

### Introduction

Chez le chêne pédonculé, les traces raméales dans le bois sont liées à la ramification qui produit les branches et les épécormiques (bourgeons dormants et gourmands). Ces traces raméales diminuent 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 méthodologie donne une vision de l'intérieur du bois.

Un QTL (qualitative trait locus) est un région chromosomique qui contient un ou plusieurs gènes qui affectent des caractères quantitatifs. Grâce à l'analyse QTL, un déterminisme génétique est mis en évidence, et la part de la variabilité phénotypique expliquée par la génétique est quantifiée.

### Objectif

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

### Matériels et Méthodes

#### 1. Matériel

Un famille de 208 pleins frères a été créée à partir de 2 chênes pédonculés (*Quercus robur* L.) par l'UMR BioGeCo en 1992, et installée en plein champ à Bourran (Lot-et-Garonne) en 2000. Deux cartes génétiques (parents mâle et femelle) localisant 686 marqueurs ont été construites (Barreneche et al., 1998). 179 billons d'un mètre de ces descendants ont été récupérés lors de l'éclaircie en 2012. Chaque billon représente un génotype.



Le tomographe à rayon X

#### 2. Scan

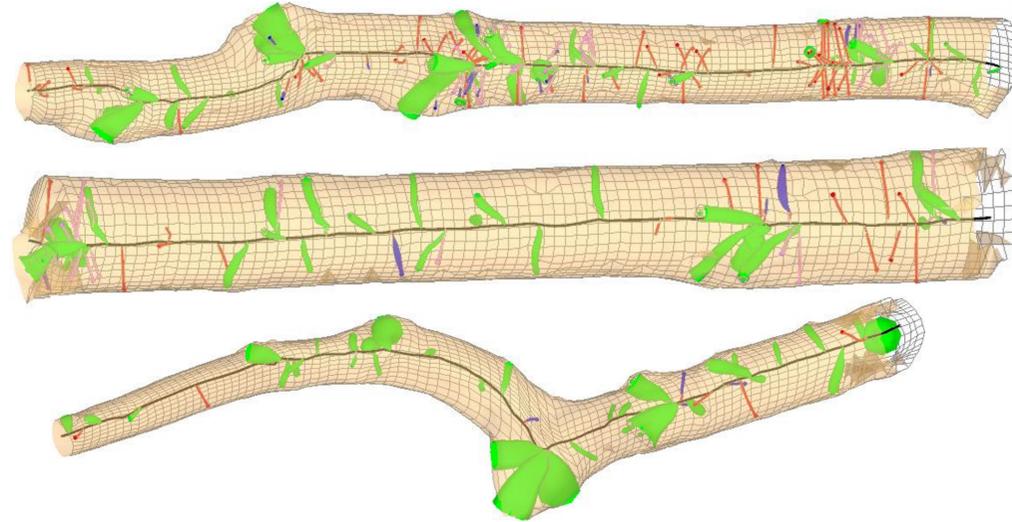
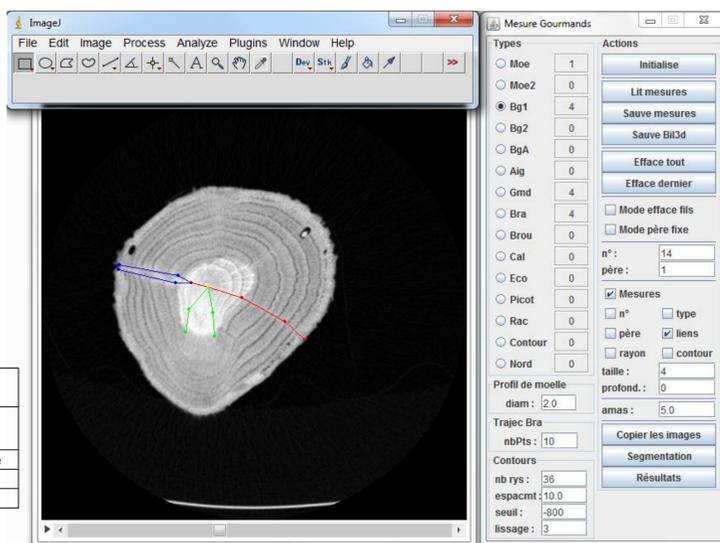
Les billons a été ensuite analysés par tomographie à rayon X (Colin et al., 2010).

#### 3. Interprétation

Les images scannées ont été interprétées par le logiciel libre ImageJ et le plugin Gourmand (Freyburger et al., 2007). L'interprétation permet de récupérer les traits qui décrivent la ramification.

Le plugin « Gourmand » créé par l'UMR LERFoB permet de marquer les traces raméales selon les couleurs suivantes :

Bg1	Bourgeon primaire	rouge
Bg2	Bourgeon secondaire	rose
Gmd	Gourmand	Bleu foncé
Bra	Branche	vert
Moe	Moelle	jaune



Une visualisation en 3D peut être réalisée via le logiciel « Bil3D » développé par l'UMR LERFoB.

Les ramifications sont présentées par des couleurs différents: **branche**; **bourgeon primaire**; **bourgeon secondaire**; **gourmand**.

#### 4. Analyse

Une analyse QTL des traits mesurés a été menée en utilisant le logiciel MultiQTL (<http://www.multiqtl.com/>).

Les traits sont les suivant :

**Nvoie**: nombre de voies (bourgeons primaires et branches)

**Nbra**: nombre de branches

**Nbg1**: nombre de bourgeons primaires

**Nbg1d**: nombre de bourgeons primaires débouchant

**Nbg2**: nombre de bourgeons secondaires

**Nbg2d**: nombre de bourgeons secondaires débouchant

**Ngmd**: nombre de gourmands

**Rbg1dt**: rapport entre le nombre de bg1 débouchant et de bg1 totaux (%)

**Rbg2dt**: rapport entre bourgeons débouchant et bourgeons totaux (%)

**Rgmdvoie**: rapport entre le nombre de gourmands et de voies (%)

**Fourche**: nombre de fourches (toutes les branches avec un angle > 45°)

**VB**: volume de branches (cm<sup>3</sup>)

**VG**: volume de gourmands (cm<sup>3</sup>)

**VT**: volume de tronc (cm<sup>3</sup>)

**RVBT**: rapport entre le volume de branches et de tronc

**Abra**: angle moyen des branches

**dLC**: différence entre la longueur exacte de moelle de tronc et la distance directe la plus courte du début à la fin de la moelle (cm).

Tous les effectifs (sauf le nombre de fourches) et les volumes sont calculés par mètre. L'angle de branches est mesuré par l'inclinaison entre l'horizontale et la branche. Une trace est dite débouchante quand elle atteint l'écorce.

### Résultats

#### Liste des QTLs détectés

trait	carte	K	L	PEV
fourche	femelle	4	25,96	7,1%
fourche	male	11	45,76	6,3%
Nbg1	femelle	6	44,45	8,1%
Nbg1	femelle	8	29,79	9,3%
Nbg1	male	6	28,74	7,7%
Nbg1	male	7	7,687	9,1%
Nbg1	male	9	28,14	4,8%
Nbg1	male	11	5,566	7,6%
Nbg1d	femelle	8	18,1	8,9%
Nbg1d	male	7	8,493	6,5%
Nbg1d	male	11	5,566	7,0%
Nbg2	femelle	8	21,45	6,3%
Nbg2	male	6	23,8	7,7%
Nbgd	femelle	8	18,52	8,6%
Nbgd	femelle	9	40,16	4,7%
Nbgd	femelle	12	27,18	6,6%
Nbgd	male	6	28,74	7,0%
Nbra	male	1	38,94	8,7%
Ngmd	femelle	10	28,5	5,0%
Ngmd	male	3	19,51	5,0%
Ngmd	male	4	44,28	6,6%
Ngmd	male	6	25,34	6,6%
Ngmd	male	7	7,121	7,9%
Nvoie	femelle	3	12,67	4,0%
Nvoie	femelle	8	29,25	8,8%
Nvoie	male	7	7,764	7,5%
Nvoie	male	11	5,566	11,7%
Rbgdt	femelle	3	33,5	5,0%
Rbgdt	male	1	25,08	5,9%
Rbgdt	male	12	11,82	4,4%
Rgmdvoie	femelle	3	33,71	5,8%
Rgmdvoie	femelle	8	56,18	4,5%
Rgmdvoie	femelle	10	28,5	5,5%
Rgmdvoie	male	4	44,28	7,4%
RVBT	femelle	10	20,14	8,5%
VB	femelle	4	6,535	6,8%
VB	male	10	13,25	5,6%
VT	male	3	38,37	5,6%

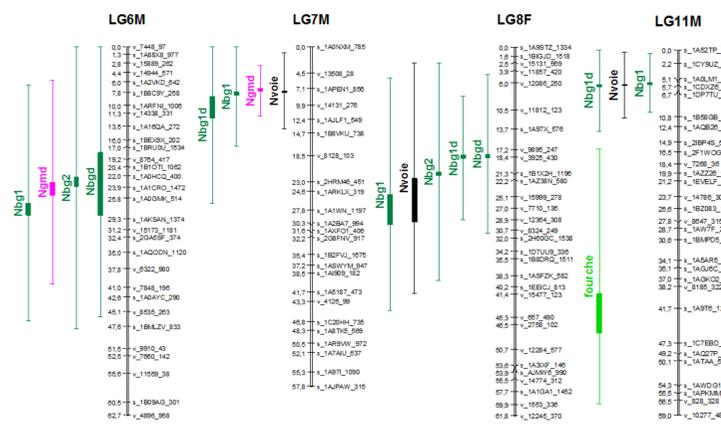
K : numéro du chromosome  
L : position du QTL en centimorgan  
PEV : pourcentage de variabilité phénotypique expliquée  
nQTL : nombre de QTL  
PEVt : pourcentage de variabilité phénotypique totale expliquée

38 QTLs ont été détectés, ces QTLs se situent sur la majorité des chromosomes du chêne et certaines chromosomes (6M, 7M, 8F, 11M) contiennent un cluster de QTLs. Les résultats principaux sont les suivants : Nbg1 : 6 QTLs détectés ; chaque QTL explique 4,8 à 9,1% de la variabilité. Ngmd : 5 QTLs détectés ; chaque QTL explique 5 à 7,9% de la variabilité. Nbg2, fourche et VB : à chaque trait correspond 2 QTLs avec environ 6 à 7% de la variabilité expliquée par chaque QTL. Nbra et VT : à chaque trait correspond 1 QTL qui explique 9% et 6% de la variabilité.

#### Variabilité phénotypique totale expliquée par chaque trait

trait	nQTL	PEVt
Nbg1	6	46%
Ngmd	5	31%
Nvoie	4	32%
Nbgd	4	27%
Rgmdvoie	4	23%
Nbg1d	3	22%
Rbgdt	3	15%
Nbg2	2	14%
fourche	2	13%
VB	2	12%
Nbra	1	9%
RVBT	1	9%
VT	1	6%

#### Exemple de 4 chromosomes avec leurs marqueurs et les QTLs détectés



### Conclusion et perspectives

La tomographie à rayon X nous permet d'observer l'intérieur de billons sans les 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 des épécormiques du chêne pédonculé. Plusieurs QTLs ont ainsi été détectés sur la carte génétique du chêne pédonculé. Ces QTLs correspondent à plusieurs variables quantifiant des phénomènes importants comme la ramification (le développement de bourgeons latents, des gourmands et des branches), la croissance (le volume de branche et de tronc) et la présence de fourches.

Cette étude permet de classer les effet génétique de chaque trait ; vient en premier l'effectif de bourgeons primaires qui explique 45,6% de la variabilité. L'effet génétique semble moindre pour les bourgeons secondaires (14% de la variabilité expliquée par des QTLs). L'importance de l'effet génétique sur les gourmands est confirmée (Jensen, 2000) par notre résultat (31% de la variabilité expliquée par les QTLs). Un déterminisme génétique pour l'instant non trouvé pour certains traits d'architecture, pourrait être détecté avec un échantillonnage amélioré. Sur la base des QTLs détectés, une amélioration génétique peut être envisagée, ce qui présenterait un grand intérêt pour l'amélioration de la qualité du bois des chênes.

Pour affiner la détection et la quantification des QTLs, nous analyserons une répétition déjà disponible des 179 génotypes. La co-localisation de QTLs, tenant compte de QTLs identifiés dans des études antérieures portant sur la composition en carbone isotopique, l'efficacité d'utilisation de l'eau (Brendel et al., 2008), la croissance (Scotti-Saintagne et al., 2004) et tenant compte des nouvelles cartes génétiques sera également étudiée en détail. De nouveaux traits relatifs à la qualité du bois et aux extractibles des nœuds seront abordés.

#### Références

Barreneche T, Bodénès C, Lexer C, Trontin J-F, Fluch S, Streiff R, Plomion C, Roussel G, Steinkellner H, Burg K, Favre J-M, Glössl J, Kremer A. 1998. A genetic linkage map of *Quercus robur* L. (pedunculate oak) based on RAPD, SCAR, micro-satellite, minisatellite, isozyme and 5S rDNA markers. *Theor Appl Genet*. 97:1090-1103.  
Brendel O, Le Thiec D, Scotti-Saintagne C, Bodénès C, Kremer A, Guehl J-M. 2008. Quantitative trait loci controlling water use efficiency and related traits in *Quercus robur* L.. *Tree Genetics & Genomes*. 4:263-278.  
Colin F, Mothe F, Freyburger C, Morisset JB, Fontaine F, Leban JM. 2010. Tracking rameal traces in sessile oak trunks with X-ray computer tomography: biological bases, preliminary results and perspectives. *Trees*. 24:953-967.  
Freyburger C, Mothe F, Colin F, Fontaine F. 2007. Exploitation d'images tomographiques RX pour l'analyse de la structure interne des gourmands de chêne. Procédure d'utilisation du plugin « Gourmands » avec IMAGEJ. <https://www2.nancy.inra.fr/unites/lerfob/plateforme/pdf/analyse-images-scanner.pdf>  
Jensen JS. 2000. Provenance variation in phenotypic traits in *Quercus robur* and *Quercus petraea* in Danish provenance trials. *Scand J For Res*. 15:297-308.  
Scotti-Saintagne C, Bodénès C, Barreneche T, Bertocchi E, Plomion C, Kremer A. 2004. Detection of quantitative trait loci controlling bud burst and height growth in *Quercus robur* L.. *Theor Appl Genet* 109:1648-1659.