

Titre du projet	Exploiter le potentiel des variants alléliques de perte de fonction naturelle dans le matériel génétique du peuplier pour une domestication accélérée des arbres forestiers
Chercheur(e) principal(e)	Ilga Porth
Autres chercheurs(es) / Étudiants(es) gradués(es)	Anthony Piot (étudiant PhD)
Axe thématique 2RLQ (1 à 7 *)	5
Présentation et objectifs	Alors que la recherche médicale connaît de grands succès dans la corrélation de phénotypes (maladies) avec des allèles défectueux rares (codons stop prématurés ou abolis, codon start altéré, épissage alternatifs dans certains gènes), il n'y a pas eu d'explorations systématiques de telles corrélations chez les arbres forestiers jusqu'à ce jour. Peu d'allèles de pertes de fonction naturelle déjà détectés pourraient être liés à des phénotypes de bois avantageux (sensiblement moins de lignine, par exemple) et ont donc un potentiel élevé pour accélérer l'amélioration dans le contexte de la sélection des arbres pour le reboisement. L'accès à de telles mutations rares dans le génome des arbres est maintenant facilité par le séquençage de nouvelle génération. La recherche proposée vise à relier les outils de valorisation du bois et de sélection génomique en démontrant la faisabilité d'une utilisation future de la découverte de la fonction des gènes dans la sélection des arbres. Cette approche intégrative sera une preuve de concept pour une amélioration rapide des plantes non-cultivées. L'objectif proposé est la génération de peupliers sensiblement améliorés pour des caractères pertinents sur le plan industriel tels que des caractéristiques de fibres améliorées à partir d'une population naturelle.
Résultats (préliminaires/finaux)	- Nous avons trouvé une importante diversité génétique le long de 1014 génomes complets de <i>Populus trichocarpa</i>. - La majorité des variants génétiques identifiés (66%) sont rares et se trouve dans les populations à une fréquence inférieure à 0.05. - Parmi les variants génétiques rares identifiés nous avons trouvé un nombre significatifs (~24500) de variant non-sens. Ces variants peuvent avoir de forts effets délétères et entraîner des changements phénotypiques importants.
Retombées escomptées et applications	Ce projet répondra à de nombreuses questions dans le contexte de l'évolution qui concerne la sélection agissant sur les traits quantitatifs, la sélection des arbres tout en offrant des options plus productives pour les secteurs de la culture et des produits forestiers.

* **Axes thématiques 2RLQ :** (1) la croissance et rendement des plantations, (2) la restauration écologique de sites perturbés/anthropisés, (3) les plantations de résilience, (4) la phytoremédiation et production de produits biosourcés, (5) l'amélioration génétique et l'adaptation, (6) la valorisation des matières résiduelles fertilisantes et la séquestration du carbone et finalement (7) la transformation des bois et la chaîne de valeur.

Publications associées	- Piot, A., Prunier, J., Isabel, N., Klápště, J., El-Kassaby, Y.A., Villarreal Aguilar, J.C., and Porth, I. (2020) <i>Genomic Diversity Evaluation of Populus trichocarpa Germplasm for Rare Variant Genetic Association Studies</i>. <i>Frontiers in Genetics</i> (Acceptée). - Prunier, J., Giguère, I., Ryan, N., Guy, R., Soolanayakanahally, R., Isabel, N., MacKay, J., Porth, I. (2019) <i>Gene copy number variations involved in balsam poplar (Populus balsamifera L.) adaptive variations</i>. <i>Molecular Ecology</i> 28(6), 1476-1490. - Porth, I., Maghuly, F., El-Kassaby, Y.A., Mansfield, S. (2018) <i>Localization of gene expression, tissue specificity of Populus xylosyltransferase genes by isolation and functional characterization of their promoters</i>. <i>Plant Cell, Tissue and Organ Culture</i>, 134(3):503-508. - McKown, A.D., Klapšte, J., Guy, R.D., Soolanayakanahally, R.Y., La Mantia, J., Porth, I., Skyba, O., Unda, F., Douglas, C.J., El-Kassaby, Y.A. <i>et al.</i> (2017) <i>Sexual homomorphism in dioecious trees: Extensive tests fail to detect sexual dimorphism in Populus</i>. <i>Scientific Reports</i>, 7(1). - Porth, I., Klapšte, J., McKown, A. D., La Mantia, J., Guy, R. D., Ingvarsson, P. K., Hamelin, R., Mansfield, S. D., Ehlting, J., Douglas, C. J. <i>et al.</i> (2015) <i>Evolutionary quantitative genomics of Populus trichocarpa</i>. <i>PLoS ONE</i>, 10(11). - Wang, S., Li, E., Porth, I., Chen, J.-G., Mansfield, S. D., Douglas, C. J. (2014) <i>Regulation of secondary cell wall biosynthesis by poplar R2R3 MYB transcription factor PtrMYB152 in Arabidopsis</i>. <i>Scientific Reports</i>, 4. - Porth, I., Klapšte, J., Skyba, O., Hannemann, J., McKown, A. D., Guy, R. D., Difazio, S. P., Muchero, W., Ranjan, P., Tuskan, G. A. <i>et al.</i> (2013) <i>Genome-wide association mapping for wood characteristics in Populus identifies an array of candidate single nucleotide polymorphisms</i>. <i>New Phytologist</i>, 200(3):710-726 - Présentation d’affiche et présentation orale à la conférence « Plant and Animal Genomics » 2020, San Diego, California, USA. Titre: “Genetic diversity in Populus trichocarpa for rare variant genetic associations querying 1,000+ genomes” - Présentation orale à la conférence de l’Association Canadienne de Génomique Forestière (ACGF) 2019, Lac Delage, Québec, Canada. Titre: “Genome-wide association studies to unravel the genetic architecture of quantitative phenotypic traits in poplars”.
Partenaires : industries, gouvernements, autres	En Attendance
Site(s) (Région(s))	Canada, États-Unis
Date de début /date prévue de la fin de projet	2017-04-01 au 2022-03-31

* **Axes thématiques 2RLQ : (1)** la croissance et rendement des plantations, **(2)** la restauration écologique de sites perturbés/anthropisés, **(3)** les plantations de résilience, **(4)** la phytoremédiation et production de produits biosourcés, **(5)** l’amélioration génétique et l’adaptation, **(6)** la valorisation des matières résiduelles fertilisantes et la séquestration du carbone et finalement **(7)** la transformation des bois et la chaîne de valeur.