

HISTOIRE ÉVOLUTIVE DE SIX ESPÈCES DE MÈLÈZE

Amal Saidani, Maîtrise en écologie et aménagement des écosystèmes forestiers
Direction : Mebarek Lamara et Yves Bergeron

La préservation de la biodiversité des arbres est d'une importance cruciale pour la préservation de notre environnement. Pendant des millions d'années, les arbres ont évolué pour s'adapter aux changements de leur environnement. Leur histoire évolutive est soigneusement enregistrée dans leur code génétique, qui contient une mine d'informations sur leurs ancêtres et les changements génétiques qui se sont produits au fil du temps.

Un examen du code génétique permet aux scientifiques d'identifier à la fois les similitudes et les différences entre les espèces. Bien que certains arbres puissent présenter des traits morphologiques similaires, l'analyse de leur ADN révèle de subtiles variations génétiques qui les distinguent et les classent en groupes génétiques distincts.

En connaissant mieux l'histoire évolutive des mélèzes et leur relation avec d'autres espèces, nous pourrions mieux comprendre les facteurs qui influencent leur survie. Cela sera crucial pour soutenir les programmes d'amélioration et de conservation des espèces de mélèze et leur diversité génétique.

Mon projet de recherche s'intègre dans ce contexte. Il vise à identifier six espèces de mélèze provenant de différentes régions dans le monde (l'Amérique du Nord, l'Europe, l'Asie). Comme toutes les plantes, le mélèze est constitué de cellules qui abritent de petites structures spéciales exécutant différentes fonctions biologiques. Ces structures, comparables à de petites usines cellulaires, sont appelées « organites ». Parmi ces organites, on cite le chloroplaste, qui contient un génome distinct du génome nucléaire et qui code pour des protéines spécifiques. En raison de sa structure relativement stable et de sa petite taille, l'ADN dit chloroplastique a facilité les études sur la diversité génétique. On se demande alors si on peut tracer les relations d'évolution entre les espèces de mélèze en se basant sur l'analyse comparative de leur ADN chloroplastique. Pour répondre à cette question, nous devons d'abord lire l'ADN en nous basant sur la technique de séquençage de nouvelle génération.

SÉQUENÇAGE DE NOUVELLE GÉNÉRATION

Le séquençage de nouvelle génération est une méthode révolutionnaire qui a considérablement amélioré notre capacité à analyser de grandes quantités de données génétiques en peu de temps. En effet, le séquençage de l'ADN chloroplastique de six espèces de mélèze génère des millions de fragments appelés « lectures ». Pour extraire des informations à partir de ces lectures, une série d'analyses bio-informatiques et statistiques sont nécessaires. Ces analyses permettent de déterminer les séquences d'ADN spécifiques à chaque espèce et d'identifier les variations génétiques entre les différentes espèces.

ANALYSE BIO-INFORMATIQUE ET STATISTIQUE

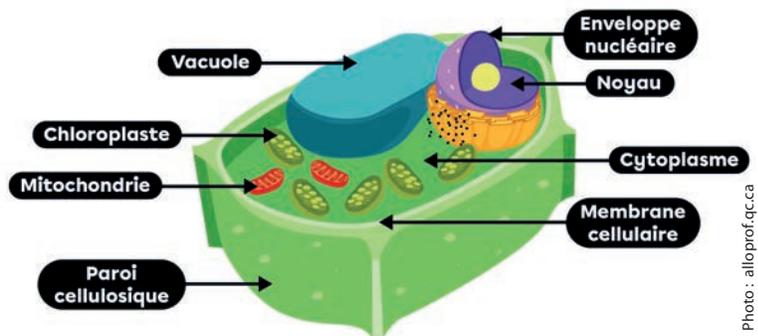
L'analyse bio-informatique est un processus qui consiste à déchiffrer l'information contenue dans le génome. Elle se résume en deux étapes : assemblage et annotation des séquences. Les fragments de séquence



Échantillon des espèces de mélèze étudiées

obtenus sont nettoyés, filtrés puis assemblés pour construire une séquence continue. Cette étape peut être comparée à une reconstruction du texte d'un livre, préalablement décheté en petits morceaux. Après l'assemblage, on passe à l'étape d'annotation. Elle consiste à identifier les différents éléments génétiques qui composent la séquence de l'ADN chloroplastique, tels que les gènes, les séquences régulatrices et les répétitions. Ces informations seront ensuite illustrées sur une carte génétique.

En obtenant les six cartes génétiques de nos espèces, nous pourrions ensuite déterminer leurs phylogénies. La phylogénie est l'étude des relations de parenté entre les différentes espèces. Elle permet de comprendre comment elles sont liées les unes aux autres sur le plan évolutif. Cela se fait par le calcul des distances génétiques en fonction des caractéristiques communes. Le but est de construire un arbre généalogique qui permet de relever l'histoire évolutive des espèces de mélèze. ■



Chaire UQAT - UQAM
en aménagement forestier durable

UQAT
INSTITUT DE RECHERCHE SUR LES FORÊTS