité des sols sur quelques dizaines de mètres réduisent l'efficacité de la sélection de parents et celle des prévisions de gain génétique (p. ex. : Desponts et Numainville 2013).

Message à retenir :

- 6) *Les gains génétiques s'exprimeront davantage dans les stations avec les meilleurs IQS, sauf pour *Picea abies*.*

5. Tests de gains réels

La réalisation d'essais à grandes parcelles est la meilleure façon d'obtenir des estimations précises du gain génétique réel obtenu en plantations commerciales à grande échelle. Ces essais permettront :

- de confirmer la prévision des gains génétiques en hauteur juvénile des arbres améliorés par rapport à des arbres non améliorés,
- d'éliminer l'augmentation de la variation par l'effet de compétition entre les éléments génétiques (car les arbres ayant une croissance inférieure à la moyenne ne seraient pas supprimés),
- de préciser l'estimation des IQS en présence d'arbres améliorés,
- d'observer la relation hauteur-diamètre à maturité en contexte de plantation opérationnelle,
- d'estimer plus précisément le rendement à l'hectare des arbres améliorés,
- de mieux ajuster les tables de rendement actuelles pour les arbres améliorés.

Ces plantations comparatives contiennent des parcelles de taille suffisante pour permettre d'installer au moins une rangée tampon d'arbres autour de chaque parcelle, ce qui élimine en grande partie la concurrence entre des arbres d'éléments génétiques différents. Par exemple, des parcelles de 10 arbres × 10 arbres de chacun des éléments génétiques permettront de mesurer 64 arbres ayant seulement des voisins d'un même élément génétique.

En raison de leur taille, la mise en place et le suivi de telles plantations sont extrêmement coûteux, surtout si elles comportent un nombre adéquat de répétitions, divers espacements, divers régimes d'éclaircie et divers traitements d'élagage. C'est pourquoi elles ne peuvent tester qu'un nombre limité d'éléments génétiques et de témoins non améliorés.

Dans le monde, les tests de gains réels juvéniles ou jusqu'à mi-révolution (p. ex. Stoehr *et al.* 2010, Ye *et al.* 2010, Weng *et al.* 2010, Kimberley *et al.* 2015, Liziniewicz *et al.* 2019) ont permis de confirmer :

- que les prévisions de gain génétique en hauteur juvénile sont efficaces pour un élément génétique précis (p. ex. : une famille), mais qu'elles peuvent être surestimées pour un ensemble d'éléments génétiques (p. ex. : un verger regroupant plusieurs familles),
- qu'il y a une corrélation positive entre les gains génétiques observés au stade juvénile et l'IQS,
- qu'au stade juvénile, des multiplicateurs simples peuvent servir à ajuster des tables de rendement et à estimer le volume total, puisqu'il n'y a pas encore beaucoup de volume marchand,
- que la hauteur juvénile n'est pas affectée par la densité de plantation (nombre de plants à l'hectare),
- que le volume total par arbre et à l'hectare peut être plus grand que prévu (puisque pour certaines espèces, la relation n'est pas nécessairement linéaire entre le gain en hauteur et celui en DHP),
- et finalement, qu'à ce stade, la distribution des classes de hauteur et de DHP est semblable pour les témoins et les arbres améliorés.

Cependant, il y a eu très peu de mesurages dans des tests génécologiques (de descendance ou de gains réels) matures. De plus, comme nous l'avons mentionné précédemment (section 3), l'allocation de la

biomasse diffère entre le stade juvénile et le stade mature, et cette relation varie selon les espèces et les éléments génétiques. Il est donc important de poursuivre les suivis de tests génécologiques jusqu'à la fin de la révolution pour s'assurer que l'application d'une simple correction des tables de rendement estimera correctement le volume marchand d'arbres améliorés sur la base de leur croissance juvénile.

Messages à retenir :

- 7) *Les tests de gains réels en jeune âge indiquent que les prévisions de gain génétique en hauteur se concrétisent.*
- 8) *Pour plusieurs espèces améliorées, des suivis à long terme en tests de gains réels, dans des conditions semblables à celles des plantations opérationnelles, sont requis pour vérifier la productivité en volume marchand à l'hectare en fin de révolution, ainsi que l'allocation de la biomasse.*
- 9) *À maturité, la comparaison de la distribution à l'hectare des hauteurs et des diamètres des arbres améliorés (sélectionnés sur la base de la hauteur) ou non améliorés reste à vérifier pour plusieurs espèces et régimes sylvicoles.*

6. Recommandation pour l'ajustement des tables de rendement

D'après une démonstration théorique et des suivis faits ces dernières années dans les divers dispositifs des programmes d'AG, il faut réduire de 50 % le gain génétique en pourcentage basé sur la hauteur moyenne des arbres d'un test génécologique pour l'appliquer à la H_D . Par exemple, pour une VA de 10 % en hauteur moyenne au stade juvénile (10-15 ans), un gain de 5 % sera appliqué sur la H_D au même âge afin d'obtenir un IQS ajusté pour les arbres améliorés en hauteur juvénile. En effet, pour appliquer le gain génétique en hauteur moyenne à la H_D d'une plantation d'arbres non améliorés, il faut comprendre le lien entre ces deux variables. Le gain génétique est le gain en hauteur des descendants des AS exprimé par rapport à la hauteur moyenne de tous les arbres du test de descendances, tandis que la H_D est la hauteur moyenne des 100 plus hauts arbres à l'hectare, soit la moyenne des arbres dans la partie supérieure de la distribution d'une population. Ainsi, les AS sont généralement un sous-ensemble des 100 plus hauts arbres à l'hectare, déterminé selon le nombre d'AS, la densité de plantation et le nombre total d'arbres dans le test. **De ce fait, le gain génétique en hauteur moyenne de tous les arbres, exprimé en pourcentage, ne peut donc pas être appliqué directement à la H_D .** Dans un test donné, puisque la H_D est plus grande que la hauteur moyenne, le gain en H_D sera surestimé s'il est calculé directement à partir du gain en pourcentage de la hauteur moyenne.

Il faut plutôt évaluer la différence entre la H_D d'une plantation de plants améliorés (H_{Da}) et celle d'une plantation de plants non améliorés (H_{Dna}).

En théorie, cette différence de H_D peut se calculer en posant l'hypothèse que la distribution de la hauteur des arbres d'une plantation suit une loi normale, tout en s'appuyant sur le fait que la H_D est la hauteur moyenne d'une fraction supérieure de la distribution (annexes 1 et 2) et que le gain génétique en hauteur moyenne déplace la moyenne de la distribution (figure 1). Étant donné que la H_D est basée sur les 100 plus hauts arbres à l'hectare, la valeur de la fraction de la distribution dépend de la densité totale de la plantation.

Par exemple, pour une plantation avec 1 800 arbres à l'hectare, la fraction sera de 0,0556 (soit 100/1 800), tandis que pour une densité de 1 500 arbres à l'hectare, cette fraction sera de 0,0667.

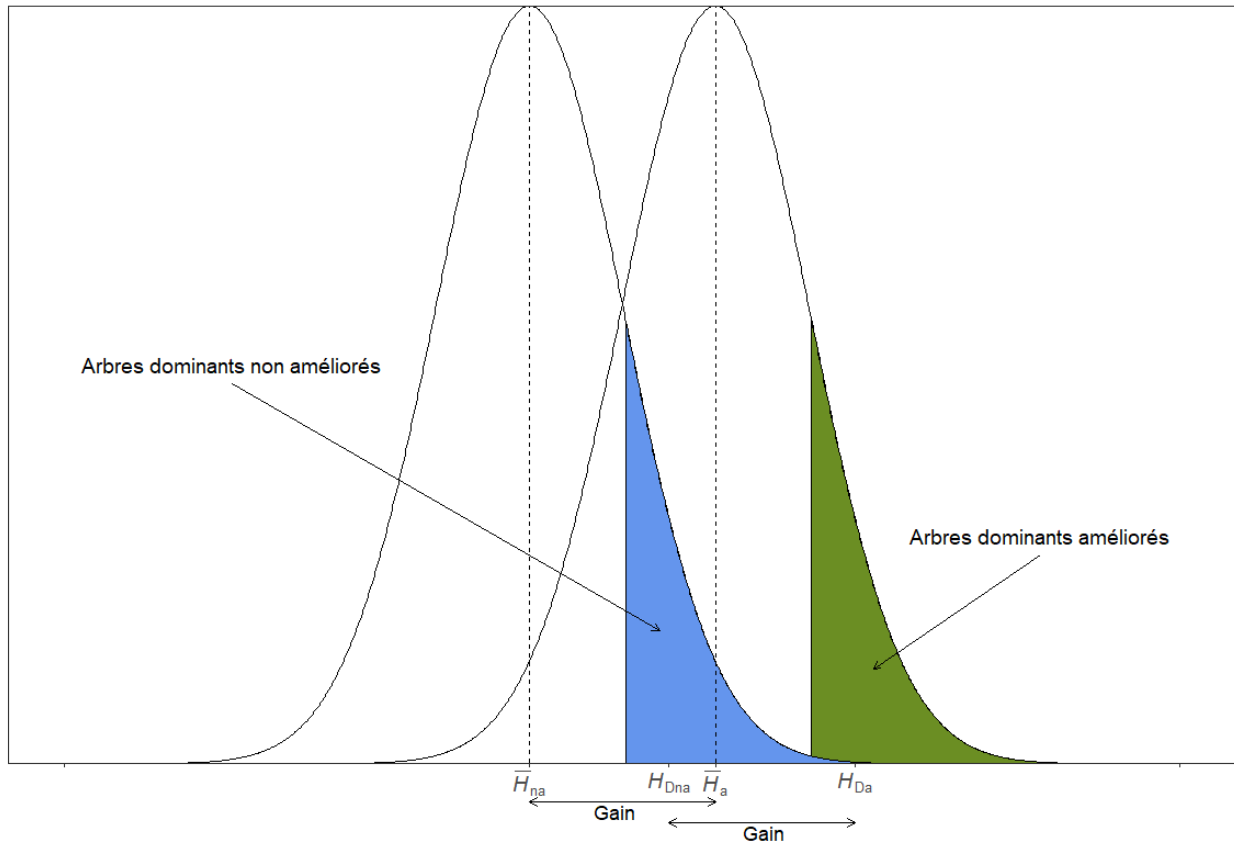


Figure 1. Illustration de la distribution théorique d'une population non améliorée de moyenne \bar{H}_{na} et d'une population améliorée de moyenne \bar{H}_a avec un gain génétique en hauteur de $\bar{H}_a - \bar{H}_{na}$ (en valeur relative à \bar{H}_{na}). Le gain génétique est le même pour la hauteur dominante ($H_{Da} - H_{Dna}$), en supposant la même variance dans les deux populations, mais il s'exprime en valeur relative à H_{Dna} . Les groupes d'arbres utilisés pour calculer les hauteurs dominantes sont représentés par la zone bleue (arbres non améliorés) et la zone verte (arbres améliorés).

En posant l'hypothèse que les distributions des plants améliorés et non améliorés ont la même variance, on peut démontrer que la différence en mètres entre H_{Da} et H_{Dna} correspond à la valeur du gain génétique en hauteur moyenne exprimé en mètres (annexe 3). Par exemple, si le gain génétique en hauteur moyenne est de 1 m, il sera aussi de 1 m pour la H_D . Toutefois, exprimé en pourcentage, le gain relatif ne sera pas le même s'il est exprimé par rapport à la hauteur moyenne (gain génétique, $G_{H\%}$) ou par rapport à la H_D (celui qu'on cherche à évaluer; $G_{HD\%}$). De plus, on peut démontrer que $G_{H\%}$ dépend de la densité d'arbres, du coefficient de variation (**CV**) de la distribution de la hauteur des arbres non améliorés et du $G_{H\%}$, en posant ici aussi l'hypothèse que la variance de la distribution des plants améliorés est la même que celle des plants non améliorés (cette approche est conservatrice, puisqu'on s'attend à ce que cette variance soit plus faible). Toutefois, si l'on exprime $G_{HD\%}$ par rapport à la valeur $G_{H\%}$, ce rapport ne dépend plus que de la densité de plantation et du CV de la hauteur des arbres non améliorés (annexe 3). En faisant varier le CV (10 %, 20 %, 30 %, 40 %) et la densité d'arbres (1 600, 2 000, 2 500, 3 000 arbres·ha⁻¹), on obtient les

résultats présentés à la figure 2. Plus la densité d'arbres est grande et plus le CV de la hauteur est grand, plus le rapport $G_{H_{D\%}}/G_{H\%}$ est petit. Donc pour être conservateur, il faudrait considérer la valeur la plus faible du rapport, soit 0,53, qui correspond aux valeurs les plus élevées de densité et de CV de la hauteur. **Compte tenu de ce résultat, nous recommandons de diviser par deux le gain génétique en hauteur moyenne exprimé en pourcentage avant de l'appliquer à la H_D , donc à l'IQS.**

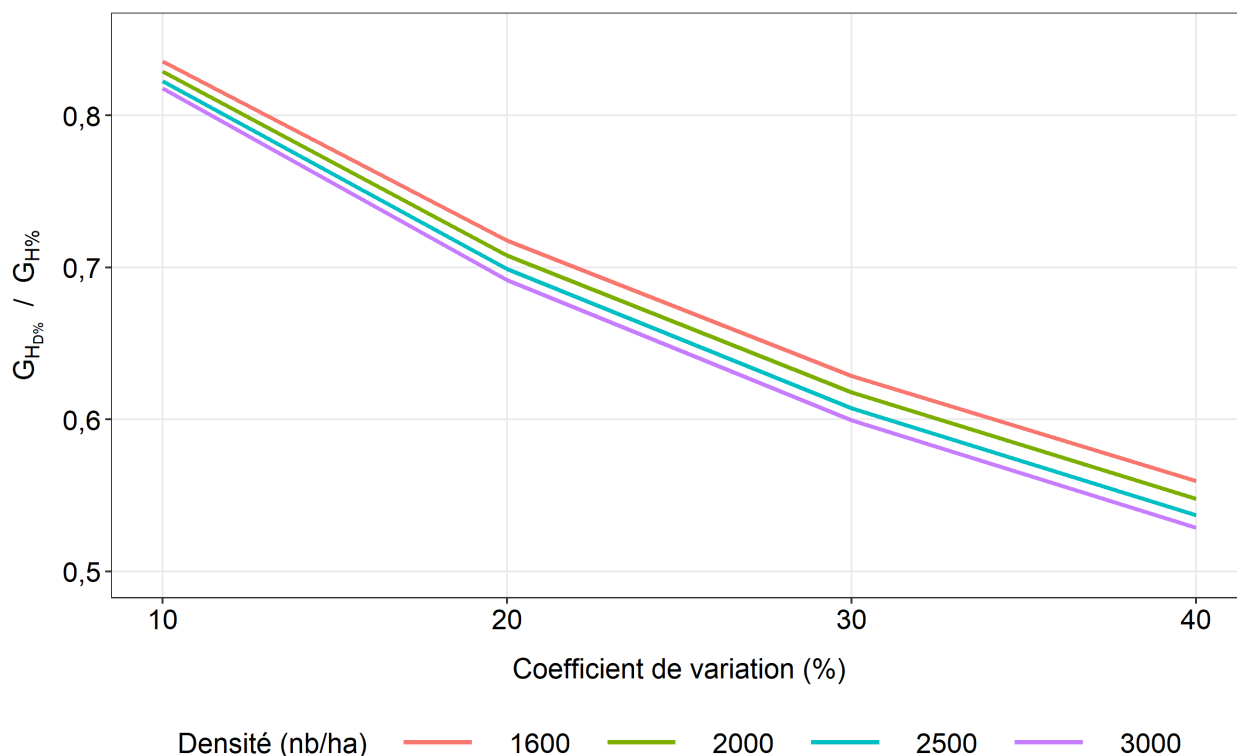


Figure 2. Relation entre le rapport du gain relatif en hauteur dominante ($G_{H_{D\%}}$) sur le gain relatif en hauteur moyenne ($G_{H\%}$) et le coefficient de variation, selon la densité de la plantation.

Les suivis sur le terrain dans les dispositifs des programmes d'AG ont mené à des constats similaires. Dans ce contexte, les tests génécologiques représentent des plantations de plants non améliorés, tandis que les AS dans ces tests représentent des plantations de plants améliorés. Ainsi, les tests nous ont servi à comparer le gain en hauteur moyenne avec le gain en H_D lorsqu'on utilise des plants améliorés. Pour ce faire, nous avons d'abord calculé la hauteur moyenne et la H_D de l'ensemble des arbres du test (respectivement \bar{H}_{na} et H_{Dna}) et celles des AS (respectivement \bar{H}_a et H_{Da}). Puisque la H_D correspond à la hauteur moyenne des 100 plus hauts arbres à l'hectare, nous avons déterminé le nombre d'arbres retenus pour le calcul de H_{Dna} et H_{Da} , respectivement, en fonction de la superficie du test et celle occupée par les AS dans le test. Nous avons ensuite déterminé et comparé les gains relatifs en hauteur moyenne ($G_{H\%}$) et en H_D ($G_{H_{D\%}}$). Sur l'ensemble des tests génécologiques utilisés pour l'épinette blanche et le pin gris, la réduction du gain en H_D par rapport au gain génétique en hauteur moyenne était d'environ 30 %, alors que

pour l'épinette noire, elle était plutôt de 40-50 %. Ces résultats appuient donc notre recommandation de diviser par deux le pourcentage de gain génétique en hauteur moyenne avant de l'appliquer à la H_D .

En raison de la relation entre le gain génétique en hauteur moyenne et celui en H_D , laquelle est utilisée dans les tables de rendement, et de nombreux facteurs mentionnés précédemment comme l'incertitude du devenir du rapport H/D chez l'épinette noire et l'épinette blanche, la variation du rapport H/D à maturité chez le mélèze laricin et le pin gris de même que le jeune âge des tests (15-22 ans), nous avons donc décidé, par mesure de précaution, de réduire de moitié le gain génétique en hauteur moyenne (exprimé en pourcentage) avant de l'appliquer à la H_D .

À noter que les prévisions de gains génétiques pour la croissance en hauteur que nous avons fournies à la Direction de l'expertise et de la coordination (DEC) de la Direction générale de production des semences et de plants forestiers sont également basées sur la hauteur moyenne observée dans les tests des programmes d'AG. Ainsi, les classes de niveau d'amélioration des plants (NAP) déterminées par la DEC sont basées sur des gains de croissance en hauteur moyenne issus des recommandations des programmes d'AG de la Direction de la recherche forestière. Ils ne doivent pas être appliqués directement aux IQS pour estimer la productivité en volume.

Messages à retenir :

- 10) Les AS font partie des arbres utilisés lors du calcul de l'IQS d'un test génécologique (plantation comparative).
- 11) Le pourcentage de gain génétique en hauteur moyenne doit être divisé par deux lorsqu'il est appliqué à la H_D .

7. Démarches à venir et constat

7.1 Mesurer à maturité les tests de gains réels

Au Québec, les tests de gains réels qui ont été établis de 2005 à 2015 pour l'épinette noire, le pin gris et l'épinette blanche arriveront à maturité de 2044 à 2064. Ces tests correspondent à des plantations comparatives de provenances locales et de semences issues de vergers éclaircis, et parfois aussi à des vergers avec un sous-groupe des meilleures sélections (V2). Leur mesurage permettra alors d'établir les gains génétiques en volume marchand à maturité par arbre et à l'hectare, le rapport H/D des arbres améliorés et la variance de la distribution des hauteurs et diamètres d'arbres améliorés et non améliorés.

7.2 Comblent les manques de connaissances

Pour les cycles avancés d'AG, le mesurage des tests les plus âgés permettra de combler plusieurs manques de connaissances, notamment au sujet de la relation H/D à maturité et celle entre la hauteur juvénile et le volume marchand en fin de révolution, de la comparaison de diverses classes de croissance

(divers éléments génétiques) dans divers IQS, de même qu'au sujet du rapport H/D en début de maturité (soit vers la mi-révolution sur des stations ayant de bons IQS) :

- Pour la génération la plus avancée d'épinette blanche, nous prévoyons mesurer les séries de tests de 1997 en 2026 (à 30 ans) et celles établies en 2006, en 2030 (à 25 ans).
- Pour l'épinette noire, les tests des arbres améliorés du dernier cycle de croisements sont plus jeunes, puisque les deux premières séries ont été établies en 2011 et en 2014. Les mesurages à 30 ans pourront donc avoir lieu en 2040 et en 2043. Les autres séries pour cette espèce doivent encore être établies.
- Pour le pin gris, il n'y a pas encore de tests de descendance établis pour le cycle avancé de croisements.

7.3 D'ici là, faire preuve de prudence

En attendant les mesurages du volume marchand en fin de révolution, il faudra rester prudent avec l'ajustement des tables de rendement pour des plants améliorés, notamment en appliquant les recommandations énoncées dans le présent avis technique.

7.4. Établir de nouveaux dispositifs

Quelques dizaines de nouveaux dispositifs par espèce seront requis pour couvrir un gradient d'IQS et inclure divers espacements ainsi que divers régimes d'éclaircie. Ceci permettra d'intégrer l'effet des changements climatiques sur la productivité et les courbes de rendement des arbres améliorés, de mieux analyser le rapport H/D et le rendement en volume marchand en contexte semblable à celui des plantations opérationnelles.

7.5. Établir des parcelles de suivi en plantations

Une façon complémentaire de bonifier à plus court terme la mesure de la performance des plants améliorés serait d'établir des parcelles de suivi dans les plantations opérationnelles contenant des arbres améliorés.

8. Références bibliographiques

Carles, S. et J.-M. Montmigny, 2017. *Des plants améliorés aujourd'hui pour bâtir les forêts de demain!* Gouvernement du Québec, ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs, Conférence midi Forêt, 23 février 2017.

Despots, M. et G. Numainville, 2013. *L'amélioration génétique de l'épinette noire au Québec : bilan et perspectives*. Gouvernement du Québec, ministère des Ressources naturelles, Direction de la recherche forestière. Mémoire de recherche forestière n° 169. 46 p.

<https://mffp.gouv.qc.ca/documents/forets/connaissances/recherche/Memoire169.pdf>

Despots, M., M. Perron et J. DeBlois, 2017. *Rapid assessment of wood traits for large-scale breeding selection in Picea mariana [Mill.] B.S.P.* Ann. For. Sci. 74 : 53. <https://doi.org/10.1007/s13595-017-0646-x>

- Kimberley, M.O., J.R. Moore et H.S. Dungey, 2015. *Quantification of realised genetic gain in radiata pine and its incorporation into growth and yield modelling systems*. Can. J. For. Res. 45(12): 1676-1687. <https://doi.org/10.1139/cjfr-2015-0191>
- Kroon, J., B. Andersson et T.J. Mullin, 2008. *Genetic variation in the diameter-height relationship in scots pine (Pinus sylvestris)*. Can. J. For. Res. 38(6): 1493-1503. <https://doi.org/10.1139/X07-233>
- Lamontagne, Y., 1993. *L'implantation du réseau de vergers à graines de première génération pour les espèces résineuses au Québec. Bilan des réalisations*. Gouvernement du Québec, ministère des Forêts, Direction de la recherche forestière. Note de recherche forestière n° 53. 6 p. <https://mffp.gouv.qc.ca/nos-publications/implantation-reseau-vergers-graines-premiere-generation-especes-resineuses/>
- Liziniewicz, M., B. Karlsson et A. Helmersson, 2019. *Improved varieties perform well in realized genetic gain trials with Norway spruce seed sources in southern Sweden*. Scand. J. For. Res. 34(6): 409-416. <https://doi.org/10.1080/02827581.2019.1622035>
- Mottet, M.-J., J. DeBlois et M. Perron, 2015. *High genetic variation and moderate to high values for genetic parameters of Picea abies resistance to Pissodes strobi*. Tree Genet. Genomes. 11: 58. <https://doi.org/10.1007/s11295-015-0878-6>
- Perron, M., 2010. *Résultats de la sélection des parents en vue de la deuxième génération d'amélioration du mélèze hybride (L. × x marschlinsii Coaz.) au Québec*. Gouvernement du Québec, ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Mémoire de recherche forestière n° 157. 62 p. <https://mffp.gouv.qc.ca/documents/forets/connaissances/recherche/Memoire157.pdf>
- Prégent, G. et S. Végiard, 2000. *Rendement anticipé des plantations d'épinette noire dans les domaines écologiques de la pessière noire*. Gouvernement du Québec, ministère des Ressources naturelles, Direction de la recherche forestière. Note de recherche forestière n° 109. 12 p. <https://mffp.gouv.qc.ca/documents/forets/connaissances/recherche/Note109.pdf>
- Prégent, G., G. Picher et I. Auger, 2010. *Tarif de cubage, tables de rendement et modèles de croissance pour les plantations d'épinette blanche au Québec*. Gouvernement du Québec, ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Mémoire de recherche forestière n° 160. 94 p. <https://mffp.gouv.qc.ca/documents/forets/connaissances/recherche/Memoire160.pdf>
- Rainville, A., M. Desponts, R. Beaudoin, P. Périnet, M.-J. Mottet et M. Perron, 2003. *L'amélioration des arbres au Québec : un outil de performance industrielle et environnementale*. Gouvernement du Québec, ministère des Ressources naturelles, de la Faune et des Parcs, Direction de la recherche forestière Note de recherche forestière n° 127. 8 p. <https://mffp.gouv.qc.ca/documents/forets/connaissances/recherche/Note127.pdf>
- Stoehr, M., K. Bird, G. Nigh, J. Woods et A. Yanchuk, 2010. *Realized genetic gains in coastal Douglas-fir in British Columbia: implications for growth and yield projections*. Silvae Genet. 59(5): 223-233. <https://doi.org/10.1515/sg-2010-0027>

- Weng, Y., Y. Park, D. Simpson, K. Tosh et M. Fullarton, 2010. *Tree improvement effects on tree size distributions for Picea glauca and Picea mariana in New Brunswick, Canada*. Scand. J. For. Res. 25(1): 10-20. <https://doi.org/10.1080/02827580903439782>
- White, T.L, W.T. Adams et D.B. Neale, 2007. *Forest genetics*. CABI Books, Cambridge (Royaume-Uni), 682 p.
- Ye, T.Z., K.J.S. Jayawickrama et J.B. St. Clair, 2010. *Realized gains from block-plot coastal Douglas-fir trials in the Northern Oregon Cascades*. Silvae Genet. 59 (1): 29-39. <https://doi.org/10.1515/sg-2010-0004>
- Zobel, B., J. Talbert, 1984. *Applied forest tree improvement*. John Wiley and Sons, New York, NY (États-Unis), 505 p.

Martin Perron, biologiste, Ph. D.
Service de l'écologie et de la génétique

Julie Barrette, ing.f., Ph. D.
Service de la sylviculture et du rendement des forêts

Isabelle Auger, stat. ASSQ, M. Sc.
Service du soutien scientifique

Josianne DeBlois, stat. ASSQ, M. Sc.
Service du soutien scientifique

Correspondance :

Perron, Martin
Ministère des Ressources naturelles et des Forêts
Direction de la recherche forestière
2700, rue Einstein, bureau B.1.100
Québec (Québec) G1P 3W8
Tél. : 418 643-7994 poste 706547
Courriel : martin.perron@mrrnf.gouv.qc.ca

On peut citer tout ou une partie de ce texte en indiquant la référence. Citation recommandée :

Perron, M., J. Barrette, I. Auger et J. DeBlois, 2023. *Intégration du gain génétique des arbres améliorés dans les courbes de rendement en plantation : prudence et patience*. Gouvernement du Québec, ministère des Ressources naturelles et des Forêts, Direction de la recherche forestière. Avis technique SGRE-29. 17 p.

Annexe 1. Calcul de la valeur moyenne d'une portion supérieure d'une distribution normale

On veut déterminer théoriquement la moyenne d'une certaine variable Y pour un groupe sélectionné, la sélection impliquant les $x\%$ meilleures valeurs. En supposant que la distribution des arbres de la plantation suit une loi normale, les arbres concernés sont donc ceux dont la valeur de la variable Y est supérieure à la valeur $b_{inf} = \mu + Z_{1-x\%} \sigma$, où $Z_{1-x\%}$ correspond au quantile de la loi normale centrée réduite (moyenne = 0 et variance = 1), de sorte que la probabilité d'avoir une valeur supérieure à ce quantile est $x\%$, c'est-à-dire $P(Y > Z_{1-x\%}) = x/100 = x\%$.

En termes statistiques, on cherche donc :

$$\begin{aligned} E [Y | Y > \mu + Z_{1-x\%} \sigma] &= [Y - \mu | Y > \mu + Z_{1-x\%} \sigma] + \mu \\ &= \frac{\int_{\mu + Z_{1-x\%} \sigma}^{\infty} (y - \mu) f(y) dy}{P(Y > \mu + Z_{1-x\%} \sigma)} + \mu \\ &= \frac{1}{(x/100)} \int_{\mu + Z_{1-x\%} \sigma}^{\infty} \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} (y - \mu) e^{-\frac{(y-\mu)^2}{2\sigma^2}} dy + \mu \end{aligned}$$

En posant $v = (y - \mu)^2 / 2\sigma^2$, la dérivée de v par rapport à y est $dv = ((y - \mu) / \sigma^2) dy$, la borne inférieure de l'intégrale devient $b'_{inf} = (\mu + Z_{1-x\%} \sigma - \mu)^2 / 2\sigma^2 = (Z_{1-x\%})^2 / 2$ alors que la borne supérieure reste la même. L'équation devient donc :

$$\begin{aligned} E [Y | Y > \mu + Z_{1-x\%} \sigma] &= \frac{100}{x} \int_{(Z_{1-x\%})^2/2}^{\infty} \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} \sigma^2 e^{-v} dv + \mu \\ &= \frac{100}{x} \frac{\sigma}{\sqrt{2\pi}} \int_{(Z_{1-x\%})^2/2}^{\infty} e^{-v} dv + \mu \\ &= -\frac{100}{x} \frac{\sigma}{\sqrt{2\pi}} e^{-v} \Big|_{(Z_{1-x\%})^2/2}^{\infty} + \mu \\ &= 0 + \frac{100}{x} \frac{\sigma}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2} + \mu \\ &= \mu + \frac{100}{x} \frac{\sigma}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2} \\ &= \mu + \underbrace{\frac{100}{x} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2}}_i \sigma \\ &= \mu + i \sigma \end{aligned}$$

où i = intensité de la sélection

Ainsi, la moyenne théorique de la variable Y pour le groupe sélectionné comprenant les $x\%$ meilleurs correspond à

$$\bar{Y}_{x\% \text{ meilleurs}} = \mu + \frac{100}{x} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2} \sigma$$

où $Z_{1-x\%}$ = quantile de la loi normale centrée réduite tel que $P(Y > Z_{1-x\%}) = x/100 = x\%$.

En pratique, les paramètres de la population μ et σ sont habituellement inconnus et estimés respectivement par \bar{y} et s . On obtient donc :

$$\bar{y}_{x\% \text{ meilleurs}} = \bar{y} + \frac{100}{x} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2} s$$

Annexe 2. Calcul de la hauteur dominante d'une plantation

En théorie, la H_D d'une plantation peut être calculée à l'aide de la dernière équation présentée à l'annexe 1, puisqu'on sélectionne une fraction supérieure de la distribution, soit les $x\%$ plus hauts.

Étant donné que la H_D se calcule sur les 100 plus hauts arbres à l'hectare, le pourcentage d'arbres sélectionnés (x) dépend donc de la densité (d) de la plantation considérée (en nombre de plants à l'hectare) :

$$x = \frac{100}{d} \times 100$$

On obtient ainsi :

$$H_D = \bar{H} + \frac{d}{100} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2} s$$

où \bar{H} et s correspondent respectivement à la hauteur moyenne et à l'écart-type de la plantation.

Annexe 3. Différence entre la hauteur dominante d'une plantation d'arbres non améliorés et celle d'une plantation d'arbres améliorés

Soit H_{Dna} , la hauteur dominante d'une plantation d'arbres non améliorés ayant une hauteur moyenne \bar{H}_{na} , et H_{Da} , la hauteur dominante d'une plantation d'arbres génétiquement améliorés ayant un gain génétique $G_{H\%}$ et une hauteur moyenne $\bar{H}_a = \bar{H}_{na} \times (1 + G_{H\%})$. En supposant une même densité d pour les deux plantations, la différence entre H_{Da} et H_{Dna} est :

$$\begin{aligned} H_{Da} - H_{Dna} &= \left(\bar{H}_a + \frac{d}{100} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2} s_a \right) - \left(\bar{H}_{na} + \frac{d}{100} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2} s_{na} \right) \\ &= \left(\bar{H}_{na} \times (1 + G_{H\%}) + \frac{d}{100} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2} s_a \right) - \left(\bar{H}_{na} + \frac{d}{100} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2} s_{na} \right) \end{aligned}$$

En posant l'hypothèse que la variance de la distribution des plants améliorés est la même que celle des plants non améliorés ($s_a = s_{na}$) pour être conservateur (puisque la variance de la plantation d'arbres améliorés devrait être plus faible que celle de la plantation d'arbres non améliorés), on obtient :

$$H_{Da} - H_{Dna} = \bar{H}_{na} \times G_{H\%}$$

La différence entre les hauteurs dominantes des deux plantations correspond ainsi à la différence entre leurs hauteurs moyennes, soit le gain génétique en hauteur moyenne exprimé en mètres (G_H).

La différence relative entre les hauteurs dominantes des deux plantations par rapport à celle de la plantation d'arbres non améliorés représente le gain relatif en hauteur dominante ($G_{HD\%}$) :

$$G_{HD\%} = \frac{H_{Da} - H_{Dna}}{H_{Dna}} = \frac{\bar{H}_{na} \times G_{H\%}}{\bar{H}_{na} + \frac{d}{100} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2} s_{na}}$$

En exprimant s_{na} en termes de coefficient de variation (CV), soit $s_{na} = CV_{na} \times \bar{H}_{na}$, l'équation précédente devient :

$$G_{HD\%} = \frac{H_{Da} - H_{Dna}}{H_{Dna}} = \frac{G_{H\%}}{1 + \frac{d}{100} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2} \times CV_{na}}$$

Ce gain en H_D est donc fonction de la densité de plantation, du CV de la hauteur au sein des plantations d'arbres non améliorés et du gain génétique en hauteur moyenne $G_{H\%}$.

En exprimant maintenant $G_{HD\%}$ par rapport à $G_{H\%}$, on obtient :

$$\begin{aligned}\frac{G_{HD\%}}{G_{H\%}} &= \frac{G_{H\%}}{1 + \frac{d}{100} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2} \times CV_{na}} \times \frac{1}{G_{H\%}} \\ &= \frac{1}{1 + \frac{d}{100} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}(Z_{1-x\%})^2} \times CV_{na}}\end{aligned}$$

Ce rapport dépend ainsi seulement de la densité de plantation et du CV de la hauteur dans la plantation d'arbres non améliorés. Plus ces valeurs sont élevées, plus le rapport est petit, et donc plus le gain en hauteur dominante s'éloigne du gain génétique en hauteur moyenne.