



**HAL**  
open science

# Caractérisation moléculaire de peupliers ornementaux

Agnès Rego da Silva

► **To cite this version:**

Agnès Rego da Silva. Caractérisation moléculaire de peupliers ornementaux. 2014, pp.1. hal-01268613

**HAL Id: hal-01268613**

**<https://hal.science/hal-01268613v1>**

Submitted on 5 Jun 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

## Introduction

Les peupliers forment avec les saules la famille des Salicacées. Les premiers y constituant le genre *Populus*, les seconds le genre *Salix*. Le peuplier est un arbre dioïque, diploïde et possédant 19 chromosomes ( $2n=38$ ). Trois espèces de peuplier sont endémiques en France: le peuplier tremble, le peuplier blanc et le peuplier noir. Deux espèces sont originaires d'Amérique du nord et sont populaires en Europe, il s'agit de *Populus deltoides* et *Populus trichocarpa* (Berthelot *et al.*, 2004).

Il y a nombreuses variétés ou cultivars à la disposition des populteurs. Ils sont constitués de clones hybrides entre les espèces américaines *P. deltoides* et *P. trichocarpa* d'une part et entre *P. deltoides* et *P. nigra* d'autre part.

Certaines variétés sont utilisées en ornement, dans des brise-vents ou pour délimiter des parcelles. C'est le cas d'une variété *P. nigra* cv. 'Italica', de forme fastigiée, très répandue dans le monde entier.

Cette étude vise à déterminer la variabilité des peupliers en milieu urbain, plus particulièrement au sein d'une collection de *P. nigra* récolté au Québec.

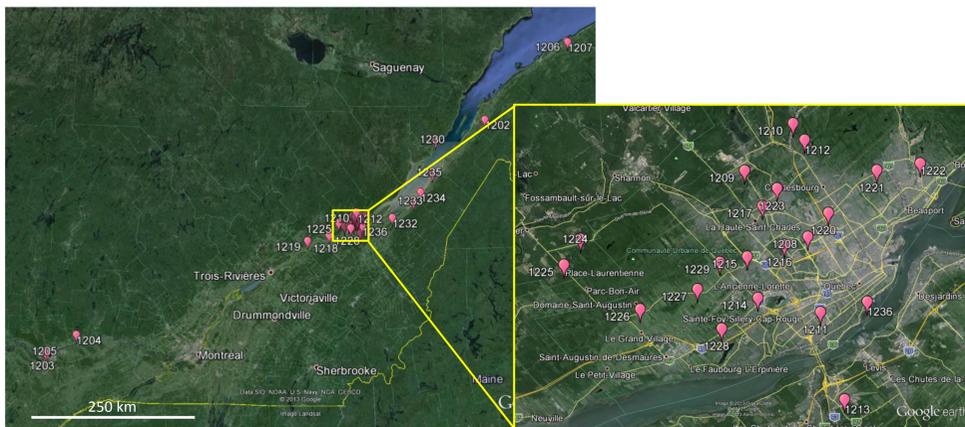


Figure 1: Origine des échantillons analysés.

## Matériel et méthodes

### Récoltes de matériel végétal et extraction d'ADN

Les feuilles ont été prélevées et séchées en septembre 2013 par l'équipe du Dr N. Isabel (Université de Laval, Québec). La figure 1 représente les 36 points d'échantillonnage. Les coordonnées GPS ont été utilisées pour rechercher les arbres sur Google Street (<https://maps.google.com/>). Pour déterminer l'origine des échantillons de *P. nigra*, nous avons utilisé des individus *P. nigra* de référence : San Giorgio pour le cultivar ornemental Italica, le cultivar Plantierensis et le cultivar Thevestina.

L'ADN total a été extrait à partir des feuilles et des graines en utilisant un kit d'extraction (Macherey-Nagel) selon les instructions du fabricant. La présence d'ADN dans les produits d'extraction a ensuite été vérifiée par dosage spectrophotométrique (Nanodrop).

### Génotypage

Les marqueurs microsatellites utilisés ont été : PMGC14, WPMS9, WPMS14, WPMS15, WPMS18, WPMS22 (<http://poplar2.cfr.washington.edu/>; Smulders *et al.* 2001; Van der Schoot *et al.* 2000).

Les réactions de PCR ont été réalisées dans un volume total de 10 µl selon les protocoles décrits dans Chenault *et al.* (2011) et Monclus *et al.* (2012). Les polymorphismes des microsatellites ont été visualisés en utilisant un séquenceur ABI PRISM 3500 (PE Applied Biosystems, Foster City, CA). Les longueurs d'allèles SSR ont été analysées à l'aide du logiciel GeneMapper.

### Analyses

Le calcul de distance génétique entre les individus a été calculée à l'aide du logiciel Genalex (Peakal *et Smouse* 2006). Le dendrogramme UPGMA a été construit à l'aide du logiciel Mega (Tamura *et al.*, 2007).

## Références

- Berthelot A, Chantre G (2004) La peupleraie française : un maillon essentiel de la filière bois. *Biofutur* (247) : 20-23.
- Chenault N, Arnaud-Haond S, Juteau M, Valade R, Almeida J-L, Villar M, Bastien C, Dowkiw A (2011) SSR-based analysis of clonality, spatial genetic structure and introgression from the Lombardy poplar into a natural population of *Populus nigra* L. along the Loire River. *Tree Genetics & Genomes* 7: 1249-1262
- Monclus R, Leplé J-C, Bastien C, Bert P-F, Villar M, Marron N, Brignolas F, Jorge V (2012) Integrating genome annotation and QTL position to identify candidate genes for productivity, architecture and water-use efficiency in *Populus* spp. *BMC Plant Biology* 12
- Peakall, R. and Smouse P.E. (2006) GENALEX 6: genetic analysis in Excel. *Population genetic software for teaching and research*. *Molecular Ecology Notes* 6, 288-295.
- Smulders MJM, Van der Schoot J, Arens P, Vosman B (2001) Trinucleotide repeat microsatellite markers for black poplar (*Populus nigra* L.). *Mol Ecol Notes* 1(3):188-190.
- Tamura K, Dudley J, Nei M & Kumar S (2007) MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24:1596-1599.
- Van der Schoot J, Pospiskova M, Vosman B, Smulders MJM (2000) Development and characterization of microsatellite markers in black poplar (*Populus nigra* L.). *Theor Appl Genet* 101 (1-2):317-322.

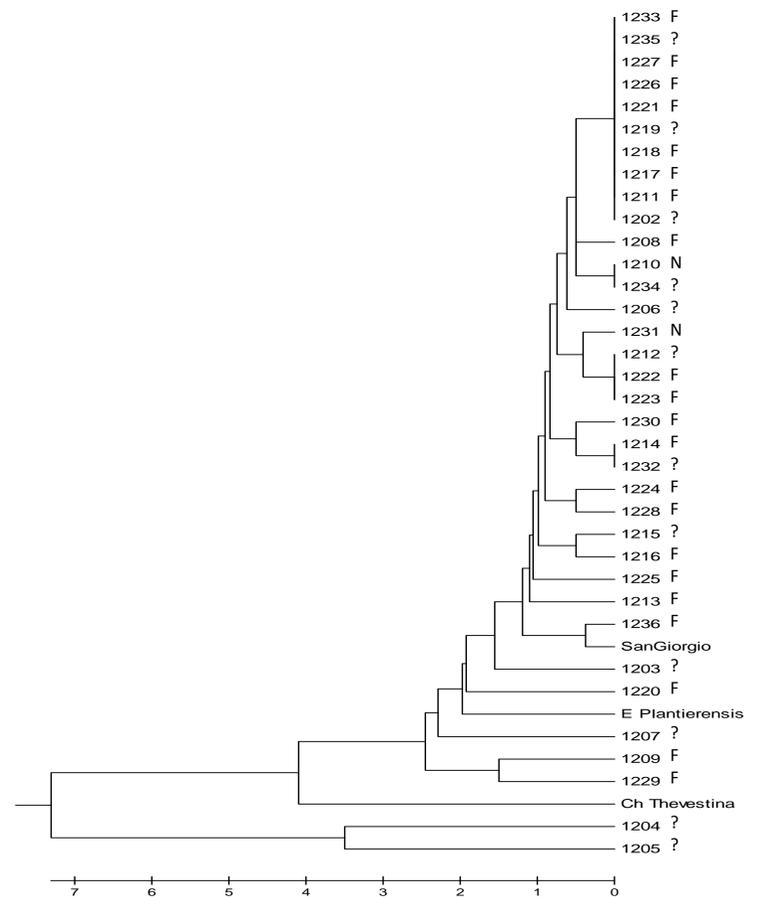


Figure 2: Dendrogramme (UPGMA) des distances génétiques calculées entre les individus génotypés à l'aide de 6 marqueurs microsatellites. Les individus sont codés en quatre chiffres. Le phénotype est indiqué à droite: F: Fastigié; N: non fastigié.



Figure 3 : Exemples de photos extraites de Google Street view pour 2 arbres échantillonnés. A: 1218, de forme fastigiée ; B: 1210, de forme non fastigiée (N).

## Résultats - Discussion

- Parmi les 36 échantillons analysés, il existe 22 génotypes distincts (Figure 2). Cette diversité est plus importante qu'attendue étant donnée la facilité de bouturage du peuplier.
- Un seul individu est identique à la référence San Giorgio, même si le dendrogramme met en évidence une différence en raison d'une absence de données pour l'un des marqueurs.
- Aucun échantillon n'est identique au cv. Plantierensis ou Thevestina.
- Le clone le plus fréquent est composé de 10 arbres. Ces arbres sont répartis sur une gamme de plus de 200 km de long. Ce clone n'est donc probablement pas le résultat d'un bouturage naturel. Ils ont été bouturés par l'homme. De plus, cette clonalité est corrélée de façon cohérente avec le phénotype fastigié (Figure 3).
- Certains génotypes proches ne diffèrent que par un allèle à un marqueur (par ex: 1224 et 1228; 1215 et 1216). Le bouturage peut induire des mutations somatiques qui pourraient expliquer ces différences. Le marqueur WPMS22, le plus souvent concerné, est peut être plus sensible à ces mutations.

## Perspectives

Afin de déterminer l'origine du clone le plus fréquent, il faudra comparer celui-ci avec d'autres *P. nigra* en collection à l'INRA d'Orléans. De plus, il sera nécessaire de confirmer les mutations somatiques en répétant le génotypage et en utilisant plus de marqueurs.