



Infolettre

Édition 3

Novembre 2014

Table des matières:

- Du laboratoire à la forêt: Étude sur la perception sociale de la sélection assistée par marqueurs
- Mission et objectifs du projet
- Données publiques
- Nouvelles, événements et publications



Du laboratoire à la forêt: Étude sur la perception sociale de la sélection assistée par marqueurs

Les forêts emblématiques du Canada constituent 39% des terres au pays, ce qui représente 10% des forêts de la planète et 30% des forêts boréales (Gouvernement du Canada, 2013). Avec une industrie forestière de 18,7\$ milliards, le Canada est le premier exportateur de bois d'œuvre résineux, de papier journal et de pâte de bois (Gouvernement du Canada, 2013; Rank, 2013).

Bien que présentement stable, le secteur forestier a connu, entre 2005 et 2009, une baisse significative du PIB causée par la crise immobilière américaine, la récession économique mondiale de 2009 et une baisse de la demande pour le papier graphique. De plus, les forêts canadiennes ont fait face à un certain nombre de défis environnementaux, y compris des changements au niveau de la température moyenne, des incendies, des sécheresses, des ravageurs et des maladies (Rank, 2013). En Colombie-Britannique, l'épidémie de dendroctone du pin a dévasté 18,3 millions d'hectares de forêts de pins, un peu plus de la moitié des stocks de pin de cette province (Gouvernement du Canada, 2013; Rank, 2013). Avec les changements climatiques qui se poursuivront, l'incidence des enjeux environnementaux augmentera vraisemblablement (Rank, 2013).

Afin de répondre aux défis passés et actuels, et d'assurer un avenir solide pour l'industrie forestière, le gouvernement fédéral s'est engagé à transformer ce secteur par de l'innovation, de la performance environnementale et des opportunités de marché élargies (Gouvernement du Canada, 2013). Porth et al. (sous presse) ont rapporté que plus de 123\$ millions ont été investis dans la recherche en génomique forestière au cours de la dernière décennie. Ceci inclue, entre autres, le projet SMarTForests parrainé par Génome Canada, Génome Québec et Génome Colombie-Britannique. Ce projet, actuellement en cours, a cinq objectifs principaux:

- Développer une séquence du génome de l'épinette blanche et intégrer les résultats avec le projet sur le génome de l'épinette de Norvège réalisé par les chercheurs suédois;
- Identifier, valider et démontrer la valeur des marqueurs génétiques et des biomarqueurs pour la résistance aux insectes, la croissance et la qualité du bois;
- Développer des systèmes de marqueurs qui pourront être utilisés dans les programmes d'amélioration de l'épinette;
- Déterminer les conditions économiques et évaluer le potentiel des outils de génomique dans la prise de décision en foresterie;
- Mener des activités de développement des entreprises pour faciliter le transfert de la technologie.



Mission et objectifs du projet

Le projet SMarTForests s'appuie sur une décennie de découvertes scientifiques en génomique des épinettes découlant de deux projets antérieurs : [Arborea](#) (Université Laval) et [Treenomix](#) (University of British Columbia). L'équipe de recherche possède l'expérience et le savoir-faire nécessaires pour réaliser ce projet d'envergure. Notre mission est d'innover dans le séquençage du génome de l'épinette, de bien positionner le Canada au sein d'initiatives internationales touchant le génome des conifères et de réaliser un transfert efficace des résultats et des innovations aux utilisateurs finaux du secteur forestier canadien.

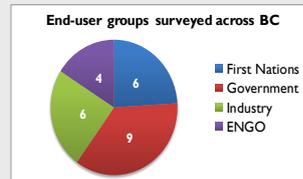
Le projet SMarTForests a trois grands objectifs :

1. Développer des systèmes de marqueurs moléculaires;
2. Séquençer le génome de l'épinette blanche;
3. Analyser les impacts de la génomique forestière sur l'économie et la société.

Le volet GE³LS du projet, qui met l'accent sur la génomique et ses aspects éthiques, environnementaux, économiques, juridiques et sociaux, est directement relié aux deux derniers des cinq objectifs mentionnés précédemment. Un des buts de ce volet est d'étudier les défis, réels ou perçus par les utilisateurs potentiels, liés aux systèmes de marqueurs génétiques.

L'inclusion d'une perspective sociale à notre projet SMarTForests est essentielle. Tout d'abord, les technologies génomiques sont relativement nouvelles. Il n'y a donc pas de précédent dans l'utilisation de ces technologies pour l'amélioration des arbres au Canada. Deuxièmement, nous avons une connaissance limitée des politiques et du cadre législatif. Troisièmement, nous ne savons pas comment les bénéfices seront partagés entre les parties prenantes. En tentant d'éclaircir ces points grâce à un projet de recherche visant les utilisateurs finaux, nous comblons le fossé entre la recherche en laboratoire et les outils pratiques utilisés sur le terrain. Dans ce projet de recherche, nous explorons premièrement les perceptions des utilisateurs finaux potentiels concernant l'utilisation d'une technologie génomique (sélection assistée par marqueurs) en foresterie, puis nous essayons de déterminer si cette perception dépend du contexte de mise en œuvre de cette technologie.

La sélection assistée par marqueurs (SAM) est un outil biotechnologique innovant qui permet d'identifier les caractéristiques souhaitées sur le génome. Grâce à un processus de sélection indirecte, les caractères d'intérêt sont choisis en fonction des marqueurs génétiques qui leurs sont liés plutôt que les caractères eux-mêmes mesurés sur des arbres individuels. La SAM peut être utilisée de façon efficace pour faire la sélection de traits qui sont généralement coûteux et laborieux à mesurer, qui montrent une faible héritabilité et qui sont exprimés tard au cours du développement (Brumlop & Finckh, 2011). Cet outil a le potentiel d'être extrêmement utile aux améliorateurs car il permet l'identification de caractéristiques génotypiques sur les semis, à la différence des méthodes traditionnelles qui ont besoin qu'un arbre soit arrivé à maturité (environ trente ans pour l'épinette blanche) pour permettre l'identification de ces mêmes caractéristiques (Brumlop & Finckh, 2011; Forest Practices Branch, 2008; Yanchuk, 2002). Contrairement à la modification génétique, la SAM n'altère, ne manipule ni ne transfère d'aucune façon l'ADN d'un individu (Vogel & Van Aken, 2009). Elle ne fait que lire les marqueurs génétiques dans le but d'identifier les variations génétiques naturelles afin que les individus ayant le meilleur potentiel pour l'atteinte des objectifs de production et de durabilité puissent être sélectionnés.



Dans le cadre de cette recherche, nous avons sondé les utilisateurs finaux potentiels en Colombie-Britannique. Toutes les personnes invitées à participer à l'enquête avaient des connaissances et un lien démontré envers les pratiques sylvicoles en vigueur en Colombie-Britannique. Nous avons préparé des entretiens individualisés qualitatifs, semi-structurés et à questions ouvertes, accompagnés d'un questionnaire quantitatif conçu sur une échelle de Likert. Nous avons prévu que les participants ne seraient pas familiers avec cette nouvelle technologie alors nous avons commencé chaque entretien avec une courte vidéo non directive de dix minutes qui décrit la SAM. Cette vidéo provient d'un segment diffusé à l'origine à Télé-Québec en 2008 dans une émission scientifique intitulée « Le Code Chasténay ».

Après avoir complété 25 entrevues et ayant atteint la saturation des données, nous avons divisé nos résultats en quatre groupes basés sur le type d'utilisateur final (Premières Nations, gouvernement, industrie et organisation non gouvernementale environnementale [ONGE]) (Samure & Given, 2008). Fait intéressant, les analyses préliminaires ont montré que les groupes d'utilisateurs finaux potentiels ont identifié des avantages similaires. Toutefois, les quatre groupes diffèrent quant à leurs préoccupations.

Voici les principaux avantages à la SAM que les participants ont identifiés :

- Sélection des caractères souhaités;
- Un outil additionnel pour les améliorateurs;
- Un outil qui permet de gagner du temps.

Les participants du type ONGE ont aussi identifié le fait que la SAM pourrait être utilisée afin de réduire la pression sur les forêts intactes en augmentant le volume de récolte à l'intérieur d'un peuplement, ce qui entraînerait une diminution des récoltes faites dans d'autres peuplements afin d'atteindre le même volume. Les participants des groupes de l'industrie, du gouvernement et des Premières Nations ont indiqué que cet outil pourrait être utilisé pour l'adaptation aux changements climatiques par l'identification de gènes liés à la résistance aux insectes et aux maladies ainsi que différents stress abiotiques.

Inversement, les participants du gouvernement sont préoccupés par le fait que la SAM est un outil coûteux à développer et à mettre en œuvre, tandis que des fonds limités sont alloués aux améliorateurs pour développer les compétences et les ressources nécessaires à l'utilisation de cette technologie. Ils sont aussi soucieux du fait que certains caractères pourraient être négligés et que cela pourrait mener, de façon imprévisible, à une susceptibilité future. De plus, il pourrait être difficile d'obtenir le support du public si celui-ci confond cette technologie avec le génie génétique. Les participants de l'industrie ont également montré des préoccupations relativement à la perception du public, indiquant qu'il associe généralement la biotechnologie avec les organismes génétiquement modifiés (OGMs) et qu'il serait difficile de changer leur perception. Les participants ont aussi exprimé leur préoccupation face à la difficulté de prévoir les caractères qui seront désirables dans 50 ans.

Les Premières Nations et les ONGEs ont quant à elles identifié comme préoccupations l'oubli des autres valeurs potentielles de la forêt, une perte en diversité et un outil conçu principalement pour l'industrie. Les participants des Premières Nations ont également indiqué qu'il serait nécessaire d'éduquer leur communauté à propos de l'outil pour assurer un soutien et que des essais préalables devront être faits. Certains participants ont en outre exprimé une préoccupation quant au fait que cet outil peut ouvrir la voie à des monocultures, et que les politiques et les règlements doivent être développés autour de l'utilisation de cet outil.

Bien que ces résultats préliminaires indiquent que chaque groupe d'utilisateurs a exprimé des inquiétudes diverses autour de l'utilisation future de la SAM dans les forêts de la Colombie-Britannique, leurs perceptions sur la technologie pourraient être améliorées si quelques préoccupations clés étaient abordées. En effectuant des essais, en élaborant un cadre de politique complémentaire et en créant de nouvelles opportunités de discussions ouvertes entre les utilisateurs finaux, la perception des détenteurs d'intérêts et des Premières Nations à propos de la SAM pourrait être améliorée. En outre, la meilleure façon de renforcer le soutien à une nouvelle biotechnologie passe par l'éducation. Former les utilisateurs finaux et informer le public peut se révéler être un obstacle important, tout en étant une composante clé, de la mise en œuvre future de la SAM en Colombie-Britannique.

Références:

- * Brumlop, S., & Finckh, M. R. (2011). *Applications and potentials of marker assisted selection (MAS) in plant breeding* (p. 178). Bonn, Germany: Bundesamt für Naturschutz (BfN), Federal Agency for Nature Conservation. Retrieved from http://www.bfn.de/0502_skripten.html
- * Forest Practices Branch. (2008). Tree Species Compendium. *The Ministry of Forests, Lands, and Natural Resource Operations*. Retrieved June 24, 2014, from <http://www.for.gov.bc.ca/hfp/silviculture/Compendium/WhiteSpruce.htm>
- * Government of Canada. (2013). Canadian Forest Service : Statistical Data - Forest Resources in BC. *Natural Resources Canada*. Retrieved April 23, 2014, from <http://cfs.nrcan.gc.ca/stats/profile/overview/bc>
- * Porth, I., Boyland, M., Ahmed, S., & Bull, G. (sous presse). Forest Genomics Research and Development in Canada: Priorities for Developing an Economic Framework. *The Forestry Chronicle*.
- * Rank, D. (2013). *Forest Sector: Challenges, Genomic Solutions* (p. 36). Retrieved from <http://www.genomecanada.ca/en/sectorstrategies/>
- * Samure, K., & Given, L. M. (2008). Data Saturation. In L. M. Given (Ed.), *The SAGE Encyclopedia of Qualitative Research Methods* (pp. 196–197). Los Angeles, Calif.: SAGE Publications.
- * Vogel, B., & Van Aken, J. (2009). *Smart Breeding - Marker-Assisted Selection: A non-invasive biotechnology alternative to genetic engineering of plant varieties* (p. 28). Amsterdam, the Netherlands.
- * Yanchuk, A. D. (2002). The role and implications of biotechnology in forestry. *Food and Agriculture Organization of the United Nations, Unasylva*(30),18-22.

© Toutes informations et figures contenues dans cet article. Pour plus d'informations, contactez Chelsea Nilausen[‡], Nancy Gélinas* et Gary Bull[‡]

[‡]Department of Forest Resources Management, University of British Columbia, Vancouver, BC, Canada

*Département des sciences du bois et de la forêt, Université Laval

(Courriels: chelseanilausen@gmail.com, nancy.gelinas@sbf.ulaval.ca, gary.bull@ubc.ca)

Données publiques publiées par SmarTForests:

Première version du génome de l'épinette blanche (*Picea glauca*) PG29



Le projet SmarTForests a publié une première version du génome de l'épinette blanche (*Picea glauca*) sur le site du National Center for biotechnology Information NCBI : [[Bioproject_RJNA83435](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/210511)], [Accession ALWZ0000000000](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/accn/ALWZ0000000000)). Pour faciliter l'accès à cette première séquence assemblée, nous avons aussi créé un portail local [[ftp://ftp.bcgsc.ca/public/Picea_Glauca/](http://ftp.bcgsc.ca/public/Picea_Glauca/)]. Cette séquence génomique de l'épinette blanche est basée sur un individu de l'ouest canadien (PG29) et a été obtenue par séquençage de type « shotgun » sur une plateforme de haut débit (HiSeq2000). Tout au long du projet nous travaillerons à l'amélioration des séquences ainsi qu'à la mise à jour de l'assemblage du génome. Cette publication des données du génome de l'épinette blanche vise à supporter la recherche et le développement, en accord avec les principes concernant le partage prépublication des données génomiques énoncés lors de l'Atelier de Toronto. [[Portals/0/1st%20assembly%20release%20notice.pdf](#)]

Pour citer cette ressource:

Birol, I., A. Raymond, S.D. Jackman, S. Pleasance, R. Coope, G.A. Taylor, M.M. Saint Yuen, C.I. Keeling, D. Brand, B.P. Vandervalk, H. Kirk, P. Pandoh, R.A. Moore, Y. Zhao, A.J. Mungall, B. Jaquish, A. Yanchuk, C. Ritland, B. Boyle, J. Bousquet, K. Ritland, J. MacKay, J. Bohlmann & S.J.M. Jones. 2013. Shotgun sequencing and assembly of the 20 Gb white spruce (*Picea glauca*) genome. *Bioinformatics*. <http://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btt178>.

Archive de séquences courtes (SRA) d'épinette blanche, ARN de PG29

Séquences courtes d'ARN provenant de différents tissus de PG29 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/210511>). Les données ont été produites avec la technologie HiSeq de Illumina.

Archive de séquences courtes (SRA) d'épinette blanche, tissus provenant de semences de WS77111

Séquençage d'ARNm de tissus provenant de semences d'épinette blanche (mégagamétophytes et embryons) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/245361>). Les données ont été produites avec la technologie HiSeq de Illumina. Verta et collab., 2014; doi: <http://dx.doi.org/10.1101/007153>.

Deuxième version du génome de l'épinette blanche (*Picea glauca*) PG29

Une deuxième version du génome de *Picea glauca* (PG29) a été déposée au National Centre for Biotechnology Information (NCBI). Les données ont été produites avec la technologie HiSeq de Illumina. Le projet est identifié comme suit : [Bioproject PRJNA83435](https://bioproject.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/245361), Accession ALWZ0000000000. Les données sont aussi disponibles sur le site FTP hébergé par le BCGSC (ftp://ftp.bcgsc.ca/public/Picea_Glauca/).

Première séquence du génome de l'épinette blanche (*Picea glauca*) WS77111

Le projet SMarTForests a produit une première version d'une deuxième épinette blanche (WS77111) qui provient de l'est du Canada, déposée au NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/242552>).

Génotypage : 13,461 SNPs de *Picea glauca* publiés dans Pavy 2013 (PMID: 23351128)

Les SNPs publiés dans l'article de N. Pavy et coll. (2013) (PMID: 23351128) ont été déposés dans la base de données du NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/SNP/>). Les méthodes de détection des polymorphismes ainsi que les résultats de génotypage sont décrits dans la publication.

Atlas de SNPs in silico de haute confiance contenant 212 765 SNPs

Le logiciel Varscan a été utilisé pour l'identification des SNPs (polymorphisme de nucléotides simples) sur des séquences géniques complètes. Les séquences ont été alignées sur le catalogue de gènes de l'épinette blanche (GCAT) à l'aide du logiciel Mosaik. La validité des 5938 SNPs prédits a été évaluée par génotypage en utilisant une biopuce iSelect Infinium. Le taux de validation global est de 92.1%.

Biopuce d'expression Arborea Spruce 32K

Biopuce pour analyses transcriptomiques, plateforme GEO GPL15033. Données publiques.

Évaluation de l'expression différentielle au sein du transcriptome des tissus vasculaires de 3 espèces du genre *Picea*

Analyse transcriptomique, no d'accension GEO GSE35922, publié dans Raheison et al., 2012. Données publiques.

Expérience de comparaison interspécifique chez les *Pinaceae*

Analyse transcriptomique, no d'accension GEO GSE35847, publié dans Raheison et al., 2012. Données publiques.

La base de données de profils d'expression PiceaGenExpress

Analyse transcriptomique, no d'accension GEO GSE35624, publié dans Raheison et al., 2012. Données publiques.

Mesure directe de l'héritabilité de l'expression des gènes chez des individus de populations sauvages

Analyse transcriptomique, no d'accension GEO GSE35337, publié dans Verta et al., 2012. Données publiques.

Analyse transcriptomique du bois juvénile et mature dans quatre espèces de conifères

Analyse transcriptomique, no d'accension GEO GSE51884, soumis pour publication. Les données deviendront publiques au moment de la publication.

Analyse comparative du transcriptome de sept tissus de *Picea glauca*

Analyse transcriptomique, no d'accension GEO GSE60277, soumis pour publication. Les données deviendront publiques au moment de la publication.





VISITEZ-NOUS À:
www.smartforests.ca

**POUR NOUS
CONTACTER:**

**GESTIONNAIRES
DE PROJET**

Sophie Lavolette

Centre d'étude de la forêt
Université Laval
1030 av. de la Médecine
Bureau 2153
Québec (Qc), G1V 0A6
Canada
Téléphone: 418.656.2408
Télécopieur: 418.656.7176
Courriel:
Sophie.lavolette@sbf.ulaval.ca

Carol Ritland

#3611-2424 Main Mall
Department of Forest
Sciences
University of British Columbia
Vancouver, B.C. Canada
V6T 1Z4
Téléphone: 604.822.3908
Télécopieur: 604.822.2114
Courriel:
critland@mail.ubc.ca

Nouvelles et événements récents

• 2e Sommet sur les génomes des conifères

Le 2ème Sommet sur les génomes des conifères s'est tenu à la Forêt Montmorency, Québec, Canada, du 16 au 18 juin 2014. L'objectif de cette rencontre était de faciliter l'échange des connaissances sur les nouvelles approches de séquençage, d'assemblage et d'annotation des génomes des conifères, ainsi que sur l'interprétation des résultats et les applications pratiques pour l'amélioration génétique des conifères.

Ce sommet a également mis en évidence les recherches effectuées sur des processus tels que les réactions au stress, les mécanismes de résistance aux insectes et aux agents pathogènes, l'adaptation aux changements climatiques, la formation du bois et la régulation génique, ainsi que les recherches liant le phénotype au génotype. Cet événement a réuni 60 participants provenant du Canada, de la Nouvelle-Zélande, de la Norvège, de l'Espagne, de la Suède, de l'Italie, des États-Unis et du Royaume-Uni.

- E-lectures via Canadian Forest Institute (<http://cif-ifc.org/site/electure>) presented in November 2013:
November 13, 2013: "Introduction to Forest Genetics and Genomics, and application of genomic selection to wood quality," by **John MacKay** and **Jean Bousquet** with contributions from **Jean Beaulieu**.
November 20, 2013: "Genomics of insect resistance in spruce and breeding applications," by **Jörg Bohlmann** and **Alvin Yanchuk**.
November 27, 2013: "Is the application of genomics to growing trees competitive and acceptable?" by **Nancy Gélinas** and **Gary Bull**.
- "Tree Genomics Symposium" . Le 19 juin 2014 au Forest Sciences Centre, University of British Columbia. Participants de quatre grands projets de Genome Canada appliqués aux arbres (SMarTForests, AdapTree, TAIGA, POPCAN)

Événements à venir

Troisième sommet sur la génomique des conifères (Été 2015)

Nouveaux articles (pour la liste complète, visitez www.smartforests.ca)

- ◇ Beaulieu et collab., 2014 Heredity
- ◇ Doerksen et collab., 2014 Tree Genetics and Genomes
- ◇ Roach et collab., 2014 Journal of Biological Chemistry
- ◇ Duval et collab., 2014 Journal of Experimental Botany
- ◇ Stival et collab., 2014 BMC Plant Biology

Special thanks to our sponsors



GenomeCanada



GenomeQuébec



GenomeBritishColumbia



GenomeAlberta