



Article percutant n° 5

FastTRAC (Fast Tests for Rating and Amelioration of Conifers / Tests rapides pour l'amélioration des conifères)

Chaque arbre a un génome distinctif, porteur d'information génétique unique - son ADN - qui régit ses fonctions de base et sa croissance. Le génotype spécifique d'un arbre (son ensemble de gènes) le différencie des autres. Cela explique, par exemple, les différences de hauteur ou de dimension de la cime entre les arbres.

Certaines caractéristiques sont recherchées des forestiers, telles que la résistance aux insectes ou la qualité de la fibre de bois. Le secteur forestier canadien se montre très intéressé par la production de semences d'arbres dotées de ces caractéristiques. Voilà pourquoi les provinces et les territoires travaillent depuis des décennies à l'établissement de vergers à graines et de sources de semences adaptés à des conditions environnementales spécifiques et à des demandes du marché tout aussi spécifiques.

Des chercheurs primés de 2015 à 2019 du Centre canadien sur la fibre de bois du Service canadien des forêts (CCFB/SCF) mènent des travaux de recherche sur la génomique dans le cadre du projet appelé FastTRAC (Fast Tests for Rating and Amelioration of Conifers/Tests rapides pour l'amélioration des conifères). Ces travaux sont en voie de transformer les programmes traditionnels d'amélioration génétique et de sélection des arbres. Les producteurs de semences ne pourront que bénéficier de ces nouveaux acquis et outils associés.



Le projet FastTRAC a réuni des scientifiques, des forestiers et des économistes de l'Université Laval, de FPInnovations, du gouvernement du Québec, de J.D. Irving et du Conseil pour l'amélioration des arbres du Nouveau-Brunswick. Ils ont démontré qu'il était possible d'effectuer de la sélection assistée par la génomique des arbres à l'échelle opérationnelle et ont fait ressortir les avantages économiques qui découlaient de l'utilisation de la technologie FastTRAC.

Comparativement aux approches traditionnelles d'amélioration génétique des arbres et de production qui peuvent prendre jusqu'à 30 ans avant que l'on obtienne des résultats concrets, le projet FastTRAC aide à la détermination des arbres les plus performants en quelques années. Il s'agit d'une des premières applications à l'échelle opérationnelle au monde de la sélection assistée par la génomique en vue de l'amélioration des arbres.

À partir de la racine

Dans une étude FastTRAC, Dr. Patrick Lenz du CCFB et son équipe ont amélioré la prédiction du génotype des épinettes. En utilisant les relations génomiques plutôt que la méthode traditionnelle de généalogie (histoire familiale) des espèces d'arbres, lui et ses collègues ont relevé les caractéristiques d'arbres de valeur, ce qui a permis aux généticiens forestiers de classer et de choisir les semis en fonction des caractéristiques désirées. Cette méthode s'est révélée plus économique en plus d'avoir permis de raccourcir considérablement les temps d'attente avant l'établissement de nouvelles cultures d'arbres améliorés.

Les plantations d'arbres sont vulnérables aux infestations de ravageurs et de maladies, en particulier dans le contexte du changement climatique. D'où tout l'intérêt des généticiens forestiers pour la génomique forestière, car ils connaissent bien la valeur économique et environnementale rattachée à la reproduction d'arbres résilients. Patrick et ses collègues ont également étudié l'épinette de Norvège, un conifère non indigène du Canada, au regard de sa résistance au charançon du pin blanc, qui déforme beaucoup la tige. Ils ont trouvé que la résistance des arbres dépendait beaucoup de leurs gènes. Selon l'équipe, la sélection génomique offre de nouvelles possibilités de sélection d'arbres résistants en intégrant des critères de croissance et de qualité de la fibre.

Dans une autre étude, Yill-Sung Park et Jean Beaulieu (retraité) du CCFB ont étudié l'intégration de la sélection génomique à la foresterie multivariétale, un système d'amélioration des arbres à des fins commerciales où l'on plante une gamme d'arbres génétiquement différents. En combinant la foresterie multivariétale, la sélection génomique et la création de cellules, ils ont réussi à réduire de 15 ans le temps de production des graines d'épinette blanche. Les généticiens forestiers se trouvent de ce fait mieux outillés pour faire face aux changements des conditions environnementales ou à la demande du marché.

Jusqu'à présent, J.D. Irving et le ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs du Québec ont adopté ces techniques de propagation pour rationaliser leurs pratiques forestières. L'adoption précoce de cette technique donne à penser qu'une révolution est en marche dans le domaine de la reproduction traditionnelle des arbres.

Graines d'innovation

Le travail du CCFB sur la mise au point d'outils forestiers efficaces et respectueux de l'environnement ne fait que commencer. On peut appliquer les résultats de l'expérience du charançon et de l'épinette de Norvège à différents arbres, insectes, gènes et écosystèmes.

En se fondant sur le succès de FastTRAC, les partenaires du projet explorent la possibilité d'appliquer ces innovations à plus d'espèces d'arbres et de l'étendre géographiquement.

La sélection d'arbres résistants et de valeur n'est qu'une étape au soutien du secteur forestier face aux changements climatiques et à l'accroissement de la valeur des arbres canadiens dans le monde. À mesure que le CCFB fait avancer les connaissances sur la génomique forestière et les applique dans la foulée, les forestiers s'enrichissent des connaissances modernes dont ils ont besoin pour que les arbres soient sains et robustes.

Renseignez-vous davantage

Consultez le site Web du projet :

- <http://fasttracproject.ca/fr/accueil/>

Voyez également :

- Lenz, P.R.N., et. coll. 2019. [Multi-trait genomic selection for weevil resistance, growth, and wood quality in Norway spruce](#). *Evolutionary Applications* 13: 76-94.
- Lenz, P.R.N., et. coll. 2020. [Genomic prediction for hastening and improving efficiency of forward selection in conifer polycross mating designs: an example from white spruce](#). *Heredity* 124: 562-578.
- Chamberland, V., Robichaud, F., Perron, M. et al. Conventional versus genomic selection for white spruce improvement: a comparison of costs and benefits of plantations on Quebec public lands. *Tree Genetics & Genomes* 16, 17 (2020). <https://doi.org/10.1007/s11295-019-1409-7>

Pour de plus amples informations, prière de contacter le CCFB à nrcan.cwfc-ccfb.rncan@nrcan-rncan.gc.ca.