

Objectifs

Mission

Résumé scientifique

Résumé exécutif

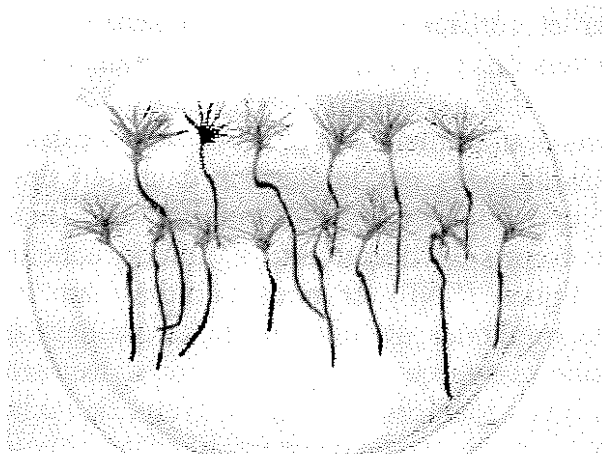
Mission

Arborea est un projet de recherche en génomique des arbres dont la mission est de contribuer au développement durable des forêts par des solutions innovatrices. Son équipe multidisciplinaire développera des outils de sélection génétique des arbres, permettra la découverte de connaissances et la formation de la relève. Arborea, en tant que pôle d'excellence, assurera à la communauté des retombées scientifiques et socio-économiques positives et positionnera le Canada comme un leader mondial en génomique forestière.

Résumé scientifique

Arborea Phase II (2006-2010)

L'objectif primordial visé par ce projet est celui d'identifier les gènes qui gouvernent la variabilité phénotypique naturelle de traits ayant une importance commerciale pour l'amélioration des populations d'épinette blanche (*Picea glauca*). L'épinette est d'une importance économique clé au Canada et constitue l'espèce la plus communément utilisée lors du reboisement. Nous ciblerons des traits associés au contrôle de la croissance dans le contexte de la productivité forestière (rendement), ainsi que des traits associés à la qualité du bois dans le contexte du recouvrement de la valeur au niveau des plantations d'arbres forestiers, tout en élargissant le domaine de nos recherches actuelles sur la formation du bois (projet Arborea) au laboratoire et sur le terrain. Les recherches envisagées en cartographie génique visent à identifier des loci géniques, des fonctions moléculaires et les polymorphismes de séquences qui y sont associés, afin de développer des applications basées sur des marqueurs moléculaires pour l'amélioration des arbres. Notre plan détaillé repose sur des populations naturelles et cultivées uniques que nous avons réunies à des fins d'analyse, conjointement avec les technologies de génotypage à haut débit et de profilage d'expression à grande

**229**

Programme décennal d'épandage de phytocides par voie aérienne en milieu forestier sur des terrains privés de Smurfit-Stone inc. sur le territoire de La Tuque et de la MRC du Domaine-du-Roy

Mauricie**DD10****6211-13-011**

échelle.

Objectifs spécifiques du projet

A. Augmenter et améliorer la caractérisation de l'ORFéome (Open Reading Frame en anglais, phase ouverte de lecture en français) de l'épinette au moyen du séquençage d'ADNc à grande échelle et de l'étude fonctionnelle des protéines structurelles et régulatrices.

B. Entreprendre la cartographie génique à grande échelle et l'étude de profilage d'expression intégrées conjointement avec le phénotypage à haute résolution, de traits associés à la croissance et aux propriétés du bois, afin d'identifier les polymorphismes d'ADN permettant de fournir la base d'améliorations moléculaires.

C. Augmenter les bases de données et outils bioinformatiques existants, afin d'élargir l'échelle de ces analyses et de renforcer l'intégration des activités et données en génomique fonctionnelle et en cartographie génique.

D. Analyser les impacts économiques des résultats envisagés; étudier les enjeux environnementaux associés au projet tels que perçus par le grand public; évaluer et vérifier les méthodes et scénarios favorisant le transfert technologique vers des partenaires dans le secteur forestier.

Nous utiliserons couramment des produits dérivés des populations naturelles et cultivées développées par le Service canadien des forêts à des fins de cartographie d'association et de cartographie QTL (gènes à effet quantitatif). Nous avons entrepris la découverte à grande échelle de polymorphismes mono-nucléotidiques (SNP) et nous sommes sur le point de mettre en application des méthodes de génotypage de milliers de gènes exprimés, ce qui constitue une ressource quasi illimitée de marqueurs génétiques robustes. Les gènes candidats identifiés lors des travaux de recherche actuels et futurs seront intégrés à ces études de cartographie d'association. Nous élargirons et améliorerons la découverte et l'annotation de l'ORFéome, afin d'approfondir notre recherche de gènes candidats, et d'augmenter l'éventail de nos puces d'ADN. Dans le but de cartographier les loci responsables des polymorphismes associés à l'expression, nous utiliserons le profilage de transcription à grande échelle. La caractérisation de l'ORFéome comprendra l'intégration des données sur la base de collaborations canadiennes et internationales existantes. L'annotation fonctionnelle des familles de gènes les plus importantes nécessitera la caractérisation de familles de protéines structurelles sélectionnées ainsi que l'analyse à haut débit de facteurs de transcription putatifs.

Nous avancerons dans la voie de la R&D en collaborant avec des programmes d'amélioration de conifères mis sur pied par les gouvernements

et l'industrie. Conjointement avec ces partenaires, nous ferons des évaluations basées sur la mise à l'épreuve du concept, en vue de transférer les technologies de l'amélioration moléculaire développées dans le cadre de ce projet vers des programmes d'amélioration des conifères. Les analyses des retombées économiques générées par l'amélioration moléculaire de même que les enjeux environnementaux associés à l'application de la génomique en foresterie revêtent une grande importance pour ce projet.

Résumé exécutif

L'objectif visé par le projet Arborea (phase II) est d'identifier les gènes associés à la variabilité naturelle des propriétés de croissance et de formation du bois chez l'épinette. Les conifères tels que l'épinette sont présents partout à travers les forêts canadiennes et revêtent une importance économique majeure. L'épinette est l'espèce la plus communément utilisée dans les plantations forestières. Cette espèce à emploi multiple est d'une grande valeur commerciale, car elle fournit du bois de sciage et du bois pour l'industrie des pâtes et papier. Il est essentiel d'étudier la croissance et le rendement des arbres de même que les propriétés du bois afin d'améliorer la performance



économique de l'industrie des produits forestiers. La découverte de gènes associés à ces traits peuvent servir à développer des outils et des protocoles permettant de sélectionner les arbres à haute performance, ces derniers pouvant être déployés afin d'obtenir un rendement supérieur plus rapidement.

Ce projet de recherche utilisera des populations et plantations expérimentales uniques d'épinettes développées par le Service canadien des forêts. Des méthodes récentes permettent de dresser l'inventaire de la variabilité de milliers de gènes ainsi que la variabilité de l'expression génique. L'intégration de ces données permettra de mieux comprendre les propriétés de croissance et de formation du bois. Ce projet profitera des compétences établies en génétique forestière à l'Université Laval et au Centre de foresterie

des Laurentides, de même que des compétences de collaborateurs canadiens et internationaux dans des domaines variés, allant de la molécule d'ADN jusqu'à la croissance des arbres in situ.

En identifiant les gènes qui conditionnent naturellement la croissance des arbres et la qualité du bois, nous espérons être mieux placés pour sélectionner les arbres qui auront un meilleur rendement et produiront du bois de meilleure qualité. L'application des résultats de nos recherches permettra d'envisager des retombées économiques et des impacts sociaux et écologiques positifs. L'augmentation de la productivité et du rendement devrait permettre d'endiguer la pénurie imminente de ressources forestières, et ce malgré la demande croissante de produits forestiers. Au Canada, l'industrie des produits forestiers génère chaque année 81,8 milliards de dollars d'activité économique, ainsi que 375 000 emplois directs. La recherche et le développement permettront de maintenir cette situation enviable, tout en renforçant la durabilité du secteur forestier ainsi que la compétitivité de l'industrie à l'échelle mondiale.

Ce projet de recherche positionnera le Canada au premier rang des travaux internationaux en génomique forestière, particulièrement en ce qui concerne les espèces de conifères. Les collaborations internationales envisagées permettront assurément d'accélérer la découverte des gènes et de renforcer les activités en bioinformatique. Par la même occasion, ce projet est structuré de façon à permettre des interactions vitales avec d'autres équipes de recherche au Canada. Une des grandes forces de ce projet est le fait qu'il vise un haut degré d'intégration horizontale et verticale. Ce projet permettra d'intégrer étroitement plusieurs méthodes de recherche en génomique afin d'étudier la variabilité génétique et la fonction génique de populations forestières uniques, tout en intégrant la recherche, le transfert technologique vers des organismes de recherche provinciaux et de l'industrie, des analyses économiques et finalement des études d'acceptabilité sur le plan environnemental. Dans le but de réaliser ces objectifs importants, les parties prenantes et utilisateurs finaux seront pleinement engagés, que ce soit les spécialistes gouvernementaux, industriels, universitaires ou encore des organismes non gouvernementaux.