



Communiqué de presse – 10 mai 2015

Le génome du chêne séquencé

Des équipes de recherche de l'Inra et du CEA viennent de séquencer le génome du chêne pédonculé (*Quercus robur*). Il s'agit du premier séquençage pour une espèce du genre *Quercus* très largement répandu dans l'hémisphère nord. Ces travaux permettront notamment de mieux comprendre les mécanismes d'adaptation des arbres aux variations environnementales et fourniront des éléments pour anticiper leurs réponses au changement climatique. Ils font l'objet d'un premier article publié dans la revue en libre accès *Molecular Ecology Resources*, avant une publication finalisée des résultats dans les prochains mois.

Arbre emblématique, le chêne pédonculé (*Quercus robur*) fait partie de la section botanique la plus importante du genre *Quercus* : les chênes blancs, dont on dénombre 200 espèces et qui sont présents à la fois en Europe, en Asie et en Amérique. Grâce à un consortium piloté par l'Inra de Bordeaux-Aquitaine, en partenariat avec le Centre National de Séquençage du CEA (Génoscope), le génome du chêne pédonculé vient d'être séquencé. Trois années de travaux ont permis de décrypter l'ensemble de l'information génétique portée par ses 12 paires de chromosomes. Le consortium a caractérisé 50 000 gènes et estimé que la moitié des 1,5 milliard de paires de base du génome était constituée d'éléments répétés. C'est la première réalisation pour une espèce du genre *Quercus*, qui occupe une place importante au plan économique, écologique, mais aussi culturel dans de nombreux pays.

Le séquençage du génome du chêne pédonculé constitue une porte d'entrée unique pour analyser et comprendre la fonction des gènes de cet arbre emblématique. Son génome aura ainsi valeur de référence pour les autres espèces de chênes blancs, mais également pour des espèces plus éloignées de la famille des Fagacées (Châtaignier ou Hêtre). Il permettra d'étudier la régulation interne des espèces très longévives exposées à de fortes variations climatiques annuelles, voire à des événements extrêmes au cours de leur vie. Ces recherches faciliteront également l'identification des gènes impliqués dans l'adaptation à l'environnement ou dans les relations symbiotiques entre leurs racines et les champignons mycorhiziens (comme le mycélium de la truffe). Elles permettront aussi l'identification des gènes responsables de la biosynthèse des extractibles du bois, tels que les tannins et whisky lactone, qui confèrent leur saveur et leur goût aux vins et alcools. Au plan de l'évolution, la séquence du génome du chêne permet d'ores et déjà aux chercheurs d'analyser plus finement les processus d'adaptation locale et de spéciation qui expliquent la diversité de ces arbres qui ont colonisé des milieux très diversifiés.

Ces travaux constituent une avancée majeure dans la connaissance de la biologie, de la génétique et de l'évolution des arbres, qui sera largement valorisée dans les recherches à venir portant sur la

structure et le fonctionnement du génome de ces espèces pérennes. Au-delà de la connaissance académique, ces recherches ouvrent des perspectives dans des domaines plus appliqués, en réponse aux multiples questions sociétales portant sur l'évolution des forêts.

Des résultats partagés

Conformément aux accords internationaux des Bermudes (1998) et de Fort Lauderdale (2003), ainsi qu'à la déclaration de Toronto (2009), les données du séquençage du génome du chêne sont mises librement à disposition de la communauté scientifique (www.oakgenome.fr), avant la publication de l'article scientifique finalisé par le consortium prévue dans les prochains mois.

Projet GENOAK

Ce séquençage, l'assemblage et l'annotation du génome du chêne constitue un résultat du projet « GENOAK » (Séquençage du génome du chêne et identification de gènes d'intérêt adaptatifs chez les arbres forestiers), initié en octobre 2011, co-financé par l'Agence Nationale de la Recherche pour 4 ans et rassemblant plusieurs équipes de recherche de l'Inra ainsi que le Génoscope du CEA.



Chêne pédonculé (photo prise en Aveyron, France) - © Inra, A. Kremer

Référence :

Decoding the oak genome: public release of sequence data, assembly, annotation and publication strategies, Christophe Plomion et al. - *Molecular Ecology Resources*, 6 mai 2015

DOI: 10.1111/1755-0998.12425)

Contact scientifique :

Christophe Plomion – T. 05 57 12 27 65 - christophe.plomion@pierroton.inra.fr
Unité Biodiversité, Gènes et Communautés (Inra, Université de Bordeaux)
Département Ecologie des Forêts, Prairies et milieux Aquatiques
Centre Inra Bordeaux Aquitaine

Contact presse :

Inrae service de presse : presse@inrae.fr – T. 01 42 75 91 86