

recherche

Volume 48, numéro 29 | 30 mai 2013

Deux arbres et leur génome

Des chercheurs de l'Université ont collaboré au séquençage du bagage génétique de l'épinette blanche et de l'épinette de Norvège

Par [Jean Hamann](#)

Le 22 mai 2013 aura été une journée marquante pour les épinettes. C'est ce jour-là que les revues *Nature* et *Bioinformatics* ont divulgué à la planète entière le génome de deux membres de leur famille, l'épinette de Norvège et l'épinette blanche. John MacKay, Jean Bousquet, Brian Boyle et Juliana Sena, du Département des sciences du bois et de la forêt et de l'Institut de biologie intégrative et des systèmes, font partie des équipes qui ont réalisé ces percées.

Comparé au génome humain, qui a nécessité une décennie de travail, le séquençage des deux espèces s'est conclu au grand galop. «Les Suédois ont commencé le travail il y a trois ans environ avec l'épinette de Norvège. De notre côté, nous avons amorcé le projet sur l'épinette blanche il y a 18 mois, signale John MacKay. L'amélioration des outils de séquençage a été incroyable au cours des dernières années. Il y a une décennie, il aurait été impensable de trouver le financement nécessaire pour séquencer le génome de ces deux arbres. Il aurait fallu tellement de temps que le projet aurait été prohibitif.»

Si le travail a été mené si rondement, ce n'est sûrement pas parce que le génome de ces deux arbres est de taille réduite. En effet, il est presque sept fois plus grand que le génome humain. Pourtant, les épinettes ne possèdent que 12 paires de chromosomes alors que l'*Homo sapiens* en compte 23. Quant au nombre de gènes, il se situe à près de 28 000 dans les deux groupes.

«La différence dans la taille du génome vient du fait que l'épinette a beaucoup d'ADN qui ne sert pas directement à fabriquer des protéines, explique le professeur MacKay. Une petite partie de cet ADN non codant (moins de 2%) est composée de séquences qui interviennent dans la régulation des gènes. Tout le reste est formé de ce que nous appelons des éléments transposables.»

Ces séquences transposables se dupliquent et se réinsèrent dans le génome, ce qui en augmente la taille au fil des âges. Pour l'instant, la fonction de ce matériel génétique fait l'objet de spéculations. «Il ne s'agit pas entièrement d'ADN inutile, commente Jean Bousquet. Des études réalisées chez d'autres plantes montrent qu'elles procurent une flexibilité physiologique en modulant l'expression des gènes.»

Selon John MacKay, le séquençage du génome des deux espèces d'épinettes constitue une avancée sur le plan des connaissances fondamentales touchant l'évolution des conifères. Mais, ajoute-t-il, il s'agit aussi d'une percée pour la sélection d'arbres possédant des caractéristiques souhaitées par l'industrie forestière. «Présentement, il faut cultiver un arbre pendant une quinzaine d'années avant de savoir s'il possède les qualités recherchées. Grâce aux outils génomiques, nous serons fixés en deux ans. Les analyses génomiques permettront de savoir, par exemple, si de jeunes arbustes possèdent des gènes de résistance à la tordeuse des bourgeons de l'épinette ou des gènes liés à certaines propriétés du bois comme la longueur des fibres.»



«Les analyses génomiques permettront de savoir, par exemple, si de jeunes arbustes possèdent des gènes liés à certaines propriétés du bois comme la longueur des fibres», explique John MacKay.

commentez  partagez   

 j'aime 1