

A photograph of a poplar plantation. In the foreground, there is a stream with a concrete structure. The middle ground shows a field of young poplar trees planted in rows. 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-

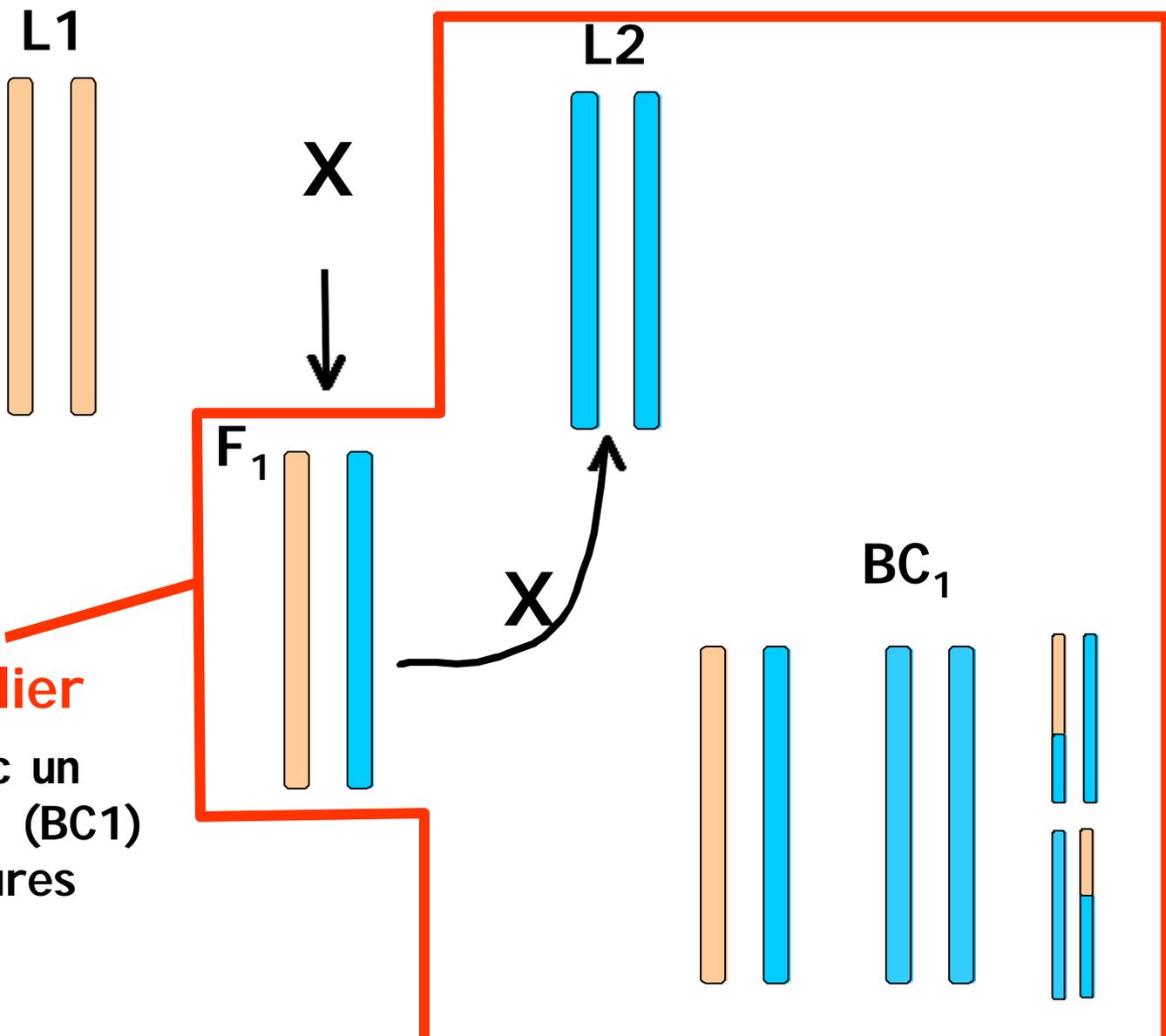
# La construction de cartes génétiques

1 croisement avec suffisamment de descendants (90-100)

♀ *Populus deltoides* x *Populus trichocarpa* ♂



# Cas particulier des espèces allogames: pas de lignées pures

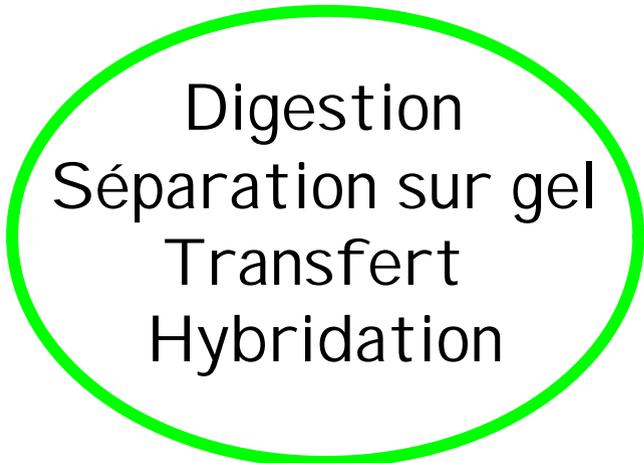
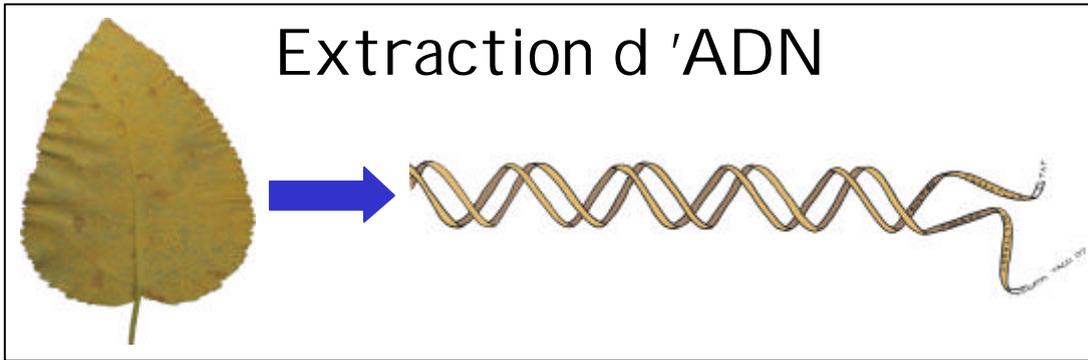


**Cas du peuplier**

Analogie avec un  
rétrocroisement (BC1)  
de lignées pures

# Les marqueurs moléculaires

## Polymorphisme et Ségrégation



→ Microsatellites  
RAPD  
SCAR

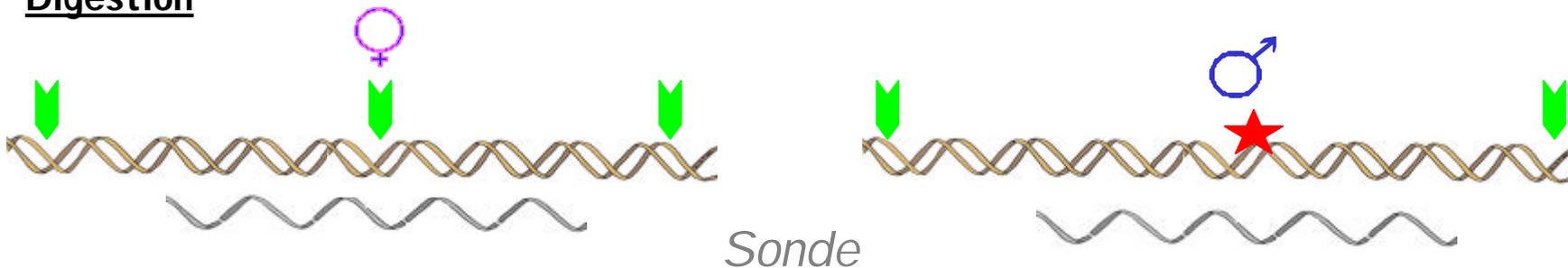
→ RFLP



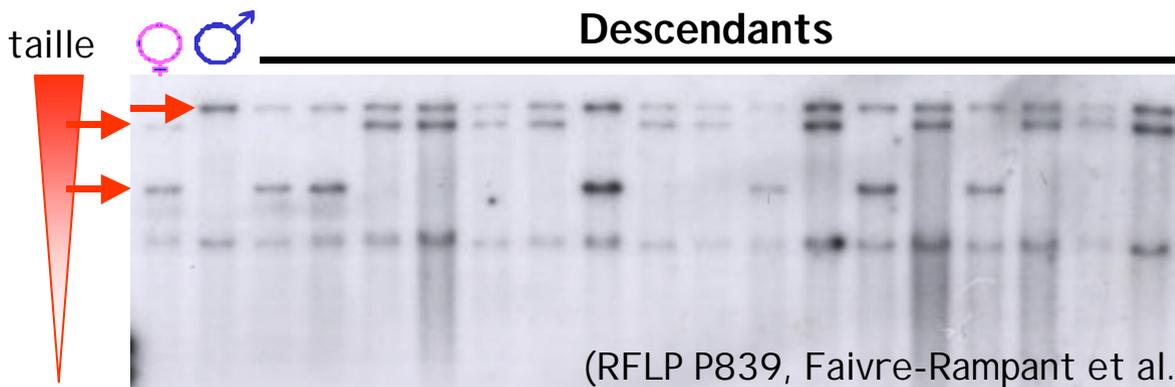
Les marqueurs moléculaires :  
RFLP

Polymorphisme des fragments de restriction

Digestion



Séparation, transfert et hybridation

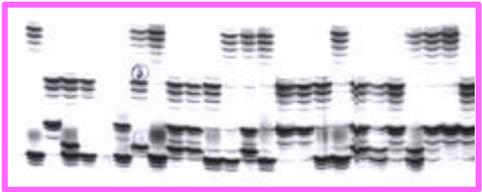
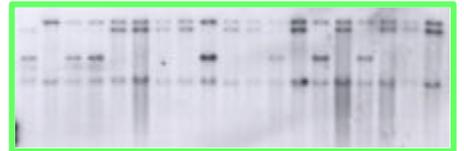


Lecture  
codage 0/1



Calcul du taux de recombinaison

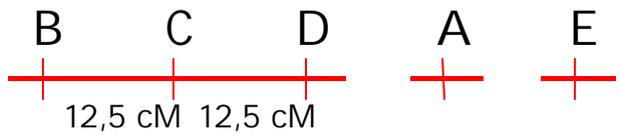
% recombines => distance entre marqueurs



~300 marqueurs

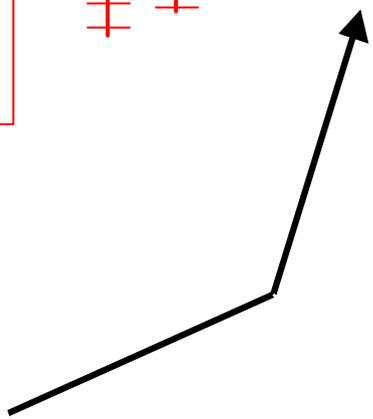
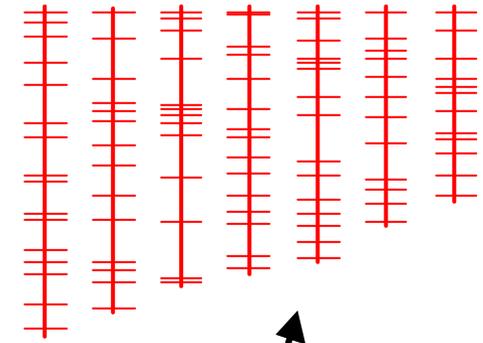
	A	B	C	D
B	0.50			
C	0.50	0.125		
D	0.50	0.25	0.125	
E	0.50	0.50	0.50	0.50

Groupes



Ordre

Carte génétique



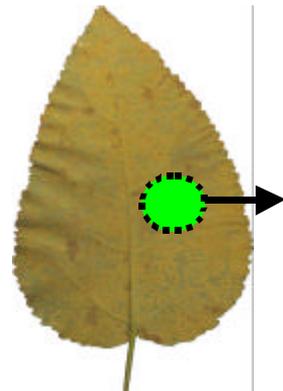
# Exemple d'un caractère quantitatif chez le peuplier La résistance à la rouille



*Populus deltoides* × *Populus trichocarpa*  
R totale R partielle



# Mesures : laboratoire et pépinière

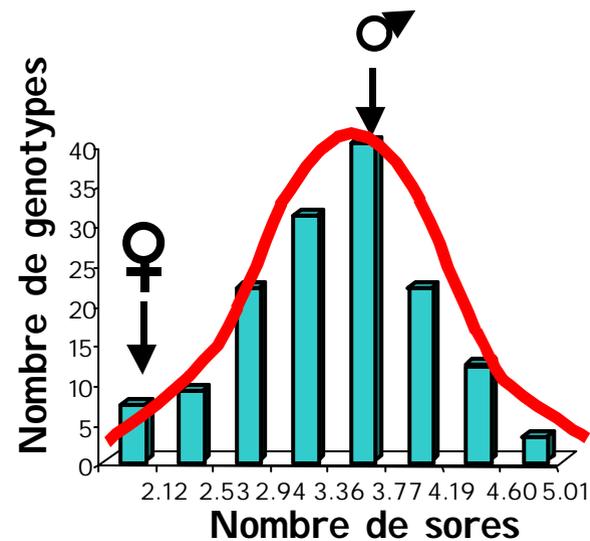


## Composantes de la résistance

Nombre de sores  
Taille de sores  
Latence

Tolérance (hauteur diamètre)

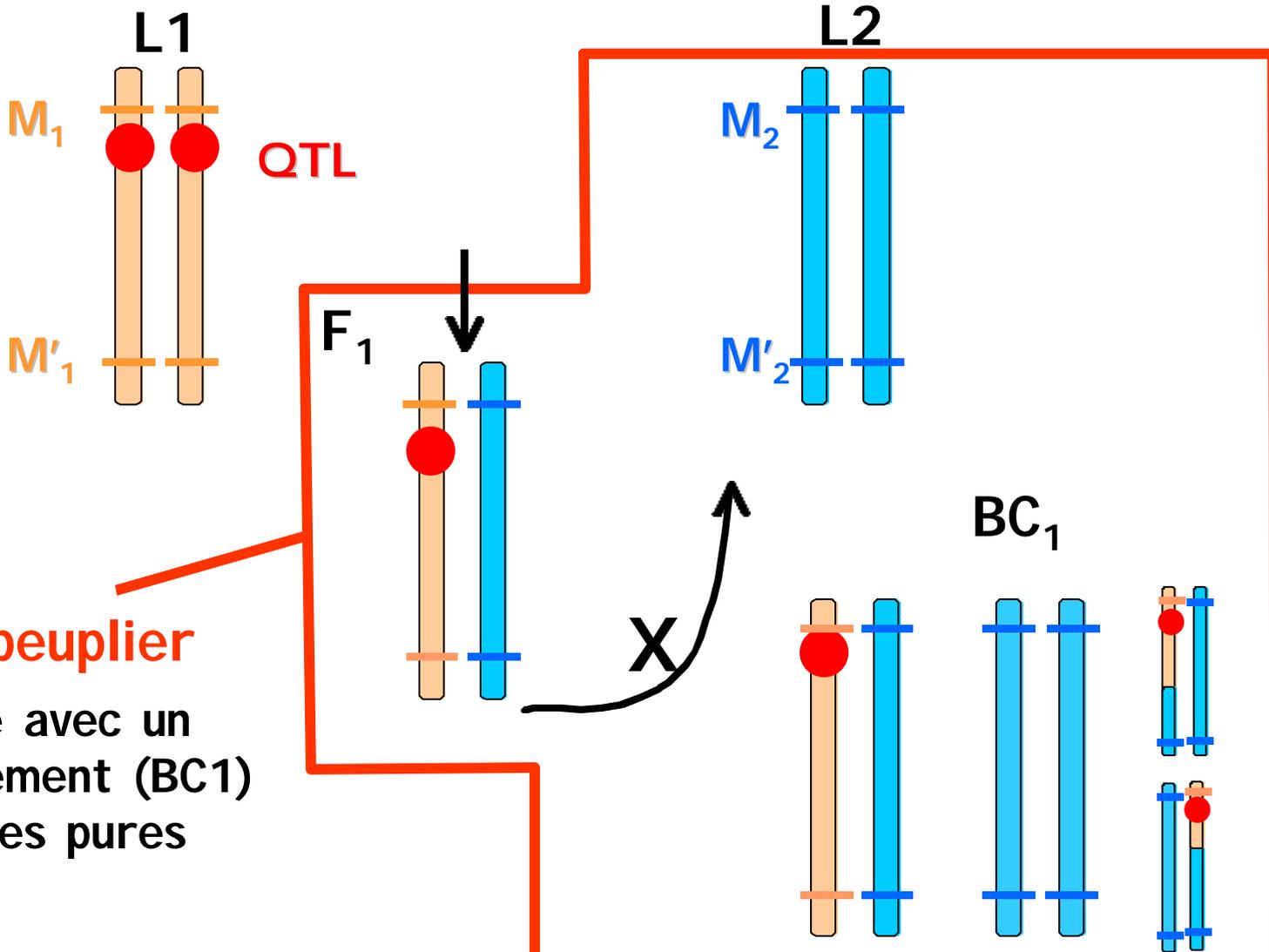
## Distribution



# Détection de QTL (Quantitative Trait Loci)

Hypothèses

2 marqueurs M et M'  
1 QTL

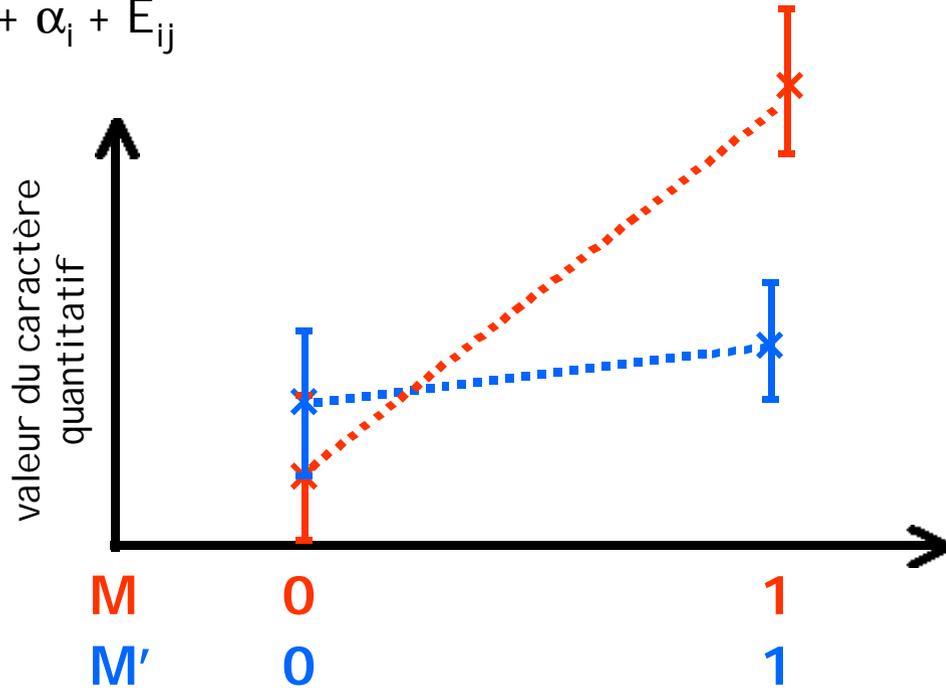
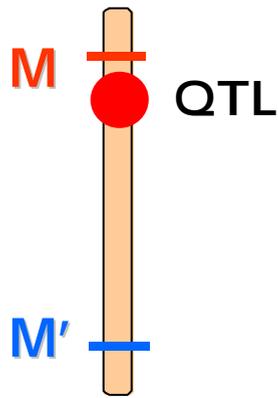


Cas du peuplier

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'

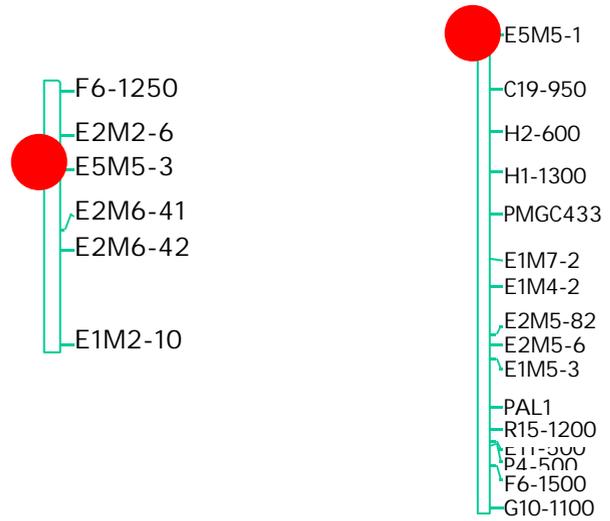
# Mesure de l'effet du QTL :

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

Chez le peuplier :

## *P. deltooides*

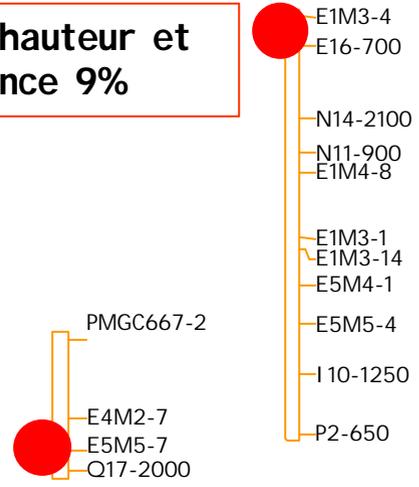
**Tolérance en hauteur et circonférence 37%**



## *P. trichocarpa*

**Tolérance en hauteur et circonférence 9%**

**Résistance partielle 10%-52%**

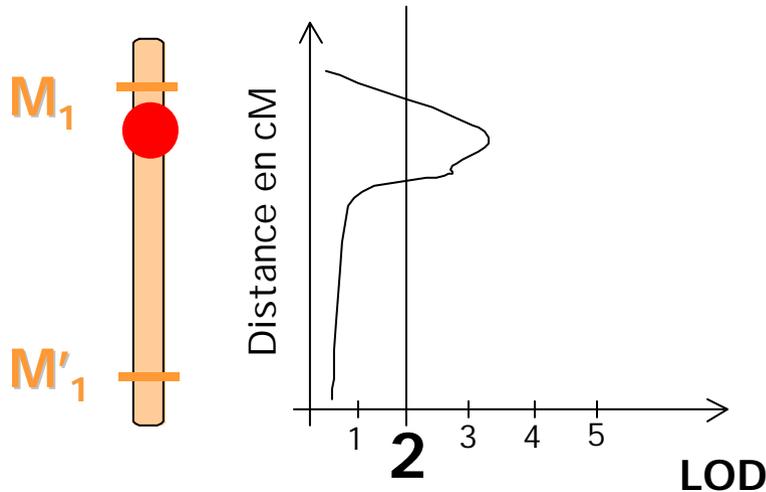


**Avantage :** méthode rapide pour la détection de QTL  
**Mais :** pas de distinction entre effet fort et distance

## -B- Cartographie par intervalle

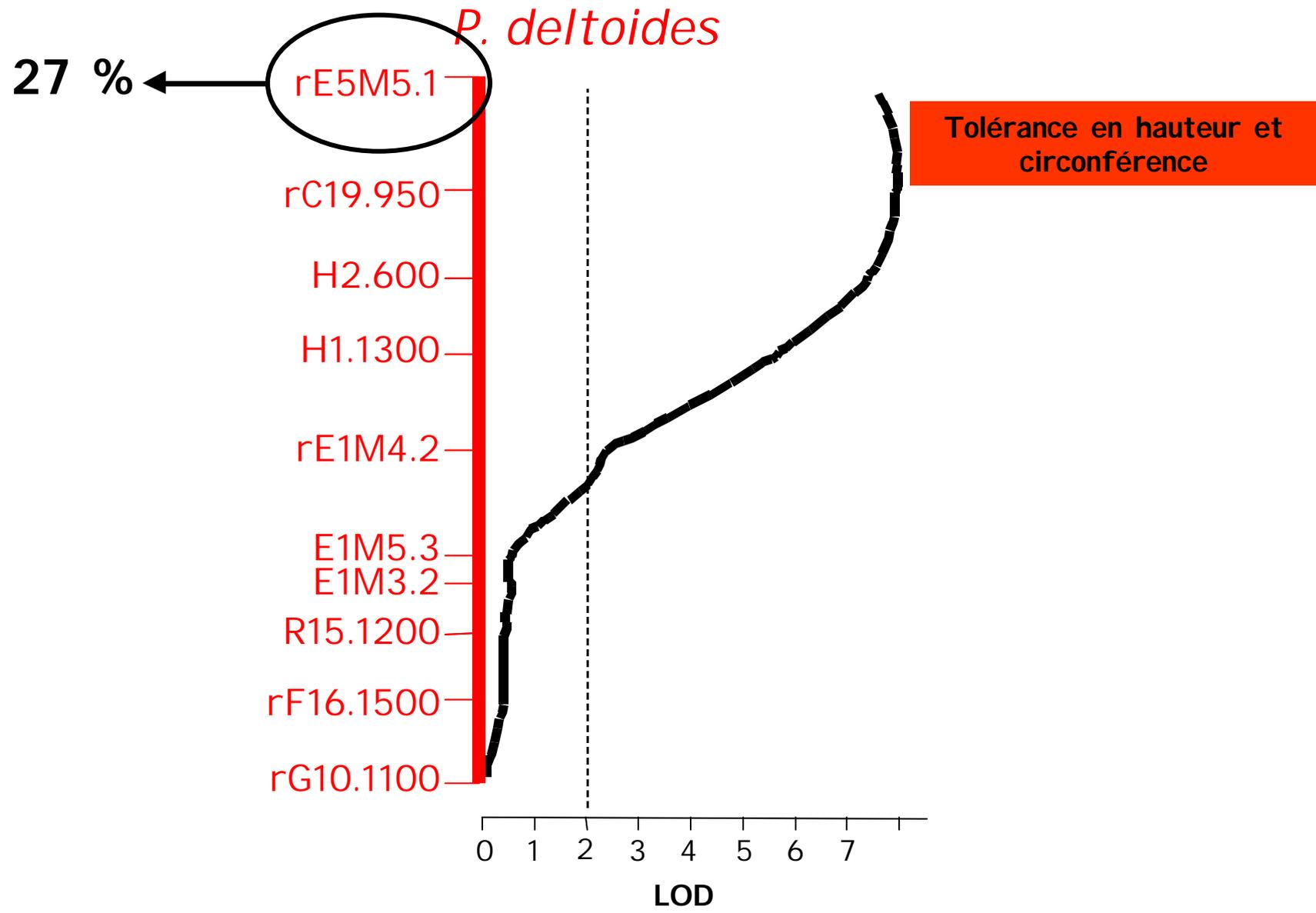
$$\text{LOD} = \log_{10}(P_{\text{QTL}}/P_{\text{nonQTL}})$$

Analyse par pas de 2 cM

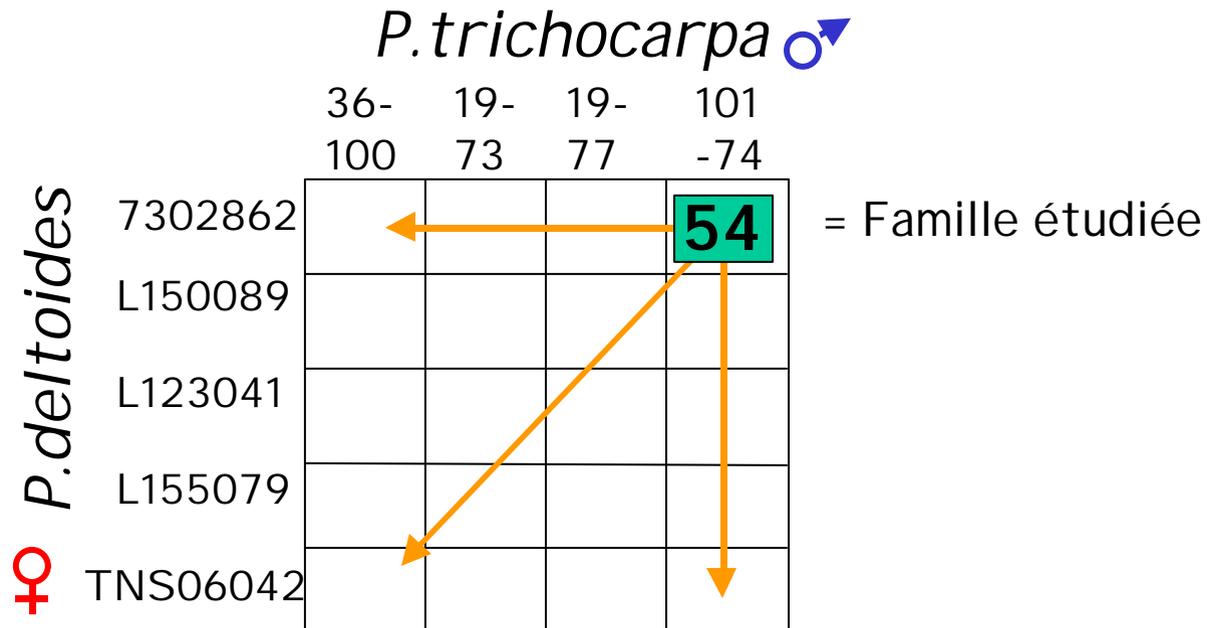


**Avantage** : pour les intervalles >20cM

**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.

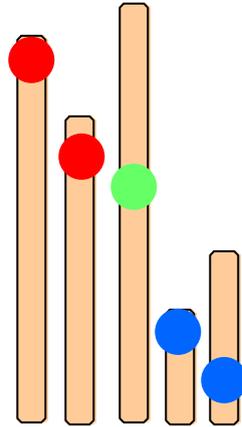
A- Choix des marqueurs associés à **plusieurs caractères, plusieurs composantes**



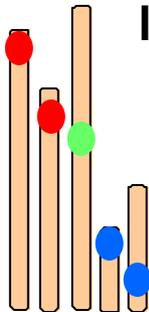
B- Sélection rapide à l'aide de ces marqueurs des géotypes combinant le plus de caractères favorables

=

**idéotype**



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



**X**

