



Décodage de la composition génétique du chêne rouge d'Amérique du Nord (*Quercus rubra*)

le long de sa distribution naturelle



Lisa Tischenko



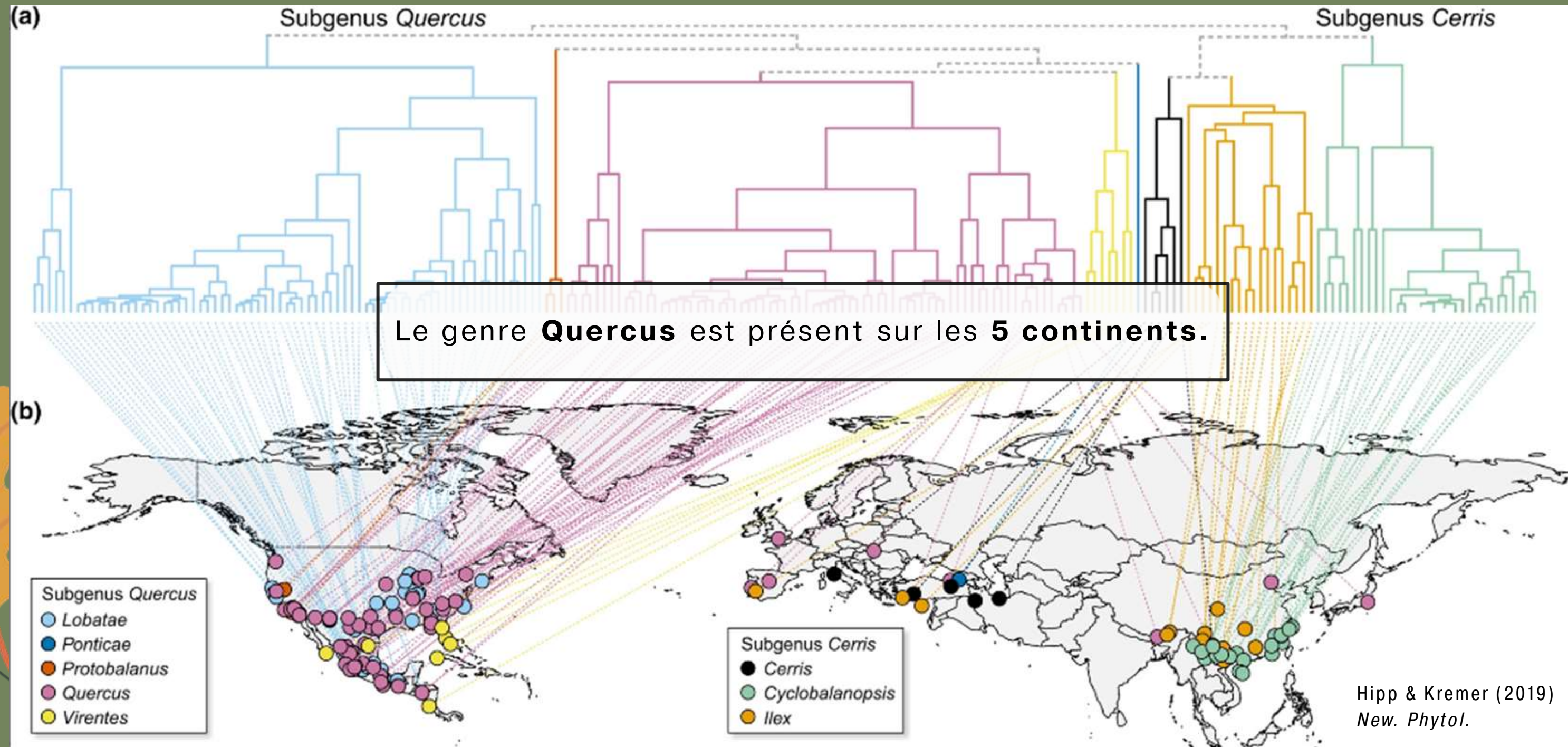
UNIVERSITÉ
LAVAL



02 Mai 2024



Chêne rouge : une espèce d'intérêt pour le futur



◆ Espèces clé de voûte

◆ Potentiel d'hybridation

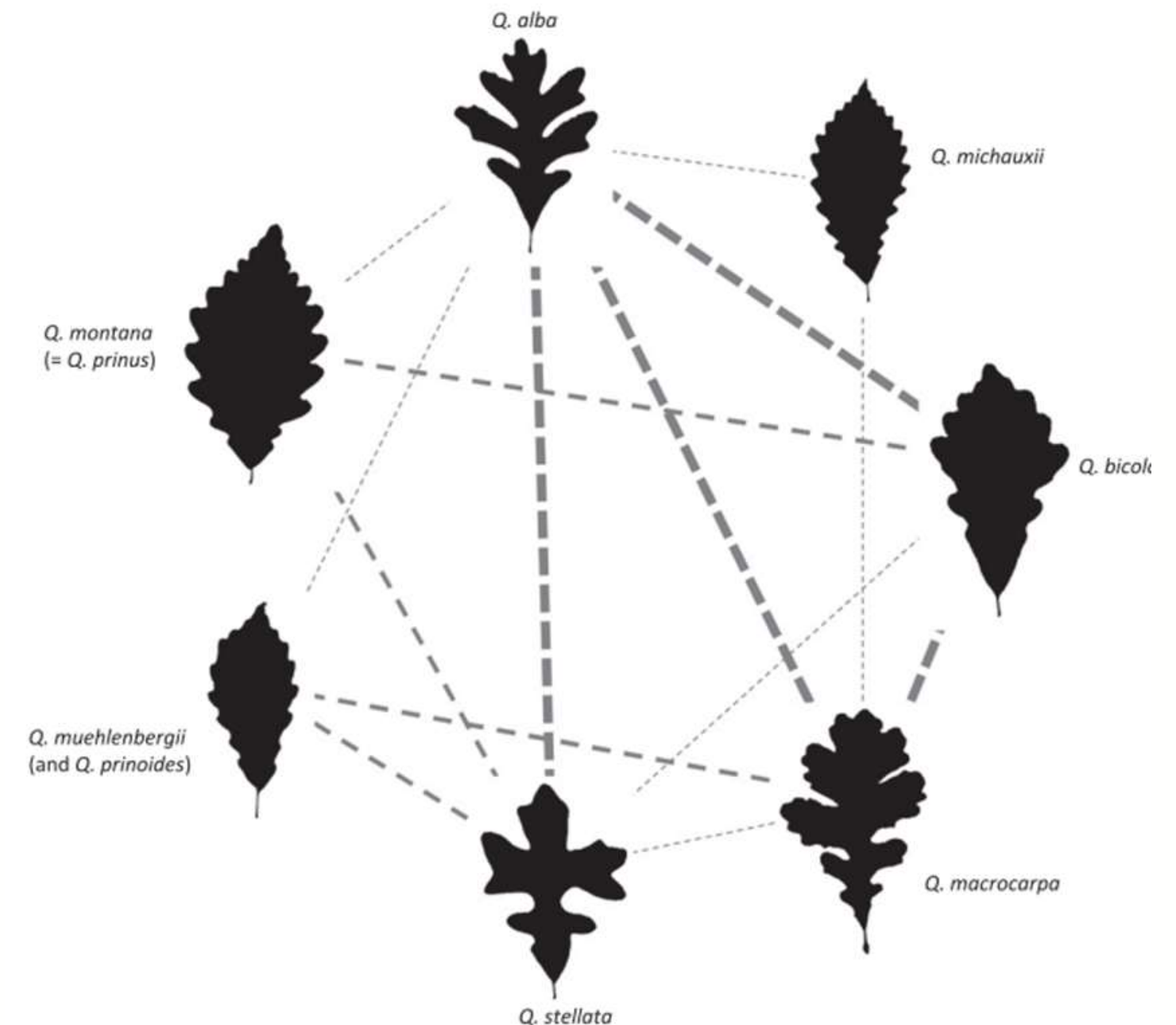
◆ Grande diversité génétique

Chêne rouge : une espèce d'intérêt pour le futur

Syngameon le plus connu chez Quercus

Le concept d'espèce dans le syngaméon évolue sur deux fronts :

- Distinction: Adaptation différente à leur niche
- Cohésion: Partager leurs progrès évolutifs



Le syngaméon du chêne blanc de l'est de l'Amérique du Nord

Hipp et al. (2019) Ann. Missouri Bot. Gar



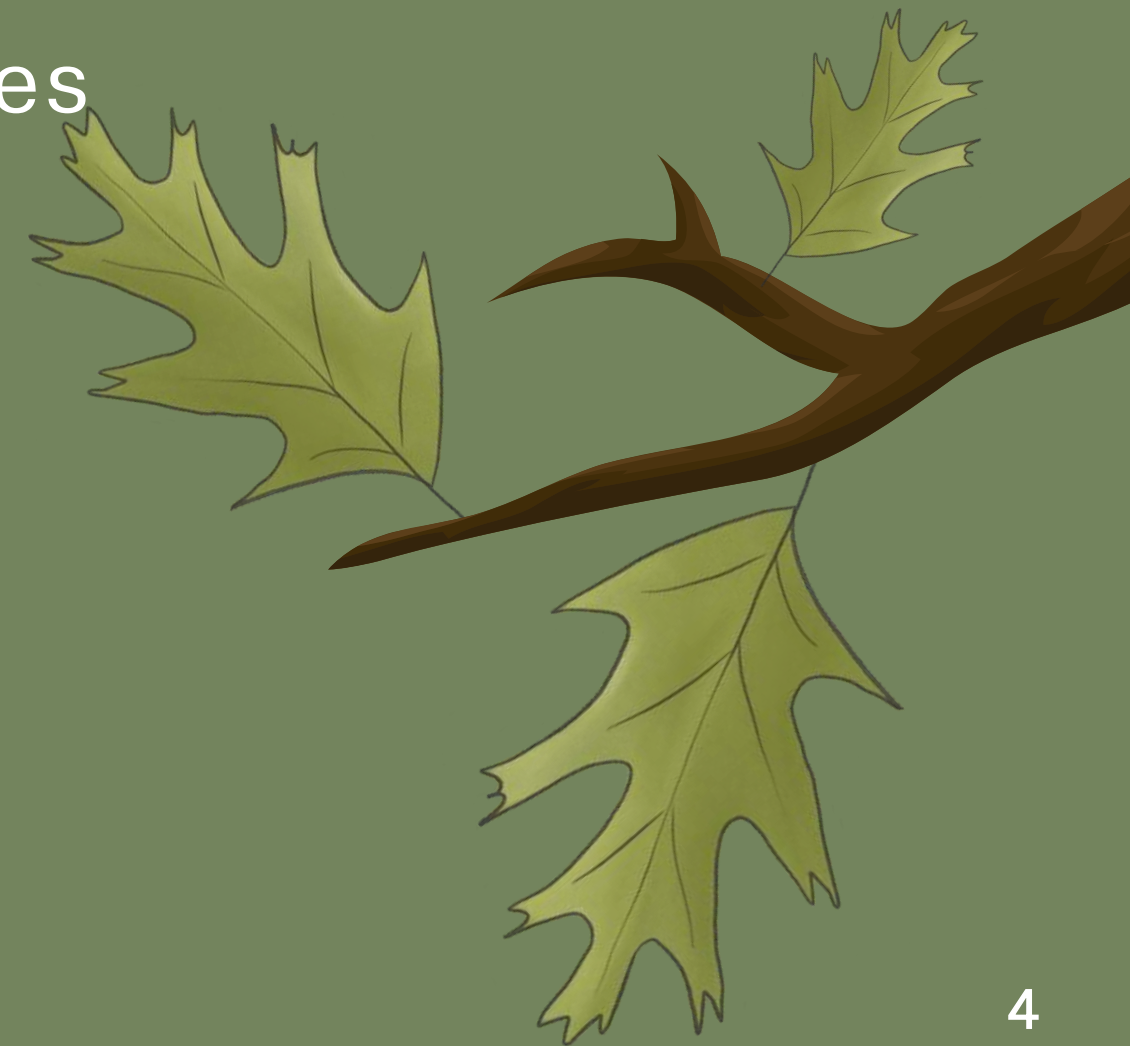
Chêne rouge : une espèce d'intérêt pour le futur



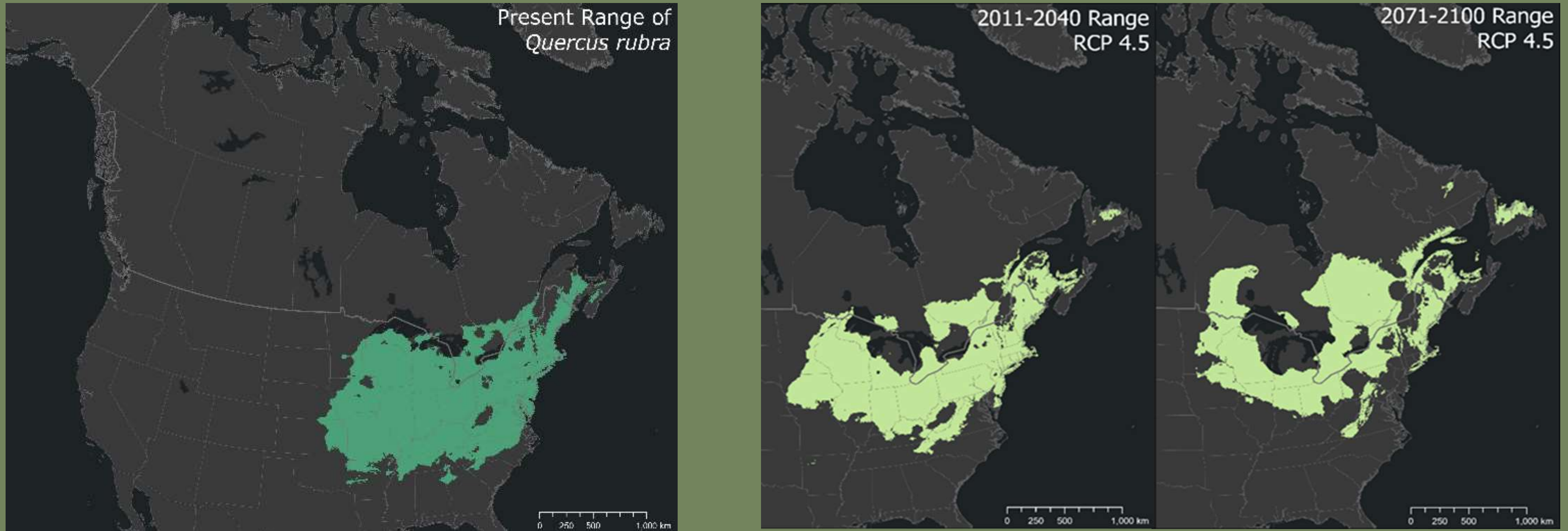
© L.T

Chêne rouge d'Amérique (*Quercus rubra* L.)

- Croissance rapide
- Caractéristiques écologiques
- Valeur économique
- Arbre d'ornement



Chêne rouge : une espèce d'intérêt pour le futur



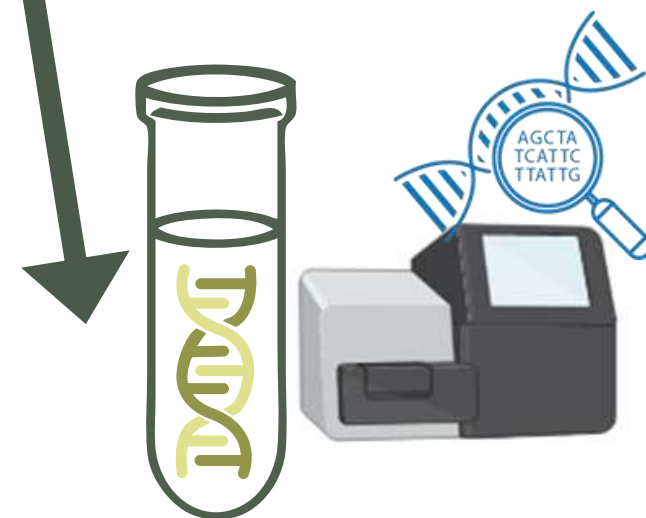
Distribution actuelle et projections futures de *Quercus rubra* sous le scénario RCP 4.5

Tischenko et al. (2024) Tree. Genet .Genomes.

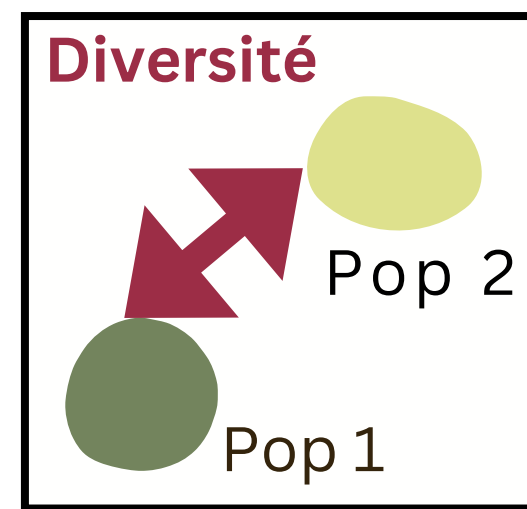
DÉVELOPPEMENT D'UN OUTIL DE TRAÇABILITÉ GÉNÉTIQUE CHEZ LE CHÊNE



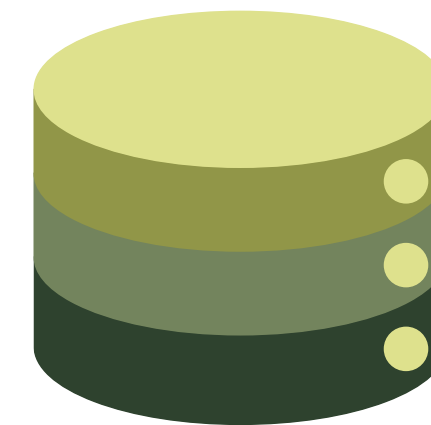
Echantillonnage



Extraction d'ADN
Séquençage

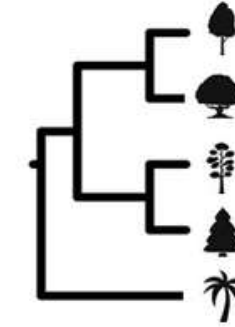


Analyses des
données génomiques



Base de données
de référence

Identité



Provenance

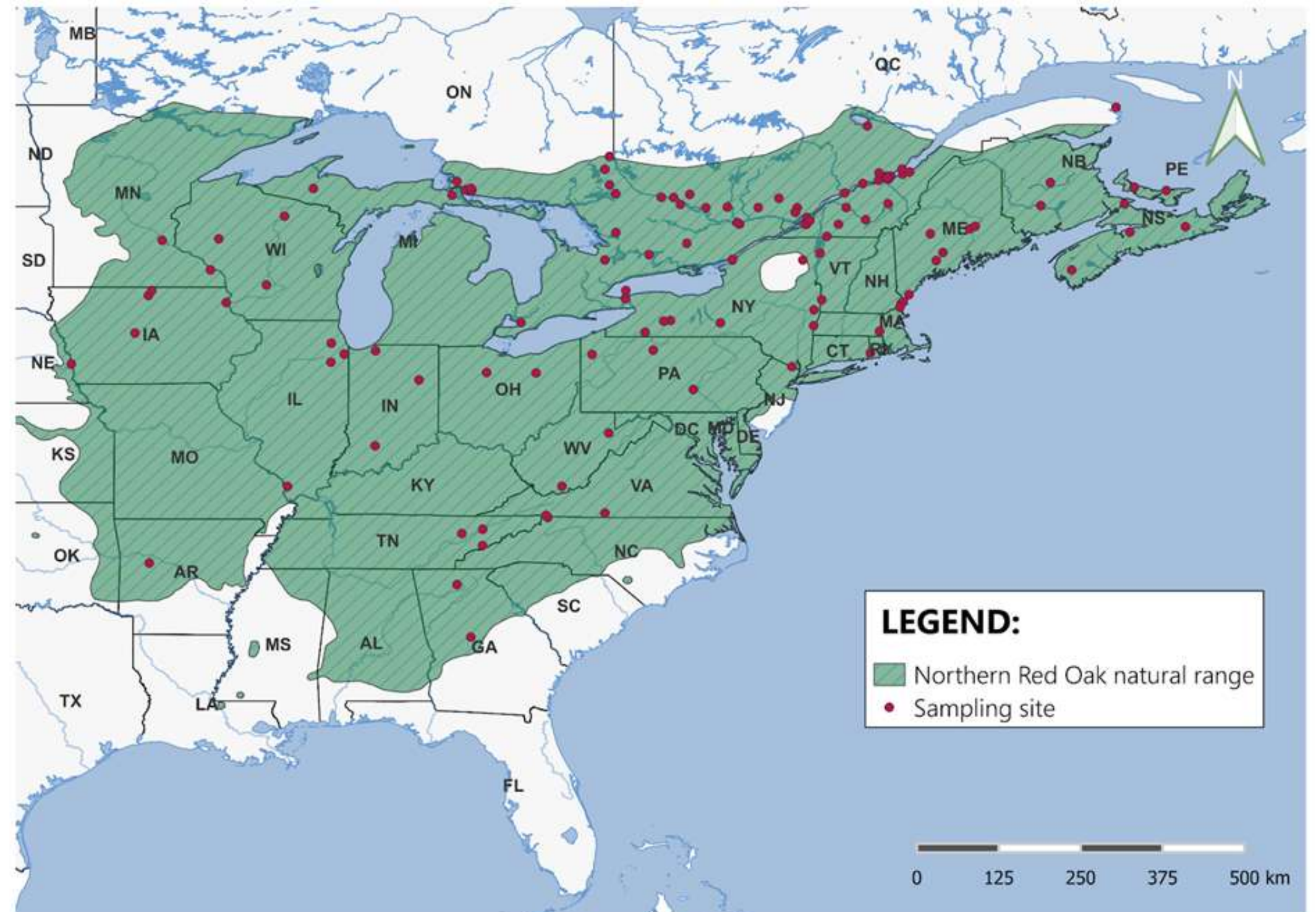


Outil génomique

Méthodologie :

Échantillonnage :

- ◆ Feuilles
- ◆ 3000 échantillons
- ◆ 100 populations
- ◆ 9 autres espèces proches



Méthodologie :



Extraction d'ADN au phénol-chloroforme

Séquençage de l'ADN via Génotypage par séquençage (GBS)

Alignement des données avec le génome de référence du chêne rouge

Filtrage des données

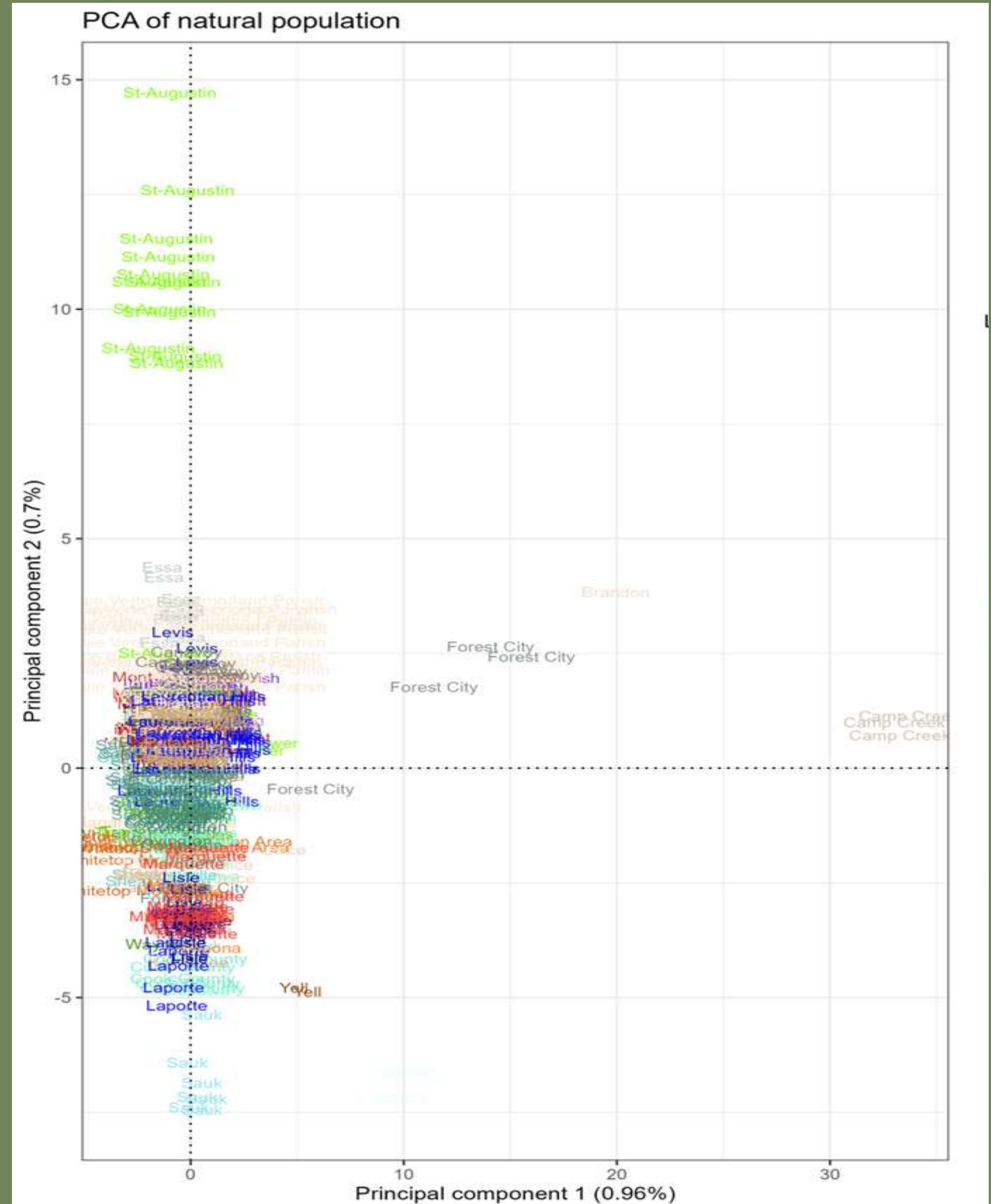
Total de 60 000 marqueurs génétiques (SNPs)



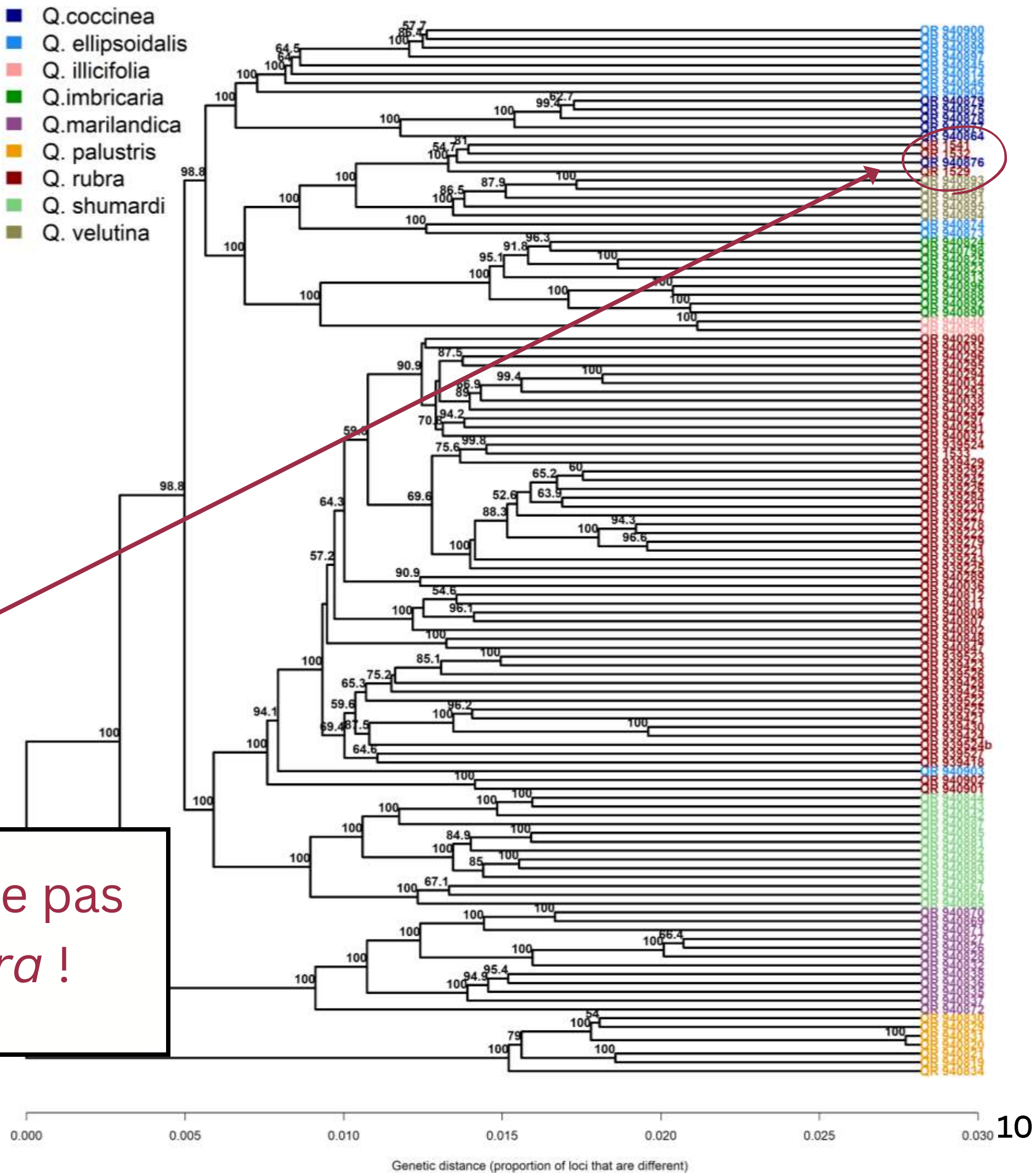
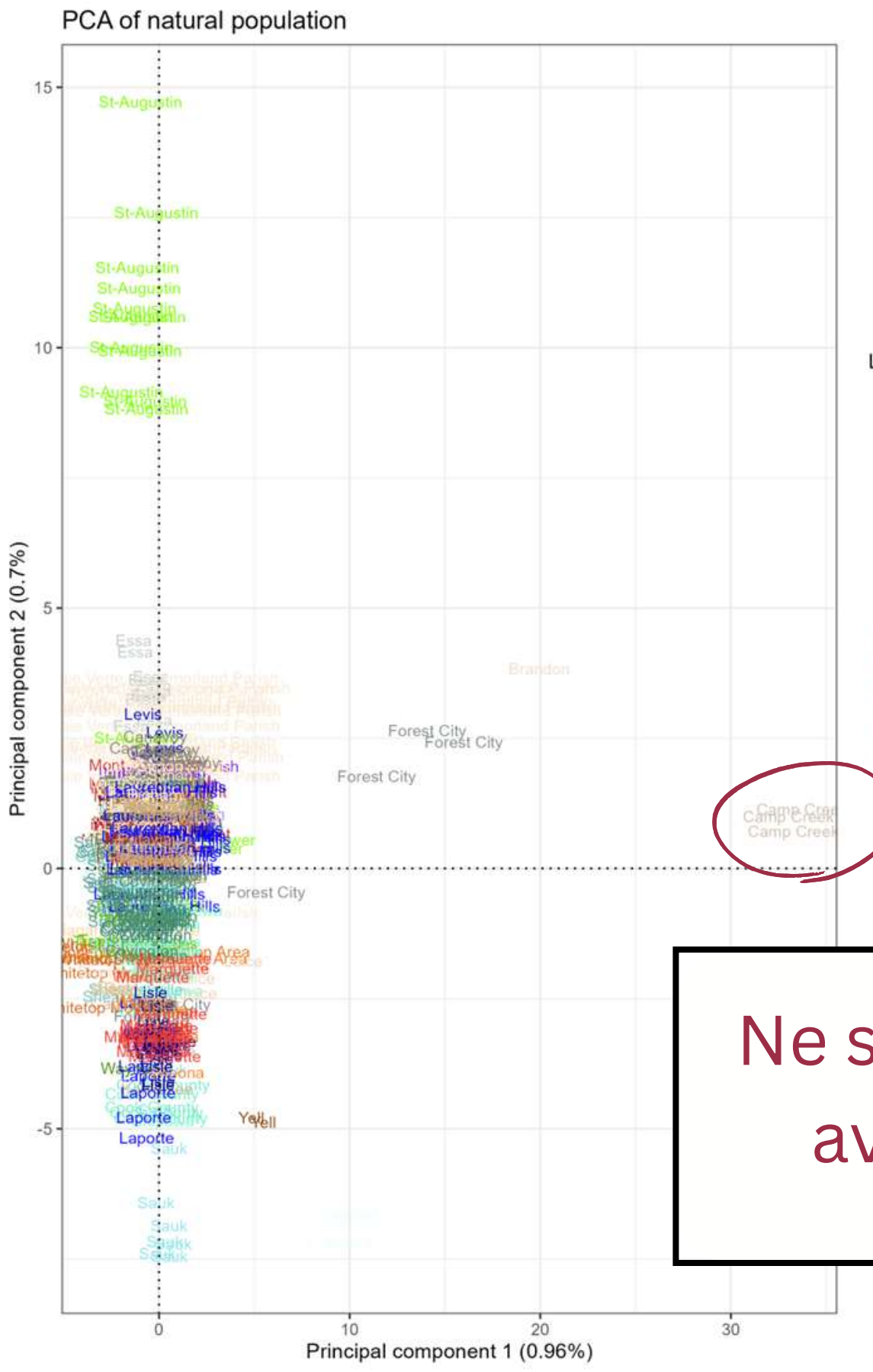
Structure des populations:

Analyse en composantes principale (ACP)

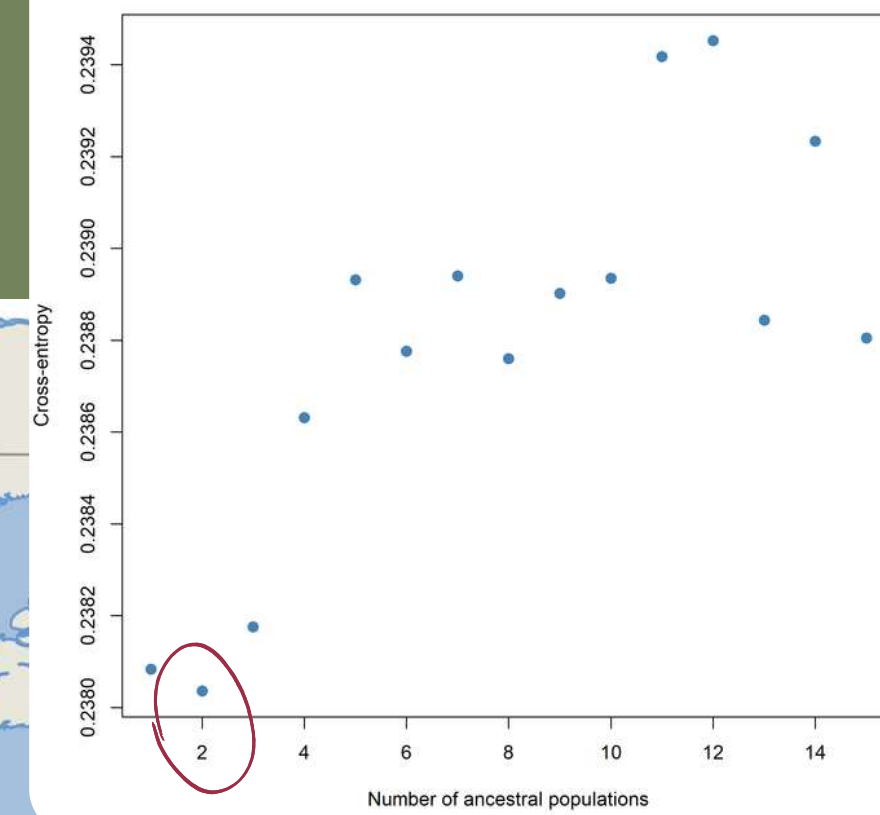
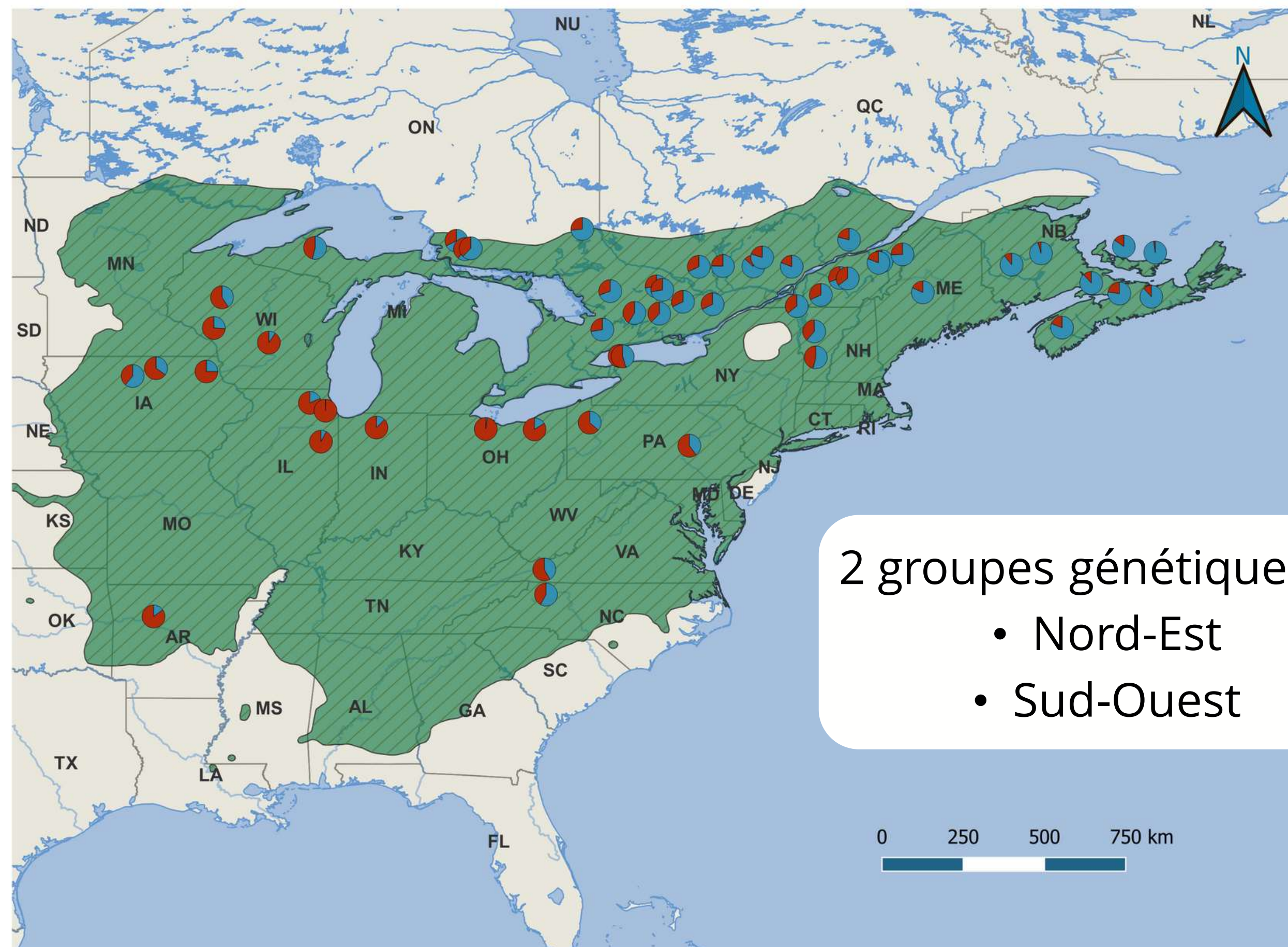
- Faible variation de manière générale
- Populations excentrées = autres espèces, hybrides



Structure des populations:



Structure des populations:

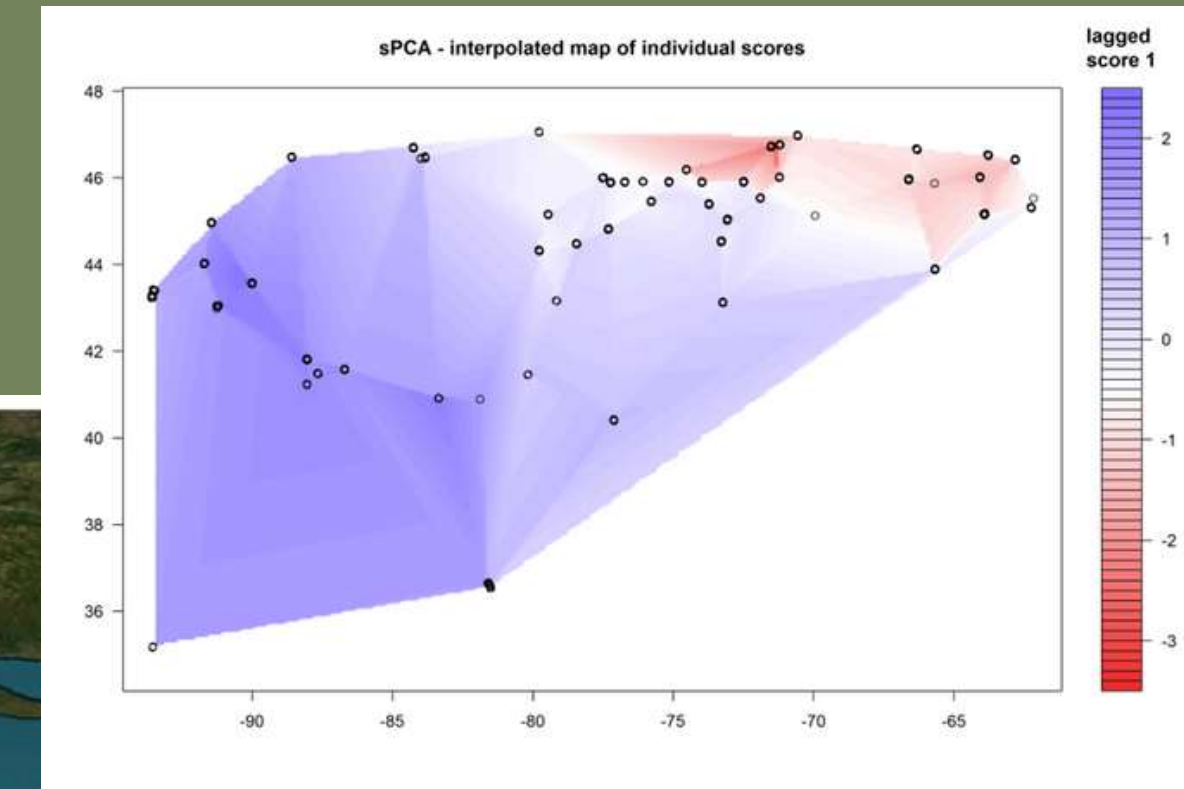
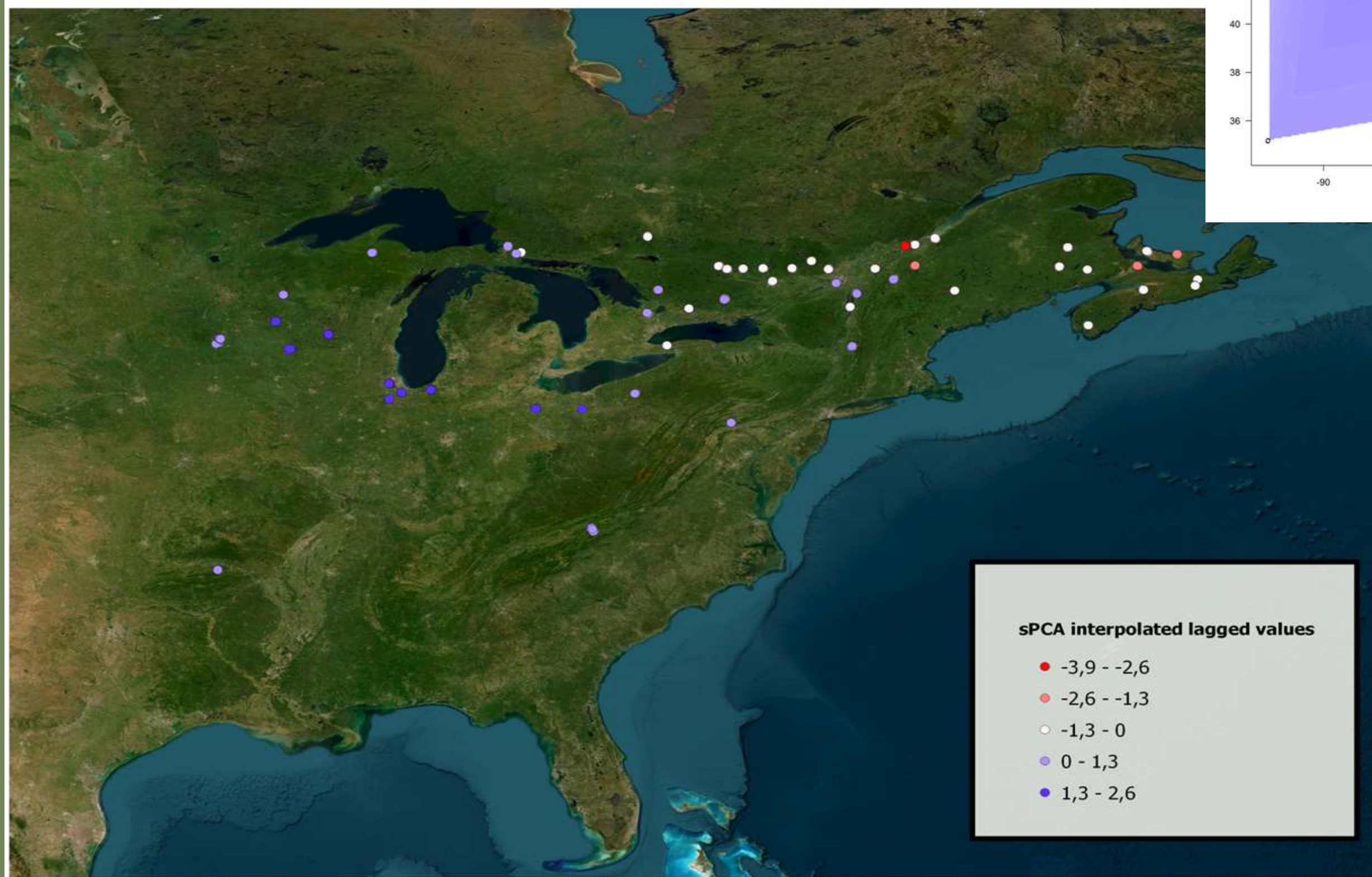


2 groupes génétiques :

- Nord-Est
- Sud-Ouest

Structure des populations:

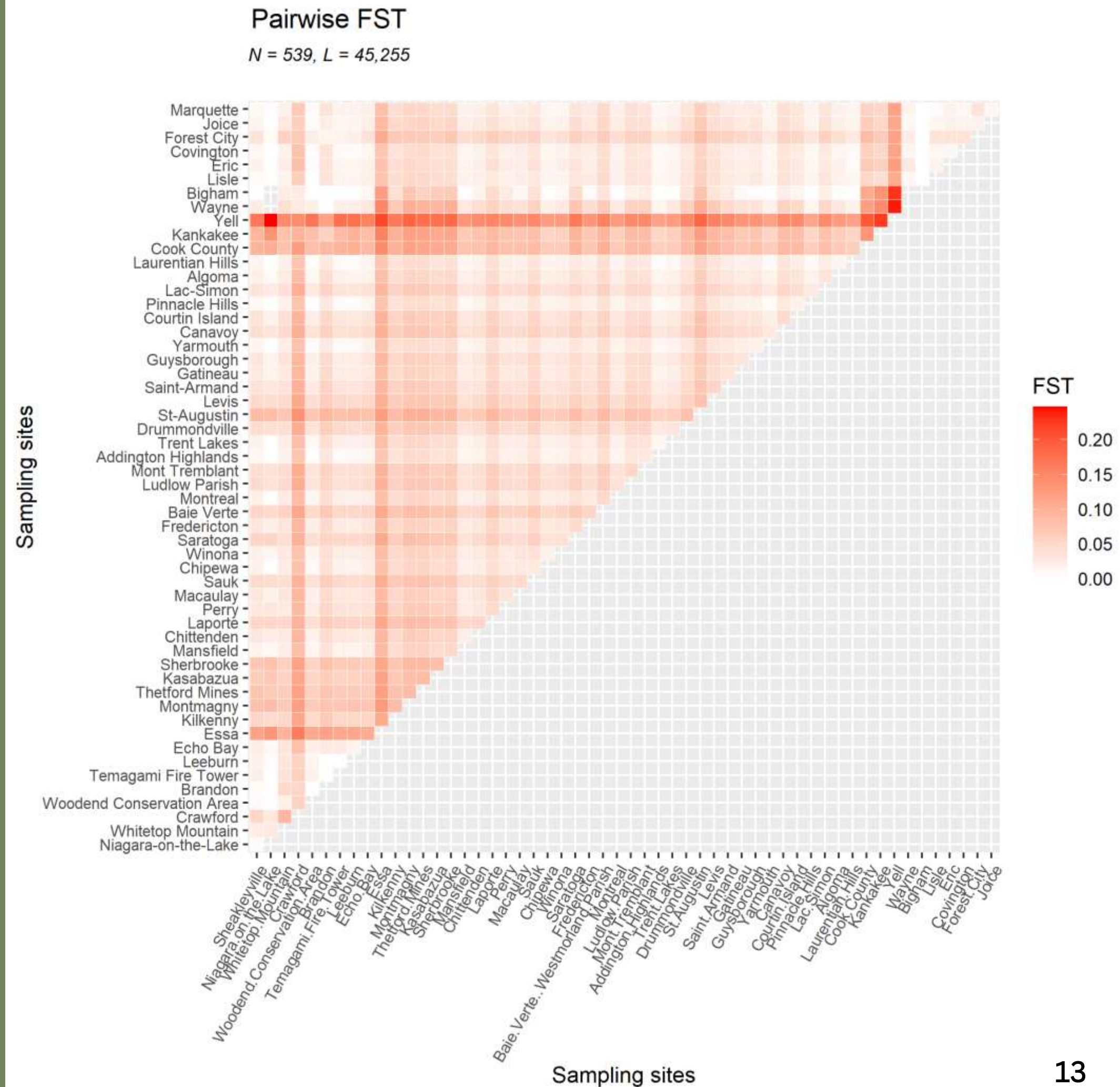
- Sous-structure avec sPCA



Différenciation génétique

FST = indice de différenciation génétique

- Différenciation génétique faible de manière générale

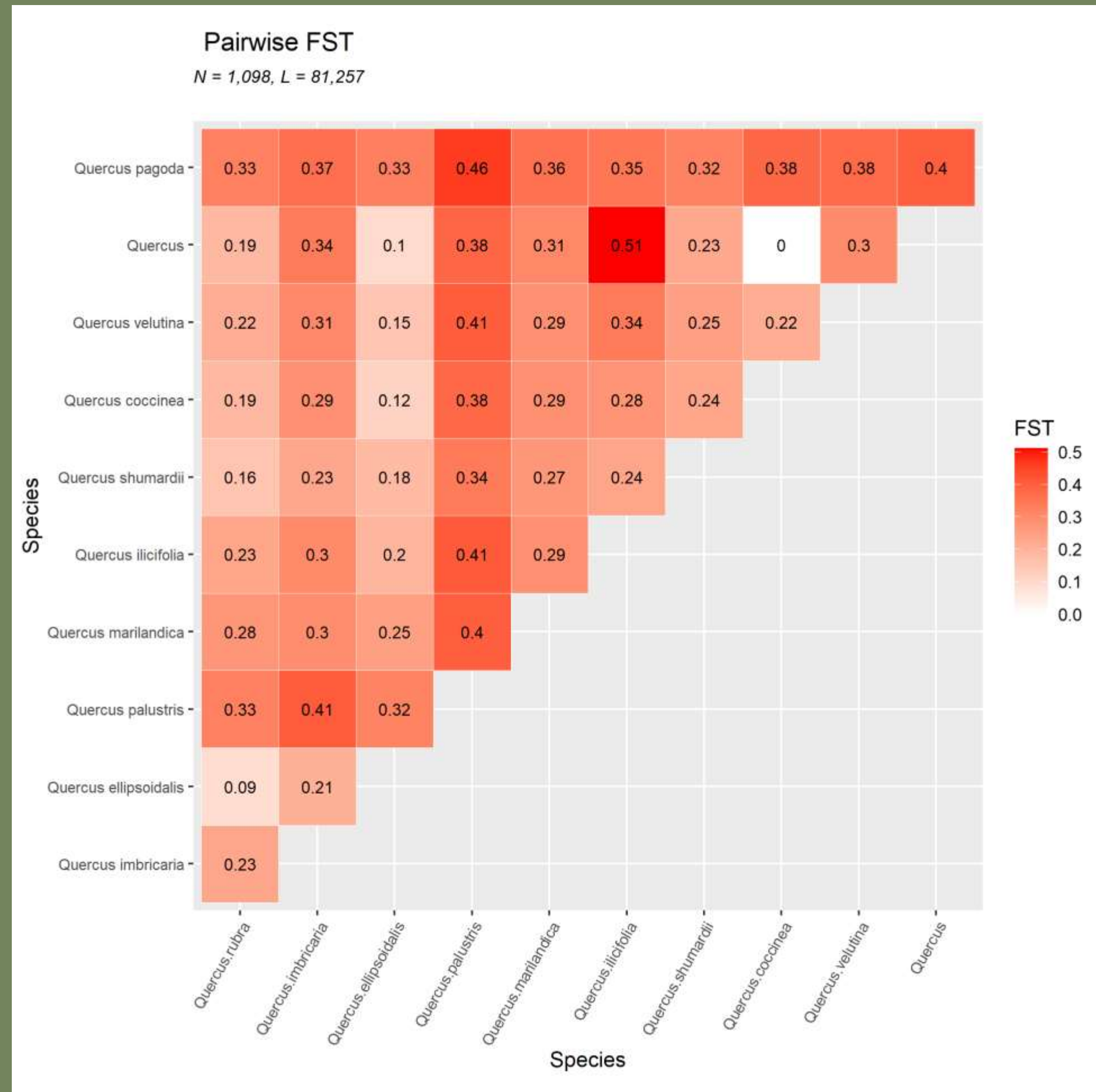


Diversité interspécifiques :

- Différenciation génétique faible de manière générale
- *Q. rubra* serait plus éloigné de *Q. palustris* mais serait plus proche de *Q. ellipsoidalis*

À venir :

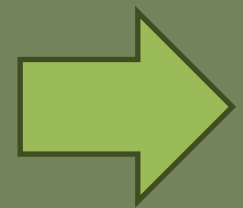
Identifier des marqueurs informatifs permettant l'identification d'espèce.



Conclusion :

L'étude du patrimoine génétique chez *Q. rubra* :

- Marqueurs génétiques intra- (origine géographique)
- Marqueurs génétiques interspécifique (taxonomique)



Sources de semences adaptées aux conditions futures



Prochaines étapes :

- Étude de la diversité génétique dans les villes (Québec, Montréal, Gatineau et Ottawa)
- Extraction d'ADN de bois



**Merci pour
votre
attention !**

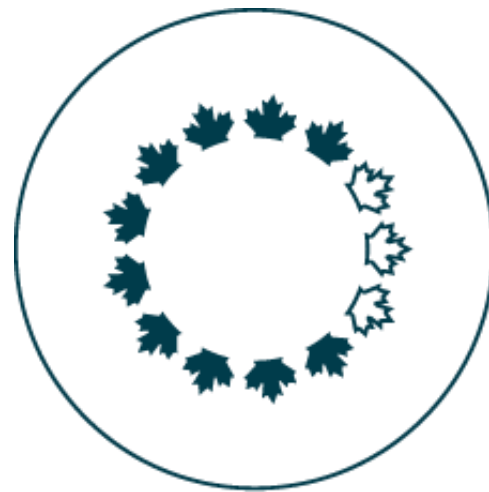
Remerciements :



Parcs
Canada



Parks
Canada



CCN
NCC

