

Titre : Genome Sequencing in Silver fir (*Abies alba*): A Collaborative Research Initiative of the Alpine Forest Genomics Network (AFoRGeN)

Participants : B. Fady (INRA), F. Guibal (IMBE)

Partenaires impliqués : AFORGEN (<https://aforgen.wsl.ch/>)

Principaux résultats :

Le sapin pectiné (*Abies alba*) est un conifère majeur des écosystèmes alpins. Grâce à un financement de type participatif auquel ECCOREV a contribué, son génome a été séquencé et publié. La taille du génome du sapin est de 18,2 Gb, ce qui est plutôt faible en comparaison des quelques conifères déjà séquencés, notamment les pins.

Les séquences obtenues ne se recouvrent encore que très partiellement. Ainsi, le nombre de séquences différentes mais que l'on peut relier les unes aux autres (les « *scaffolds* ») est d'un peu plus de 37 millions (loin des $2n = 24$ chromosomes !). Chaque *scaffold* a une taille moyenne de 480 paires de bases. Malgré cette assemblage fragmentaire, la composition du génome du sapin a pu être estimée à un peu plus de 50 000 gènes, qui ont pu être annotés. Le génome chloroplastique a lui été assemblé en totalité. Il se compose de 120 908 paires de bases.

Cette ressource, encore incomplète (comme c'est le cas de la plupart des conifères possédant des giga-génomés) mais correctement annotée, servira de base pour la construction d'un panel de génotypage indispensable en génétique des populations, en génétique quantitative et fonctionnelle et dans un objectif de suivi pour la conservation de l'espèce.

Publications, congrès :

- Mosca E., Cruz F., Gómez-Garrido J., Bianco L., Rellstab C., Brodbeck S., Csilléry K., Fady B., Fladung M., Fussi B., Gömöry D., González-Martínez, S.C., Grivet, D., Gut, M., Hansen O.K., Heer, K., Kaya Z., Krutovsky K.V., Kersten B., Liepelt S., Opgenoorth L., Sperisen C., Ullrich K.K., Vendramin G.G., Westergren M., Ziegenhagen B., Alioto T., Gugerli F., Heinze B., Höhn M., Troggio M., Neale D.B., 2019. A Reference Genome Sequence for the European Silver Fir (*Abies alba* Mill.): A Community-Generated Genomic Resource. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 9(7), 2039-2049 (<https://doi.org/10.1534/g3.119.400083>).
- Mosca E., Cruz F., Gómez Garrido J., Bianco L., Rellstab C., Brodbeck S., Ullrich K.K., Fady B., et al., 2018. The *Abies alba* genome project: a new genomic resource for a sensitive species. II Joint Congress on Evolutionary Biology, Montpellier, France, 19-22 August 2018 (<https://oral-and-poster-abstracts.europa-group.com/index/slide/abstract/1698>). Poster.

Suite donnée au projet (contrats plus vastes, bourses de thèse...):

Deuxième phase du séquençage (toujours avec une approche collaborative, multipartenaire dans le cadre de AFORGEN), réduction du nombre de « *scaffolds* », analyse de la diversité génétique en lien avec la diversité phénotypique, notamment la croissance radiale, identification des gènes portant des traits fonctionnels caractéristiques de cette espèce, comme sa capacité à survivre et croître à l'ombre, en sous-bois.