

La sélection variétale assistée par marqueurs

Savoir utiliser le marquage moléculaire dans un programme de sélection variétale

A2415

3,5 jours / 1600 € HT (déjeuners compris)

06, 07, 08 et 09 décembre 2022 à Gif-sur-Yvette (91)

Responsable du stage : **Guillaume PETIT-BLANC**
Contact : 05 61 26 72 76
guillaume.petit.blanc@sem-ae.fr

► OBJECTIFS

- › Approfondir ses connaissances sur le marquage moléculaire, les différentes technologies utilisables et leurs applications dans les principaux schémas de sélection variétale
- › Pouvoir mettre en pratique la cartographie et la sélection assistée par marqueurs

► PUBLIC CONCERNÉ

- › Sélectionneurs et personnel de terrain
- › Ingénieurs et techniciens de laboratoire

► PRÉREQUIS

- › La formation A2105 « Comprendre les fondamentaux du marquage moléculaire » constitue une mise à niveau préalable pour les débutants, mais elle n'est pas indispensable pour les personnes ayant des bases en génétique ou en biologie moléculaire.
- › Réalisation d'un test d'évaluation en amont de la formation pour adapter le parcours

► MÉTHODES PÉDAGOGIQUES

- › Alternance d'apports théoriques et animations interactives
- › Analyse de situations
- › Partages d'expériences
- › Travaux dirigés d'application sur ½ journée

► ÉVALUATION ET SUIVI

- › Questionnaire de satisfaction
- › Auto-évaluation de l'atteinte des objectifs pédagogiques
- › Attestation de formation

LES + DE LA FORMATION

- Intervention d'experts de l'INRAE

► PROGRAMME

› Les différentes techniques de marquage moléculaire

- Notions de base sur le polymorphisme moléculaire
- Principes techniques pour cibler un locus et révéler du polymorphisme
- Génotypage Single Nucleotide Polymorphisms (SNP)
- Séquençage « nouvelle génération »

› Utilisation des marqueurs moléculaires pour gérer et valoriser des ressources génétiques

- Description et évaluation de la diversité au niveau moléculaire
- Structuration de la diversité dans les collections
- Marqueurs, phylogénie et phylogéographie
- Methodologies de gestion de la diversité dans les collections
- Valorisation de la biodiversité

› La cartographie génétique

- Principe, méthodes & population cartographie
- TD / démonstration : construction de cartes génétiques

› Cartographie et caractérisation de locus contrôlant la variation des caractères quantitatifs (QTL*)

- Détection de QTL dans des populations biparentales
- Modèle de détection, paramètres clés
- Extension au cas de populations multiparentales (NAM, MAGIC...)

› Sélection assistée par marqueurs pour des gènes majeurs et des QTL* : principes et quelques exemples

- Sélection assistée par marqueurs (SAM)
- Back-cross assistés par marqueurs (BCAM)
- Prédiction de la valeur génétique sur la base de résultats de détection de QTL (SRAM)

› Sélection génomique : principes et quelques exemples

- Introduction sur le principe de la sélection génomique
- Quelques modèles de prédiction
- Exemples d'application
- Perspectives offertes par les prédictions génomiques

› Génétique d'association : principe et quelques exemples

› Approches de génomique pour l'amélioration des plantes

- Approche gène candidat
- Recherche de colocalisations gène-QTL*
- Etude du transcriptome et du protéome
- Carte génétique et carte physique, clonage positionnel, séquençage génomique

› Travaux pratiques

- Estimation des distances génétiques à partir de données de ségrégation et construction de cartes génétiques
- Détection de QTL* (RQTL)
- Utilisation des QTL* en sélection (OptiMAS)

* QTL: Quantitative Trait Locus