La Sélection Assistée par Marqueurs: application chez le peuplier

Véronique Jorge

▶ **To cite this version:**

Véronique Jorge. La Sélection Assistée par Marqueurs: application chez le peuplier. Master. Formation Ingénieur Forestier (FIF) de l'ENGREF, 2002. hal-02831305

HAL Id: hal-02831305
https://hal.inrae.fr/hal-02831305

Submitted on 7 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.

La Sélection Assistée par Marqueurs : Application chez le peuplier

S.A.M.

S.A.M.

Définition : utilisation de marqueurs moléculaires pour accélération et l'optimisation des schémas de sélection

Objectif : combiner des qualités de croissance, qualité du bois et résistance partielle à large spectre à *Melampsora larici-populina*.

Intérêt par rapport à la sélection traditionnelle

Variation de ~~l'environnement~~

Résolution d'un déterminisme génétique complexe

Outils nécessaires pour la SAM

-1-
Carte génétique

-2-
Caractères quantitatifs

-3-
Détection des QTL

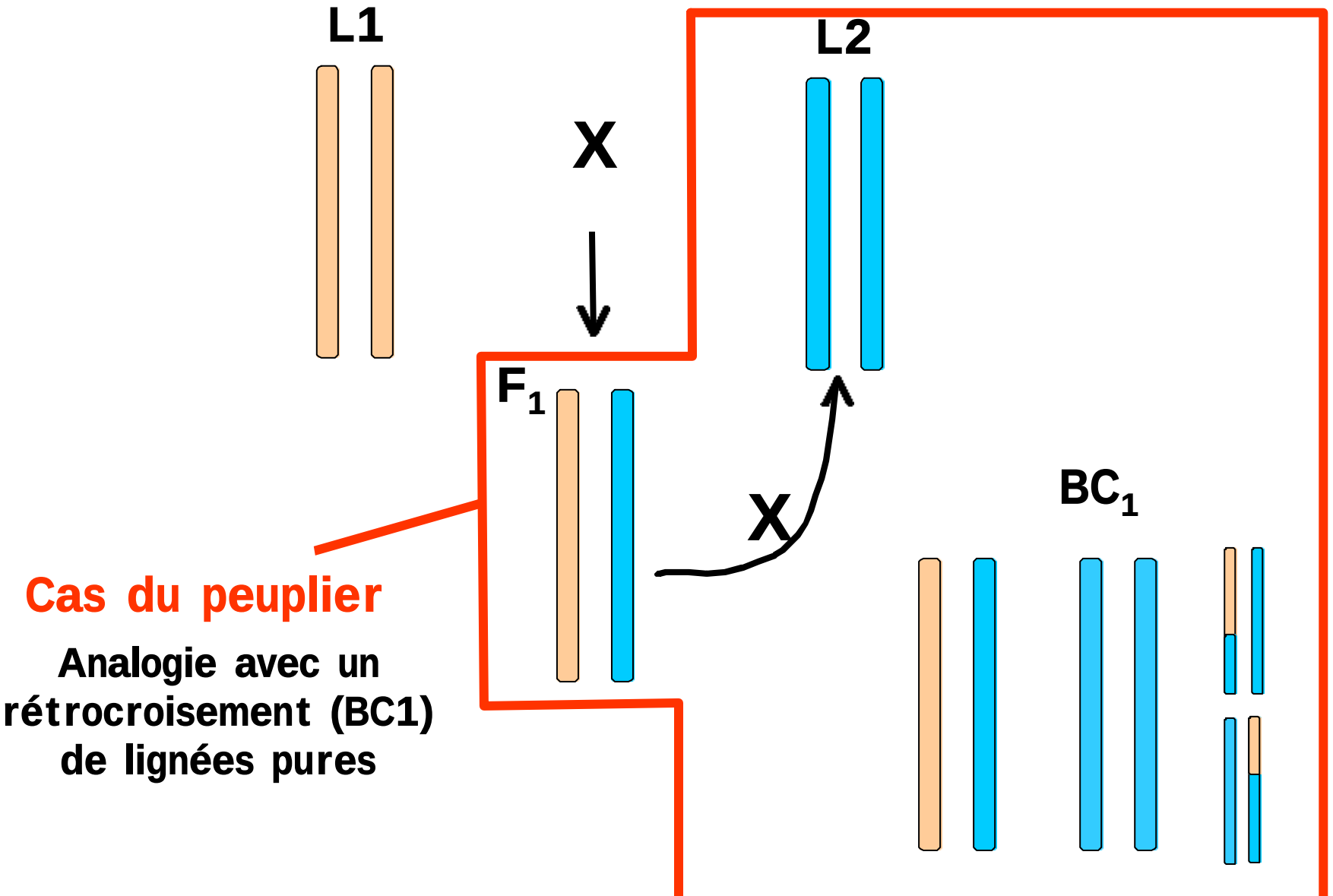
-1-

La construction de cartes génétiques

1 croisement avec suffisament de descendants (90-100)

♀ *Populus deltoides* x *Populus trichocarpa* ♂

Cas particulier des espèces allogames: pas de lignées pures

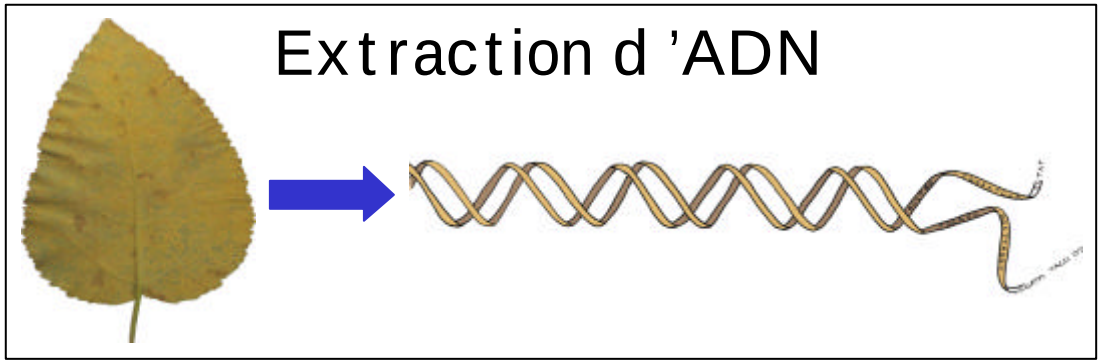


Cas du peuplier

Analogie avec un rétrocroisement (BC1) de lignées pures

Les marqueurs moléculaires

Polymorphisme et Ségrégation



Amplification par PCR
Séparation sur gel

→ Microsatellites
RAPD
SCAR

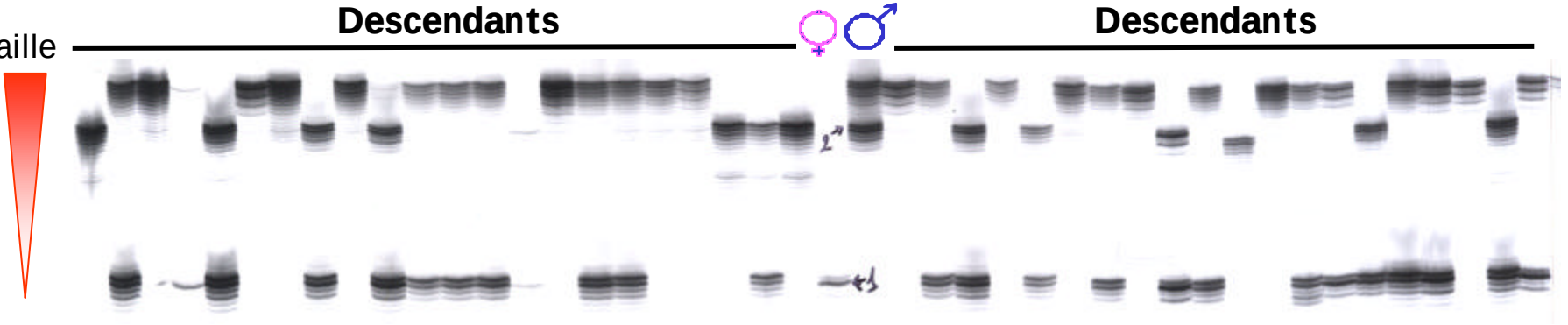
Digestion
Séparation sur gel
Transfert
Hybridation

→ RFLP

Les marqueurs moléculaires: les microsatellites

= Répétition d'1, 2 ou plusieurs nucléotides

Amplification

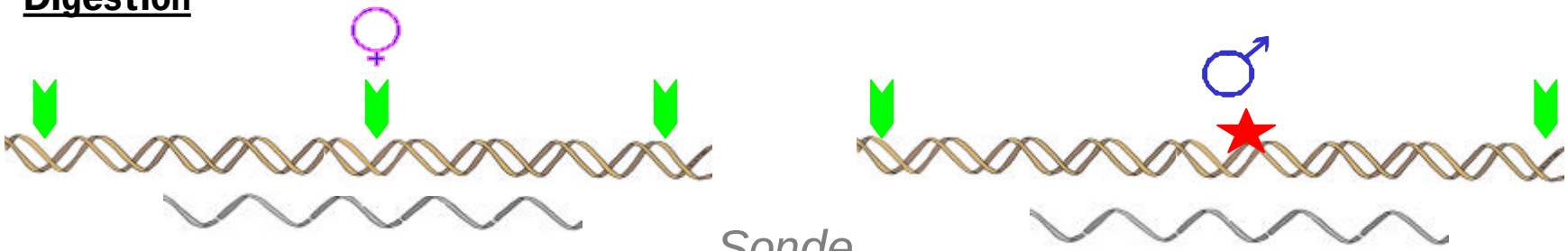


(PMGC576, Faivre-Rampant et al.)

Les marqueurs moléculaires : RFLP

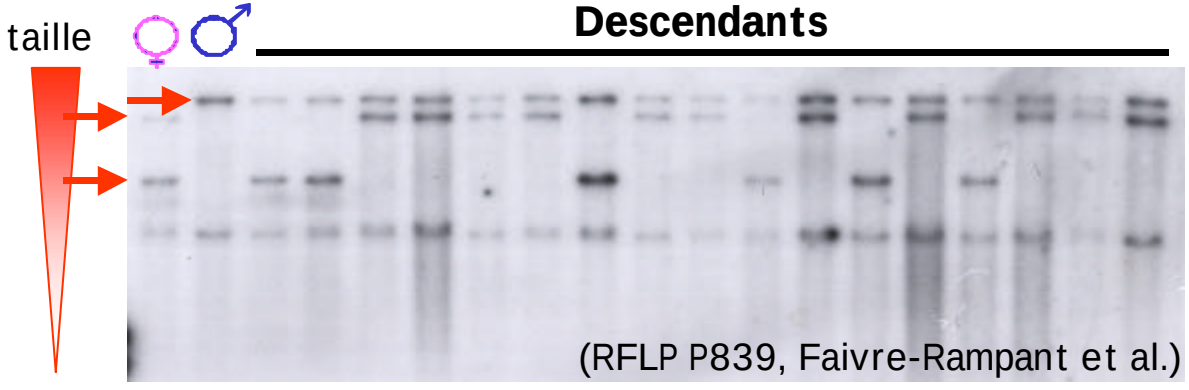
Polymorphisme des fragments de restriction

Digestion

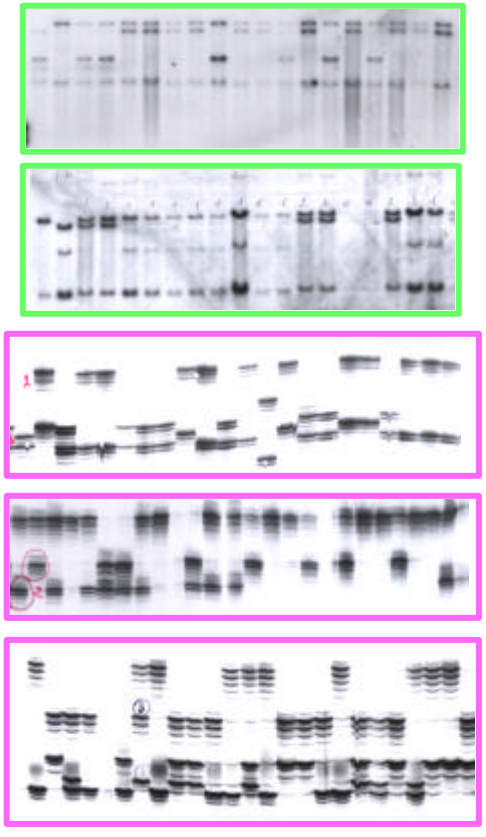


Sonde

Séparation, transfert et hybridation



Lecture
codage 0/1



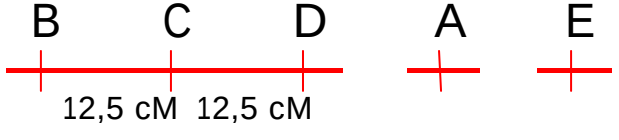
~300 marqueurs

Calcul du taux de recombinaison

% recombinés => distance entre marqueurs

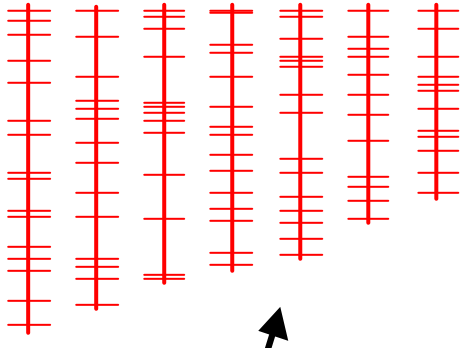
	A	B	C	D
B	0.50			
C	0.50	0.125		
D	0.50	0.25	0.125	
E	0.50	0.50	0.50	0.50

Groupes

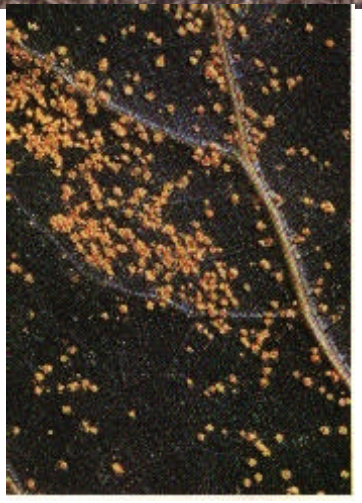


Ordre

Carte génétique



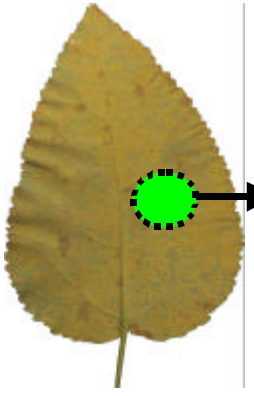
Exemple d'un caractère quantitatif chez le peuplier
La résistance à la rouille



♀ *Populus deltoides* x *Populus trichocarpa* ♂

R totale — R partielle

Mesures : laboratoire et pépinière

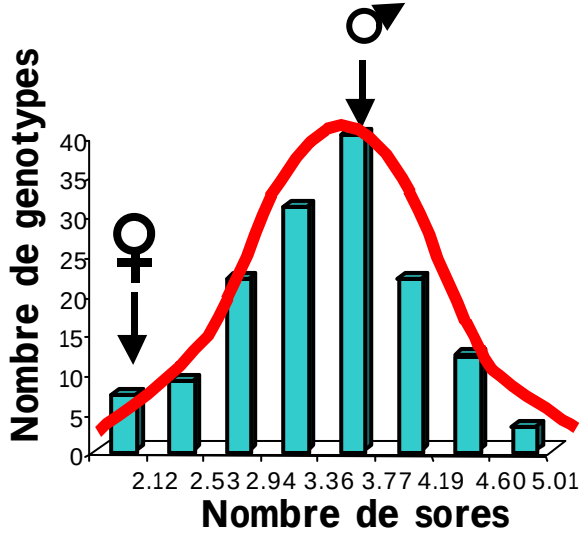


Composantes de la résistance

Nombre de sores
Taille de sores
Latence

Tolérance (hauteur diamètre)

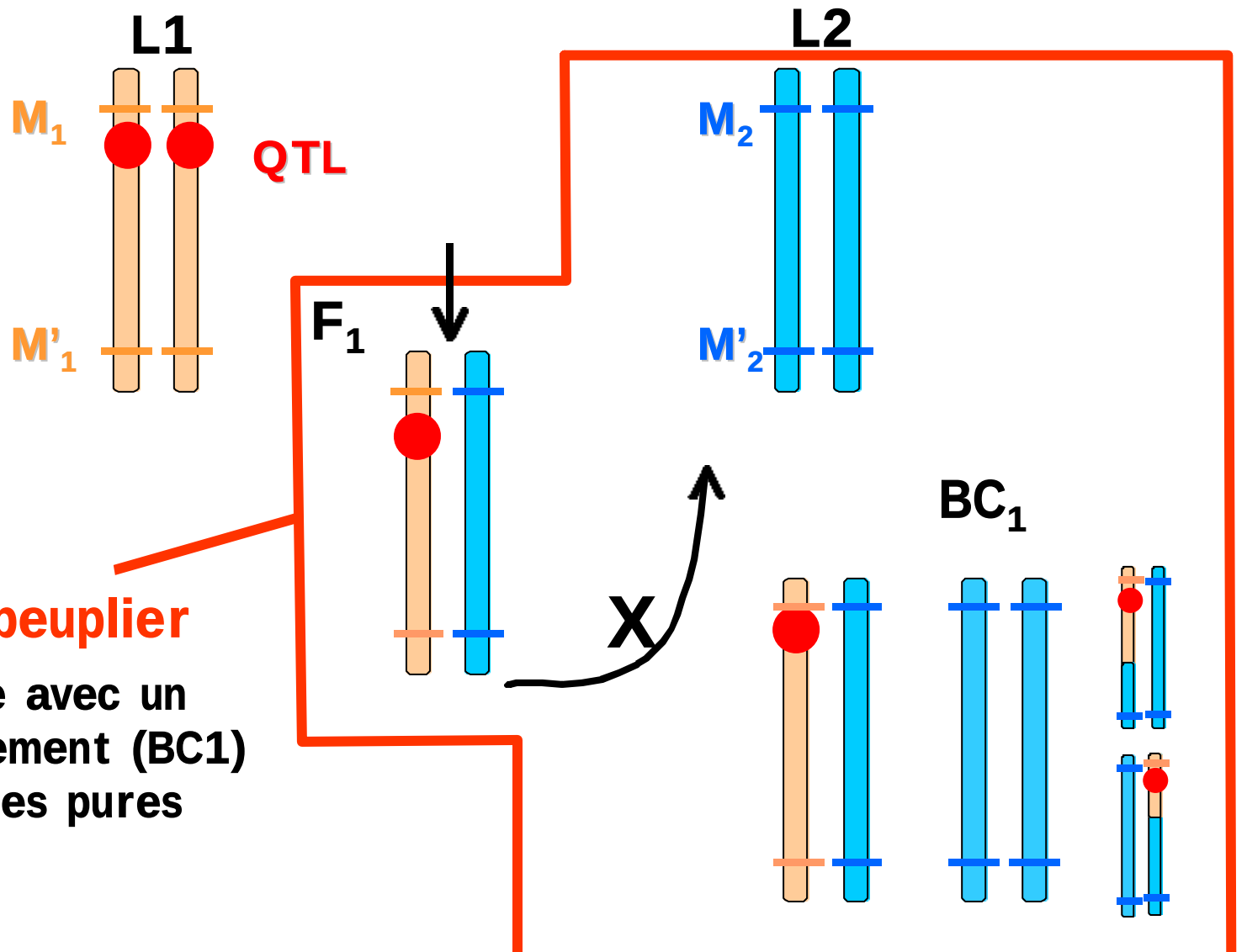
Distribution



Détection de QTL (Quantitative Trait Loci)

Hypothèses

2 marqueurs M et M '
1 QTL

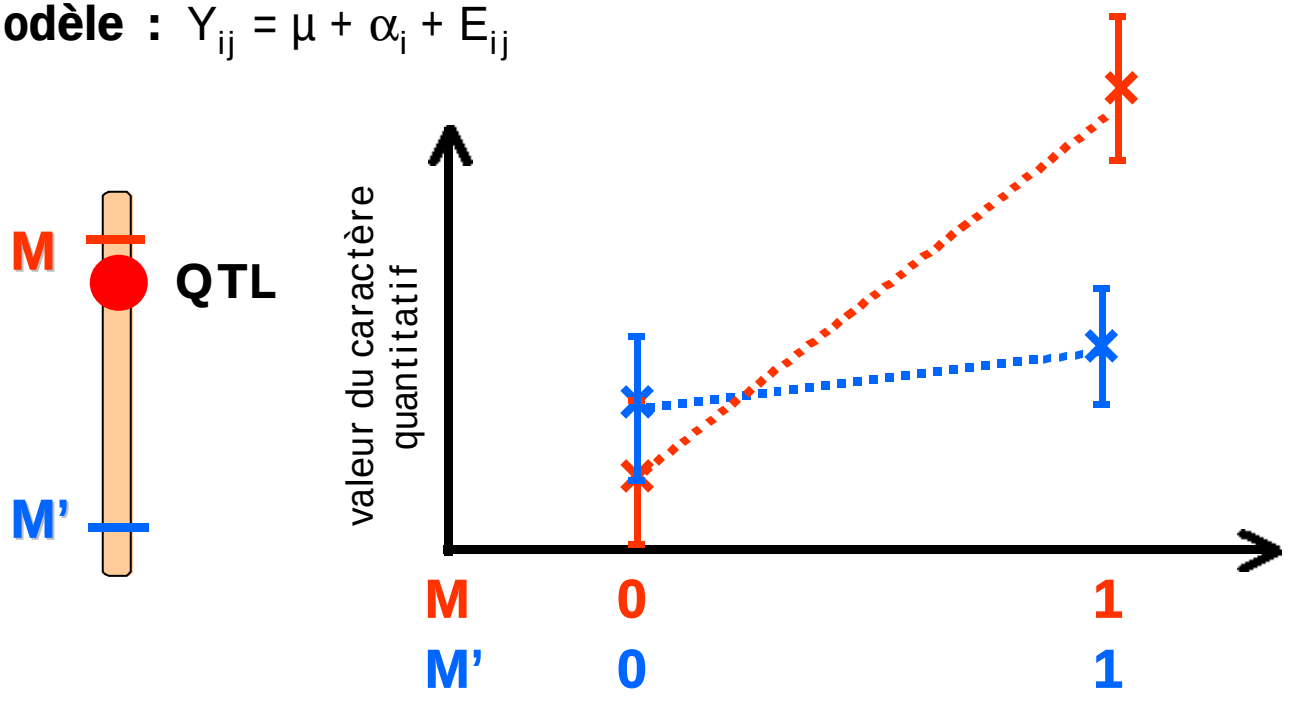


Cas du peuplier

Analogie avec un rétrocroisement (BC1) de lignées pures

-A- Analyse de variance, un marqueur à la fois

Modèle : $Y_{ij} = \mu + \alpha_i + E_{ij}$



Différence significatives entre moyennes

↓

Présence d'un QTL aux alentours de M

Pas de différence significative entre moyennes

↓

Pas de QTL aux alentours de M '

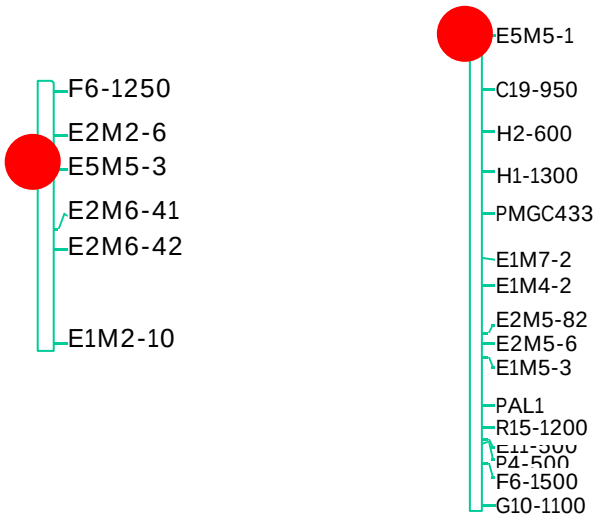
Mesure de l'effet du QTL :

R^2 = part de variation phénotypique expliquée par le marqueur M
= $SC_{Mi}/(SC_{Mi}+SC_E)$

Chez le peuplier :

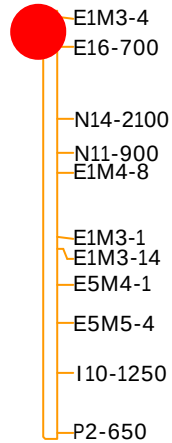
P. deltoides

Tolérance en hauteur et circonférence 37%



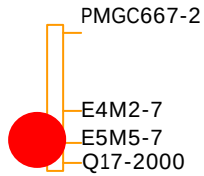
P. trichocarpa

Tolérance en hauteur et circonférence 9%



Résistance partielle

10%-52%



Avantage : méthode rapide pour la détection de QTL

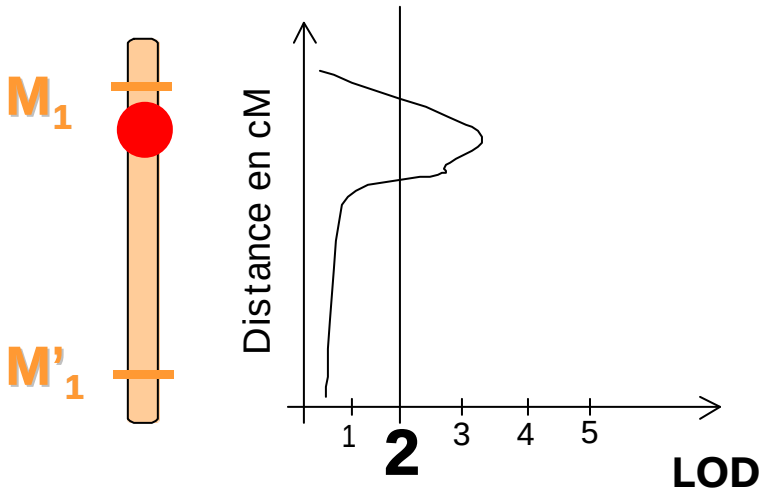
Mais : pas de distinction entre effet fort et distance

(Résultats A. Daukir

-B- Cartographie par intervalle

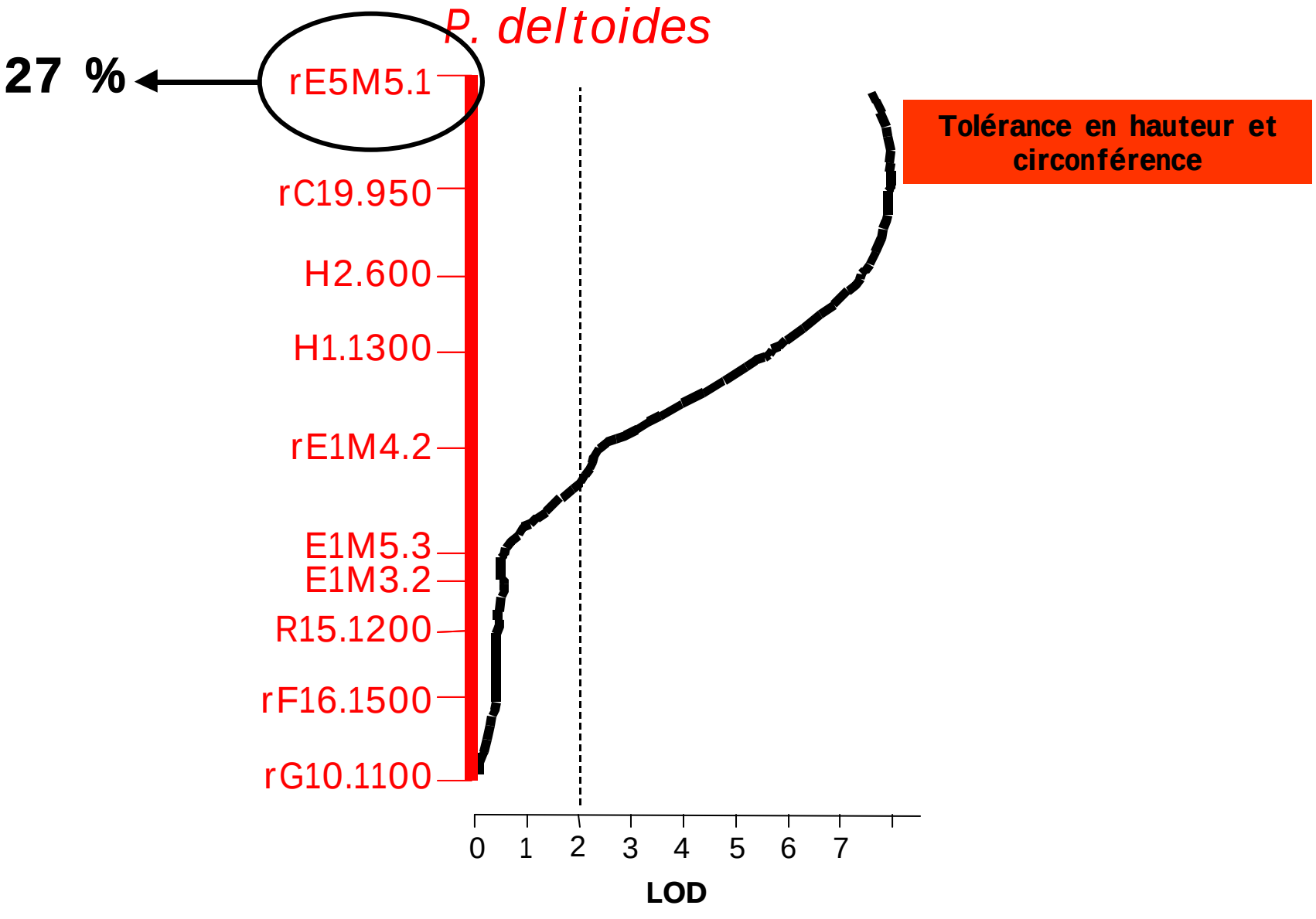
$$LOD = \log_{10}(P_{QTL} / P_{nonQTL})$$

Analyse par pas de 2 cM

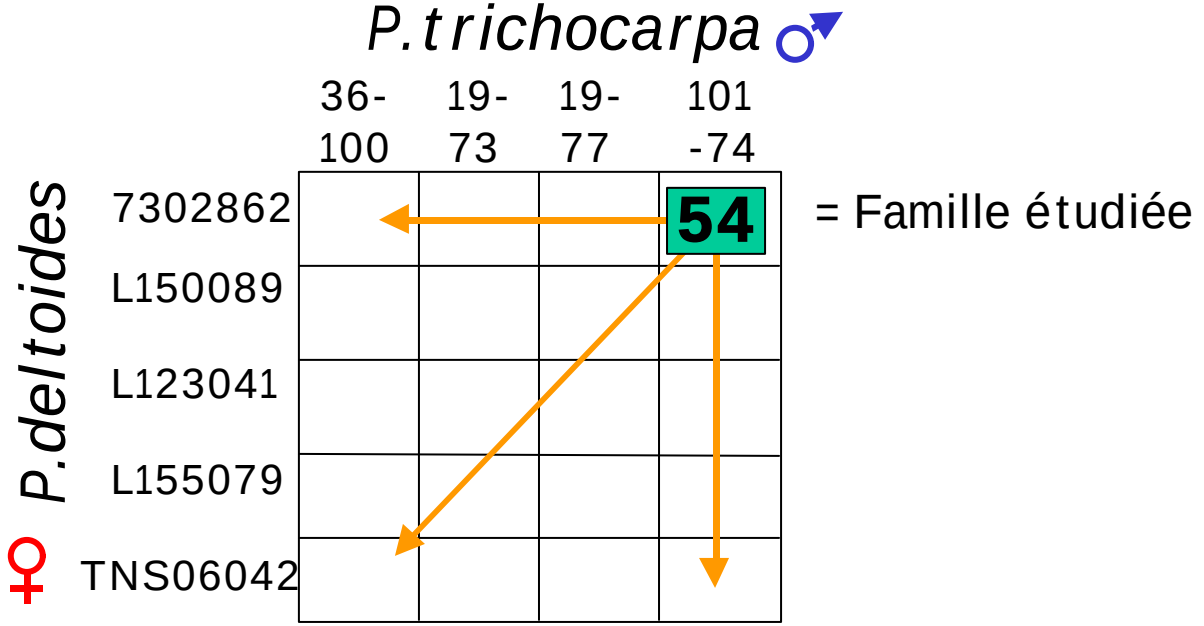


Avantage : pour les intervalles >20cM

Mais : problème pour la détection de deux QTL proches

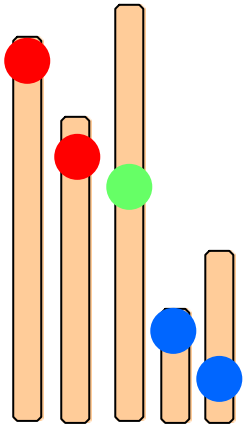

P. deltoides
27 %
rE5M5.1
rC19.950
H2.600
H1.1300
rE1M4.2
E1M5.3
E1M3.2
R15.1200
rF16.1500
rG10.1100
Tolérance en hauteur et circonférence
0
1
2
3
4
5
6
7
LOD

Transfert des marqueurs et étude de l'expression des QTL de résistance dans différents fonds génétiques



S.A.M.

A- Choix des marqueurs associés à plusieurs caractères, plusieurs composantes

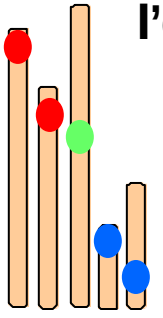
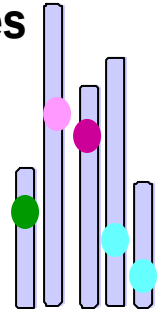


B- Sélection rapide à l'aide de ces marqueurs des génotypes combinant le plus de caractères favorables

=

idéotype

C- Croisements et S.A.M. supplémentaires pour combiner l'ensemble des caractères



X