

Étude du génome de *Populus tremuloides*, une espèce forestière nord-américaine à large distribution, pour détecter l'adaptation locale (climat, sol)

Les projections des futures conditions climatiques prévoient une augmentation de température supérieure à 4 °C en 2100 et des accidents climatiques de plus en plus nombreux. Des nouvelles méthodes et mesures sont donc nécessaires afin de prédire la résilience des arbres forestiers d'intérêt économique et écologique, et d'améliorer la gestion et la restauration des écosystèmes, après une exploitation minière par exemple. Les espèces arborées à large distribution font souvent l'objet d'études sur la résilience des écosystèmes aux changements climatiques en raison de leur rôle clé dans le maintien du fonctionnement des écosystèmes par l'apport d'habitats et de nourriture. Comme les populations locales d'arbres peuvent devenir mal-adaptées lors de changements climatiques, comprendre les patrons d'adaptation actuels est devenu crucial pour guider les efforts de reboisement durable face aux changements climatiques et autres perturbations. Les technologies de séquençage de nouvelle génération ont permis de développer des méthodes pour identifier des milliers de marqueurs génétiques chez une espèce dont on peut tester le rôle dans l'adaptation à certaines conditions environnementales. Nous proposons d'étudier le peuplier faux-tremble (*P. tremuloides*), soit l'essence la plus largement distribuée à travers l'Amérique du Nord et ce, sur un impressionnant gradient Nord-Sud de 6000 km. En plus d'être la matière première pour des produits spécialisés, cette essence est également d'intérêt en terme socio-économique auprès des communautés et les premières nations du Québec et du Mexique. Étant donné son grand potentiel adaptatif face à des contraintes climatiques tel qu'en témoigne son aire de distribution, découvrir les liens entre les conditions environnementales et la diversité génétique des peuplements de peuplier faux-tremble au Québec et au Mexique va permettre d'ouvrir la voie à de nouvelles avenues pour mettre en place des plantations durables, vigoureuses et prolifiques. Nous allons donc développer et appliquer une méthode de balayage génomique rapide et fiable afin d'identifier un grand nombre de variations génétiques en lien avec l'adaptation, à partir d'environ 2,500 peupliers représentant 250 à 500 populations naturelles. Les partages de connaissances vont permettre de renforcer l'expertise dans l'utilisation des nouvelles technologies de séquençage dans un cadre socio-environnemental, en impliquant directement les premières nations et communautés du Québec et du Mexique. Ce projet conjoint représente à ce jour l'étude la plus exhaustive d'un arbre d'importance socio-économique et écologique distribué à travers les trois pays d'Amérique du Nord.