Prédiction de la qualité des bois de chêne pour l'élevage des vins et des alcools

Erwan GUICHOUX

Directeur de thèse : Rémy PETIT

Thèse des bois – 4 février 2011

Pernod Ricard
Centre de Recherche

UNIVERSITÉ DE BORDEAUX

BioGeCo
Biodiversité, gènes & communautés

INRA

UMR BIOGECO – INRA CESTAS PIERROTON

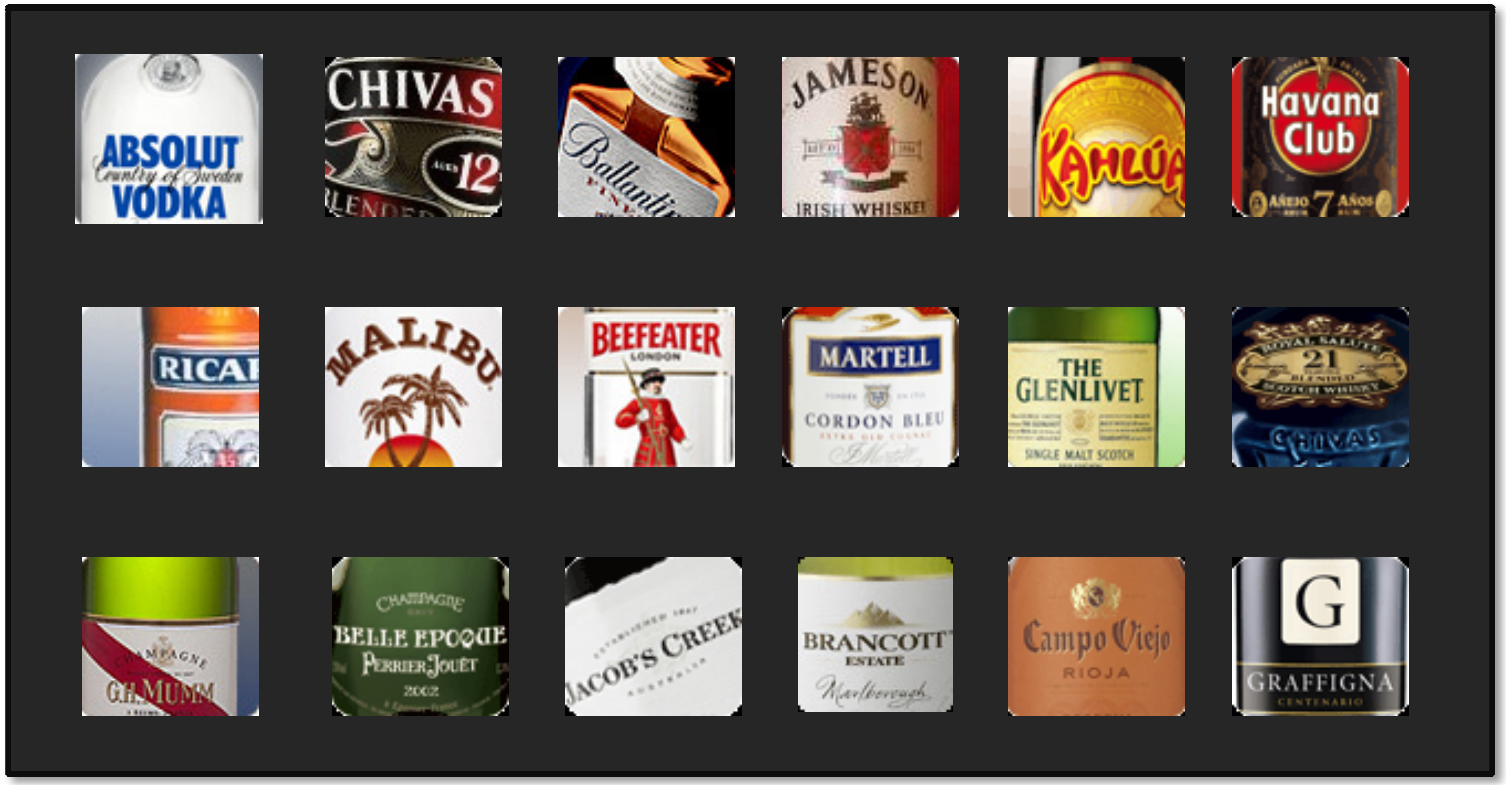
- 20 chercheurs, 32 ingénieurs et techniciens
- 25 doctorants, 13 non-titulaires
- **4 équipes :**
  - Ecologie des communautés
  - Ecologie et génomique fonctionnelle
  - Génétique des populations
  - Ecologie et génétique du parasitisme

- **Ecosystèmes étudiés :**
  - Forêt tempérée (chêne, hêtre, …)
  - Forêt cultivée (pin, eucalyptus, …)
  - Forêt équatoriale
  - Dunes littorales et prairies

Pernod Ricard

- 19 000 employés dans 70 pays
- CA : 7.2 milliards €
- 107 sites de production

Pernod Ricard



Centre de recherche Pernod Ricard

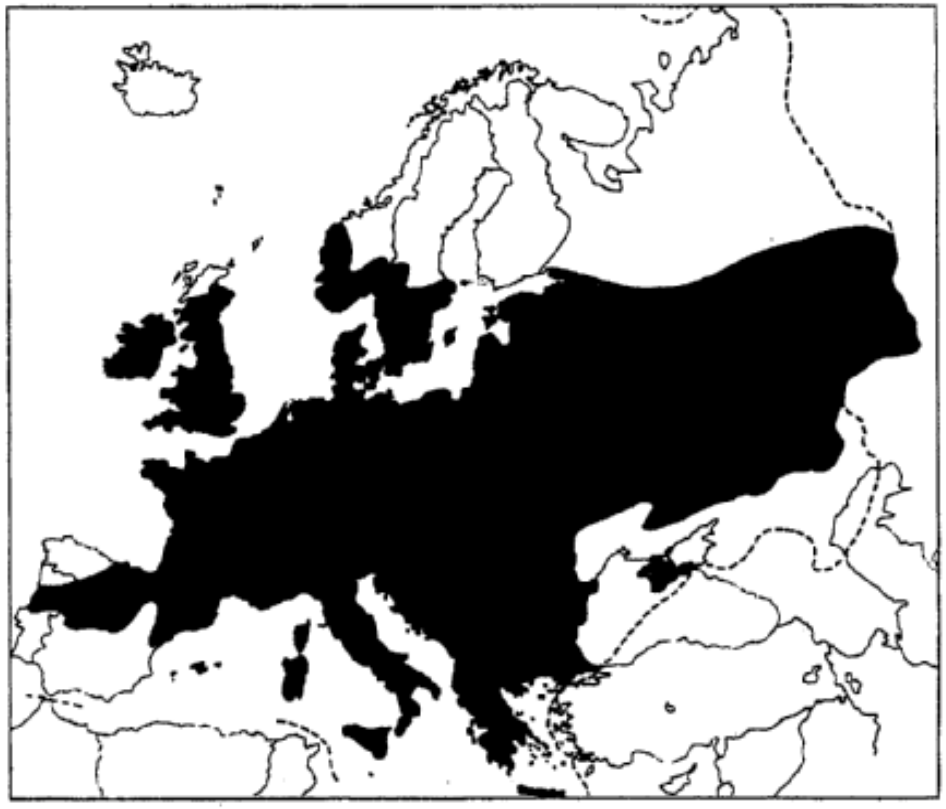
- Basé à Créteil (94)
- 60 employés (dont 4 doctorants CIFRE)
- **Activités principales :**
  - Veille scientifique
  - Assistance technique pour les filiales du groupe PERNOD
  - Analyses de conformité des produits
  - Développement de nouveaux produits :
    - Boissons
    - Packaging

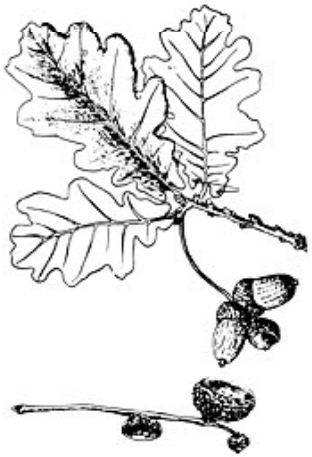
Contexte scientifique

- Influence du bois de chêne sur les vins et alcools

- **Historiquement :**
  - Taille du grain
  - Origine géographique

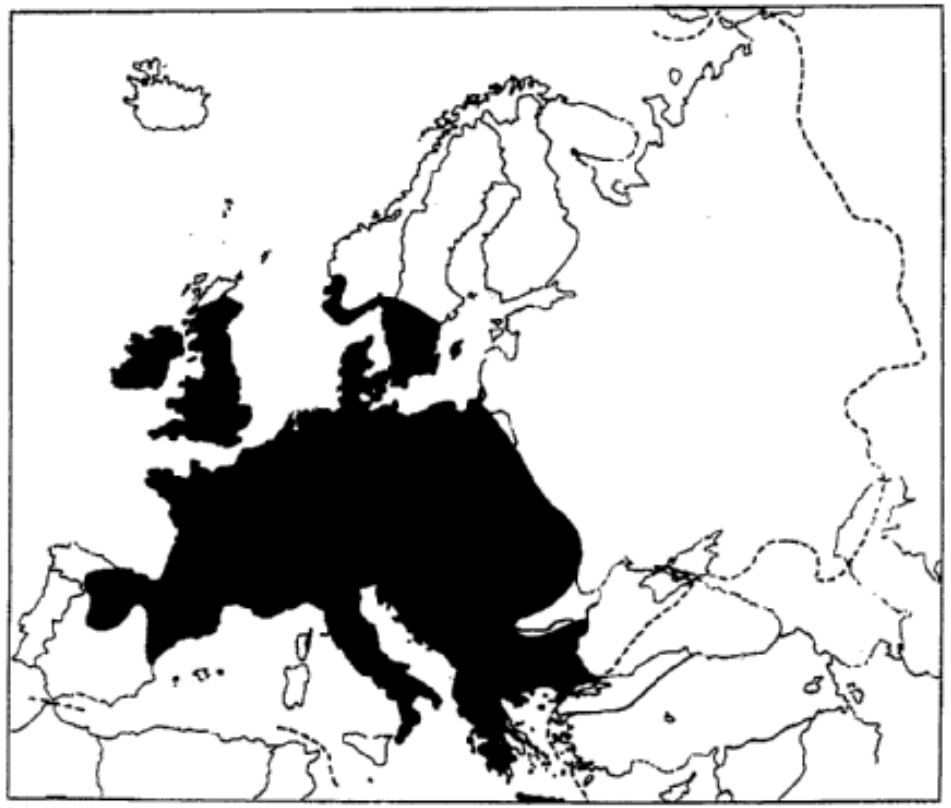
Les deux espèces de chênes

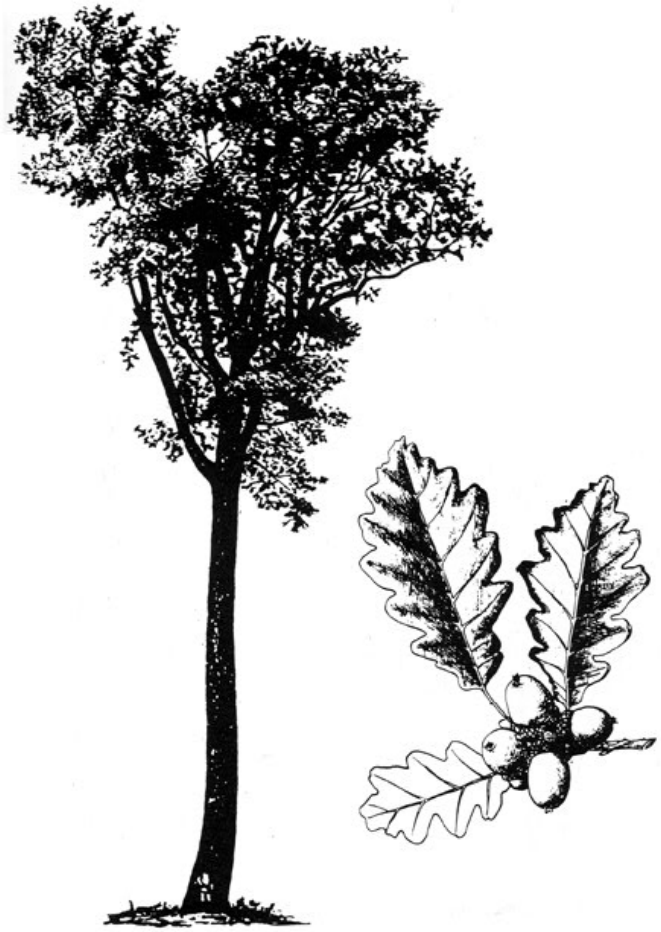




Chêne pédonculé - *Quercus robur*

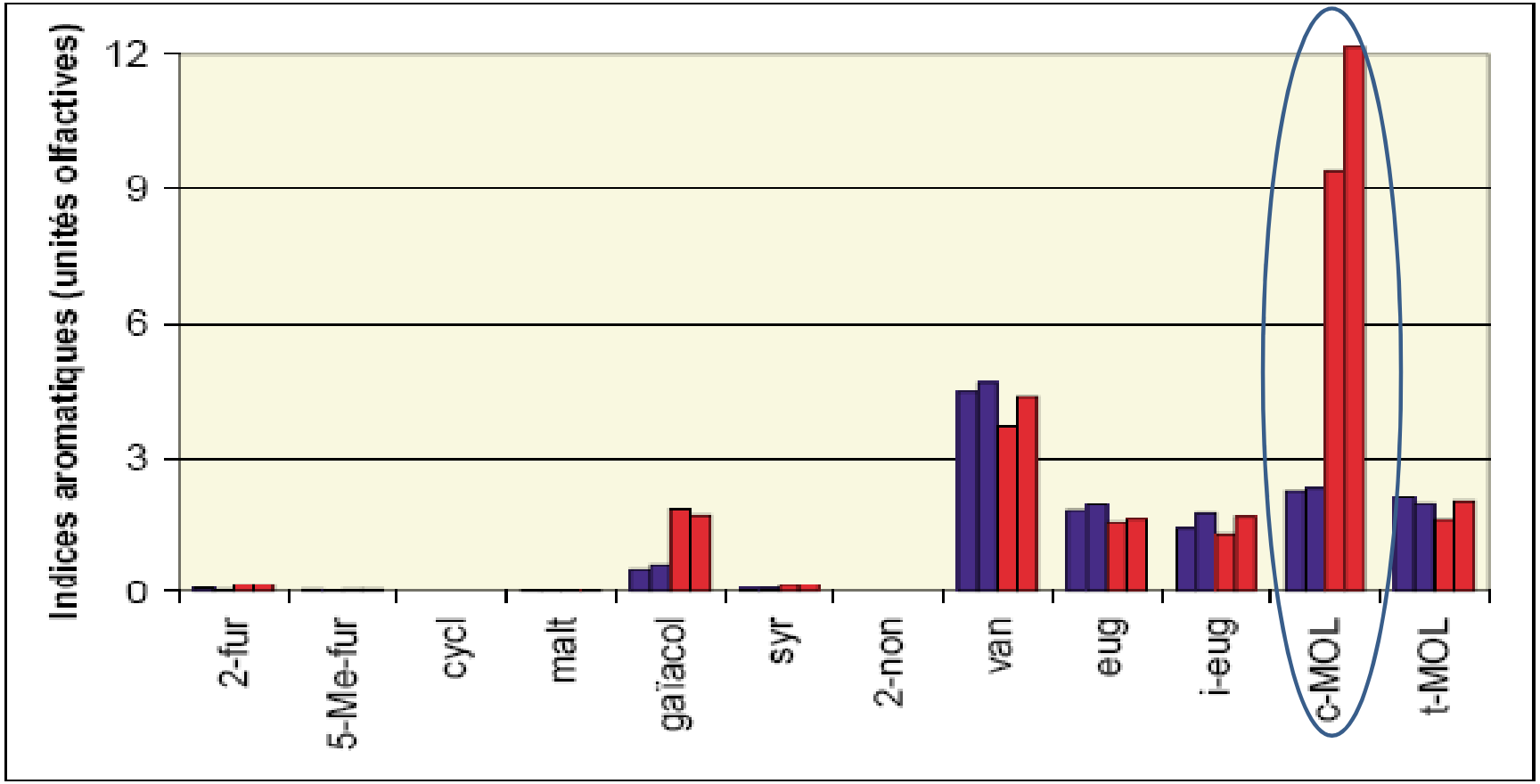
Les deux espèces de chênes





Chêne sessile - *Quercus petraea*

Les composés aromatiques du bois



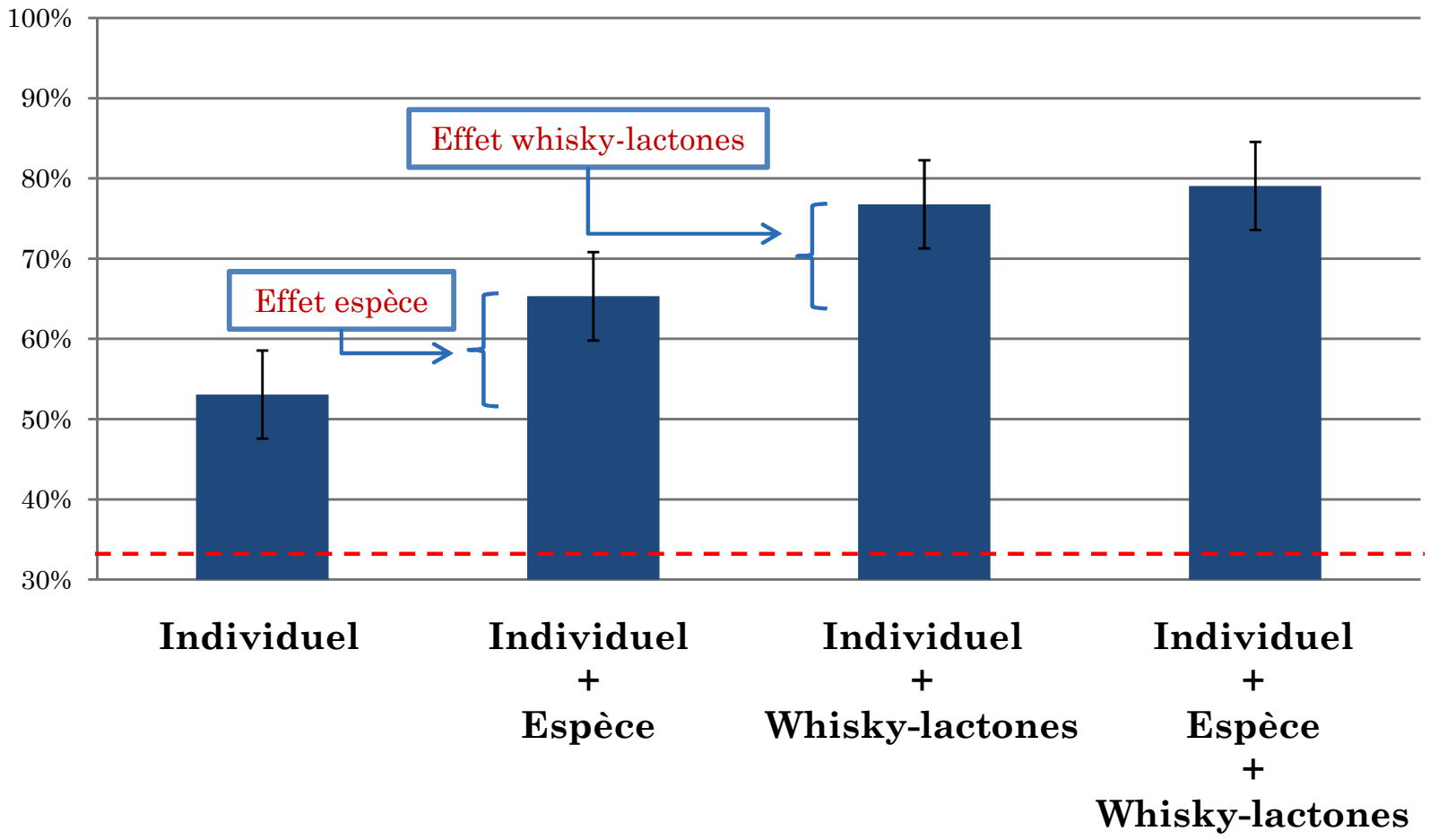
Auer *et al.*, 2006

■ ***Quercus robur*** ■ ***Quercus petraea***

Tests sensoriels sur copeaux de bois

- **Tests triangulaires**
  - Bois sec âgé de 10 ans déjà caractérisé chimiquement
  - 2250 tests par flairage
- **Effets testés :**
  - Individuel, espèce et teneur en whisky-lactone

Tests sensoriels sur copeaux de bois



Contexte scientifique

- **Meilleur critère de sélection** : espèce botanique (*Q. robur* / *Q. petraea*)

  → « La tonnellerie devrait choisir son bois en fonction de l'espèce botanique plutôt qu'en fonction du grain ou de la provenance seulement » (Doussot *et al.*, 2000)

- **Problème** : information perdue dans la filière

- **Intérêt** :
  - Plus grande homogénéité des lots de bois
  - Choisir les lots de bois les mieux adaptés

Objectifs et finalités

- **Contribuer à améliorer la connaissance du bois de chêne utilisé lors de l'élevage des vins et alcools**

  → Développer une méthode d'identification de l'espèce (*Q. robur* et *Q. petraea*) à partir d'ADN extrait de bois (frais et sec)

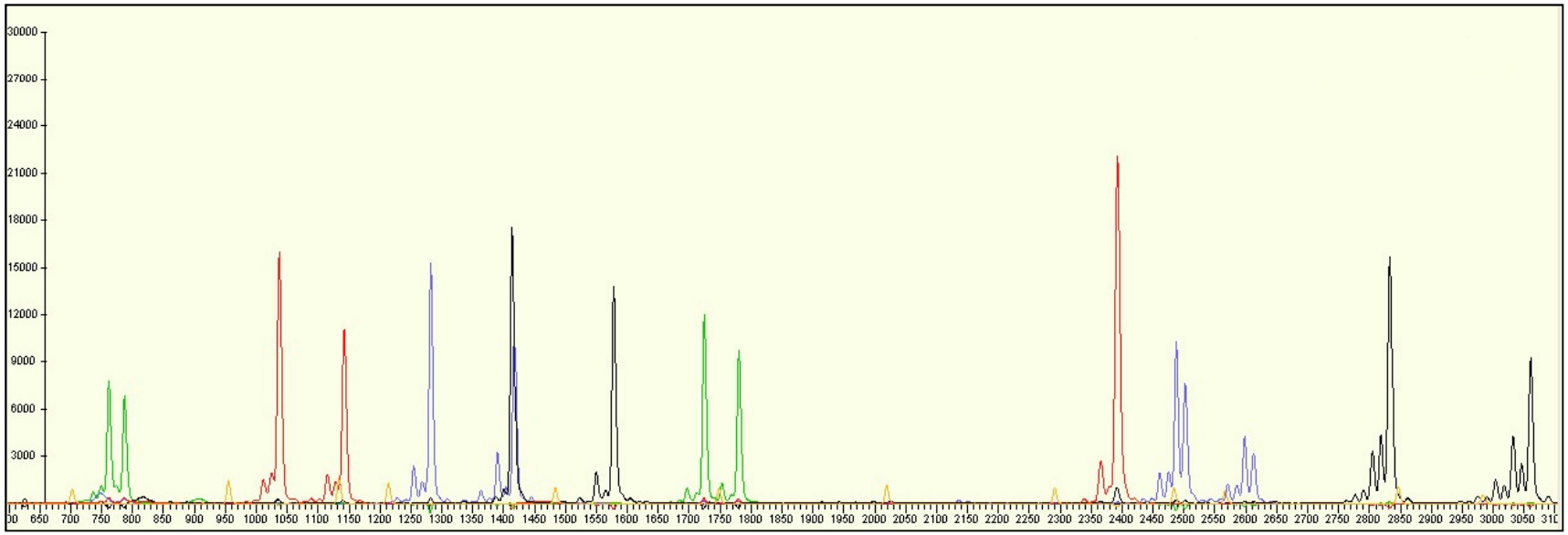
- **Rechercher des gènes de précurseurs d'arômes (whisky-lactones)**

  → Prédire l'apport sensoriel du bois dans son utilisation industrielle

Identification d'espèces sur bois

IDENTIFICATION D'ESPÈCES SUR BOIS

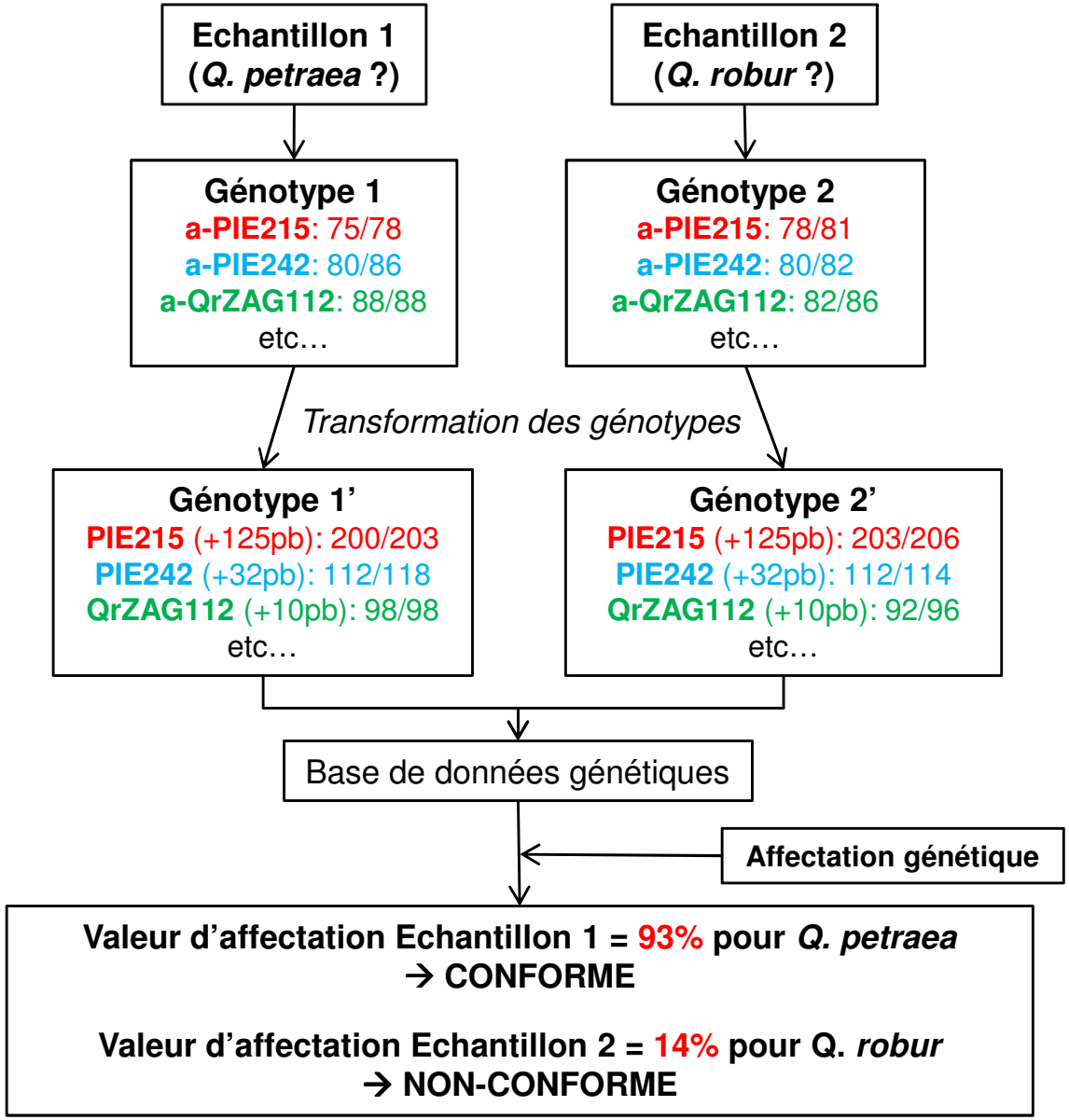
- **Prérequis**
  - Identifier les meilleurs marqueurs génétiques
  - Réaliser une base de données génétiques de référence
    → 5000 arbres génotypés
  - Concevoir des analyses haut-débit
    → 2 kits multiplex de 20 marqueurs génétiques (SSRs)



IDENTIFICATION D'ESPÈCES SUR BOIS

- **Contraintes**
  - Bois = tissu mort → ADN très dégradé
    → Travailler en conditions contrôlées (laboratoire en surpression)
  - Bois = lignines + tanins → inhibiteurs
    → Mise au point d'une technique de PCR en temps réel pour optimiser la qualité et la quantité d'ADN extrait
  - Nouvelle définition de toutes les paires d'amorces

IDENTIFICATION D'ESPÈCES SUR BOIS



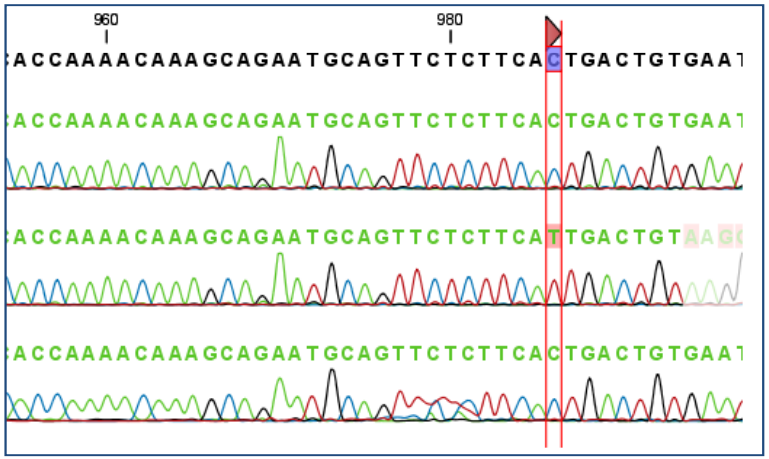
PERSPECTIVES

- Des marqueurs moléculaires + puissants pour identifier l'espèce?

- **SNP** : Single Nucleotide Polymorphism

AAATCGTCGTATTAGAGC**C**TATAGGGCTCTAAGGCTCGGA
AAATCGTCGTATTAGAGC**T**TATAGGGCTCTAAGGCTCGGA

- **Caractéristiques principales :**
  - Di-alléliques
  - Très fréquents (~ 1 SNP pour 50pb)
  - Distribués sur l'ensemble du génome



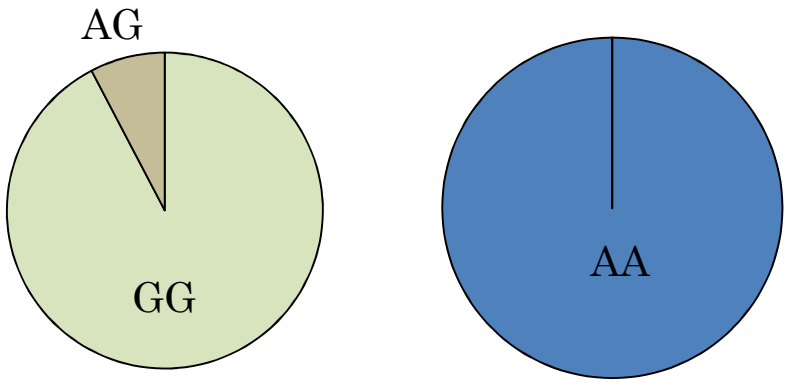
- **Projet de reséquençage :**
  - 12 500 SNPs identifiés

AVANTAGES DES SNPs SUR LES SSRs

- - de SNPs nécessaires pour identifier l'espèce :

SNP impliqué dans le stress hydrique

(787 individus des deux espèces)



Q. petraea ***Q. robur***

- Débit plus important (↘ coûts)
- Nombreuses techniques de génotypage disponibles
- Mieux adapté à l'ADN dégradé du bois
  - + facile à génotyper (2 allèles)
  - Taille fragment amplifié = 40 pb

MERCI!

- **INRA** : Alexis Ducousso, Jean-Marc Louvet, Olivier Lepais
- **CRPR** : Daniel Derchue, Carole Quinton, Benoit Colonna-Ceccaldi
- **Génotypage SSRs** : Lélia Lagache, Stefanie Wagner, Patrick Léger, Frank Salin (Plateforme Génome Transcriptome)
- **Génotypage SNPs :** Pauline Garnier-Géré, Christophe Boury
- **Analyses sensorielles** : Frédéric Lagane (INRA), Nicolas Brin (CRPR)