

**MARQUAGE MOLECULAIRE
PAR MICROSATELLITES
CHEZ LE BLE TENDRE :
POURQUOI ?**

**INRA Station de Génétique
et d'Amélioration des Plantes
Domaine de Crouelle
234, Avenue du Brézet
63039 Clermont-Ferrand Cedex 2**

Plan de l'exposé

Introduction

Cartographie génétique chez le blé tendre

Quels marqueurs moléculaires ?

Stratégies de développement

Quelques résultats

Pour faire quoi ?

Triticum urartu
AA



Triticum turgidum
AA BB



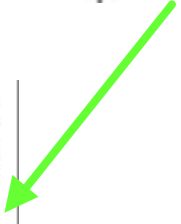
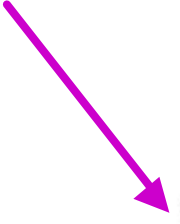
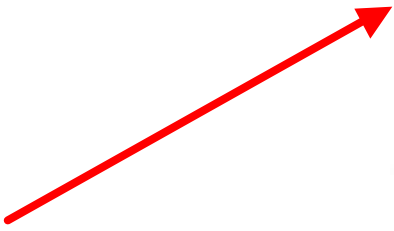
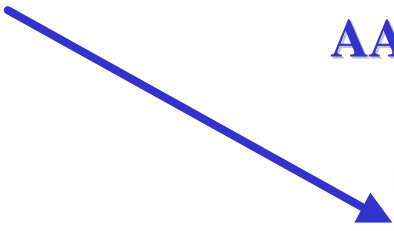
Triticum tauschii
DD



Aegilops speltoides
BB



Triticum aestivum
AABBDD





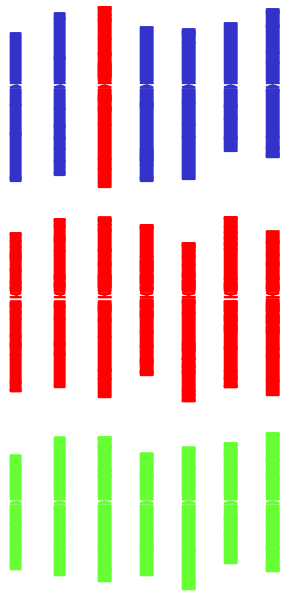
Blé = 16 000 Mb

Riz = 400 Mb

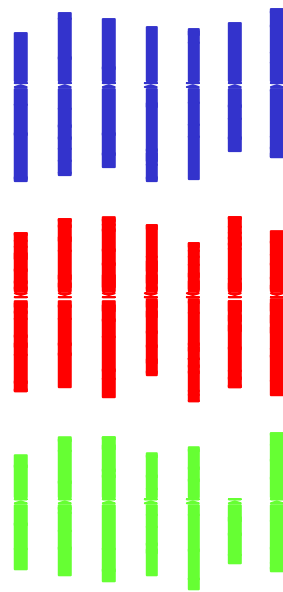
***Arabidopsis* = 120 Mb**

85% séquences répétées

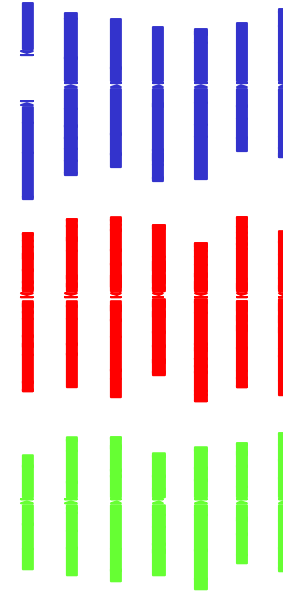
Peu polymorphe (D)



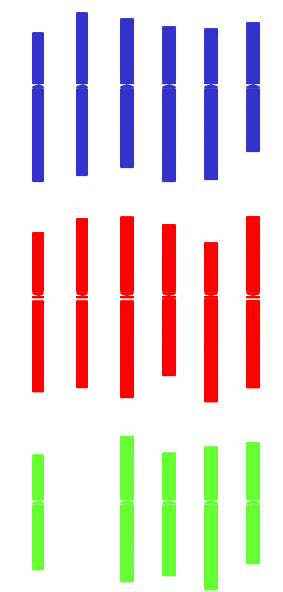
nullitétrasomique



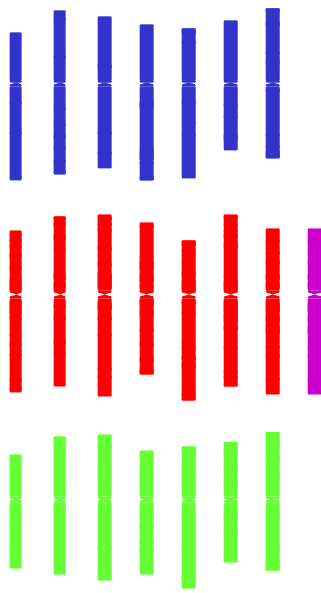
ditélosomique



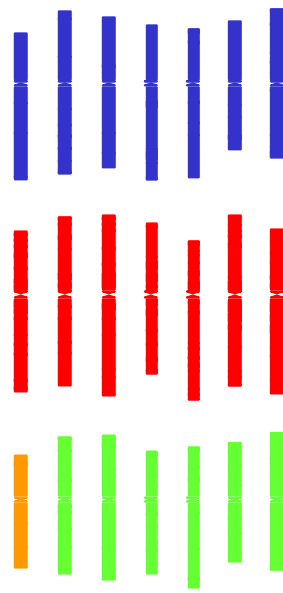
double ditélosomique



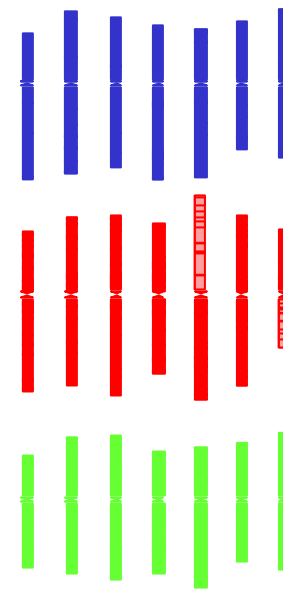
nulli(mono)somique



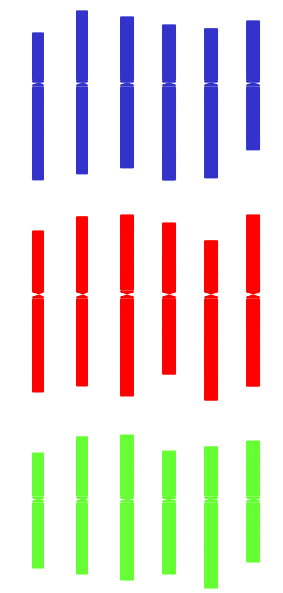
lignée d'addition



lignée de substitution



lignée transloquée



lignée introgressée

Etude des caractères d'intérêt

Jusqu'au début des années 1990 :

Etude des aneuploïdes = informations sur la génétique de nombreux caractères

- **Vernalisation sur groupe 5 (*Vrn*)**

(Unrau (1950), Kuspira et Unrau (1957), Morrison (1960)...)

- **Photopériode sur groupe 2 (*Ppd*)**

(Welsh et al. (1973), Law et al. (1978)...)

Depuis 1990 :

Développement des cartes génétiques de marqueurs moléculaires

Quelle population ?

Niveau 1 = Population de cartographie

Population ITMI : Blé synthétique x Opata

Blé synthétique = blé dur (AB) x *T. tauschii* (D)

Interspécifique = *T. aestivum* x *T. spelta*

Quelle population ?

Niveau 1 = Population de cartographie

Population ITMI : Blé synthétique x Opata

Niveau 2 = Population «pseudo-agronomique»

Population CtCS : Courtot x Chinese Spring

Quelle population ?

Niveau 1 = Population de cartographie

Population ITMI : Blé synthétique x Opata

Niveau 2 = Population «pseudo-agronomique»

Population CtCS : Courtot x Chinese Spring

Niveau 3 = Population(s) agronomique(s)

- **Renan x Récital**
- **Eurêka x Renan**
- **Arche x Récital**
- **autres.....**



**Cartographie
Génétique**

Le problème : 1 cM = 4 Mb = 40 BAC de 0.1 Mb

**Les conditions : - populations de grands effectifs
- développement de marqueurs**

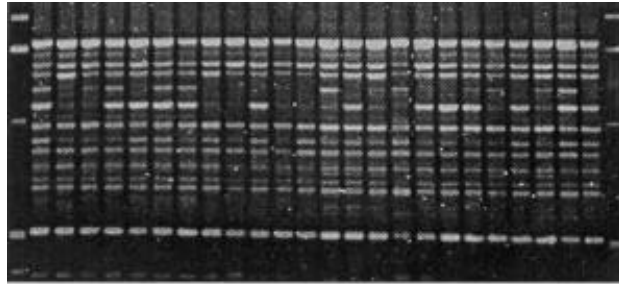
Les attendus : 1 marqueur tous les 0.1 cM



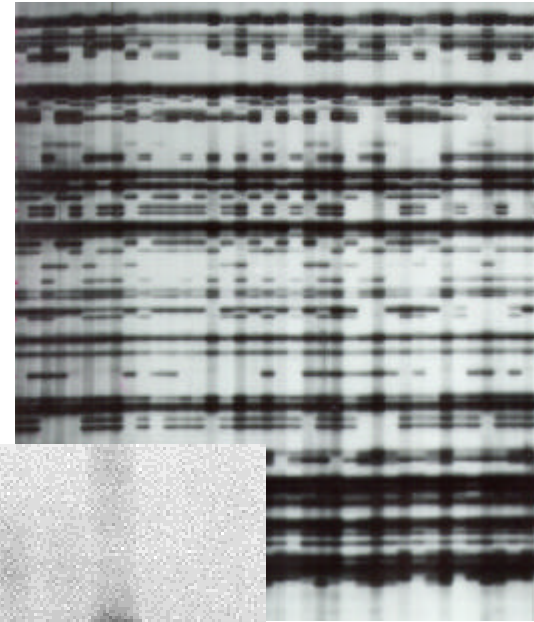
GENES

Quel type de marqueurs ?

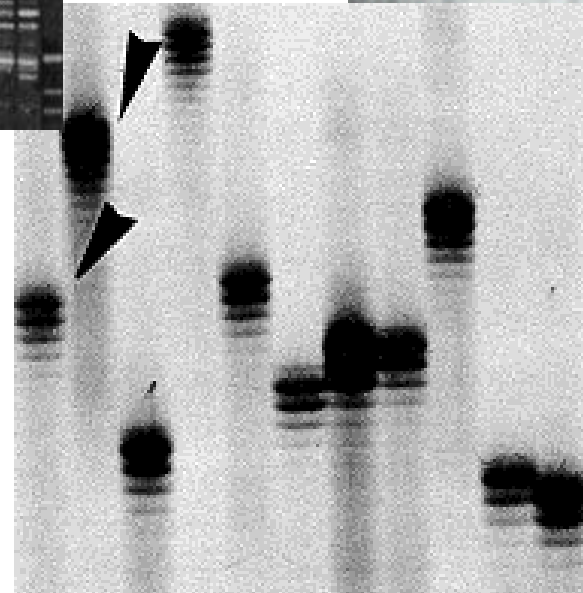
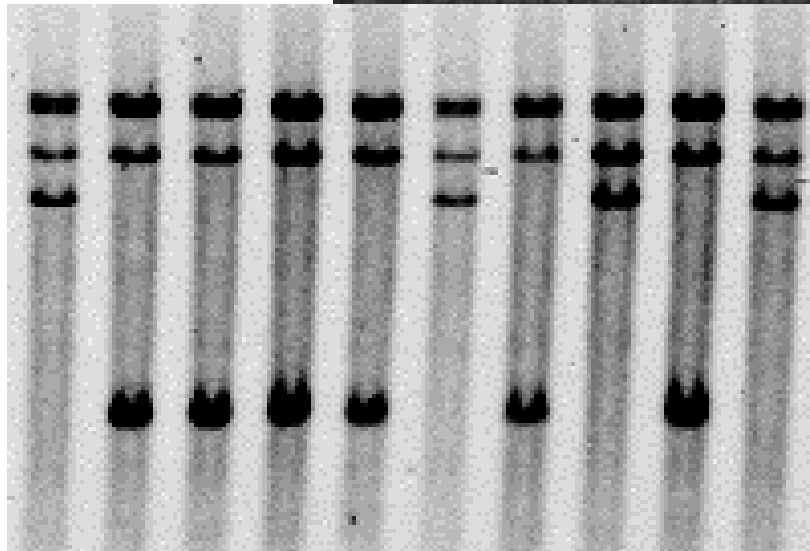
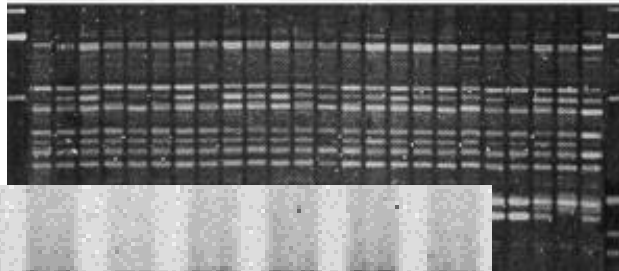
RAPD ?



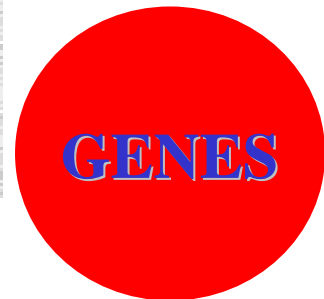
AFLP ?



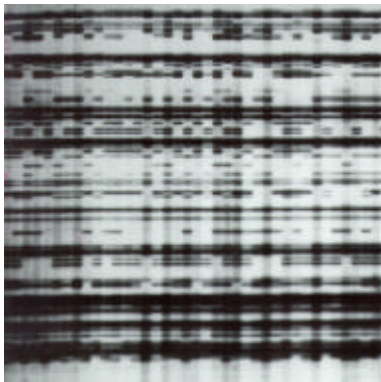
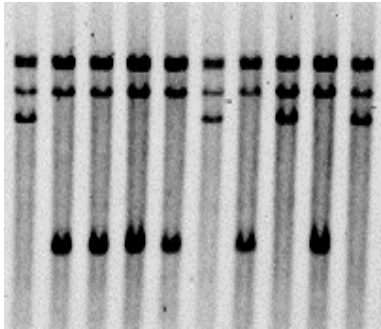
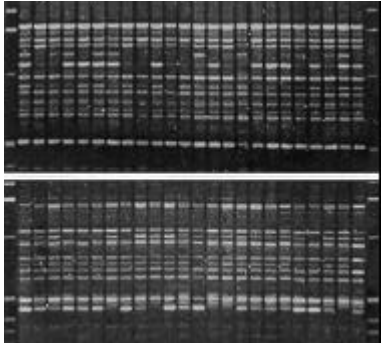
RFLP ?



Microsatellites ?



Des microsatellites. Pourquoi ?



- Signal unique = spécificité du génome

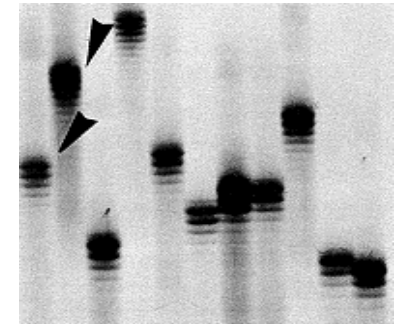
- Polymorphisme élevé

- Très bonne reproductibilité

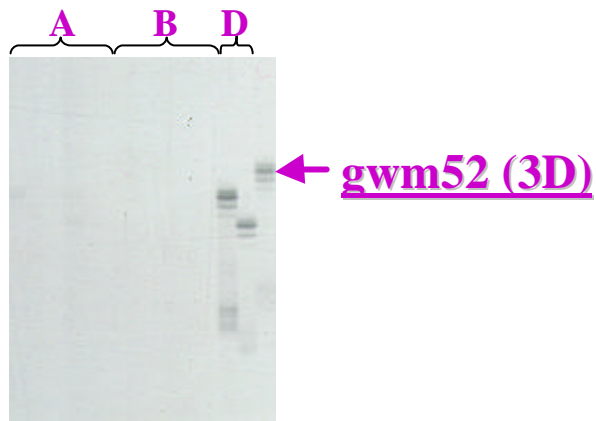
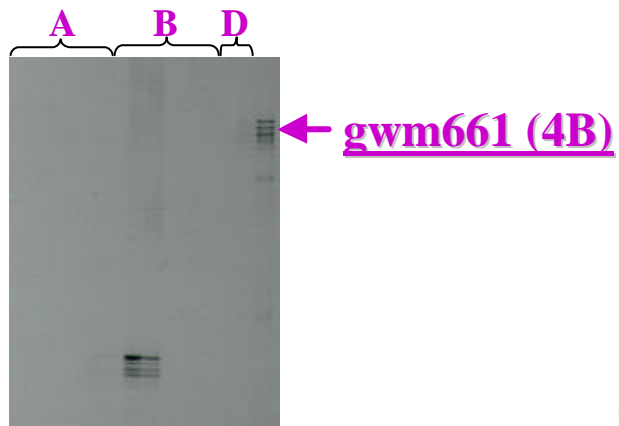
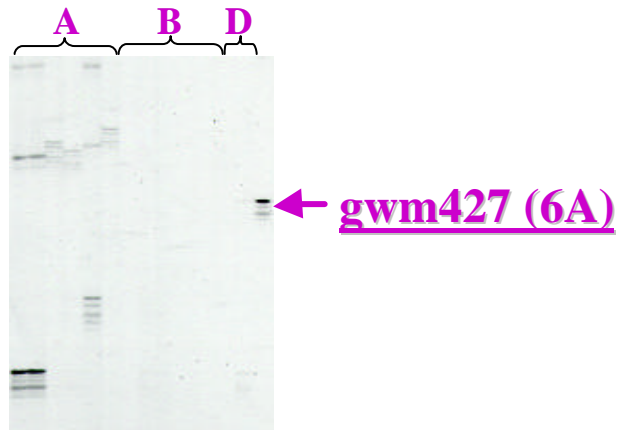
- Codominance

- PCR = automatisable

- MAIS coût de développement élevé



Constatations :



(1) Les microsatellites cartographiés à un seul locus amplifient plus spécifiquement chez les diploïdes porteurs de ce même génome.

(2) Le nombre de microsatellites assignés sur le génome D (71 = 25%) est plus faible que sur les génomes A (93 = 33%) et B (115 = 41%). (d'après Röder et al., 1998 *Genetics* 149 : 2007-2023)

Stratégie de développement des microsatellites

Développement à partir des génomes diploïdes ancêtres donc :

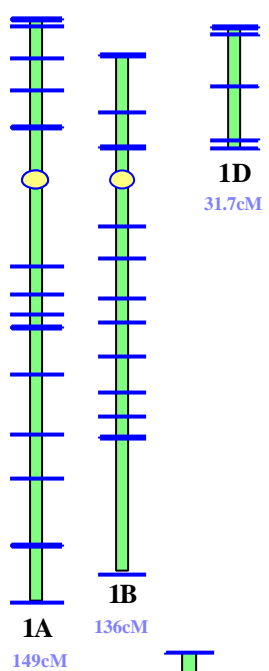
- (1) augmenter spécifiquement le nombre de microsatellites de chaque génome.
- (2) utilisables à la fois sur blé tendre et diploïdes correspondants.
- (3) pas de génome «favorisé» (sélection d'un plus grand nombre de clones issus de D).

**(1) Création de 3 banques enrichies en microsatellites
(10 motifs différents)** (*d'après K Edwards et al. (1996) BioTechniques*
20 : 758-760)

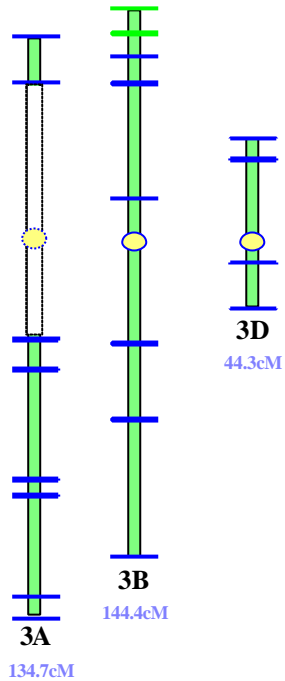
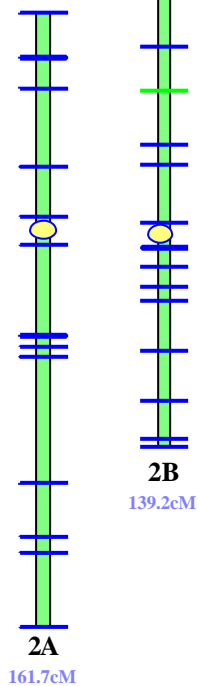
- Banque A issue de *T. urartu*
- Banque B issue de *Ae. speltoides*
- Banque D issue de *T. tauschii*

(2) Sélection de 4500 clones : 1250 issus de la banque A
1250 issus de la banque B
2000 issus de la banque D

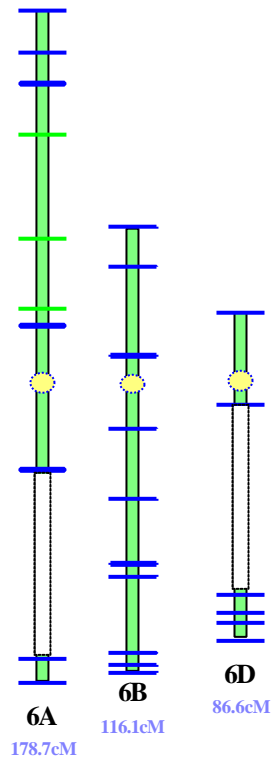
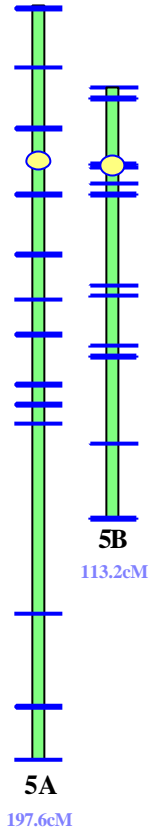
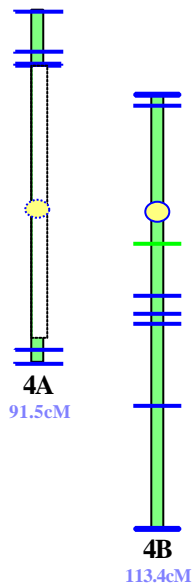
**(3) Séquençage et analyse des séquences des clones par
le Centre National de Séquençage.**



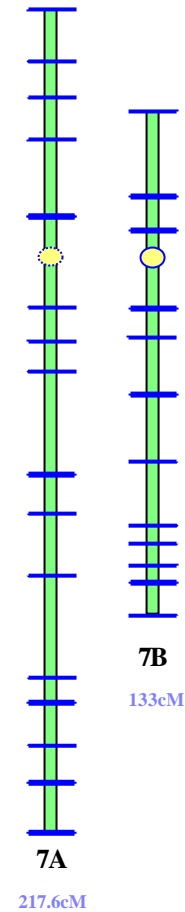
1D
31.7cM



3D
44.3cM



6D
86.6cM



7D
68.6cM

D'après Cadalen et al. (1997) TAG 94 : 367-377

Des marqueurs microsatellites : Pour quoi ?

- **Etude de la variabilité allélique**
 - * blé tendre/synthétiques
 - * création d 'une core collection
- **Taux de mutations :**
 - * collaboration INRA Montpellier
 - * variants dans les populations de cartographie
- **Existence des séquences chez les autres espèces apparentées**

Des marqueurs microsatellites : Pour quoi ?

- A quoi correspondent certaines bandes ?

*** dans les hauts PM**

*** qui co-ségrègent**

- Mécanismes d'évolution ?

- Y a-t-il des zones « favorisées » ?

- Y a-t-il des motifs « favorisés » ?

- Y a-t-il une longueur mini/maxi ?

-.....

- A quoi servent les microsatellites ?