

Titre du projet	Spruce-Up : Génomique avancée des épinettes pour des forêts productives et résilientes - Advanced spruce genomics for productive and resilient forests
Chercheur(e) principal(e)	Jean Bousquet (Univ. Laval) et Joerg Bohlmann (Univ. de Colombie-Britannique)
Autres chercheurs(es) / Étudiants(es) gradués(es)	Au Québec : Nancy Gélinas, Nathalie Isabel, Patrick Lenz, Jean Beaulieu, Martin Perron, Alexis Achim, Martin Girardin, Éric Bause, Marie-Josée Mottet, Steeve Pépin, Guillaume Otis-Prud'homme et 50 autres chercheurs collaborateurs, étudiants gradués/postdoctoraux, attachés et professionnels de recherche
Axe thématique 2RLQ (1 à 7 *)	5, 1
Présentation et objectifs	Les forêts d'épinettes constituent les ressources forestières les plus importantes du Canada. Les épinettes produisent du bois et des fibres de haute qualité qui sont largement utilisés dans l'industrie, tout en fournissant des services écosystémiques essentiels localement et à l'échelle de la ceinture boréale planétaire. Les reboisements en épinette constituent plus de 50% des quelques 600 millions de plants reboisés annuellement au Canada dont près d'une centaine de million d'épinettes par année uniquement au Québec. Pour répondre à la demande d'épinettes adaptées et à haute productivité permettant de maximiser le rendement des investissements en reboisement, des programmes d'amélioration génétique de classe mondiale, notamment au Québec, fournissent des variétés d'épinettes améliorées pour la production de semences et de semis. Cependant, les nouveaux défis provoqués par les changements climatiques (par ex., exacerbation des épidémies d'insectes et épisodes de sécheresse plus fréquents et intenses) et l'évolution des marchés des produits forestiers exigent une accélération, par les outils de diagnostic au niveau génomique, des programmes d'amélioration des épinettes pour répondre plus rapidement et avec plus de flexibilité aux nouveaux besoins, et d'assurer la productivité et la qualité du bois découlant des futures plantations d'épinette tout en réduisant l'âge de récolte. L'objectif du projet pan-canadien et international Spruce-Up est de produire de nouvelles connaissances socio-économiques, physiologiques, génétiques et génomiques pour le développement, la validation et la mise en œuvre de nouvelles méthodes de phénotypage des arbres, de nouveaux biomarqueurs et de systèmes de sélection par la génomique afin d'accélérer, diversifier et rendre plus flexibles les programmes d'amélioration des épinettes. Spruce-Up n'est pas un réseau de R&D mais un projet intégré de recherche appliquée reconnu au programme LSARP (Large-Scale Applied Research Project) de Génome Canada. Le projet Spruce-Up relève ces défis en partenariat avec plusieurs utilisateurs des résultats de la recherche au Canada et à l'international dont au Québec le Ministère des forêts, de la faune et des parcs (MFFP), qui est responsable de la production des semences et des semis et qui participe activement aux travaux avec les

* **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.

	chercheurs universitaires, fédéraux et de FPInnovations. La programmation de Spruce-Up se concentre particulièrement sur les facteurs affectant l'acceptabilité sociale de la foresterie intensive, les études de coûts/bénéfices, la mise au point de nouvelles méthodes de phénotypage à haut débit, le développement de biomarqueurs et de systèmes de sélection génomique sur mesure à partir de la variabilité génétique naturelle chez les épinettes, afin d'améliorer la résistance aux insectes et aux sécheresses, l'efficacité de l'utilisation des nutriments sur sites marginaux ainsi que la productivité et la qualité du bois. Les outils de prédiction de la valeur des arbres par la génomique, une fois validés, permettent de réduire les cycles de sélection des nouvelles variétés améliorées par une vingtaine d'années en permettant la sélection des meilleurs sujets à un plus jeune âge sans attendre l'évaluation à l'âge mature.
Résultats (préliminaires/finaux)	- De nouvelles méthodes de phénotypage à haut débit ont été mises au point comme l'utilisation de du LiDAR pour l'évaluation de la forme des arbres, l'utilisation de drones munis de capteurs hyperspectraux et l'étude rétrospective des cernes annuels pour détecter le degré de résistance des épinettes aux stress climatiques sévères comme les périodes de sécheresse. - Des biomarqueurs pour la résistance des épinettes aux insectes ravageurs ont été découverts. Des systèmes de sélection par la génomique ont également été développés pour l'amélioration de la résistance au charançon chez l'épinette de Norvège et face à la tordeuse des bourgeons de l'épinette chez l'épinette blanche, pour la productivité en croissance et en biomasse sèche et pour la qualité du bois comme sa rigidité et sa densité et ce, pour de multiples espèces. Des systèmes de sélection génomique multicritère sont également développés et intégrés aux programmes d'amélioration génétique en collaboration avec les améliorateurs. - Des études de coûts/bénéfices allant de l'étape de la sélection des variétés améliorées, leur reboisement jusqu'à l'étape de la récolte des plantations ont été menées par les chercheurs de l'Univ. Laval, du MFFP et de FPInnovations/CCFB, indiquant que les stratégies incorporant les approches par la génomique sont les plus profitables par rapport aux approches plus conventionnelles, accélérant la sélection et le déploiement des variétés améliorées de plusieurs années et générant des milliers de dollars additionnels en valeur actuelle nette (VAN) à l'hectare pour des plantations de 50 ans.
Retombées escomptées et applications	Le projet produit des connaissances de pointe, des outils d'aide à la décision au niveau socio-économique, ainsi que des nouvelles méthodes de phénotypage, des biomarqueurs et des outils génomiques appliqués pour améliorer de façon significative les programmes conventionnels d'amélioration et accélérer le déploiement de variétés d'épinettes améliorées à partir de la variabilité génétique naturelle. Les résultats de Spruce-Up sont possibles grâce à l'existence de programmes établis d'amélioration génétique des épinettes comme ceux au Québec, permettant d'augmenter en synergie avec ces derniers la valeur commerciale des futures plantations et la captation du carbone, en améliorant les qualités du bois et en réduisant le risque par la diminution de l'âge de récolte ainsi que par la réduction des pertes dues aux perturbations environnementales

	biotiques et abiotiques. Grâce aux preuves de concept qu'il réalise, le projet va jusqu'à redéfinir avec les partenaires dans différentes régions du Canada et au Québec les stratégies d'amélioration en lien avec la productivité et la résilience des futures plantations d'épinette. Le regroupement des besoins pan-canadiens et internationaux des programmes d'amélioration des épinettes permet également des synergies et économies d'échelle à différents niveaux de la recherche et du développement.
Publications associées	Chamberland, V., Robichaud, F., Perron, M., Gélinas, N., Bousquet, J. & Beaulieu, J. 2020. Conventional versus genomic selection for white spruce improvement: a cost-benefit analysis for plantations on Québec public lands. <i>Tree Genetics and Genomes</i> 16: 17 (16p.) (10.1007/s11295-019-1409-7). Isabel, N., Holliday, J.A. & Aitken, S.N. 2020. Forest genomics: advancing climate adaptation, forest health, productivity and conservation. Introduction paper to the Special Issue of January 2020 of <i>Evolutionary Applications</i>. <i>Evolutionary Applications</i> 13:3-10 (10.1111/eva.12902). Lenz, P.R.N., Nadeau, S., Azaiez, A., Gérardi, S., Deslauriers, M., Perron, M., Isabel, N., Beaulieu, J. & Bousquet, J. 2020. Genomic prediction for hastening and improving efficiency of forward selection in conifer polycross mating designs: an example from white spruce. <i>Heredity (in press)</i> (10.1038/s41437-019-0290-3). Lenz, P.R.N., Nadeau, S., Mottet, M.-J., Perron, M., Isabel, I., Beaulieu, J. & Bousquet, J. 2020. Multi-trait genomic selection for weevil resistance, growth and wood quality traits in Norway spruce. <i>Evolutionary Applications</i> 13: 76-94 (10.1111/eva.12823). Parent, G., Méndez-Espinoza, C., Giguère, I., Mageroy, M., Charest, M., Baucé, E., Bohlmann, J. & Mackay, J. 2020. Hydroxyacetophenone defenses in white spruce against spruce budworm. <i>Evolutionary Applications</i> 13: 62-75 (10.1111/eva.12885). Coursolle, C., Otis-Prud'homme, G., Lamothe, M. & Isabel, N. 2019. Measuring rapid A–Ci curves in boreal conifers: black spruce and balsam fir. <i>Frontiers in Plant Science</i> 10: 1276 (9p.) (10.3389/fpls.2019.01276). Hassegawa, M., Savard M., Lenz, P.R.N., Duchateau, E., Gélinas, N., Bousquet J. & Achim, A. 2019. White spruce wood quality for lumber products: priority traits and their enhancement through tree improvement. <i>Forestry (in press)</i> (10.1093/forestry/cpz050). Park, Y.-S., Ding, Lenz, P., Nadeau, S., Adams, G., Millican, S., Beaulieu, J. & Bousquet, J. 2019. Implementing genomic selection for multi-varietal forestry of white spruce (<i>Picea glauca</i>) in New Brunswick, Canada. <i>In Proc. 5th International Conference of IUFRO Working Group on Somatic Embryogenesis and Vegetative Propagation Technologies</i>, Univ. of Coimbra, Lisbon, Portugal. Pp. 230-233. Perron, M., Lenz, P., Despons, M., Mottet, M.-J., Isabel, N., Beaulieu, J. & Bousquet, J. 2019. À l'aube d'une révolution: décoder l'invisible pour nos forêts. Ministère des

	forêts, de la faune et des parcs du Québec, Direction de la recherche forestière, Avis de recherche forestière no.133. 2p. Van Ghelder, C., Parent G.J., Rigault P., Prunier J., Giguère I., Caron S., Stival Sena J., Deslauriers A., Bousquet J., Esmenjaud D. & Mackay J. 2019. The large repertoire of conifer NLR conifer resistance genes includes drought responsive and highly diversified RNLs. <i>Scientific Reports</i>, 9: 11614 (13p.) (10.1038/s41598-019-47950-7). Azaiez, A., Pavy, N., Gérardi, S., Laroche, J., Boyle, B., Gagnon, F., Mottet, M.-J., Beaulieu, J. & Bousquet, J. 2018. A catalog of annotated high-confidence SNPs from exome capture and sequencing reveals highly polymorphic genes in Norway spruce (<i>Picea abies</i>). <i>BMC Genomics</i> 19:942 (13p.) (10.1186/s12864-018-5247-z). Housset, J.M., Nadeau, S., Isabel, N., Depardieu, C., Duchesne, I., Lenz, P. & Girardin, M.P. 2018. Tree rings provide a new class of phenotypes for genetic associations that foster insights into adaptation of conifers to climate change. <i>New Phytologist</i> 2:630-645 (10.1111/nph.14968). Lamara, M., Parent, G., Giguère, I., Beaulieu, J., Bousquet, J. & Mackay, J. 2018. Association genetics of acetophenone defence against spruce budworm in mature white spruce. <i>BMC Plant Biology</i> 18: 231 (15p.). (10.1186/s12870-018-1434-y). Méndez-Espinoza, C., Parent, G.J., Lenz, P., Rainville, A., Tremblay, L., Adams, G., McCartney, A., Baucé, E. & MacKay, J. 2018. Genetic control and evolutionary potential of a constitutive resistance mechanism against the spruce budworm (<i>Choristoneura fumiferana</i>) in white spruce (<i>Picea glauca</i>). <i>Heredity</i> 121:142–154 (10.1038/s41437-018-0061-6). Stival Senna, J., Giguère, I., Rigault, P., Bousquet, J. & Mackay, J.J. 2018. Expansion of the dehydrin gene family in conifers is associated with considerable structural diversity and drought-responsive expression. <i>Tree Physiology</i> 38:442-456 (10.1093/treephys/tpx125). Godbout, J., Tremblay, L., Levasseur, C., Lavigne, P., Rainville, A., MacKay, J., Bousquet, J. & Isabel, N. 2017. Development of a traceability system based on a SNP array for large-scale production of high-value white spruce (<i>Picea glauca</i>). <i>Frontiers in Plant Science</i> 8:1264 (13p.) (10.3389/fpls.2017.01264). Lenz, P., Beaulieu, J., Clement, S., Mansfield, S., Despons, M. & Bousquet, J. 2017. Factors affecting the accuracy of genomic selection for growth and wood quality traits in an advanced-breeding population of black spruce (<i>Picea mariana</i>). <i>BMC Genomics</i> 18:335 (17p.) (10.1186/s12864-017-3715-5).
Partenaires : industries, gouvernements, autres	- Génome Canada - Génome Québec - Genome British Columbia - Genome Alberta - Chaire de recherche du Canada en génomique forestière, Université Laval - Département des sciences du bois et de la forêt, Université Laval - Institut de biologie intégrative et des systèmes, Université Laval

	- Université de Colombie-Britannique - Université d'Alberta - Université de Toronto - Université d'Oxford (Royaume-Uni) - Max Planck Institute (Allemagne) - Ressources Naturelles Canada - Centre canadien de la fibre du bois - FPIInnovations - Commission géologique du Canada - Direction de la recherche forestière (DRF) du Ministère des forêts, de la faune et des parcs du Québec (MFFP) - BC Ministry of Forests, Natural Resources and Land Operations - New Brunswick Tree Improvement Council - J.D. Irving Ltd
Site(s) (Région(s))	Multiplés régions et espèces d'épinette au Québec, Colombie-Britannique, Alberta, Nouveau-Brunswick, Royaume-Uni
Date de début/fin de projet	Janvier 2017 / Décembre 2021