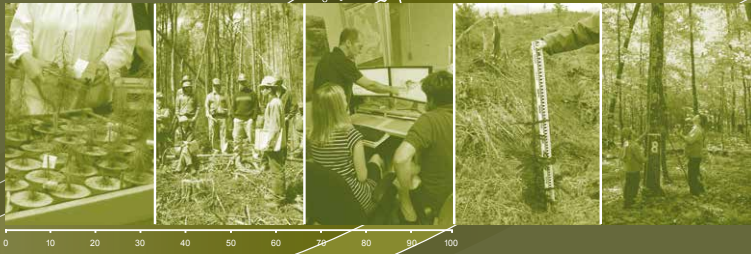


$$P'(t) = \frac{r}{t} P(t)(b - P(t))$$

$$V_{AE,B} = \beta_i dp_{i,t}^b H_{i,t}^b + \hat{\epsilon}_{i,t}$$



À l'aube d'une révolution : décoder le génome des arbres pour mieux aborder l'avenir

Par Martin Perron, biologiste, Ph. D., Patrick Lenz, Ph. D., Mireille Despots, biologiste, Ph. D., Marie-Josée Mottet, ing.f., M. Sc., Nathalie Isabel, Ph. D., Jean Beaulieu, ing.f., Ph. D., et Jean Bousquet, Ph. D.



Les généticiens forestiers du Québec sont parmi les chefs de file mondiaux en développement de la sélection par la génomique chez les arbres. Ils peuvent dorénavant sélectionner des arbres directement à partir de leurs profils d'ADN. Cela se fait dès le stade de semis, alors que le temps de testage des arbres dans les programmes classiques se compte en décennies.

Retenir le meilleur de la nature

Il y a plus de 50 ans, les généticiens forestiers ont amorcé les programmes d'amélioration génétique des arbres en sélectionnant des arbres supérieurs (arbres-plus) en forêt naturelle (figure 1). L'établissement de plantations comparatives avec leurs semences, dans des conditions écologiques variées, a permis de mesurer et de déterminer la répartition de la diversité génétique de plusieurs caractères, comme la croissance et la densité du bois. Les données recueillies ont servi notamment à sélectionner des arbres adaptés à diverses conditions environnementales pour produire des semences de qualité alimentant le reboisement. Cela a permis d'obtenir des gains génétiques en croissance d'environ 15 %.

La sélection classique

Il y a deux préalables essentiels à l'amélioration génétique d'un caractère : il doit être variable et transmissible aux descendants. En d'autres mots, une partie de la variation observée pour un caractère d'intérêt doit être le résultat de l'hérédité. À la suite du testage des descendants de plusieurs arbres-plus en plantations comparatives et grâce à la connaissance des liens de parenté entre les arbres (figure 2a), il est possible au moyen d'analyses statistiques (encadré Valeurs d'amélioration [VA]) de classer les arbres-plus selon la performance de leurs descendants.

Valeurs d'amélioration (VA)

Il s'agit de la prédiction de la performance des descendants exprimée en écart à la moyenne de la population des descendants, obtenue à l'aide de la méthode BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*). Avec peu de descendants, l'évaluation est moins précise, alors la méthode recentre la prédiction vers la moyenne. Les VA s'interprètent comme un gain ou une perte.

-20 cm	0 cm	+20 cm
Mauvaises familles, évaluation précise	Familles moyennes, évaluation précise ou évaluations imprécises	Bonnes familles, évaluation précise



Figure 1. Caractérisation d'un arbre-plus

Plus de 25 ans de recherche pour révolutionner la sélection

La sélection des arbres en fonction de certains marqueurs moléculaires (avec l'ADN) avait jusqu'à récemment donné des résultats mitigés, surtout en raison du petit nombre de marqueurs disponibles avec les technologies de première génération, du grand nombre de gènes contrôlant les caractères d'intérêt ainsi que du fait que les populations d'arbres sont très grandes et que les recombinaisons génétiques sont abondantes. Par exemple, la croissance des arbres met en jeu des centaines de gènes qui varient au sein des populations.

Nos avancées

Des modèles de sélection par la génomique (SG) ont été établis récemment pour la croissance et la qualité du bois chez l'épinette noire et l'épinette blanche, ainsi que pour la résistance au charançon du pin blanc chez l'épinette de Norvège. Avec une précision de sélection similaire, le gain génétique de la SG est obtenu environ trois fois plus rapidement que pour la sélection classique, en raison d'une réduction du temps de testage. À l'été 2018, la nouvelle population de propagation végétative d'épinettes blanches (variétés multiclonales et multifamiliales) a été recommandée sur la base des prédictions découlant de la SG.

a) Pedigree classique

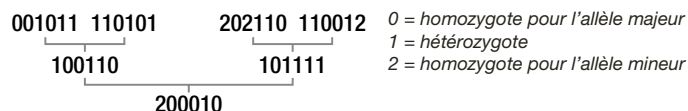


Matrice de relations additives – Matrice A

	M-1	P-2	M-3	P-4	M-5	P-6	I-7
M-1	1	0	0	0	0,5	0	0,25
P-2	0	1	0	0	0,5	0	0,25
M-3	0	0	1	0	0	0,5	0,25
P-4	0	0	0	1	0	0,5	0,25
M-5	0,5	0,5	0	0	1	0	0,5
P-6	0	0	0,5	0,5	0	1	0,5
I-7	0,25	0,25	0,25	0,25	0,5	0,5	1

En moyenne, un individu partage 25 % de son bagage génétique avec ses grands-parents ou ses demi-frères.

b) Pedigree génomique



0 = homozygote pour l'allèle majeur
1 = hétérozygote
2 = homozygote pour l'allèle mineur

Matrice de relations génomiques – Matrice G

	M-1	P-2	M-3	P-4	M-5	P-6	I-7
M-1	1	0	0	0	0,5	0	0,27
P-2	0	1	0	0	0,5	0	0,23
M-3	0	0	1	0	0	0,5	0,24
P-4	0	0	0	1	0	0,5	0,25
M-5	0,5	0,5	0	0	1	0	0,5
P-6	0	0	0,5	0,5	0	1	0,5
I-7	0,27	0,23	0,24	0,25	0,5	0,5	1

Avec un grand nombre de marqueurs, la matrice de relations génétiques réalisée (génomiques) est estimée et elle est plus précise que la matrice A et elle permet d'identifier des descendants qui seraient illégitimes.

Figure 2. Lien de parenté pour a) la prédiction des valeurs d'amélioration classiques (ABLUP, Matrice A) et b) les prédictions génomiques (GBLUP, Matrice G). Note : Un homozygote est un individu qui a deux allèles identiques à une position précise ou un gène, alors qu'un hétérozygote est un individu avec des allèles différents.

Le génotypage à haut débit

L'ADN est la molécule qui contient l'information génétique. Elle est composée d'une succession de quatre éléments (nucléotides). La variation de nucléotides à une position précise se nomme polymorphisme nucléotidique unique (SNP). Le génotypage à haut débit est une technique moderne d'identification simultanée de plusieurs milliers de ces polymorphismes d'ADN parsemés sur le génome, ce qu'on appelle un profil génomique.

Les techniques de génotypage à haut débit couplées aux méthodes informatiques récentes ont permis l'émergence de la sélection par la génomique (SG). Cette méthode permet, à l'aide d'un modèle statistique reliant les variations de l'ADN aux caractères d'amélioration, de prédire avec confiance la valeur future des descendants d'un individu seulement avec son profil génomique. La SG prédit les valeurs d'amélioration à l'aide des profils génomiques et d'une matrice d'apparentement dite de relations génomiques (figure 2b). On peut ainsi prédire la valeur future des arbres dès le stade de jeune semis, voire de la graine.

La sélection par la génomique au service du Québec

Au cours des prochaines années, la SG révolutionnera l'amélioration génétique des arbres, notamment en diminuant de plus de moitié le temps requis pour intégrer de nouvelles variétés pour les besoins de reboisement qui sont en constante évolution. De plus, la SG contribuera à plusieurs grands dossiers forestiers : la stratégie de production de bois (volume, qualité du bois), la stratégie d'adaptation aux changements climatiques (adaptation, résilience), la séquestration du carbone et la gestion des risques en ce qui a trait aux perturbations naturelles. D'autre part, selon une simulation basée sur le reboisement de 30 millions de plants par année sur 25 ans, la SG ne coûterait pas plus cher que l'amélioration classique, soit 5 \$ à l'hectare, ce qui est très peu en comparaison des coûts de production de plants et d'établissement de plantations qui varient de 2000 \$ à 4000 \$ à l'hectare. La SG permet d'obtenir des prédictions de la performance pour des caractères complexes et coûteux à mesurer comme la résistance aux stress hydriques et l'angle des microfibrilles. Ainsi, à l'avenir, nous effectuerons davantage de sélection multicaractères pour s'assurer de produire davantage de bois de qualité dans des plantations saines et résilientes.

Pour en savoir plus

Chamberland, V., F. Robichaud, M. Perron, N. Gélinas, J. Bousquet et J. Beaulieu, 2020. *Conventional versus genomic selection for white spruce improvement: a cost-benefit analysis for plantations on Québec public lands*. Tree Genet. Genomes 16: 17. <https://doi.org/10.1007/s11295-019-1409-7>.

Lenz, P.R.N., J. Beaulieu, S.D. Mansfield, S. Clément, M. Desponts et J. Bousquet, 2017. *Factors affecting the accuracy of genomic selection for growth and wood quality traits in an advanced-breeding population of black spruce (Picea mariana)*. BMC Genomics 18: 335. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3715-5>.

Lenz P.R.N., S. Nadeau, M.-J. Mottet, M. Perron, N. Isabel, J. Beaulieu et J. Bousquet, 2019. *Multi-trait genomic selection for weevil resistance, growth, and wood quality in Norway spruce*. Evol. Appl. 13: 76-94. <https://doi.org/10.1111/eva.12823>.

Perron, M., S. Nadeau, A. Rainville, J. Beaulieu, P. Lenz et J. Bousquet, 2018. *Sélection de lignées clonales d'épinette blanche à l'aide des prédictions génomiques*. Gouvernement du Québec, ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs, Direction de la recherche forestière. Avis technique SGRE-17. 8 p.

[Projet FastTRAC](#) (Tests Rapides pour l'Amélioration des Conifères)

Les liens Internet de ce document étaient fonctionnels au moment de son édition.

Pour plus de renseignements, veuillez communiquer avec :

Direction de la recherche forestière
Ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs
2700, rue Einstein, Québec (Québec) G1P 3W8

Téléphone : 418 643-7994
Télécopieur : 418 643-2165

Courriel : recherche.forestiery@mffp.gouv.qc.ca
Internet : www.mffp.gouv.qc.ca/forets/connaissances/recherche

ISSN : 1715-0795

Forêts, Faune
et Parcs

Québec