



HAL
open science

BSA-Seq : an efficient method to decipher a complex trait on Poplar, a highly heterozygous diploid genome

Aurelie Canaguier, Véronique Jorge, Vanina Guérin, Odile Rogier, Vincent Segura, Aurélie Chauveau, Elodie Marquand, Aurélie Berard, Marie-Christine Le Paslier, Catherine Bastien, et al.

► **To cite this version:**

Aurelie Canaguier, Véronique Jorge, Vanina Guérin, Odile Rogier, Vincent Segura, et al.. BSA-Seq : an efficient method to decipher a complex trait on Poplar, a highly heterozygous diploid genome. PAG XXVI - Plant and Animal Genome Conference, Jan 2018, San Diego, United States. , 1 p., 2018. <hal-02736419>

HAL Id: hal-02736419

<https://hal.inrae.fr/hal-02736419v1>

Submitted on 2 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



HAL Authorization

