



HAL
open science

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.

The background image shows a poplar plantation. In the foreground, there is a stream with a concrete structure. The middle ground features a row of young poplar trees planted in a field. In the background, there is a field of corn and more trees under a cloudy sky.

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-

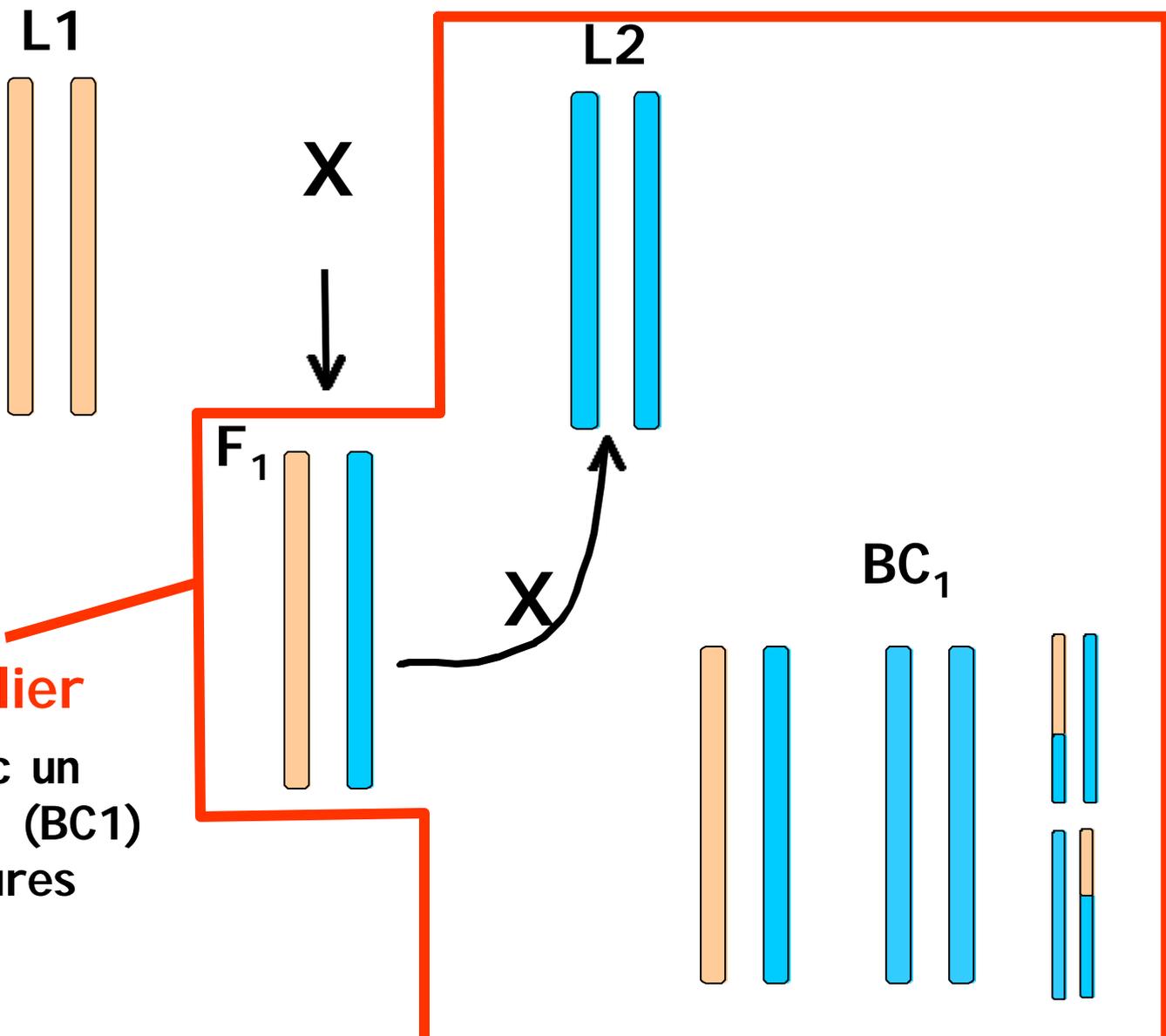
La construction de cartes génétiques

1 croisement avec suffisamment de descendants (90-100)

♀ *Populus deltoides* x *Populus trichocarpa* ♂



Cas particulier des espèces allogames: pas de lignées pures

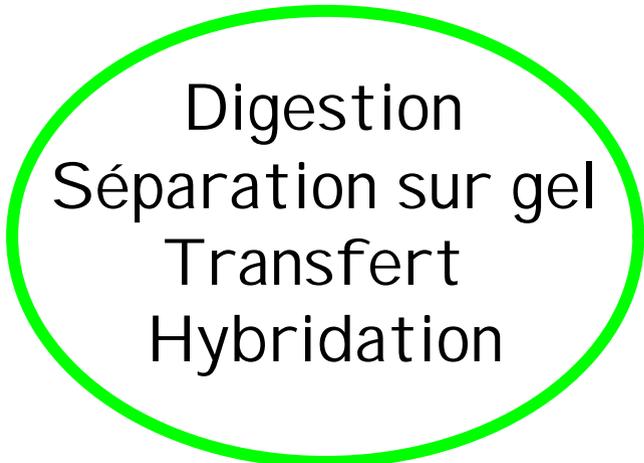
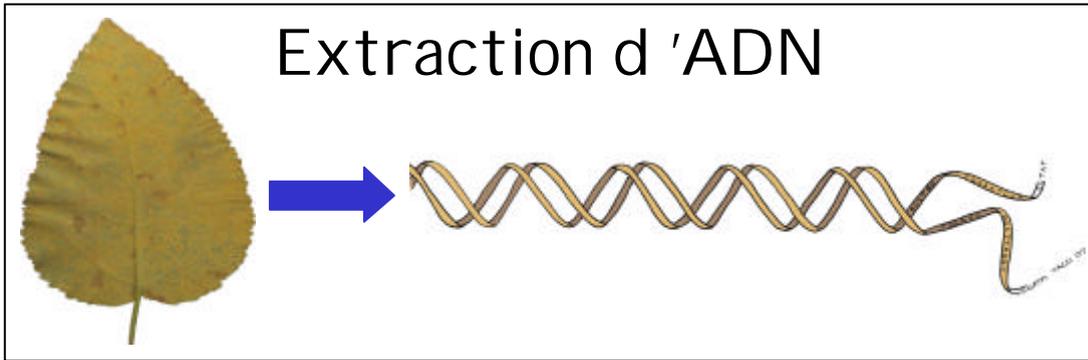


Cas du peuplier

Analogie avec un
rétrocroisement (BC1)
de lignées pures

Les marqueurs moléculaires

Polymorphisme et Ségrégation



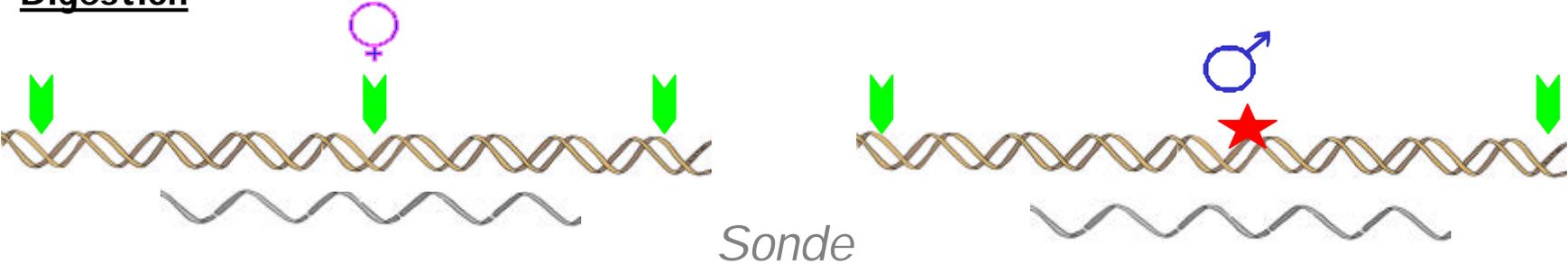
→ Microsatellites
RAPD
SCAR

→ RFLP

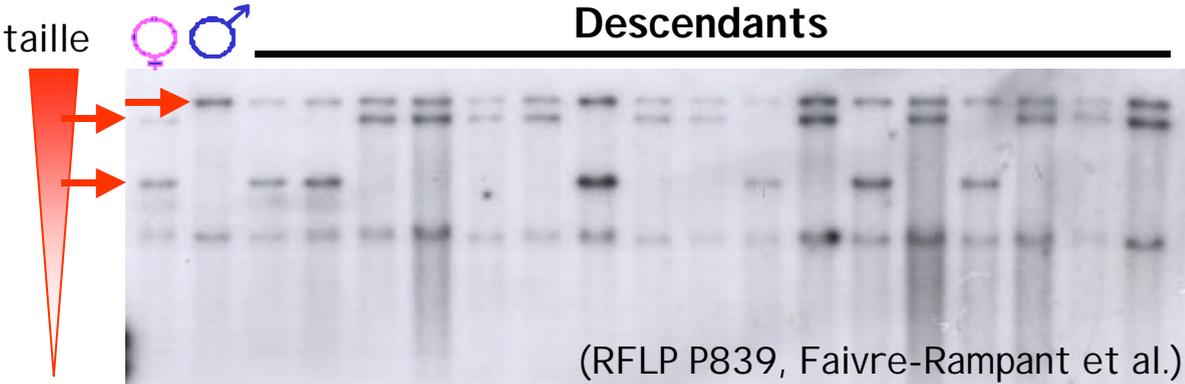
Les marqueurs moléculaires :
RFLP

Polymorphisme des fragments de restriction

Digestion



Séparation, transfert et hybridation

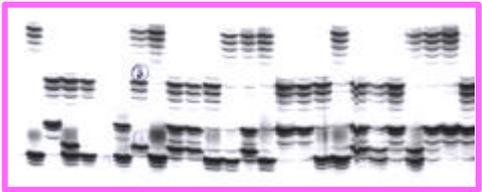
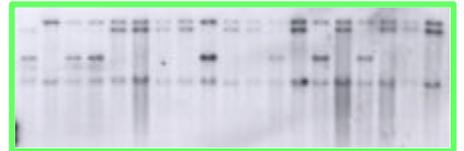


Lecture
codage 0/1



Calcul du taux de recombinaison

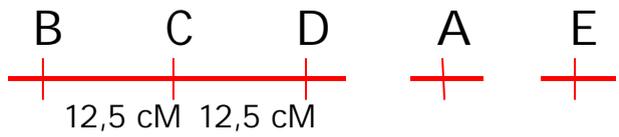
% recombines => distance entre marqueurs



~300 marqueurs

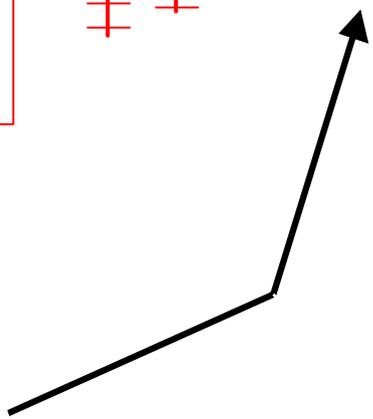
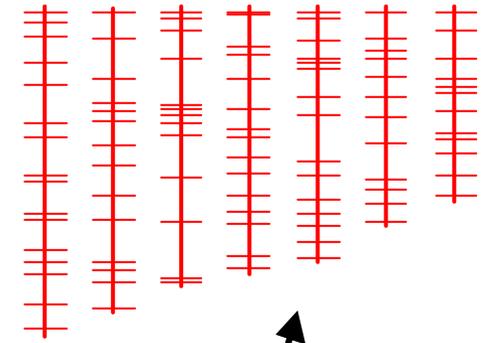
	A	B	C	D
B	0.50			
C	0.50	0.125		
D	0.50	0.25	0.125	
E	0.50	0.50	0.50	0.50

Groupes

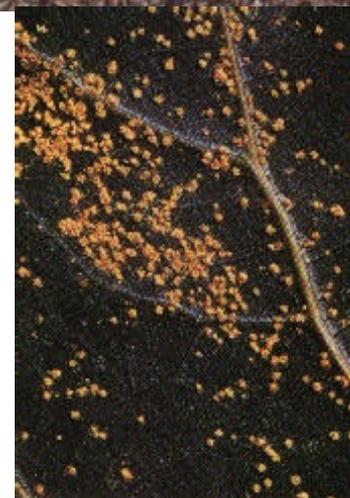


Ordre

Carte génétique



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



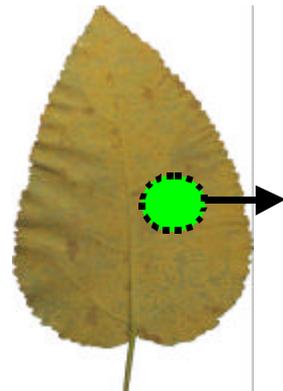
Populus deltoides × *Populus trichocarpa*

R totale

R partielle



Mesures : laboratoire et pépinière

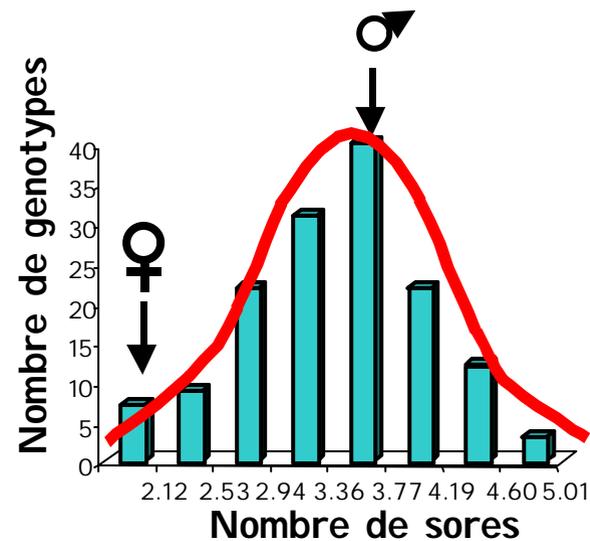


Composantes de la résistance

- Nombre de sores
- Taille de sores
- Latence

Tolérance (hauteur diamètre)

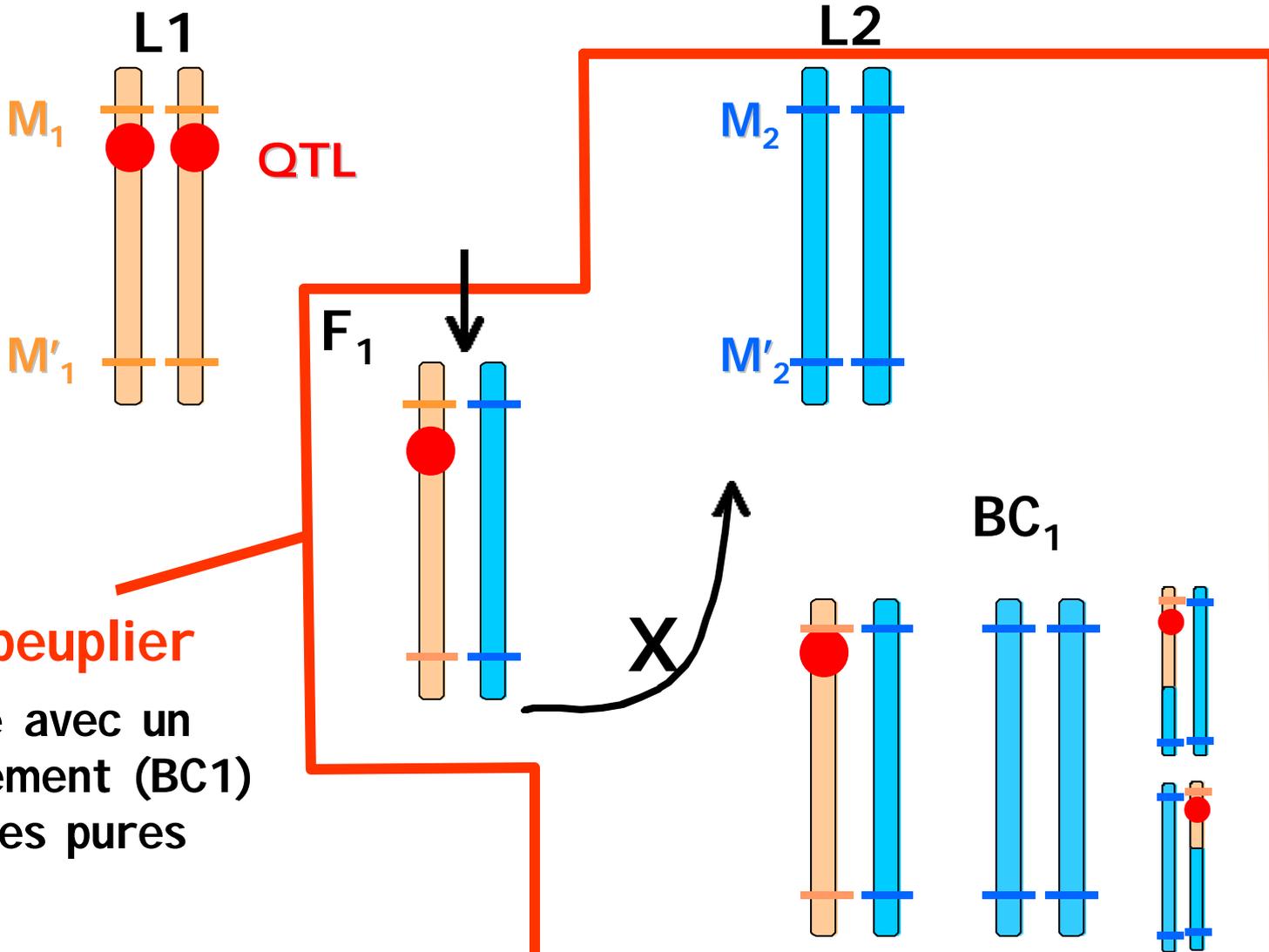
Distribution



Détection de QTL (Quantitative Trait Loci)

Hypothèses

2 marqueurs M et M'
1 QTL

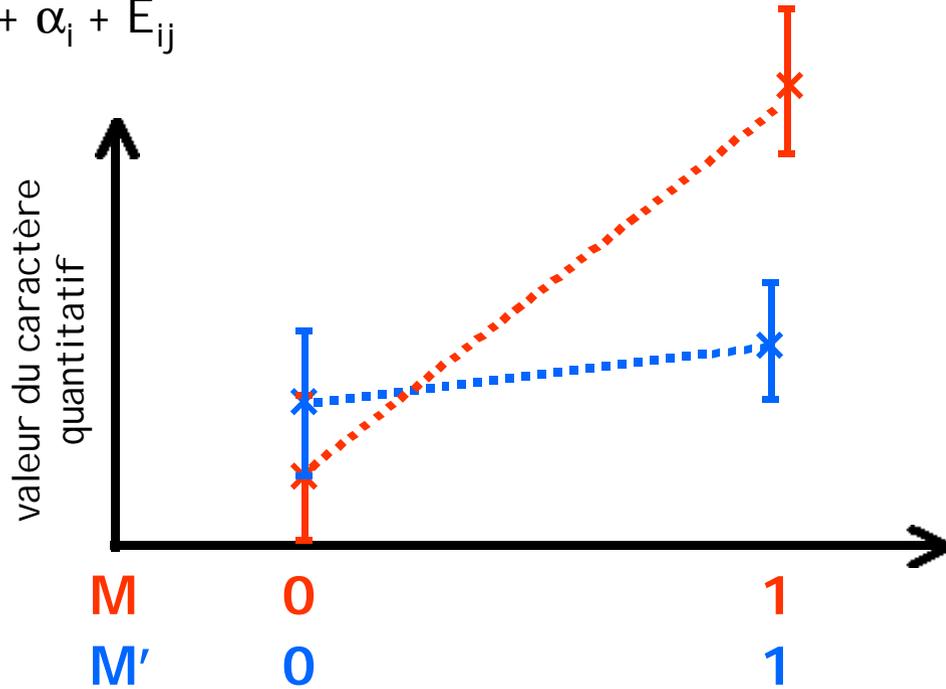
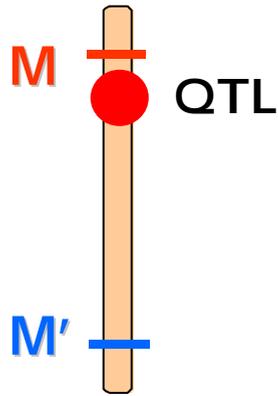


Cas du peuplier

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'

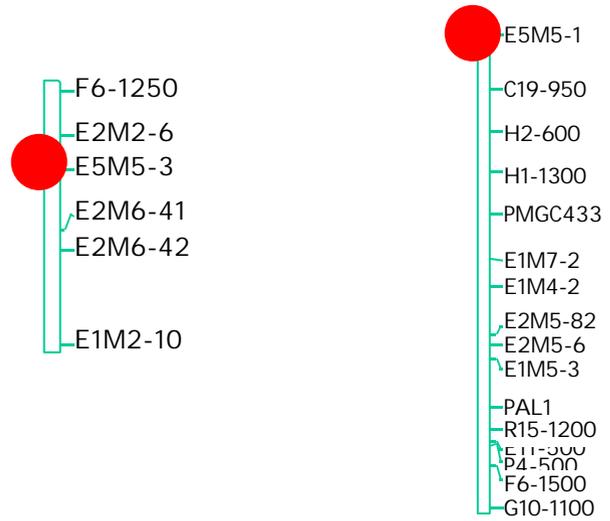
Mesure de l'effet du QTL :

R² = part de variation phénotypique expliquée par le marqueur M
 = $SC_{Mi} / (SC_{Mi} + SC_E)$

Chez le peuplier :

P. deltooides

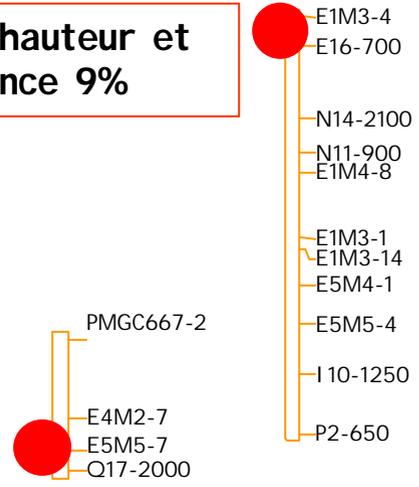
**Tolérance en hauteur et
circonférence 37%**



P. trichocarpa

**Tolérance en hauteur et
circonférence 9%**

**Résistance
partielle
10%-52%**

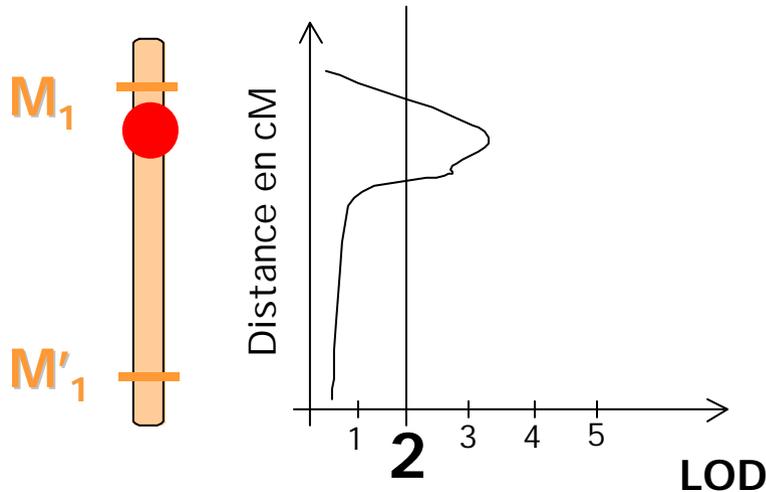


Avantage : méthode rapide pour la détection de QTL
Mais : pas de distinction entre effet fort et distance

-B- Cartographie par intervalle

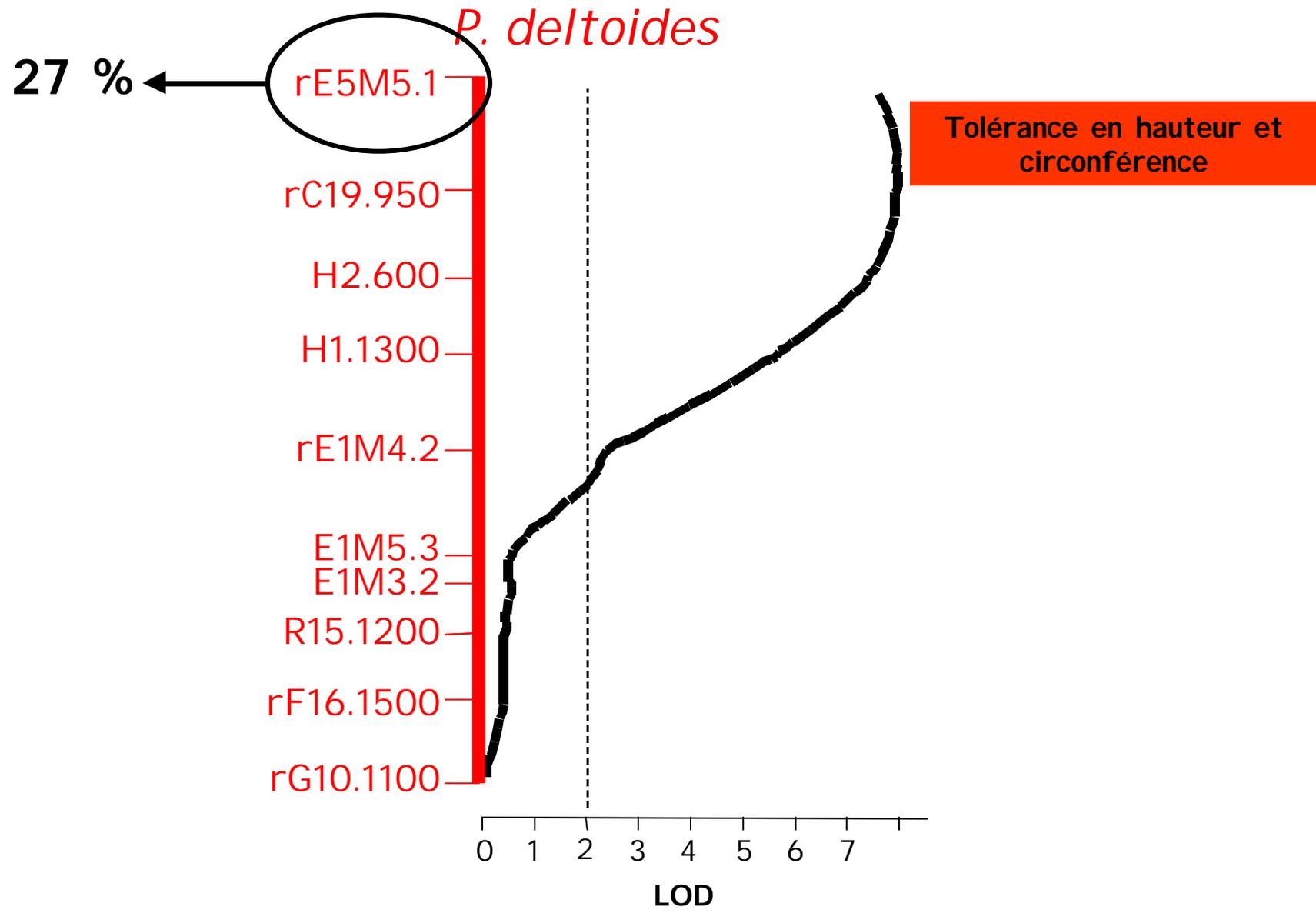
$$\text{LOD} = \log_{10}(P_{\text{QTL}}/P_{\text{nonQTL}})$$

Analyse par pas de 2 cM

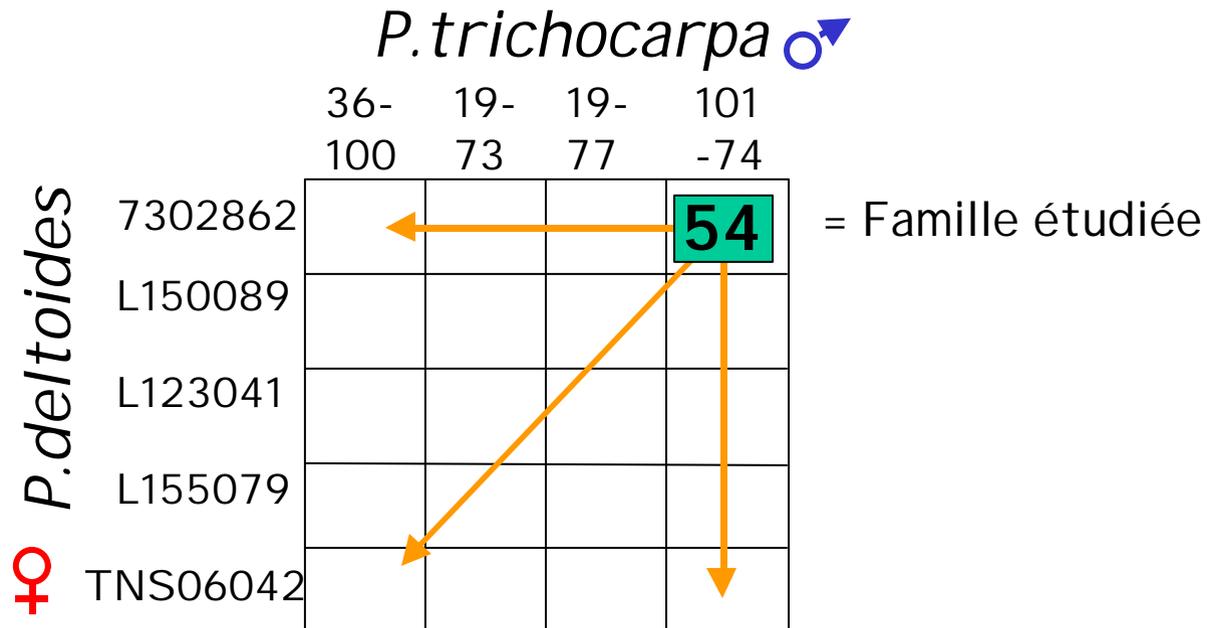


Avantage : pour les intervalles >20cM

Mais : problème pour la détection de deux QTL proches



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



S.A.M.

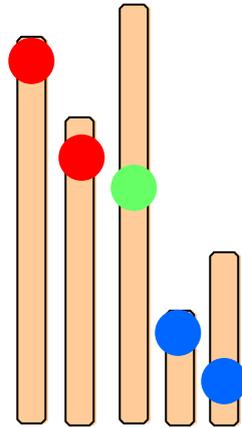
A- Choix des marqueurs associés à **plusieurs caractères, plusieurs composantes**



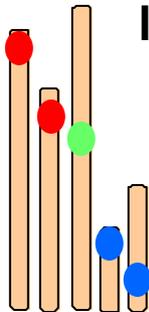
B- Sélection rapide à l'aide de ces marqueurs des géotypes combinant le plus de caractères favorables

=

idéotype



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



X

