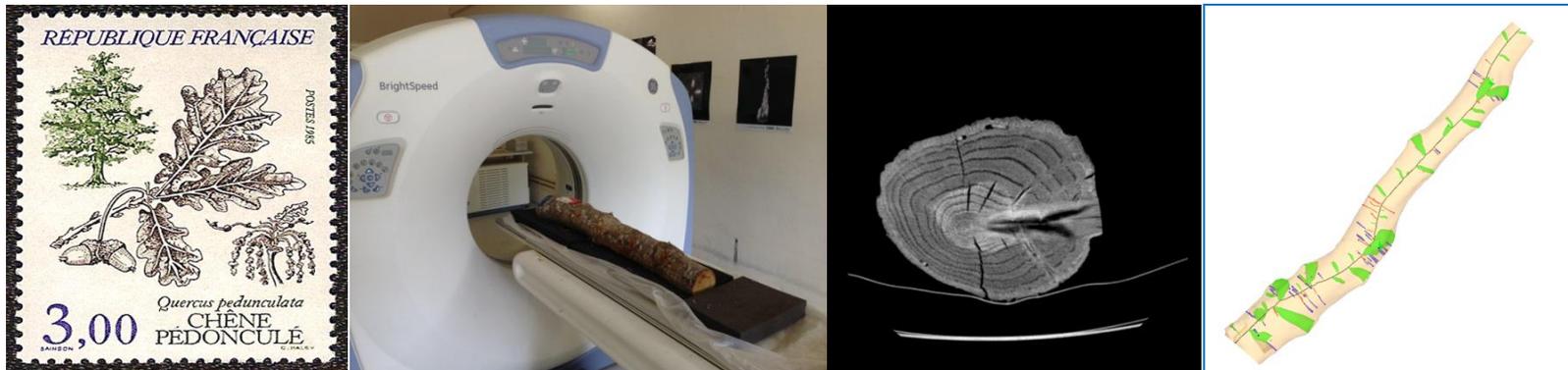


Analyse QTL de la qualité du bois du chêne pédonculé, observée par tomographie à rayon X

Premiers résultats concernant les traces raméales



Jialin SONG^{1,2}, Francis COLIN^{1,2}, Oliver BRENDEL³, Antoine KREMER⁴

¹INRA, UMR1092, Laboratoire d'Etude des Ressources Forêt Bois (LERFoB), Centre INRA de Nancy, 54280 Champenoux, France

²AgroParisTech, UMR1092, Laboratoire d'Etude des Ressources Forêt Bois (LERFoB), ENGREF, 14 rue Girardet, 54000 Nancy, France

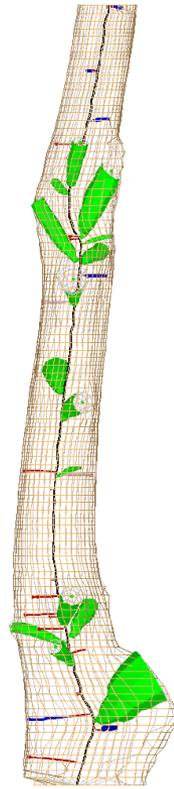
³Laboratoire d'écologie et écophysiologie forestières (EEF) UMR 1137 INRA-Université de Lorraine, Centre INRA de Nancy

⁴Laboratoire Biodiversité, Gènes et Communautés (BioGeCo) UMR 1202 INRA-Université Bordeaux 1, Centre INRA de Bordeaux

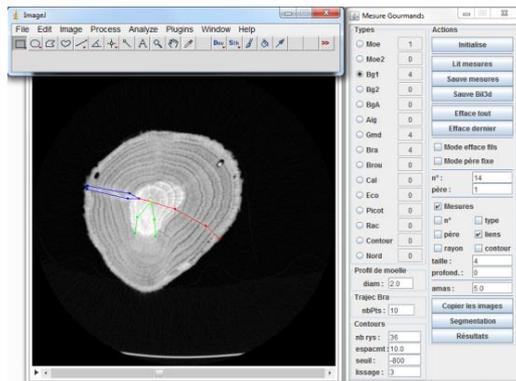
1. Matériel



2. Scan



3. Interprétation



4. Analyse QTL





INRA
SCIENCE & IMPACT

Analyse QTL de la qualité du bois du chêne pédonculé, observée par tomographie à rayon X

Premiers résultats concernant les traces raméales

Jean SONG^{1,2}, Francis COLIN^{1,2}, Olivier BRENDÉL³, Antoine KREMER⁴

INRA UR100 Laboratoire Bois de Ressources Forestières (UR100), Centre INRA de Nancy, 54300 Champenoux, France
INRA UR100 Laboratoire Bois de Ressources Forestières (UR100), Centre INRA de Nancy, 54300 Champenoux, France
Laboratoire de Génétique Forestière (UR100), Centre INRA de Nancy, 54300 Champenoux, France
Laboratoire Bois de Ress. Gén. et Chim. des Mat. (UR100), Centre INRA de Nancy, 54300 Champenoux, France

Introduction Un QTL (Quantitative Trait Locus) est un locus chromosomique qui contient un ou plusieurs gènes qui affectent des caractères quantitatifs. Grâce à l'analyse QTL, un séquençage génétique est mis en évidence, et le part de la variabilité phénotypique expliquée par le génétique est quantifié.

Objectif L'objectif de ce travail est de quantifier l'effet génétique sur la ramification du chêne pédonculé.

Matériels et Méthodes

1. Matériel
Un total de 200 plants de chêne a été créé à partir de 2 chênes pédonculés (Quercus robur L.) de l'UR 10000 en 1982 et croisés en 1983 avec 100 plants de Quercus petraea (L.) Mill. Les plants ont été récoltés dans les années 2000-2005.

2. Bois
Les bois ont été analysés par tomographie à rayon X (CT-Scan).

3. Analyse
Les images obtenues ont été traitées de façon automatique à l'aide du logiciel QTL Ici Mapping (Ici Mapping, 2010). L'analyse génétique a été réalisée à l'aide de logiciels tels que R/qtl (Gentleman et al., 2010).

La figure ci-dessous illustre le processus de traitement des données de tomographie à rayon X.

Une visualisation 3D (modèle) obtenue à l'aide de QTL Ici Mapping (2010) pour un échantillon de bois.

Une analyse QTL basée sur des données de tomographie à rayon X (QTL Ici Mapping).

Une analyse QTL basée sur des données de tomographie à rayon X (QTL Ici Mapping).

Résultats

Localisation des QTLs détectés

QTL	Chromosome	Position (cM)	Explication de la variabilité (%)
QTL1	1	10.5	1.2%
QTL2	2	15.8	2.1%
QTL3	3	22.4	3.5%
QTL4	4	30.1	4.8%
QTL5	5	38.7	6.2%
QTL6	6	47.3	7.6%
QTL7	7	56.9	9.0%
QTL8	8	65.5	10.4%
QTL9	9	74.1	11.8%
QTL10	10	82.7	13.2%
QTL11	11	91.3	14.6%
QTL12	12	100.0	16.0%

Variabilité chromosomique totale expliquée par chaque trait

Trait	QTL	Explication (%)
Angle	QTL1	1.2%
Angle	QTL2	2.1%
Angle	QTL3	3.5%
Angle	QTL4	4.8%
Angle	QTL5	6.2%
Angle	QTL6	7.6%
Angle	QTL7	9.0%
Angle	QTL8	10.4%
Angle	QTL9	11.8%
Angle	QTL10	13.2%
Angle	QTL11	14.6%
Angle	QTL12	16.0%

Localisation de 4 chromosomes avec leur contribution à la variabilité

Les QTLs ont été détectés sur les chromosomes 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12. Les résultats obtenus sont les suivants :
 - QTL1 : 1.2% de la variabilité expliquée.
 - QTL2 : 2.1% de la variabilité expliquée.
 - QTL3 : 3.5% de la variabilité expliquée.
 - QTL4 : 4.8% de la variabilité expliquée.
 - QTL5 : 6.2% de la variabilité expliquée.
 - QTL6 : 7.6% de la variabilité expliquée.
 - QTL7 : 9.0% de la variabilité expliquée.
 - QTL8 : 10.4% de la variabilité expliquée.
 - QTL9 : 11.8% de la variabilité expliquée.
 - QTL10 : 13.2% de la variabilité expliquée.
 - QTL11 : 14.6% de la variabilité expliquée.
 - QTL12 : 16.0% de la variabilité expliquée.

Conclusion et perspectives

La tomographie à rayon X nous permet d'observer l'intérieur de bois sans le découper, à l'aide de cette nouvelle technologie, certains caractères sont maintenant facilement observables. C'est la première fois que l'on réalise une analyse QTL de caractères du bois pédonculé. Plusieurs QTLs ont ainsi été détectés sur le chêne pédonculé. Ces QTLs correspondent à plusieurs variables quantifiant des phénomènes importants comme le développement de bourgeons axiaux, des bourgeons et des branches, la croissance du volume de fibres et de tronc et la présence de fourches.

Cette étude permet de classer les allèles génétiques de chaque trait : l'effet en premier lieu de bourgeons primaires ou axiaux (40.8% de la variabilité), l'effet génétique sur le volume de fibres secondaires (14% de la variabilité expliquée par des QTLs). L'importance de l'effet génétique sur les bourgeons est confirmée (Jansen, 2000) par notre résultat (21% de la variabilité expliquée par les QTLs). Un séquençage génétique pour isoler nos QTLs dans les années à venir sera donc très intéressant. L'analyse de la relation entre les QTLs et les caractères du bois est en cours et sera analysée de manière plus approfondie.

Pour affiner la sélection et la quantification des QTLs, nous envisageons une répétition plus importante des QTLs génétiques. La localisation de QTLs dans des zones de chromosomes connues sur la composition en carbone isotopique, l'impact de l'élévation de la température (Scalet-Berthelot et al., 2005) et l'impact de la sécheresse sur les caractères génétiques sera également étudiée en détail. De nouveaux traits relatifs à la qualité du bois et à ses caractéristiques des moules seront étudiés.