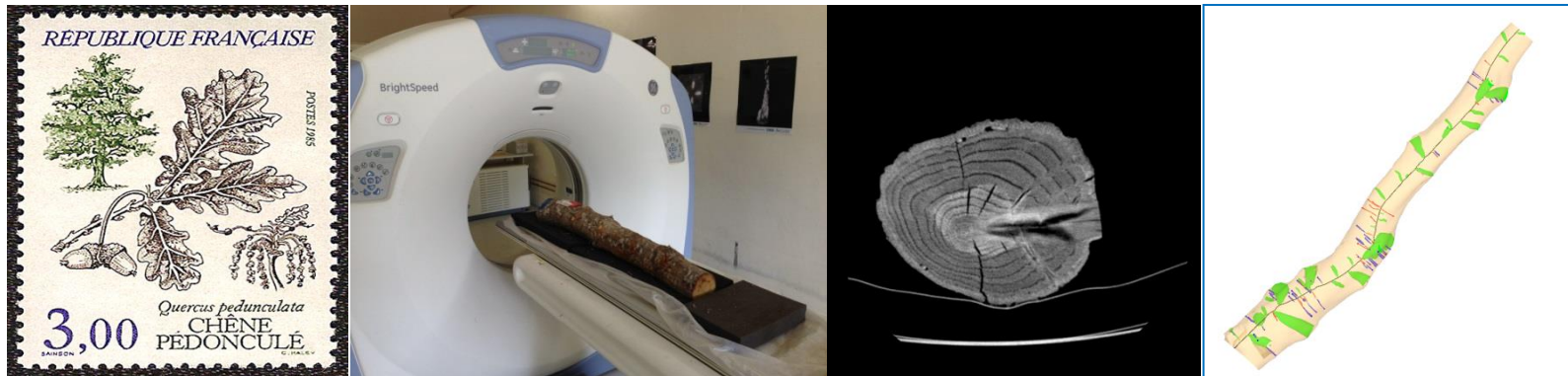


Analyse QTL de la qualité du bois du chêne pédonculé, observée par tomographie à rayon X

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

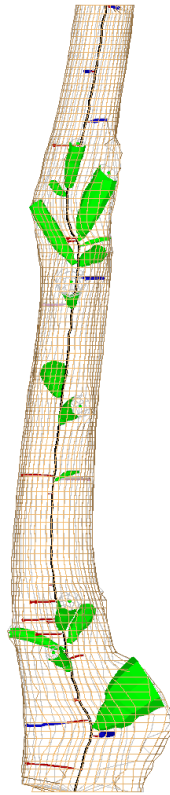
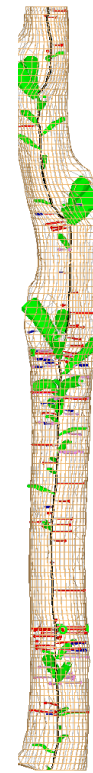
³Laboratoire d'écologie et écophysiologie forestières (EEF) UMR 1137 INRA-Université de Lorraine, Centre INRA de Nancy

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

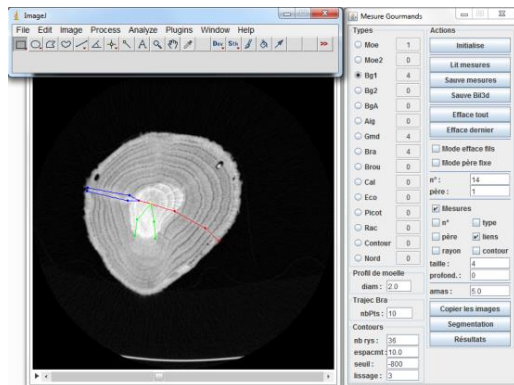
1. Matériel



2. Scan



3. Interprétation



4. Analyse QTL





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 COLIN³, Olivier BRENDÉL³, Antoine KREMER⁴

¹INRA UR100 Laboratoire Bois de Ressources Forestières (UR100), Centre INRA de Nancy, 54300 Champenoux, France
²Ingraham Tech UR100 Laboratoire Bois de Ressources Forestières (UR100) INRA UR100, Centre INRA de Nancy, 54300 Champenoux, France
³Laboratoire de génétique et d'élevage forestiers (UR100) INRA UR100, Centre INRA de Nancy, 54300 Champenoux, France
⁴Laboratoire Bois et Bois, Centre INRA d'Amontvillers (UR100) INRA UR100, Centre INRA de Nancy, 54300 Champenoux, France

Introduction

Chez le chêne pédonculé, les traces raméales dans le bois sont liées à la fertilité du sol, les branches et les épicormes (bourgeons axillaires et terminaux). Ces traces raméales structurent la qualité du bois et la valeur économique. Pour observer et quantifier les traces raméales, une nouvelle méthode a été développée avec la tomographie à rayon X. Cette méthode donne une vision 3D du tronc du bois.

Un QTL (Quantitative Trait Locus) est un région 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.

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

Matériels et Méthodes

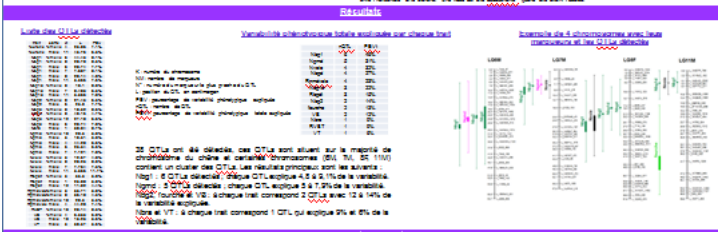
1. Matériel
Un total de 200 plants de chêne a été créé à partir de 2 chênes pédonculés (parents fondateurs) de l'UR100, en 1982, et traités en 1983-1984. Les plants ont été répartis en 40 lots de 5 plants chacun. Les plants ont été répartis en 40 lots de 5 plants chacun. Les plants ont été répartis en 40 lots de 5 plants chacun.

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. Les images ont été traitées de façon automatique. Les images ont été traitées de façon automatique.

Une visualisation 3D (arbre virtuel) a été créée à partir de l'analyse QTL. Les caractéristiques de l'arbre ont été quantifiées.

4. Résultats
Une analyse QTL a permis de localiser les gènes liés à la ramification du chêne pédonculé. Les résultats ont été confirmés par une analyse de variance.



Conclusion et perspectives

La tomographie à rayon X nous permet d'observer (même de bois sans les découper) à l'aide de cette nouvelle technologie, certains caractères qui auparavant étaient observables. C'est la première fois que l'on réalise une analyse QTL de caractères du bois pédonculé. Plusieurs QTLs ont été identifiés sur les chromosomes du chêne pédonculé. Ces QTLs correspondent à plusieurs variables quantifiant des phénomènes importants comme la ramification (le développement de bourgeons axillaires, des bourgeons et des branches), la croissance du volume de bois et de troncs et la présence de fourches.

Cette étude permet de classer les effets génétiques de chaque trait : l'effet principal de ramification correspond à 40,8% de la variabilité, l'effet principal de ramification correspond à 14% de la variabilité expliquée par les QTLs. L'importance de l'effet génétique sur la ramification est confirmée (Jansen, 2000) par notre résultat (21% de la variabilité expliquée par les QTLs). Un séquençage génétique pour isoler nos résultats dans une région génétique précise, nous permettra de mieux comprendre les mécanismes de ramification du bois et de troncs, une amélioration génétique qui envisage, de ce présenter un grand intérêt pour l'amélioration de la qualité du bois des chênes.

Pour affiner la sélection et la quantification des QTLs, nous envisageons une répétition plus importante des QTLs. La localisation de QTLs permet de cibler des études génétiques pour la sélection en génétique forestière, l'importance de l'effet génétique sur la ramification est confirmée (Jansen, 2000) par notre résultat (21% de la variabilité expliquée par les QTLs). Un séquençage génétique pour isoler nos résultats dans une région génétique précise, nous permettra de mieux comprendre les mécanismes de ramification du bois et de troncs, une amélioration génétique qui envisage, de ce présenter un grand intérêt pour l'amélioration de la qualité du bois des chênes.

