



HAL
open science

Selection assistee par marqueurs (sam) dans un dispositif multiparental connecte - application au maïs et approche par simulations

Guylaine Blanc

► **To cite this version:**

Guylaine Blanc. Selection assistee par marqueurs (sam) dans un dispositif multiparental connecte - application au maïs et approche par simulations. Sciences of the Universe [physics]. INAPG (AgroParis-Tech), 2006. English. NNT : 2006INAP0039 . pastel-00003478

HAL Id: pastel-00003478

<https://pastel.hal.science/pastel-00003478>

Submitted on 28 Feb 2008

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.

FIGURES CHAPITRE I

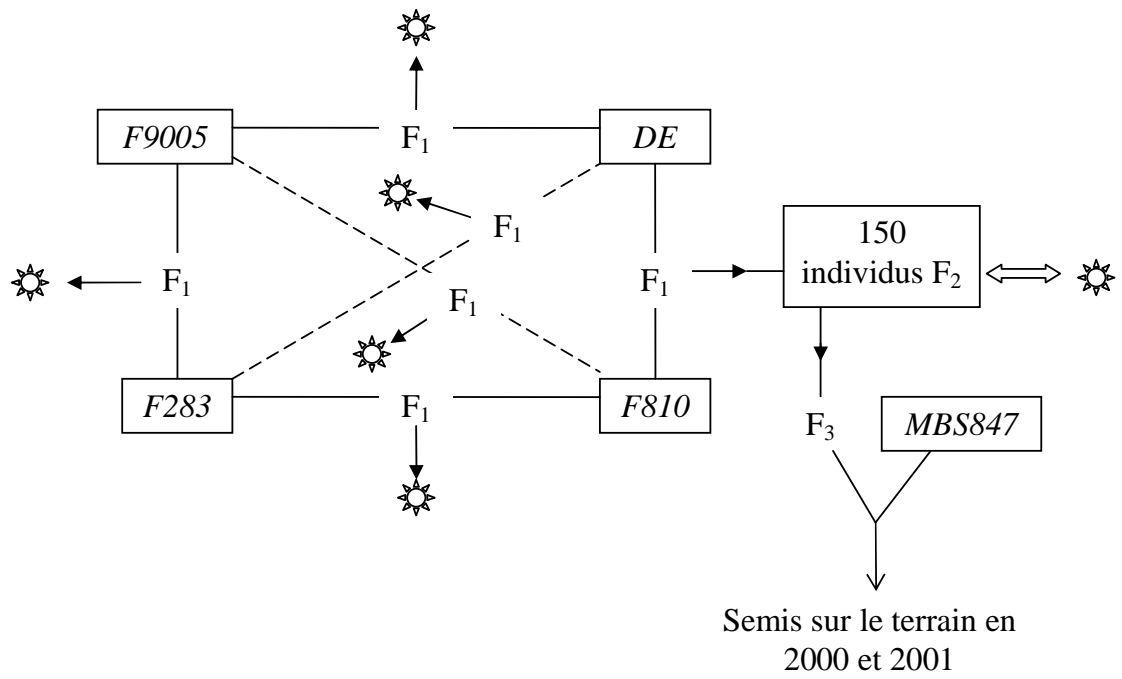


Figure 1 : Schéma du dispositif de croisement.

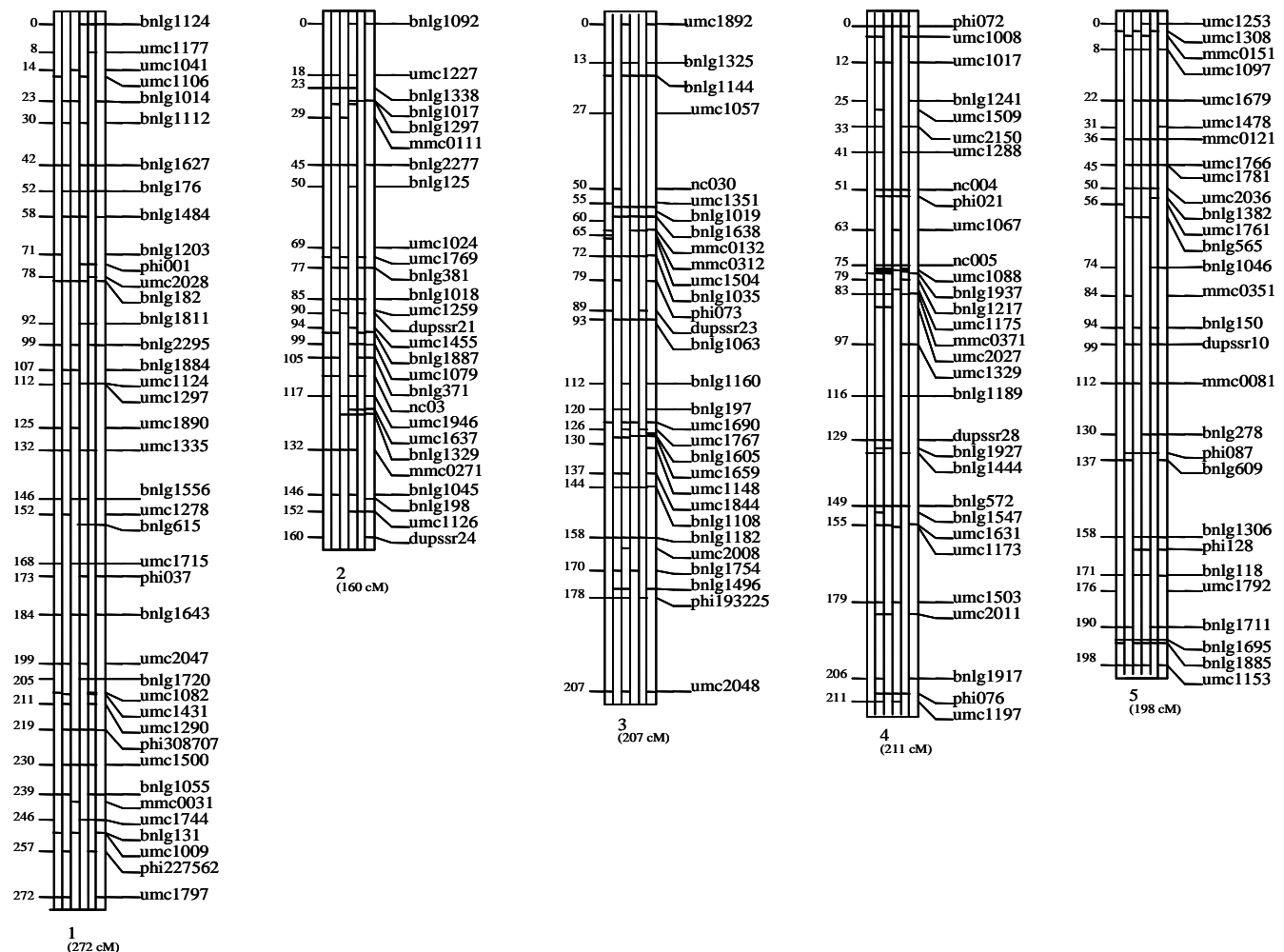
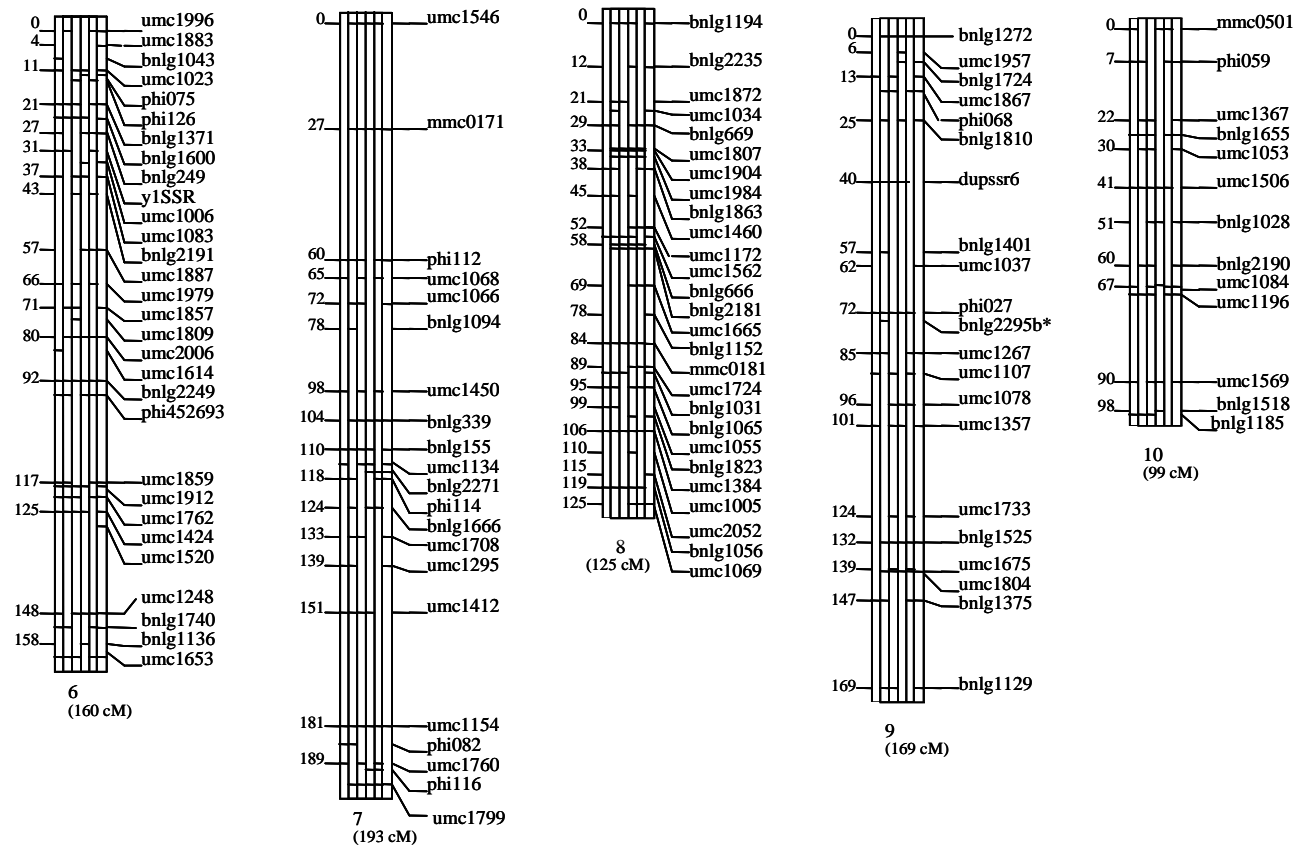


Figure 2 : Carte génétique consensus des six populations F_2 . Par chromosome, chaque barre verticale représente une population (de gauche à droite, DE^*F283 , DE^*F810 , $F283^*F810$, $F9005^*DE$, $F9005^*F283$ et $F9005^*F810$), une barre horizontale représente un marqueur polymorphe dans une population. A gauche, la distance en centimorgans (cM), à droite les noms des marqueurs microsatellites.



(Suite de la figure 2)

Tableau 1 : Récapitulatif des données de marquage. (N : nombre de marqueurs, L : longueur en cM)

Chromosome	consensus		DE*F283		DE*F810		F283*F810		F9005*DE		F9005*F283		F9005*F810	
	N	L	N	L	N	L	N	L	N	L	N	L	N	L
1	40	272,2	15	277,5	18	260,8	15	210,4	21	258,2	21	258,6	19	240,5
2	27	160,1	10	137,9	13	138,5	10	86,8	17	163,1	12	116,6	13	142
3	30	207,1	13	218,7	15	109,3	20	199,3	13	213,3	13	156,4	20	170
4	31	210,5	14	217,6	26	208,7	15	197,1	12	237,3	16	195,8	15	163,2
5	29	197,9	12	243,8	14	184,8	17	191,5	16	217,6	16	197,8	19	175,3
6	30	159,4	18	184,2	11	134,7	16	129,4	14	153,4	16	168	21	147,8
7	21	193,3	11	147,2	15	211,8	14	157,2	11	212,6	13	147,8	12	203,8
8	27	124,8	10	109,3	18	116,8	12	93,7	20	160,4	15	93,4	18	106,5
9	21	169,1	8	168	13	187,4	14	142,1	12	156,2	12	158,2	12	140,4
10	13	98,8	8	108,5	8	88,4	10	77,1	7	146,2	6	56,4	9	83,1
TOTAL	269	1793	119	1812,7	151	1641,2	143	1484,6	143	1918,3	140	1549	158	1572,6
Intervalle moyen entre marqueurs	6,9		16,6		11,6		11,2		14,4		11,9		10,6	

Table 1: Trait means and heritability (h^2) for the four parental inbreds and the six F_2 populations.

Inbred or population	Silking date (days after 1 st january)		Grain moisture (%)		Grain yield (t.ha ⁻¹)	
	Adjusted means	h^2 (CI ^a)	Adjusted means	h^2 (CI)	Adjusted means	h^2 (CI)
<i>DE</i>	210.54	-	33.33	-	9.42	-
<i>F283</i>	211.75	-	32.87	-	9.20	-
<i>F9005</i>	211.25	-	32.27	-	9.34	-
<i>F810</i>	214.06	-	35.40	-	9.65	-
<i>DE*F283</i>	211.30	0.77 (0.71-0.82)	34.12	0.72 (0.65-0.78)	8.79	0.63 (0.53-0.71)
<i>DE*F810</i>	212.57	0.63 (0.53-0.71)	34.02	0.85 (0.81-0.88)	9.03	0.78 (0.72-0.83)
<i>F283*F810</i>	212.79	0.77 (0.71-0.82)	34.48	0.87 (0.84-0.90)	9.34	0.81 (0.76-0.85)
<i>F9005*DE</i>	211.18	0.73 (0.66-0.79)	33.39	0.84 (0.80-0.88)	8.81	0.70 (0.62-0.77)
<i>F9005*F283</i>	210.66	0.80 (0.75-0.84)	33.27	0.85 (0.81-0.89)	8.68	0.69 (0.61-0.76)
<i>F9005*F810</i>	212.29	0.76 (0.69-0.81)	34.06	0.80 (0.75-0.84)	8.85	0.70 (0.62-0.77)

^a CI : 95% confidence interval of heritability

Table 2: Number of QTL detected for the different traits in single-population and in multipopulation connected or disconnected analyses.

Type of analysis	Silking Date	Grain Moisture	Grain Yield	Index	Total
<u>Single populations</u>					
<i>DExF283</i>	2	2	1	1	6
<i>DExF810</i>	1	2	3	2	8
<i>F283xF810</i>	2	1	1	0	4
<i>F9005xDE</i>	2	1	1	2	6
<i>F9005xF283</i>	3	3	1	0	7
<i>F9005xF810</i>	3	2	1	0	6
<i>Total</i>	8	7	7	5	27
<u>Multipopulation</u>					
Disconnected	8	8	5	5	26
Connected without epistasis	11	13	12	10	46

Table 3: Comparison of the number of QTL detected, average confidence intervals (CI in centimorgans), and percentage of variance explained (global R²) in individual analyses and in multipopulation disconnected or connected analyses.

Analyses	Silking Date			Grain Moisture			Grain Yield			Index		
	Number of QTL	CI	R ²	Number of QTL	CI	R ²	Number of QTL	CI	R ²	Number of QTL	CI	R ²
Single-population model (1)	2.2 ^a (8 ^b)	32	29.6	1.8 ^a (7 ^b)	30	28.9	1.3 ^a (7 ^b)	49	25.9	0.8 ^a (5 ^b)	44	13
Multipopulation disconnected model (2)	8	25 (23 ^c)	64.3	8	29 (26 ^c)	52.2	5	40 (21 ^c)	18.9	4	31 (39 ^c)	27.7
Multipopulation connected model (3)	11	28 (16 ^d)	66.0	13	20 (14 ^d)	57.9	12	52 (17 ^d)	46.9	10	33 (23 ^d)	35.6

^aaverage number of QTL detected per population

^bnumber of different regions detected by single-population analyses (model(1))

^caverage CI of the QTL also detected in the single-population analyses (model(1))

^daverage CI of the QTL also detected in the multipopulation disconnected analyses (model(2))

Table 4: QTL detected in the multipopulation connected design, using model (3), additive effects and epistatic interactions.

Trait	QTL number	Chromosome number	Position (in cM)	CI	r ²	Estimated additive effect of allele				Number of significantly different alleles	First-order interaction with QTL (5% significance level)	Genetic-by-background interaction (*=5%, **=5 ‰)
						<i>DE</i>	<i>F283</i>	<i>F9005</i>	<i>F810</i>			
SILKING DATE	1	1	46	38 - 56	0.06	0.22 ^a	0.03 ^a	0.21 ^a	-0.46 ^b	2	10, 11	
	2	1	140	134 - 166	0.06	0.01 ^a	-0.42 ^c	0.06 ^a	0.35 ^b	3	11	
	3	2	85	62 - 89	0.07	-0.48 ^a	0.19 ^{b c}	0.31 ^c	-0.03 ^b	3	8	
	4	3	41	33 - 50	0.08	0.27 ^a	-0.51 ^b	-0.19 ^b	0.43 ^a	2	11	
	5	3	150	139 - 188	0.04	-0.07 ^a	0.11 ^a	-0.3 ^b	0.26 ^c	3	-	
	6	4	75	45 - 97	0.02	-0.24 ^a	0.09 ^{b c}	0.00 ^b	0.15 ^c	3	-	
	7	5	26	10 - 38	0.02	0.06 ^a	-0.29 ^b	0.10 ^a	0.12 ^a	2	-	
	8	6	25	2 - 31	0.04	0.13 ^a	0.08 ^a	-0.37 ^b	0.17 ^a	2	3	
	9	7	145	135 - 167	0.04	-0.03 ^a	-0.36 ^b	0.15 ^a	0.25 ^c	3	-	
	10	8	58	47 - 65	0.05	-0.23 ^a	-0.03 ^a	0.40 ^b	-0.15 ^a	2	1	
	11	10	30	28 - 32	0.18	-0.34 ^a	0.87 ^b	-0.29 ^a	-0.25 ^a	3	1, 2, 4	**
GRAIN MOISTURE	1	1	46	44 - 56	0.10	0.13 ^{a b}	0.18 ^a	0.04 ^b	-0.34 ^c	3	-	
	2	1	125	121 - 127	0.04	-0.44 ^a	0.29 ^b	0.31 ^b	-0.15 ^a	2	-	
	3	1	136	131 - 142	0.04	0.27 ^a	-0.42 ^b	-0.11 ^b	0.26 ^a	2	-	
	4	2	83	77 - 87	0.03	-0.18 ^a	0.01 ^{a b}	-0.02 ^b	0.20 ^c	3	11	
	5	2	123	115 - 129	0.05	0.23 ^a	0.07 ^b	-0.06 ^c	-0.23 ^d	4	-	
	6	3	35	22 - 47	0.04	0.14 ^a	-0.22 ^b	0.04 ^a	0.04 ^a	2	10, 11	
	7	6	55	47 - 61	0.07	0.17 ^a	0.14 ^a	-0.20 ^b	-0.11 ^b	2	-	
	8	6	126	107 - 136	0.05	-0.07 ^a	-0.16 ^a	0.17 ^b	0.05 ^c	3	-	
	9	7	122	118 - 132	0.09	-0.11 ^a	-0.21 ^a	0.22 ^b	0.10 ^c	3	-	
	10	8	65	31 - 71	0.07	-0.01 ^a	-0.22 ^b	0.03 ^{a b}	0.20 ^c	3	6	
	11	9	75	64 - 83	0.06	-0.06 ^a	-0.05 ^a	-0.14 ^a	0.25 ^b	2	4, 6	*
	12	10	34	19 - 38	0.06	-0.14 ^a	0.27 ^b	-0.01 ^c	-0.13 ^a	3	-	
	13	10	81	46 - 99	0.02	-0.14 ^a	0.01 ^b	0.03 ^b	0.09 ^b	2	-	
GRAIN	1	1	44	36 - 48	0.11	0.099 ^a	0.114 ^a	-0.017 ^b	-0.195 ^c	3	3, 11	*

YIELD	2	1	105	94 - 142	0.03	0.102 ^a	-0.086 ^b	0.017 ^c	-0.033 ^{bc}	3	7, 11	
	3	1	160	142 - 170	0.04	0.067 ^a	-0.082 ^b	-0.083 ^b	0.098 ^a	2	1, 7	
	4	1	217	186 - 223	0.03	0.049 ^a	0.057 ^a	-0.006 ^a	-0.101 ^b	2	10, 11, 12	*
	5	3	35	0 - 139	0.02	0.039 ^a	0.001 ^a	-0.094 ^b	0.055 ^a	2	-	
	6	4	79	67 - 87	0.04	-0.083 ^a	0.015 ^b	-0.028 ^{ab}	0.096 ^c	3	7, 11, 12	
	7	4	164	133 - 210	0.03	-0.045 ^a	-0.007 ^a	0.103 ^b	-0.052 ^a	2	2, 3, 6, 10, 11	**
	8	6	23	20 - 29	0.03	-0.021 ^a	0.094 ^b	-0.087 ^c	0.014 ^a	2	11	
	9	7	139	112 - 149	0.03	-0.057 ^a	-0.057 ^a	0.041 ^b	0.073 ^b	2	-	
	10	8	33	21 - 125	0.02	-0.032 ^a	-0.040 ^a	0.073 ^b	0.001 ^a	2	4, 7	
	11	9	75	68 - 101	0.03	-0.020 ^a	-0.025 ^a	-0.054 ^a	0.099 ^b	2	1, 2, 4, 6, 7, 8, 12	*
	12	10	2	0 - 79	0.03	-0.021 ^a	0.088 ^b	-0.063 ^a	0.003 ^a	3	4, 6, 11	*
	INDEX	1	1	40	32 - 62	0.04	0.84 ^a	0.56 ^a	-0.36 ^b	-1.04 ^b	2	3
2		1	105	94 - 119	0.04	1.26 ^a	-0.79 ^b	-0.13 ^b	-0.34 ^b	2	-	
3		1	162	150 - 172	0.04	0.91 ^a	-0.46 ^b	-1.05 ^b	0.59 ^a	2	1, 5, 8	*
4		1	219	190 - 227	0.03	0.21 ^a	0.71 ^a	0.05 ^a	-0.96 ^b	2	8, 9	
5		2	105	92 - 160	0.02	-0.51 ^a	-0.31 ^a	0.82 ^b	0.00 ^c	3	3, 7	
6		3	27	0 - 45	0.03	-0.02 ^a	0.63 ^a	-0.99 ^b	0.38 ^a	2	-	
7		4	79	67 - 82	0.03	-0.61 ^a	0.02 ^b	-0.31 ^{ab}	0.90 ^c	3	5, 8	
8		4	153	137 - 170	0.04	-0.50 ^a	0.25 ^b	0.94 ^b	-0.69 ^a	2	3, 4, 7	*
9		6	23	13 - 36	0.02	-0.43 ^a	0.73 ^b	-0.55 ^a	0.24 ^b	2	4	
10		8	52	31 - 63	0.03	-0.30 ^{ab}	0.22 ^a	0.69 ^c	-0.62 ^b	3	-	

^{a, b, c, d} allelic effects followed by a common letter do not differ significantly at the 5% risk-level.

Table 5: QTL by QTL interactions (QTL*QTL) and QTL by genetic background interactions (QTL*background): number of interactions individually significant at the 5% risk-level and number of significant interactions in model (7).

Trait	Test	Number of tests	Individually significant interactions		Model (7)	
			Number	%	Significant interactions	R ² increase compared to model (3)
Silking date	QTL * QTL	55	5	9.1	1	1.5 %
	QTL * background	11	1	9.1	1	
Grain moisture	QTL * QTL	78	3	3.8	1	1.2 %
	QTL * background	13	1	7.7	0	
Grain yield	QTL * QTL	66	15	22.7	7	9.6 %
	QTL * background	12	5	41.7	1	
Index	QTL * QTL	21	7	23.8	3	6.3 %
	QTL * background	10	2	20.0	0	

Table 6: Marker-by-marker and marker-by-genetic background interactions: percentages of significant interactions for individual risk level (p values) of 5% and 1‰ and a false discovery rate (q value) of 10%. The percentage of true null hypotheses is estimated based on the distribution of the p values.

Trait	Type of interaction	Percentage of significant tests			Estimated % of true null hypotheses
		p<5%	p<1‰	q<10%	
Silking date	Mk*mk	10.44	0.38	0	69
	Mk*genetic background	12.87	5.15	5.88	49
Grain Moisture	Mk*mk	7.72	0.22	0	75
	Mk*genetic background	11.4	3.68	1.47	74
Grain Yield	Mk*mk	8.30	0.25	0.03	71
	Mk*genetic background	13.60	2.57	1.47	80
Index	Mk*mk	8.71	0.43	0.36	84
	Mk*genetic background	7.72	4.41	1.84	93

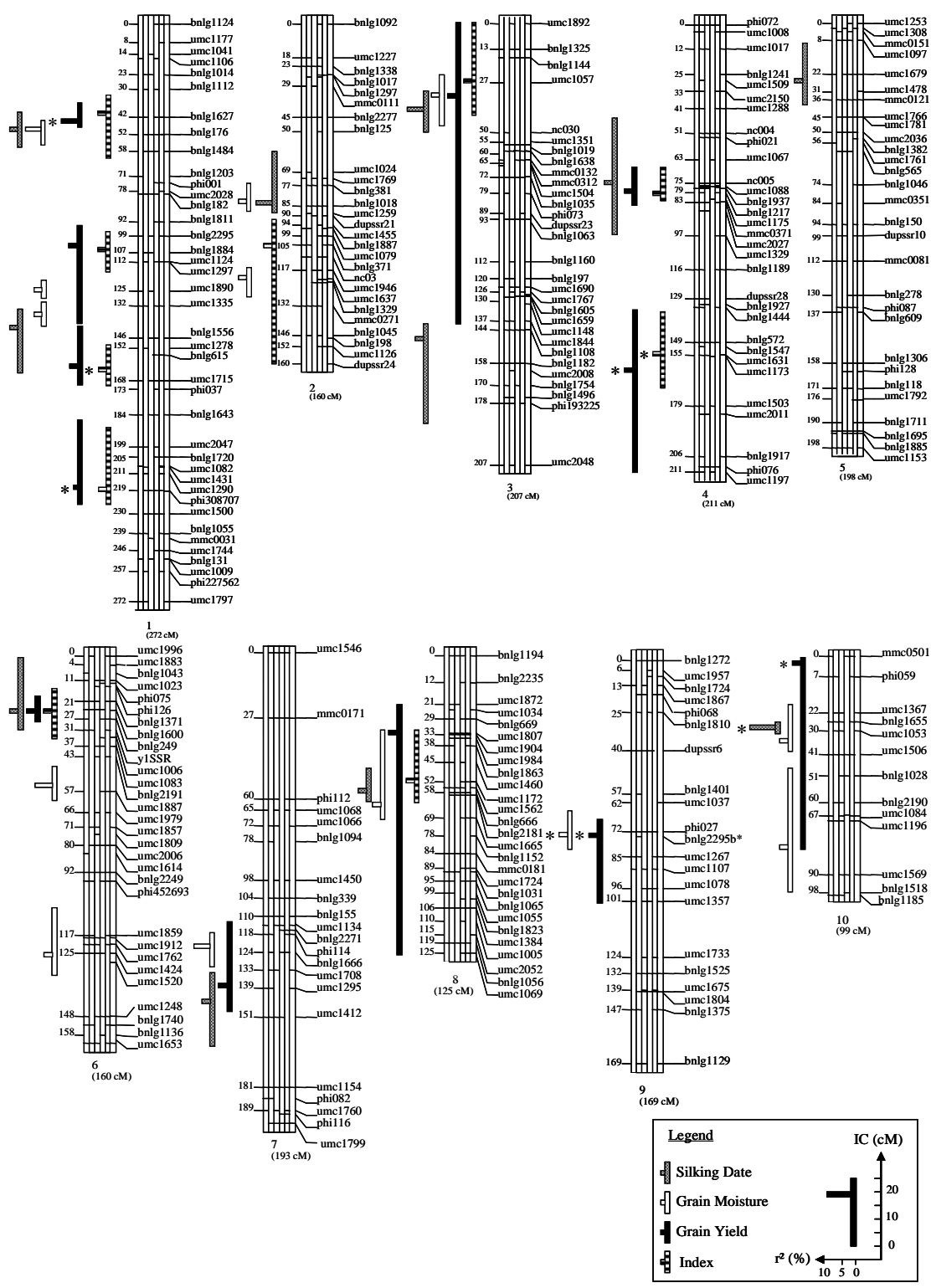


Figure 1. Consensus map and QTL detected for silking date, grain moisture, grain yield and index in the multipopulation connected analyses (model (3)). Each vertical box for a chromosome represents one population, from left to right, *DEXF283*, *DEXF810*, *F283xF810*, *F9005xDE*, *F9005xF283* and *F9005xF810*. A horizontal line in the box shows a polymorphic marker in the corresponding population. The QTL are represented in a different bearing for each trait on the left of each chromosome. The vertical line represents the confidence interval and the horizontal one is placed at the estimated position of the QTL. Its length is proportional to the individual r^2 . A star on the left of a QTL means this QTL interacted with the genetic background at the 5% significance level

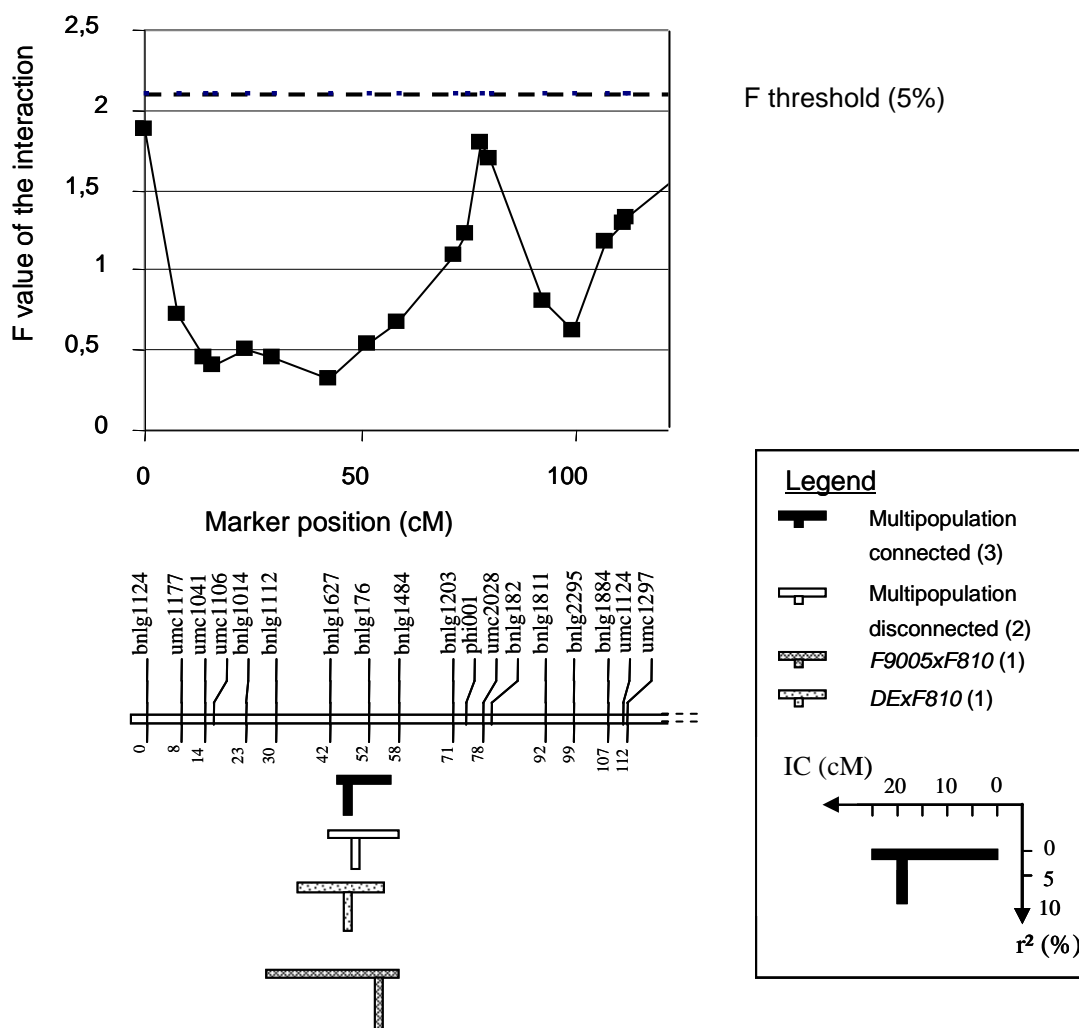


Figure 2. Grain moisture QTL on the beginning of chromosome 1 detected with the three different models (*lower part*) and curve of the F value corresponding to the test of interaction between markers and the genetic background (*higher part*) along the chromosome. The QTL are represented in the same way as in figure 1.

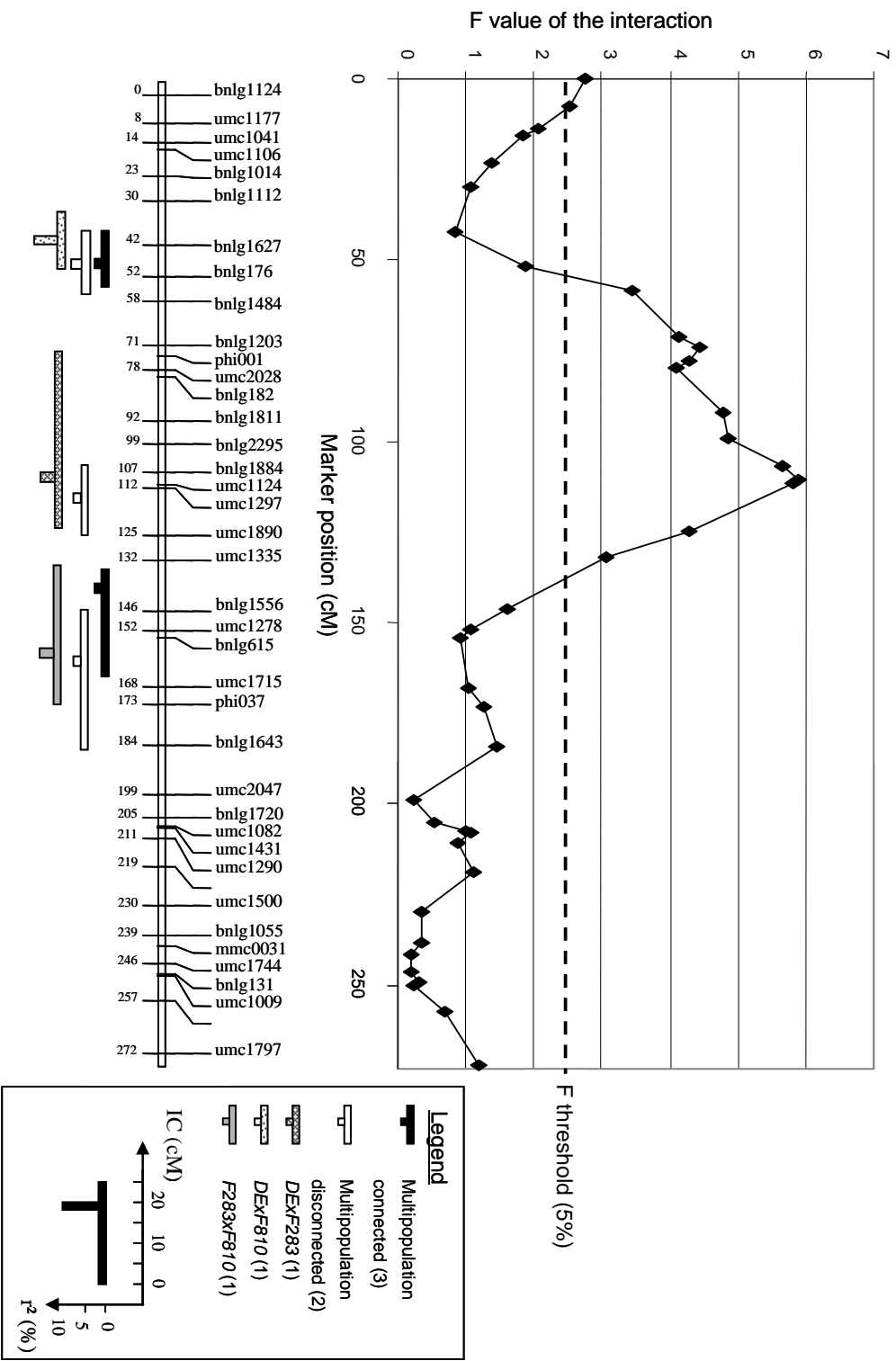


Figure 3. Silking date QTL detected on chromosome 1 with the three different models (*lower part*) and curve of the F value corresponding to the test of interaction between markers and the genetic background (*higher part*) along the chromosome. The QTL are represented in the same way as in figure 1.

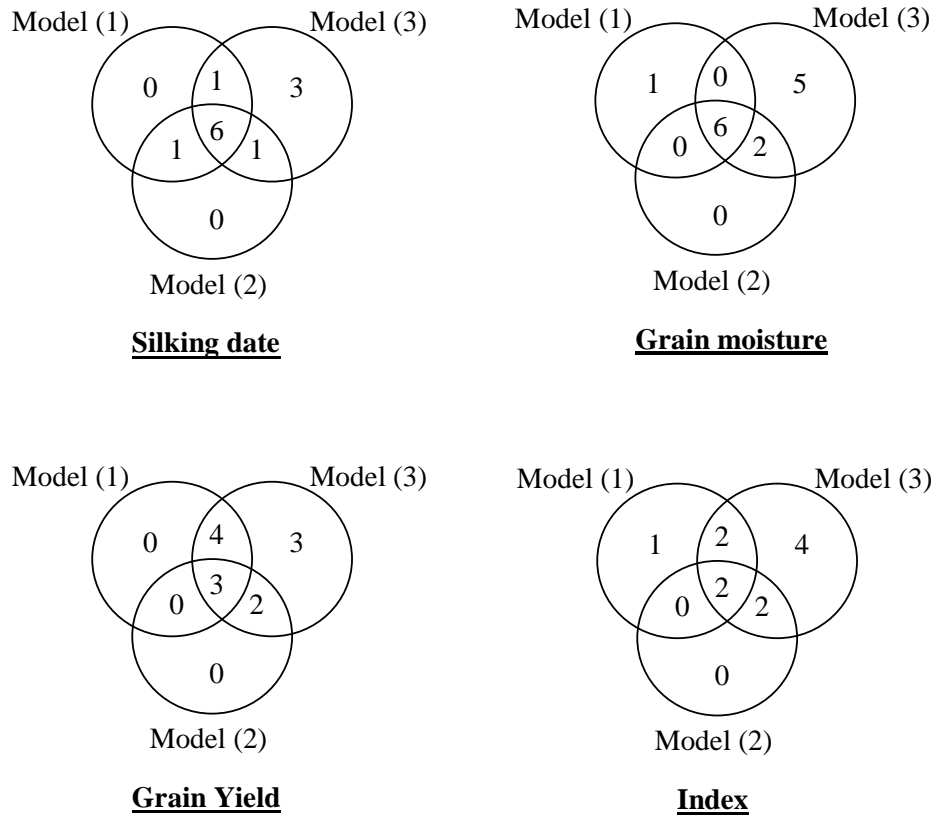


Figure 4. Number of QTL for each trait detected specifically in single-population analyses (model (1)), multipopulation disconnected analyses (model (2)), multipopulation connected analyses (model (3)), or common to the different models. The number of QTL detected in single population analyses was determined by considering that two QTL detected in different populations with overlapping CI were the same.

FIGURES CHAPITRE II

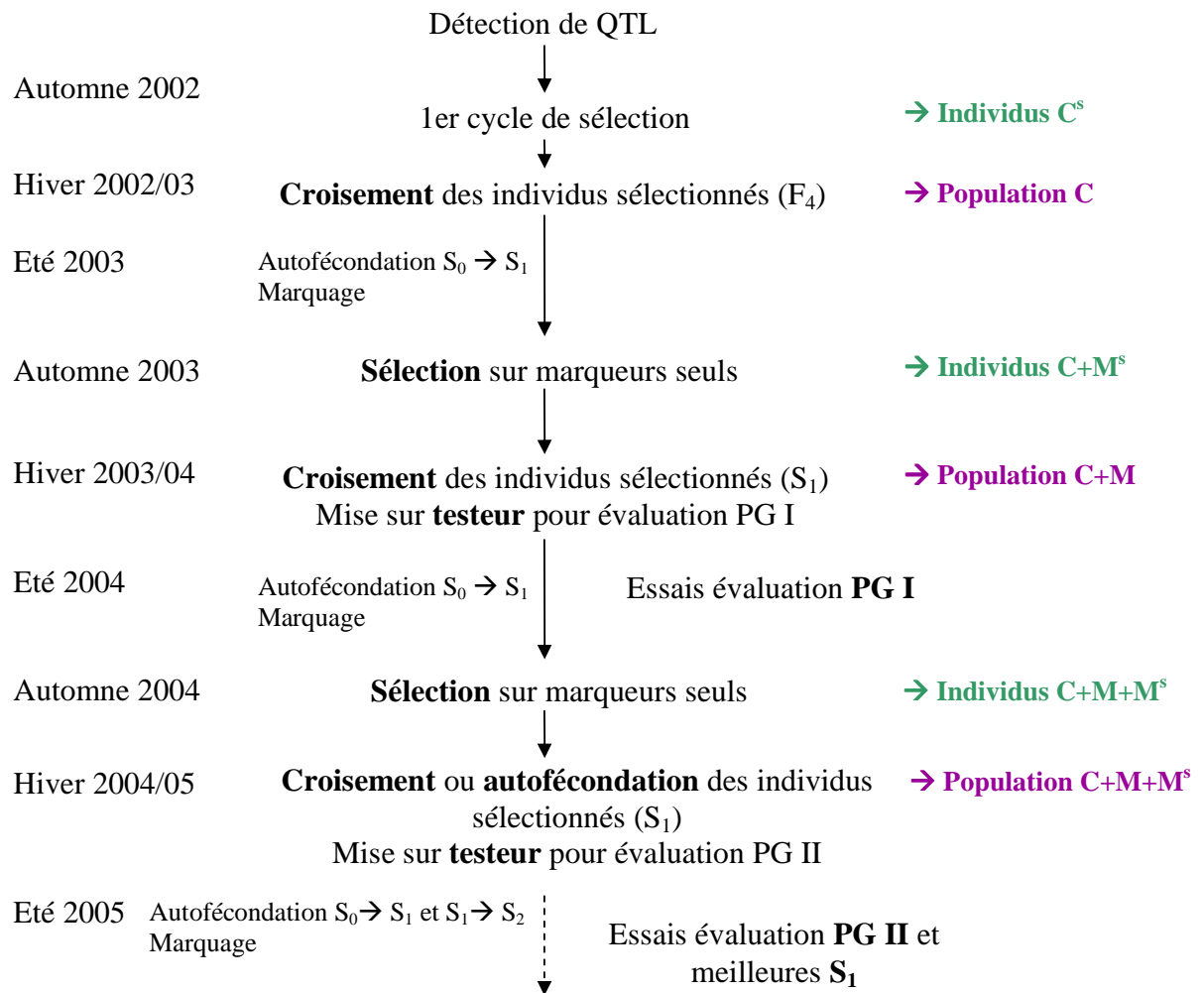


Figure 1 : Calendrier général du volet expérimental et dénomination des individus sélectionnés et des populations issues des croisements.

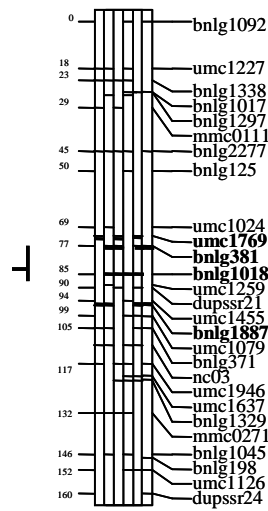


Figure 2 : Un exemple de choix des marqueurs.

Suivi d'un QTL de floraison, sur le chromosome 2 où l'allèle favorable provient de *DE*. Représentation avec les mêmes conventions que la carte consensus présentée au chapitre II, populations de gauche à droite, *DE*F283*, *DE*F810*, *F283*F810*, *F9005*DE*, *F9005*F283* et *F9005*F810*. En trait gras, les marqueurs choisis.

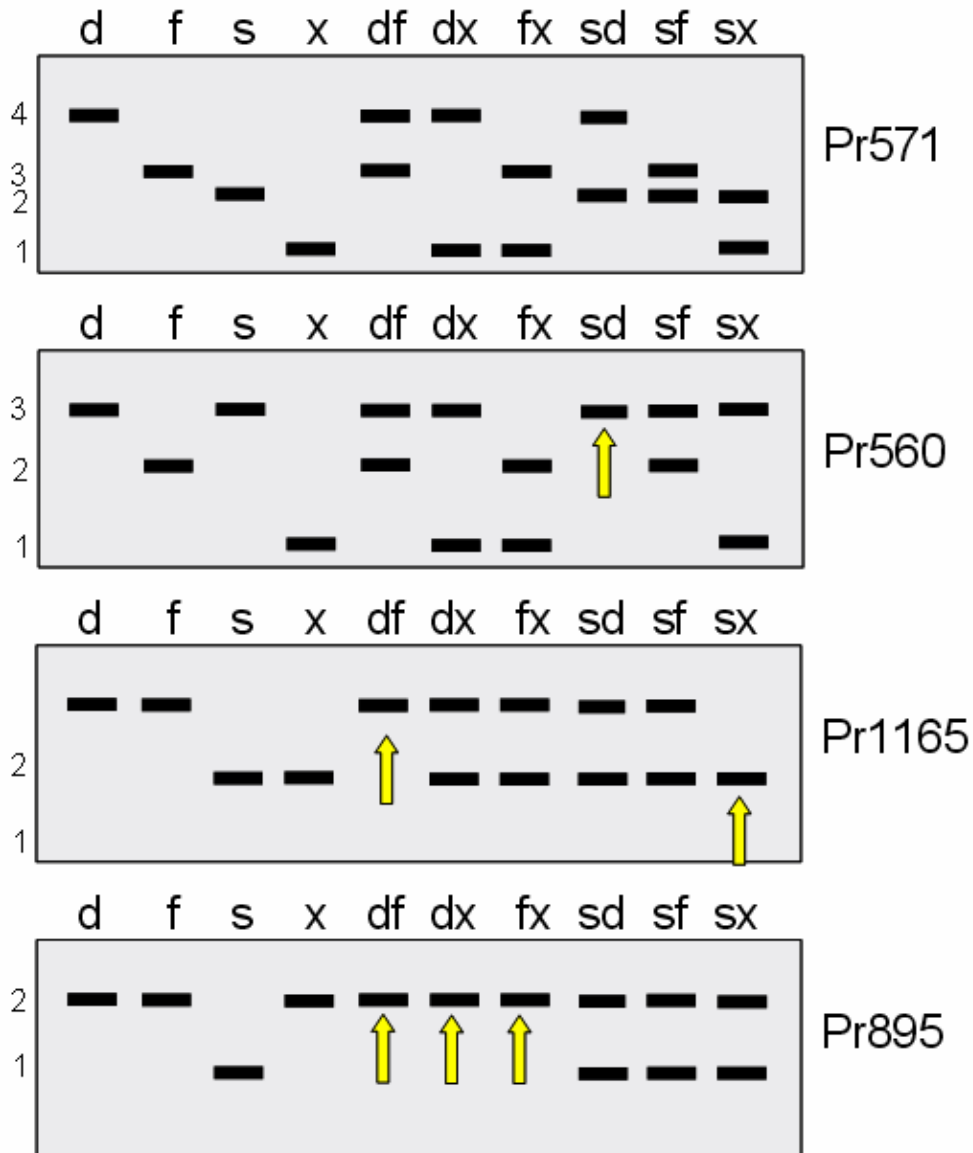


Figure 3 : Illustration de l'identité en l'état (IBS, Identity By State) des allèles amplifiés aux marqueurs. Chaque rectangle représente le résultat d'un gel d'électrophorèse pour les 4 lignées parentales et les six hybrides, de gauche à droite *DE* (d), *F283* (f), *F9005* (s), *F810* (x), *DE*F283* (df), *DE*F810* (dx), *F283*F810* (fx), *F9005*DE* (sd), *F9005*F283* (sf) et *F9005*F810* (sx). Sur la gauche le codage des allèles et sur la droite le nom des marqueurs. Les flèches indiquent les hybrides pour lesquels aucun polymorphisme n'est observé à ces marqueurs.

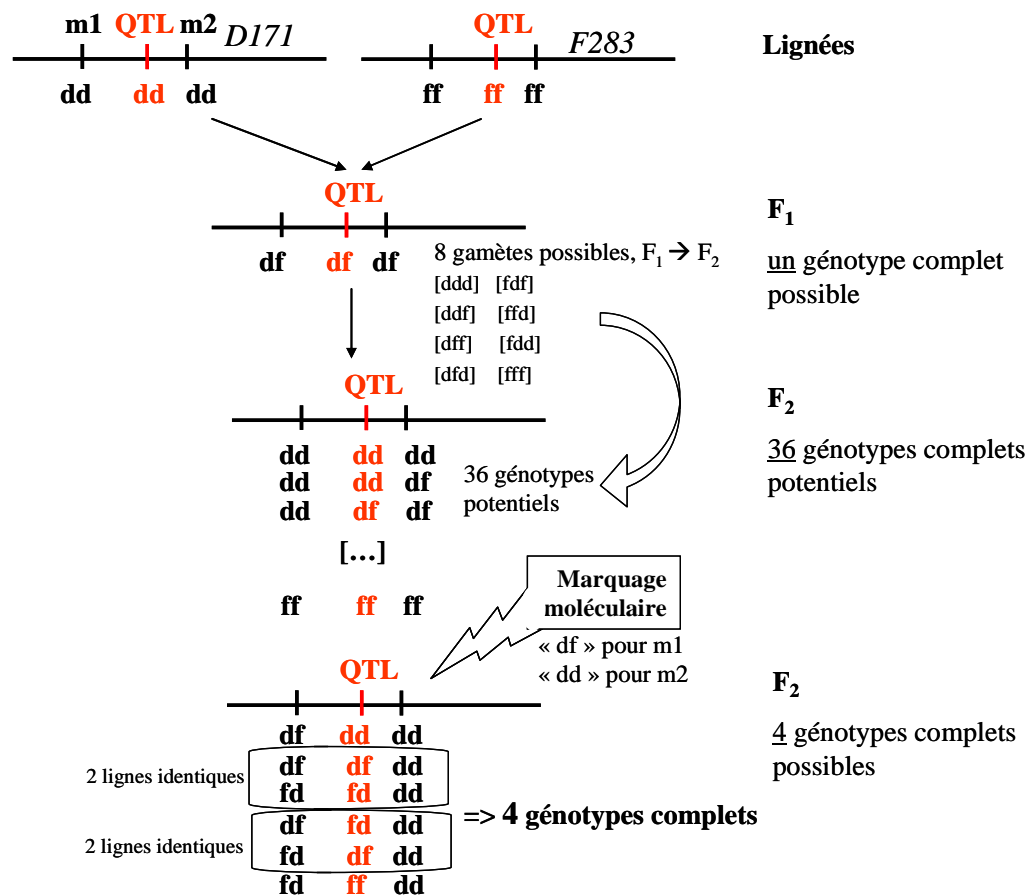


Figure 4 : Restriction de l'espace des possibles en fonction du génotype observé.

Pour des raisons pratiques, les allèles issus des lignées *DE* et *F283* seront respectivement notés d et f.

A partir du croisement entre deux lignées, un seul génotype est possible au stade F₁. Sur les trois marqueurs représentés, 36 génotypes complets sont possibles au stade F₂. Le marquage moléculaire peut apporter des informations supplémentaires (ici « df » au marqueur 1 et « dd » au marqueur 2) permettant de restreindre l'espace des possibles à seulement 4 génotypes complets dans le cas présenté ici.

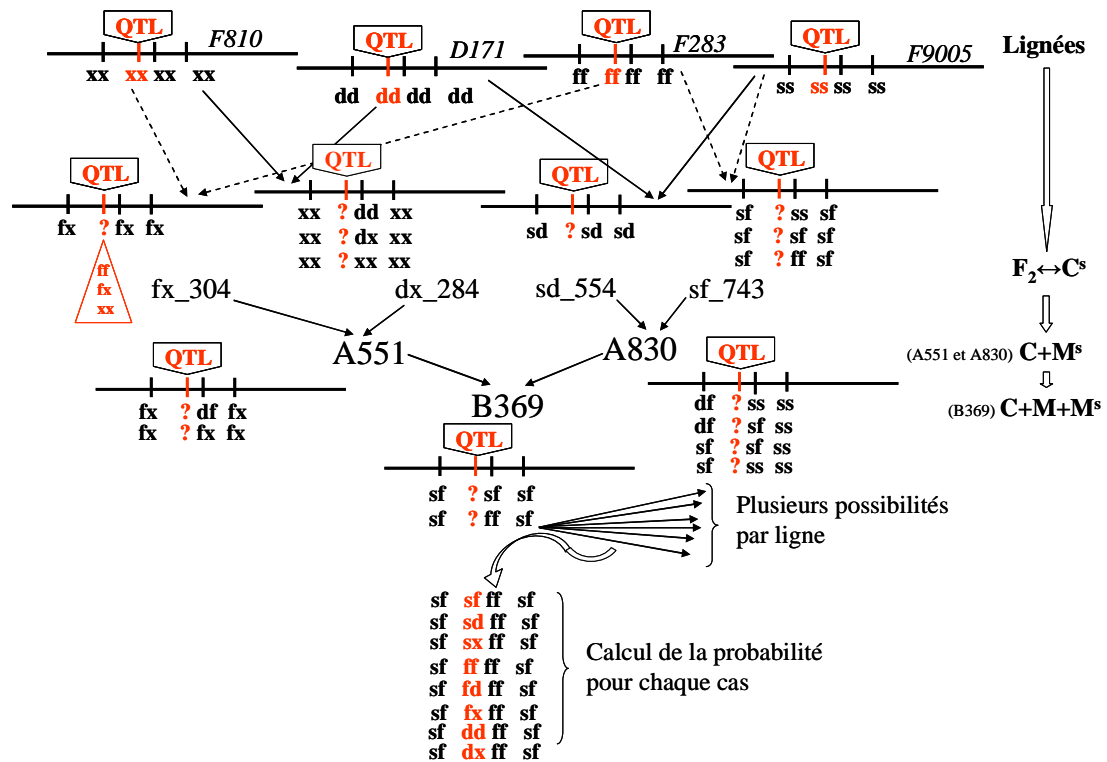
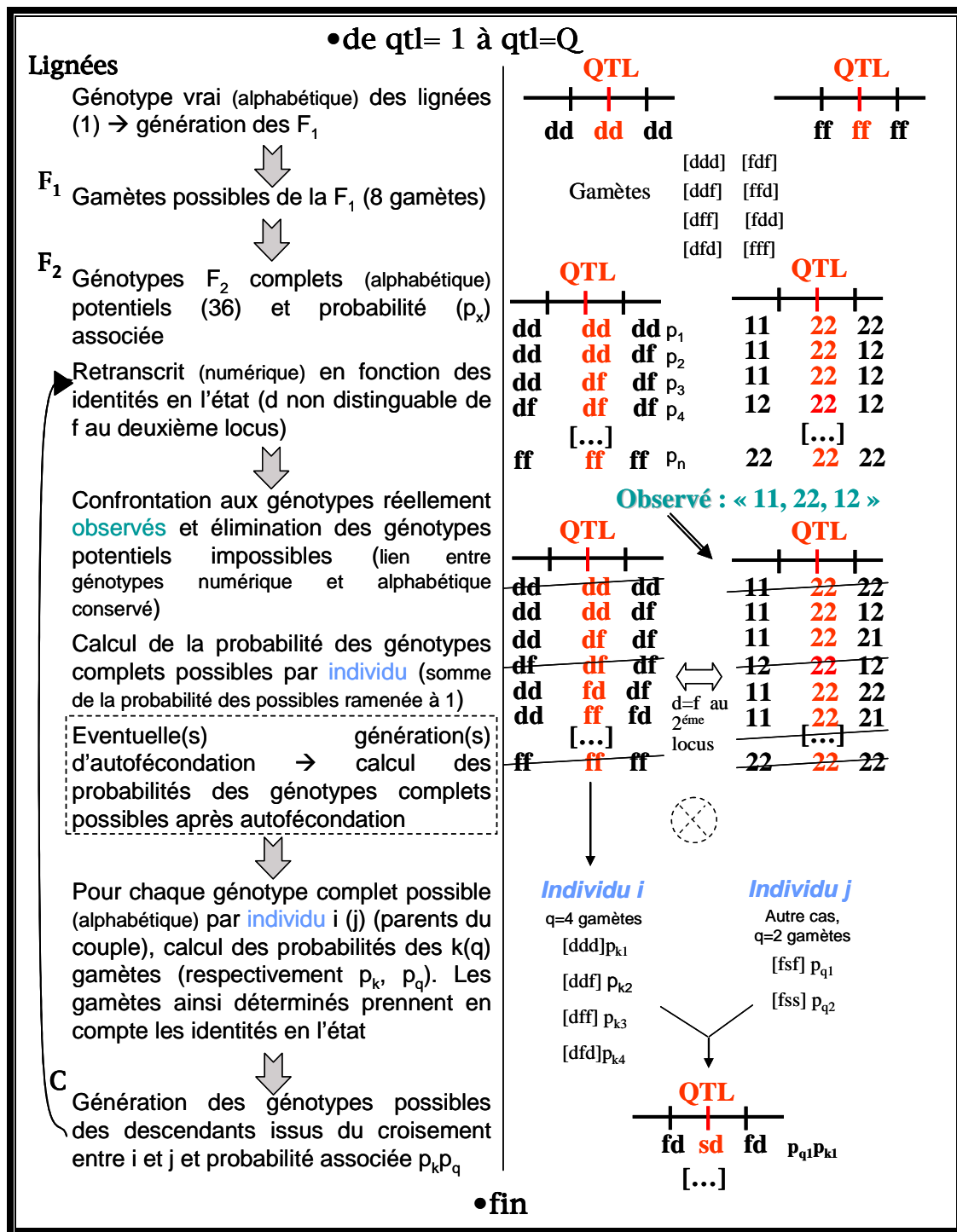


Figure 5 : Un exemple de suivi d'un « génotype complet ».

Les allèles issus des lignées *DE*, *F283*, *F9005* et *F810* sont respectivement notés d, f, s et x. Ces abréviations interviennent également dans le nom des individus issus des populations F_2 , ainsi dx_284 est un individu issu de la population *DE***F810*.

Le « génotype complet » des individus appartenant au pedigree de B369 est représenté sur quatre générations. Le génotype est représenté pour le QTL et les 3 marqueurs utilisés. Si un marqueur n'est pas polymorphe dans toutes les populations, plusieurs génotypes possibles pour ce marqueur pour certains individus, ce qui conduit à écrire plusieurs lignes de « génotypes complets ». Le génotype à la position du QTL est inconnu, matérialisé par un point d'interrogation (les différentes possibilités de génotypes au QTL sont listées pour l'individu fx_304 dans le triangle sous le QTL). A chaque point d'interrogation peuvent correspondre plusieurs possibilités, la probabilité de chacune d'elle peut être calculée (exemple de B369). Ici ne sont pas illustrées les générations d'autofécondation ($S_0 \rightarrow S_1$), mais elles ont été prises en compte dans le calcul des probabilités des génotypes.



Encadré : Algorithme partiel de calcul de génotype complet

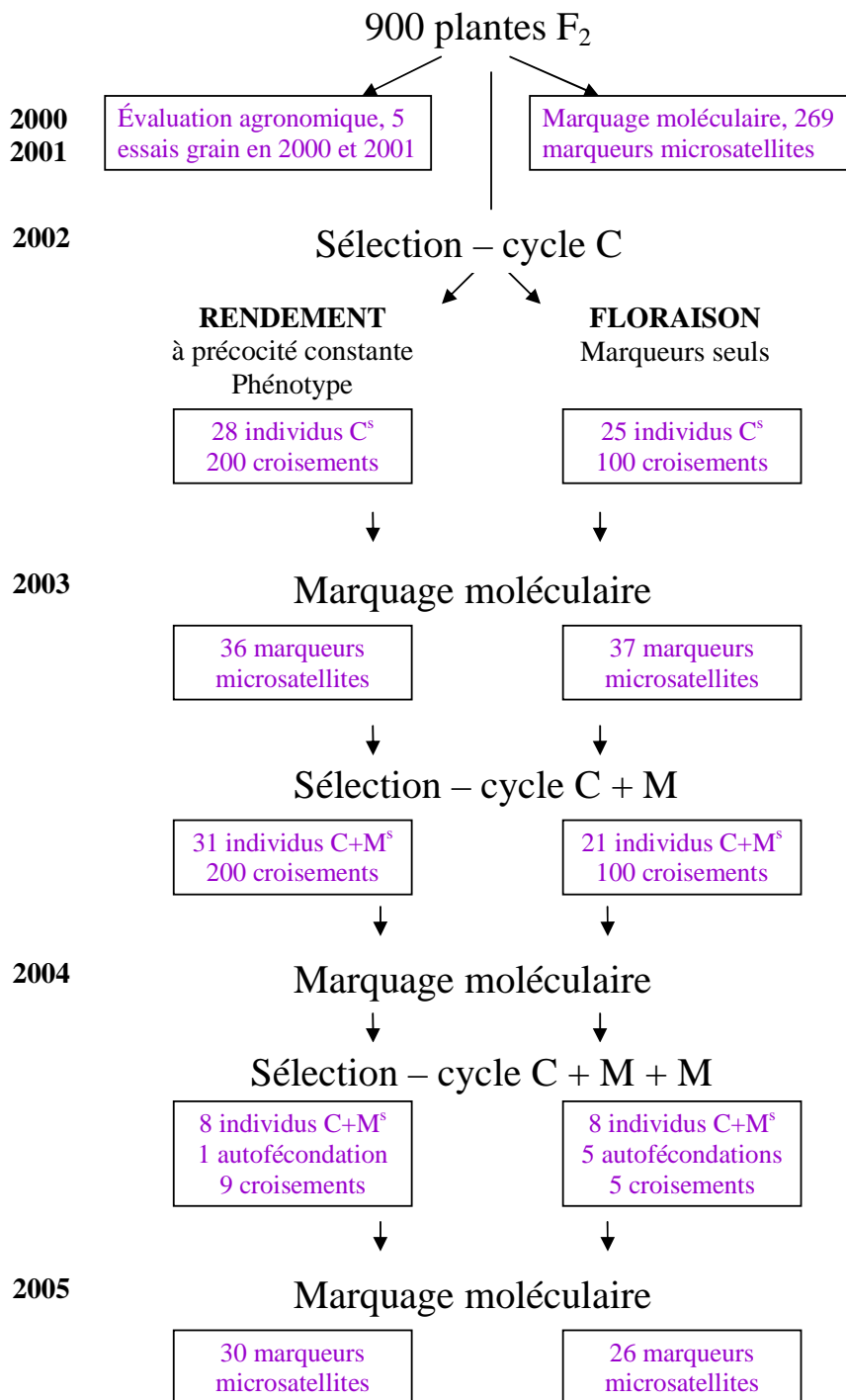


Figure 6 : Schéma du processus de sélection.

Tableau 1 : Calcul de la variance des couples et du critère d'utilité en fonction du génotype des parents P1 et P2. Le génotype de P1 est présenté en ligne en-dessous de P1, le génotype de P2 est présenté en colonne à droite de P2.

		P1		P1		P1		P1		P1		P1						
		1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0					
P2	1	11	11	1	01	11	0	00	01	1	01	01	0	00	01	0	00	00
		1	11	11	1	01	11	1	11	11	1	01	01	0	00	01	0	00
μ	2			1,5		1		1				0,5				0		
σ^2	0			0,25		0,5		0				0,25				0		

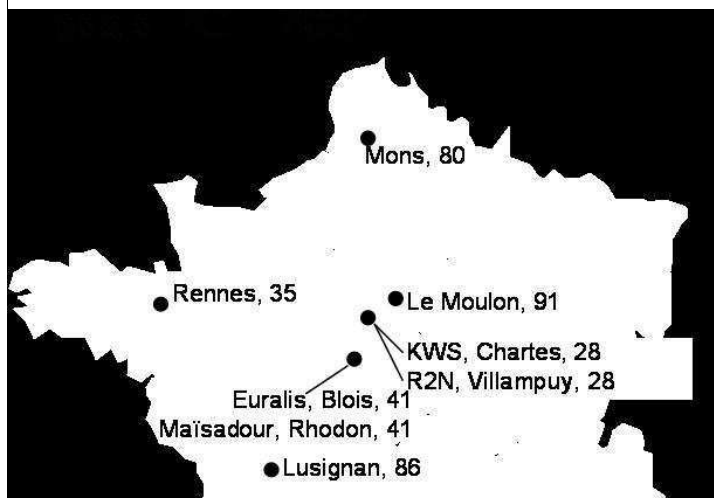
Tableau 2 : Liste du matériel composant les essais de progrès génétique en 2004 et 2005. (**En gras**, le matériel présent uniquement dans les essais 2005)

Type de matériel	Nombre		Nombre de répétitions prévues *	de	Nombre de parcelles
	Schéma floraison	Schéma rendement			
Lignées parentales	4		5		20
Hybrides parentaux	6		5		30
Individus C ^s	25	28	2		106
Individus C + M ^s	21	31	2		102
Individus C + M + M^s	30**	30	2		120
Pools des 6 populations F ₂	6		5		30
Pool des populations C	1	1	5		10
Pool des populations C + M	1	1	5		10
Témoins commerciaux (DEA, Anjou285)	2		5		10

*Des problèmes de productions de semences en GH ou d'implantation des essais (contraintes sur le nombre de rangs etc ...) nous ont parfois obligé à modifier le nombre de répétitions prévues.

**Seuls 8 individus par schéma ont été utilisés, mais nous avons souhaité en évaluer 30 afin d'avoir une idée de la moyenne de la population qui aurait été obtenue si les croisements avaient été poursuivis comme précédemment.

Essais PG II 2004



Essais PG II 2005

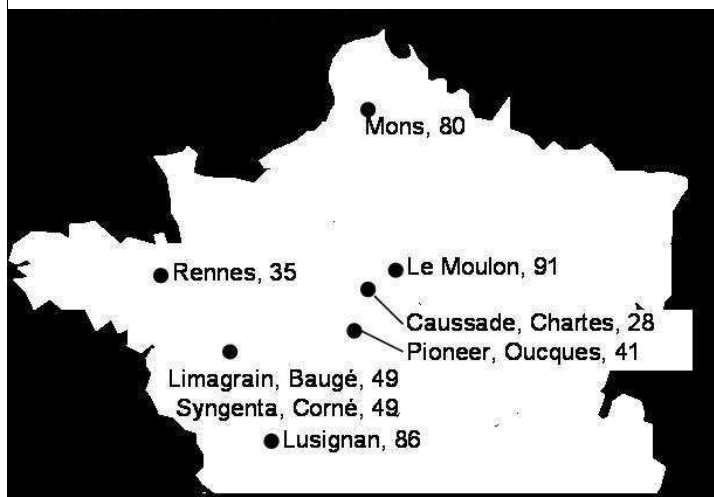


Figure 7 : Implantation géographique des essais de progrès génétiques I, campagne 2004, de PG II et d'évaluation des S_1 , campagne 2005.

Tableau 1 : Liste des essais de progrès génétique réalisés en 2004 et 2005.

Essais	Société ou institut	Lieu (département)	Type d'essai (année)	Irrigation
pg1-eu	Euralis	Blois (41)	PG I (2004)	Oui
pg1-kw	KWS	Chartres (28)	PG I (2004)	Oui
pg1-ma	Maïsadour	Conan (41)	PG I (2004)	Oui
pg1-r2	R2N	Villampuy (28)	PG I (2004)	
pg1-ml	INRA	Le Moulon (91)	PG I (2004)	Non
pg1-re	INRA	Rennes (35)	PG I (2004)	Non
pg1-lu	INRA	Lusignan (86)	PG I (2004)	Oui
pg1-mo	INRA	Mons (80)	PG I (2004)	Non
pg2-ca	Caussade	Chartres	PG II (2005)	
pg2-sy	Syngenta	Corné (49)	PG II (2005)	
pg2-li	Limagrain	Bauge (49)	PG II (2005)	
pg2-pi	Pioneer	Oucques (41)	PG II (2005)	
pg2-ml	INRA	Le Moulon (91)	PG II (2005)	Non
pg2-re	INRA	Rennes (35)	PG II (2005)	Non
pg2-lu	INRA	Lusignan (86)	PG II (2005)	Oui
pg2-mo	INRA	Mons (80)	PG II (2005)	Non
s1-ml	INRA	Le Moulon (91)	Evaluation S ₁ (2005)	
s1-mo	INRA	Mons (80)	Evaluation S ₁ (2005)	

Tableau 2 : Caractères mesurés dans les différents essais de progrès génétique.

Type d'essai	Code	Entreprise ou institut	Lieu	Caractères						
				Rendement	Poids de mille grains	Humidité	Floraison femelle	Floraison mâle	Verse Pyrale	Verse récolte
PG I (2004)	1	Euralis	Blois (41)	X		X	X			
	2	KWS	Chartres (28)	X	X	X	X	X		X
	3	Maïsadour	Conan (41)	X	X	X	X	X		X
	4	R2N	Villampuy (28)	X		X	X		X	
	5	INRA	Le Moulon(91)	X	X	X	X	X		X
	6	INRA	Rennes (35)	X	X	X	X	X		
	7	INRA	Lusignan (86)	X	X	X	X	X		X
	8	INRA	Mons (80)	X		X	X	X	X	X
PG II (2005)	9	Caussade	Chartres	X		X	X			
	10	Syngenta	Corné (49)	X		X	X			
	11	Limagrain	Bauge (49)	X		X	X	X		
	12	Pioneer	Oucques (41)	X		X				X
	13	INRA	Le Moulon(91)	X	X	X	X	X		X
	14	INRA	Rennes (35)	X	X	X	X	X	X	
	15	INRA	Lusignan (86)	X		X	X	X		X
	16	INRA	Mons (80)	X	X	X	X	X		X
Evaluation des S ₁ (2005)	17	INRA	Le Moulon(91)	X	X	X	X			
	18	INRA	Mons (80)	X	X	X	X			

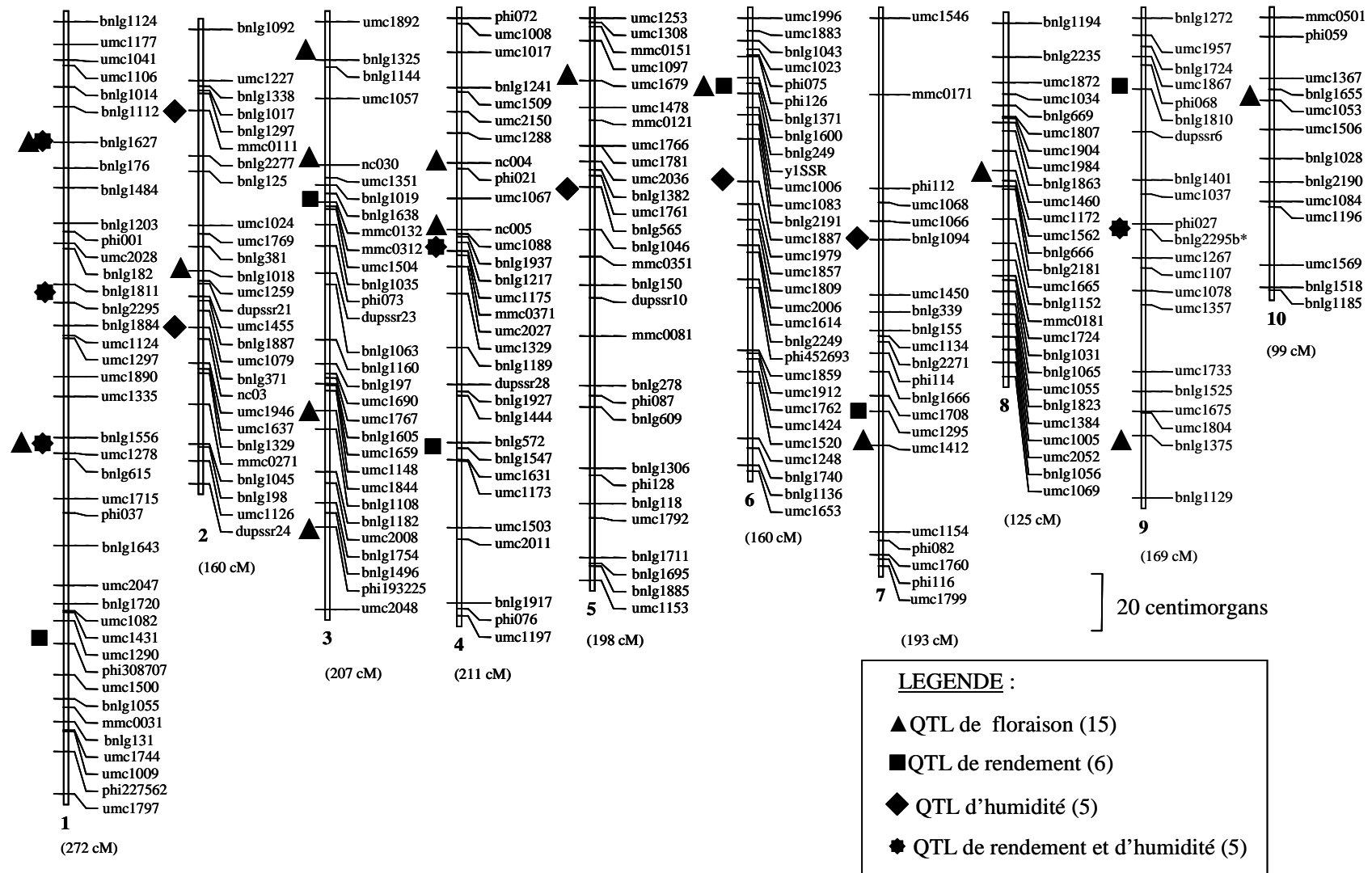


Figure 8 : QTL détectés par régression multiple et utilisés pour le premier cycle de sélection

Tableau 3 : Localisation et effet des QTL détectés par régression multiple et utilisés lors du premier cycle de sélection.

Caractère	Position			Effet estimé de l'allèle			
	Chromosome	(cM)	Marqueur	DE	F283	F9005	F810
Humidité [§]	2	28,5	bnlg1018	0,17	-0,76	-0,28	0,18
Humidité	2	104,8	bnlg371	0,12	0,00	-0,20	0,08
Humidité	5	59,6	bnlg565	-0,09	0,09	-0,15	0,15
Humidité	6	57,4	umc1887	0,16	0,13	-0,20	-0,09
Humidité [§]	7	77,8	bnlg1094	-0,11	-0,21	0,22	0,10
Rendement	1	219,1	phi308707	0,52	0,51	-0,24	-0,79
Rendement	3	63,3	mmc0132	0,34	-0,12	-0,67	0,46
Rendement	4	149,4	bnlg572	-0,16	0,03	0,93	-0,80
Rendement	6	22,8	bnlg1600	-0,21	0,94	-1,03	0,3
Rendement	7	138,7	umc1295	-0,5	-0,65	0,44	0,72
Rendement	9	24,8	bnlg1810	-0,29	0,50	0,48	-0,69
Rendement	9	74,6	bnlg2295b	-0,04	-0,52	-0,80	1,36
Rendement, Humidité*	1	42,4	bnlg1627	0,94	1,05	-0,07	-1,93
Rendement, Humidité	1	99	bnlg2295	0,79	-0,47	0,06	-0,38
Rendement, Humidité	1	146,3	bnlg1556	0,83	-0,92	-0,59	0,69
Rendement, Humidité	4	78,9	bnlg1217	-0,89	0,12	-0,38	1,15
Floraison femelle	1	42,4	bnlg1627	0,15	0,03	0,21	-0,4
Floraison femelle	1	152	umc1278	-0,03	-0,37	0,06	0,33
Floraison femelle	2	84,8	bnlg1018	-0,42	0,19	0,28	-0,05
Floraison femelle	3	13,4	bnlg1325	-0,05	-0,05	-0,18	0,28
Floraison femelle	3	50,3	nc030	0,25	-0,42	-0,03	0,2
Floraison femelle	3	136,9	umc1844	0,19	0,01	-0,28	0,09
Floraison femelle	3	172,9	bnlg1496	-0,28	0,13	-0,04	0,19
Floraison femelle	4	50,9	nc004	0,05	-0,23	0,26	-0,09
Floraison femelle	4	74,7	nc005	-0,31	0,2	-0,1	0,21
Floraison femelle	5	22,2	umc1679	0,06	-0,26	0,1	0,1
Floraison femelle	6	26,6	bnlg249	0,15	0,07	-0,34	0,11
Floraison femelle	7	150,6	umc1412	-0,04	-0,33	0,15	0,22
Floraison femelle	8	51,9	umc1172	-0,23	0,01	0,39	-0,17
Floraison femelle	9	147	bnlg1375	0,22	-0,13	-0,12	0,03
Floraison femelle	10	30,1	umc1053	-0,35	0,9	-0,31	-0,24

* Pour les QTL communs au rendement et à l'humidité, les effets spécifiés correspondent au rendement.

** En gras, les allèles favorables sélectionnés.

§ QTL ajoutés au modèle car détectés dans les populations individuelles

Tableau 4 : Localisation et effet des QTL détectés avec MCQTL selon le modèle (3) et utilisés lors des deuxièmes et troisièmes cycle de sélection.

Schéma de sélection	Numéro du QTL	Chromosome	Position (cM)	IC	r ²	Effet additif estimé de l'allèle			
						DE	F283	F9005	F810
RENDEMENT	1	1	40	32 - 62	0.04	0.84	0.56	-0.36	-1.04
	2	1	105	94 - 119	0.04	1.26	-0.79	-0.13	-0.34
	3	1	162	150 - 172	0.04	0.91	-0.46	-1.05	0.59
	4	1	219	190 - 227	0.03	0.21	0.71	0.05	-0.96
	5	3	27	0 - 45	0.03	-0.02	0.63	-0.99	0.38
	6	4	79	67 - 82	0.03	-0.61	0.02	-0.31	0.90
	7	4	153	137 - 170	0.04	-0.50	0.25	0.94	-0.69
	8	6	23	13 - 36	0.02	-0.43	0.73	-0.55	0.24
	9	8	52	31 - 63	0.03	-0.30	0.22	0.69	-0.62
FLORAISON FEMELLE	1	1	46	38 - 56	0.06	0.22	0.03	0.21	-0.46
	2	1	140	134 - 166	0.06	0.01	-0.42	0.06	0.35
	3	2	85	62 - 89	0.07	-0.48	0.19	0.31	-0.03
	4	3	41	33 - 50	0.08	0.27	-0.51	-0.19	0.43
	5	3	150	139 - 188	0.04	-0.07	0.11	-0.3	0.26
	6	4	75	45 - 97	0.02	-0.24	0.09	0.00	0.15
	7	5	26	10 - 38	0.02	0.06	-0.29	0.10	0.12
	8	6	25	2 - 31	0.04	0.13	0.08	-0.37	0.17
	9	7	145	135 - 167	0.04	-0.03	-0.36	0.15	0.25
	10	8	58	47 - 65	0.05	-0.23	-0.03	0.40	-0.15
	11	10	30	28 - 32	0.18	-0.34	0.87	-0.29	-0.25

Tableau 5 : Nombre d'individus sélectionnés par population au premier cycle.

Populations	Schéma Floraison	Schéma Rendement
DE*F283	14	1
DE*F810	0	7
F283*F810	3	10
F9005*DE	0	7
F9005*F283	8	2
F9005*F810	0	1

Tableau 6 : Liste des géotypes sélectionnés lors du 1^{er} cycle en 2002 et caractéristiques (le classement est réalisé sur la valeur basée sur les marqueurs pour le schéma floraison et sur la valeur phénotypique rendement-3*humidité pour le schéma rendement).

SCHEMA FLORAISON

Population	Géotype	Date de floraison femelle	Valeur sur la base des marqueurs aux QTL régression multiple (0/1)	Ordre de classement	Nombre de QTL homozygote favorable	Nombre de QTL où QTL hétérozygote	Valeur sur la base des marqueurs aux QTL MCQTL (0/1)	Nombre de QTL homozygote favorable	Nombre de QTL où QTL hétérozygote	Norme croi où imp
DE*F283	df128	212,42	18.25	1	7	4	10.45	3	3	
F9005*F283	sf683	216,66	18.09	2	8	3	12.25	5	3	
DE*F283	df108	216,09	18.08	3	7	4	10.54	3	5	
DE*F283	df37	215	17.43	4	5	7	10.37	3	5	
F9005*F283	sf655	214	17.24	5	8	2	11.81	5	2	
DE*F283	df64	215,09	17.04	6	7	4	7.86	2	4	
DE*F283	df19	215,16	17.00	7	6	6	9.29	2	4	
F9005*F283	sf716	213,16	16.93	8	6	5	11.94	4	4	
DE*F283	df77	216,33	16.87	9	7	3	11.42	5	2	
F283*F810	fx319	217	16.87	10	7	3	10.62	4	3	
DE*F283	df137	213,17	16.49	11	7	3	11.66	4	2	
F9005*F283	sf650	215,16	16.39	12	6	5	11.80	4	4	
F9005*F283	sf648	213,83	16.29	13	6	4	12.24	5	3	
DE*F283	df59	216,83	16.18	14	6	5	10.37	3	3	
DE*F283	df73	216,09	16.17	15	5	6	8.25	1	6	
F9005*F283	sf681	216,66	16.15	16	6	4	11.19	3	5	
DE*F283	df58	216,42	16.14	17	6	4	12.55	5	3	
DE*F283	df132	214,75	16.06	18	4	8	10.67	3	5	
F283*F810	fx305	217,16	15.93	19	6	4	11.76	5	2	
F283*F810	fx376	217,83	15.82	22	6	4	10.64	4	3	
DE*F283	df72	215,83	15.77	23	5	6	7.86	2	4	
DE*F283	df24	216,87	15.68	24	5	6	9.95	3	4	
F9005*F283	sf743	214,75	15.54	27	4	7	9.93	2	6	
DE*F283	df21	216,66	15.50	29	5	5	10.21	3	4	
F9005*F283	sf740	216	15.48	31	0	6	10.72	3	5	

SCHEMA RENDEMENT

Population	Génotype	Humidité	Rendement sec grain	Valeur sur la base des marqueurs aux QTL régression multiple (0/1)	Ordre de classement	Nombre de QTL où homozygote favorable	Nombre de QTL hétérozygote	Valeur sur la base des marqueurs aux QTL MCQTL (0/1)	Nombre de QTL où homozygote favorable	Nombre d QTL hétérozygot
F9005*DE	sd554	31.47	93.07	16,76	3	7	3	7,25	2	3
F283*F810	fx439	35.12	100.88	16,61	21	8	1	7,86	3	2
DE*F810	dx284	34.46	99.26	14,67	15	5	5	6,68	3	1
F283*F810	fx303	33.46	95.55	14,38	26	6	3	8,57	4	1
F283*F810	fx364	33.88	96.92	14,29	23	6	2	9,48	5	0
F283*F810	fx424	35.34	105.04	14	2	5	4	5,75	1	4
F283*F810	fx398	35.85	103.41	13,96	16	5	4	5,05	1	3
DE*F283	df90	32.80	97.70	13,55	1	7	0	8,96	4	1
F283*F810	fx335	32.74	93.77	13,28	19	5	3	5,99	1	4
F283*F810	fx304	33.64	97.09	13,26	10	6	1	7,29	3	1
F9005*DE	sd559	31.68	89.69	13,25	28	5	4	7,61	3	2
F283*F9005	sf743	31.38	89.67	13,12	20	3	7	6,26	0	6
F9005*DE	sd569	32.37	93.29	13,04	9	4	5	7,99	3	2
DE*F810	dx285	33.40	97.71	13	5	4	5	3,76	1	2
F283*F810	fx419	33.79	97.83	12,97	8	5	3	6,92	2	3
DE*F810	dx181	33.47	97.10	12,96	7	3	7	4,93	1	3
DE*F810	dx268	34.26	98.87	12,96	11	3	7	5,75	2	2
DE*F810	dx183	33.11	94.60	12,95	24	4	5	5,69	2	2
F9005*DE	sd533	31.79	93.29	12,73	4	4	5	4,58	1	2
F283*F9005	sf710	30.74	89.28	12,65	6	2	9	5,94	1	4
F9005*F810	sx873	33.58	95.99	12	25	2	8	3,99	1	2
F283*F810	fx387	33.42	96.18	11,97	13	4	4	3,99	0	4
F9005*DE	sd589	33.04	93.95	11,69	27	3	6	4,18	0	4
DE*F810	dx259	33.66	96.94	11,68	12	4	4	5,31	2	2
F283*F810	fx449	33.73	96.89	11,18	17	3	5	4,93	1	3
DE*F810	dx247	33.05	94.49	11,01	22	3	5	4,81	1	3
F9005*DE	sd511	32.54	93.22	10,81	18	2	6	6,08	3	0
F9005*DE	sd535	33.77	97.22	9,49	14	3	4	5,74	2	2

Tableau 7 : Liste des géotypes sélectionnés lors du 2^{ème} cycle en 2003 et caractéristiques. L'ordre de classement présenté est réalisé sur la valeur basée sur les marqueurs. En gras les individus faisant partie du pedigree des individus sélectionnés à la génération suivante.

SCHEMA FLORAISON

Parent 1	Parent 2	Géotype	Valeur sur la base des marqueurs (0/1)	Ordre de classement	Allèles potentiellement présents				Nombre de QTL homozygote favorable	Nombre de QTL hétérozygote	Nombre de croisements où impliqué
					<i>DE</i>	<i>F283</i>	<i>F9005</i>	<i>F810</i>			
sf683	df37	A1040	14,59	1	x	x	x		5	5	16
df108	sf650	A1005	14,02	2	x	x	x		5	5	16
df108	sf650	A251	14,01	3	x	x	x		5	5	12
df108	df37	A1003	13,98	4	x	x			7	1	9
df108	df137	A9	13,85	5	x	x			6	1	2
df37	sf648	A88	13,41	6	x	x	x		5	4	10
df108	sf655	A1006	13,37	7	x	x	x		4	6	10
sf648	df108	A23	13,20	8	x	x		x	5	4	5
sf716	df128	A33	13,04	9	x	x	x		4	5	11
df37	sf655	A91	13,01	10	x	x	x		3	7	8
df108	df132	A6	12,99	11	x	x			7	0	2
sf681	df128	A25	12,66	12	x	x	x		4	5	13
fx305	df108	A167	12,60	13	x	x		x	4	4	16
sf683	df132	A27	12,54	14	x	x	x		3	7	16
df108	sf650	A290	12,51	15	x	x	x		5	3	2
df108	sf716	A37	12,46	16	x	x	x		5	3	11
fx305	df108	A166	12,45	17	x	x		x	4	5	2
fx376	df108	A212	12,39	18	x	x		x	4	5	12
df108	sf648	A245	12,38	19	x	x	x		4	4	3
sf683	df108	A256	12,22	20	x	x	x		3	6	9
fx376	df108	A211	11,94	21	x	x		x	4	5	15

SCHEMA RENDEMENT

Parent 1	Parent 2	Génotype	Valeur sur la base des marqueurs (0/1)	Ordre de classement	Allèles potentiellement présents				Nombre de QTL où homozygote favorable	Nombre de QTL hétérozygote	Nombre de croisements impliqués
					DE	F283	F9005	F810			
sd554	sf743	A830	9,82	1	x		x	x	2	6	23
fx364	sd559	A586	9,74	2	x	x	x	x	1	8	17
fx364	sf743	A577	9,72	3		x	x	x	4	2	3
fx439	sd554	A784	9,58	4	x	x	x	x	1	8	12
fx439	sd569	A971	9,23	5	x	x	x	x	1	7	21
fx439	sd554	A785	9,05	6	x	x	x	x	1	7	15
fx304	sd554	A561	8,96	7	x	x	x	x	1	7	24
dx284	df90	A430	8,94	8	x	x		x	3	3	15
fx439	sd569	A792	8,84	9	x	x	x	x	1	7	20
fx439	df90	A741	8,76	10	x	x		x	2	5	21
df90	sd554	A308	8,73	11	x	x	x		3	3	11
fx439	df90	A740	8,50	12	x	x		x	2	4	14
df90	sd554	A903	8,44	13	x	x	x		3	3	10
fx439	df90	A739	8,35	14	x	x		x	2	4	9
fx335	sf743	A566	8,28	15		x	x	x	3	3	4
fx439	sd559	A789	8,21	16	x	x	x	x	1	6	17
fx304	dx284	A551	8,12	17	x	x		x	2	4	14
fx398	sd569	A958	8,05	18	x	x	x	x	1	6	13
sd589	sf743	A859	8,01	19	x	x	x		1	6	15
dx284	sd569	A466	7,95	20	x		x	x	2	4	18
fx398	dx183	A607	7,94	21	x	x		x	2	4	7
fx398	sd559	A645	7,89	22	x	x	x	x	1	6	11
fx419	dx181	A655	7,87	23	x	x		x	1	6	21
fx398	dx284	A614	7,87	24	x	x		x	2	4	8
fx419	dx284	A663	7,80	25	x	x		x	1	6	8
fx449	dx284	A800	7,80	26	x	x	x	x	2	4	11
dx268	df90	A394	7,78	27	x	x		x	3	2	1
fx439	dx181	A962	7,76	28	x	x		x	2	4	6
fx439	dx284	A756	7,74	29	x	x		x	1	6	8
fx439	sd569	A790	7,71	30	x	x	x	x	0	8	5
fx439	sd569	A791	7,65	31	x	x	x	x	1	6	18

Tableau 8 : Liste des génotypes sélectionnés lors du 3^{ème} cycle en 2004 et représentation de leur génotype aux QTL, un « + » représente un homozygote avec le(s) allèle(s) favorable(s), un «-» un homozygote défavorable et une case vide un hétérozygote.

SCHEMA FLORAISON

par1	gdpar1 par1	gdpar2 par1	par2	gdpar1 par2	gdpar2 par2	géno type	ordre	valeur	qtl 1	qtl 2	qtl 3	qtl 4	qtl 5	qtl 6	qtl 7	qtl 8	qtl 9	qtl 10	qtl 11	nb het	nb "+	
A1005	df108	sf650	A1005	df108	sf650	B8*	1	18,25	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	0	10
A251	sf683	df108	A1005	df108	sf650	B158*	2	17,57	-	+	+	+	+	+	+	+	+		+		1	9
A1006	df108	sf655	A251	sf683	df108	B28*	3	17,05	-	+		+	+	+	+	+		+	+		2	8
A9	df108	df137	A1040	sf683	df37	B293*	8	16,04	-	+	+	+		+	+		+	+			3	7
A23	df108	sf648	A167	fx305	df108	B124*	12	15,8			+	+		+	+	-	+	+	+		3	7
A212	fx376	df108	A1005	df108	sf650	B110	34	15,01		+		+		+	+		+	+			5	6
A212	fx376	df108	A91	df37	sf655	B123	47	14,69				+	-	+	+		+	+	+		4	6
A212	fx376	df108	A1005	df108	sf650	B109	53	14,58		+		+	-	+	+		+	+			4	6

SCHEMA RENDEMENT

par1	gdpar1 par1	gdpar2 par1	par2	gdpar1 par2	gdpar2 par2	géno type	ordre	valeur	qtl1	qtl2	qtl3	qtl4	qtl5	qtl6	qtl7	qtl8	qtl9	nb het	nb "+	nb "-
A586	fx364	sd559	A971	fx439	sd569	B875*	1	14,4	+	+	+			+	+		+	3	6	0
A784	fx439	sd554	A561	fx304	sd554	B397	2	13,8	+		+	+		+	-	+	+	2	6	1
A586	fx364	sd559	A586	fx364	sd559	B447	3	13,2	+	+	+	+		+	+	+		1	7	1
A830	sd554	sf743	A663	fx419	dx284	B551	6	12,4		+	+		+			+		5	4	0
A430	dx284	df90	A785	fx439	sd554	B631	10	12	+	+						+		6	3	0
A830	sd554	sf743	A958	fx398	sd569	B861	11	12	+	+	+		-	+	+			3	5	1
A971	fx439	sd569	A791	fx439	sd569	B716	22	11,5	+		+	-	+				+	4	4	1
A792	fx439	sd569	A784	fx439	sd554	B627	26	11,4	+	+					+			6	3	0

* Ces génotypes ont été directement autofécondés en génération d'hiver 2004/2005.

Tableau 9 : Liste des 10 meilleurs génotypes qui auraient pu être sélectionnés lors d'un 4^{ème} cycle en 2005 et représentation de leur génotype aux QTL, un « + » représente un homozygote avec le(s) allèle(s) favorable(s), un « - » un homozygote défavorable et une case vide un hétérozygote.

SCHEMA FLORAISON

parent1	parent2	génotype	ordre	valeur	qtl1	qtl2	qtl3	qtl4	qtl5	qtl6	qtl7	qtl8	qtl9	qtl10	qtl11	nb het	nb "+"	nb "-"
B158	B158	29a2	1	18.8	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	0	10	1
B158	B158	29b	2	18.8	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	0	10	1
B158	B158	27a	3	18.7	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	0	10	1
B158	B158	29a	4	18.7	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	0	10	1
B158	B158	28a2	5	18.6	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	0	10	1
B8	B8	16a	6	18.6	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	0	10	1
B109	B158	C47-1a	7	18.6		+	+	+		+	+	+	+	+	+	2	9	0
B8	B8	15a	8	18.5	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	0	10	1
B158	B158	28-b2	9	18.5	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	0	10	1
B28	B28	25c	10	18.5	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	0	10	1

SCHEMA RENDEMENT

parent1	parent2	génotype	ordre	valeur	qtl1	qtl2	qtl3	qtl4	qtl5	qtl6	qtl7	qtl8	qtl9	nb het	nb "+"	nb "-"
B397	B875	C71-2a	1	16.2	+	+	+	+		+	+	+	+	1	8	0
B875	B875	4a	2	16.0	+	+	+		+	+	+	+	+	1	8	0
B875	B875	14a	3	15.9	+	+	+		+	+	+	+	+	1	8	0
B397	B875	C71-5a	4	15.9	+	+	+			+	+	+	+	2	7	0
B875	B875	7b	5	15.9	+	+	+			+	+	+	+	2	7	0
B875	B631	C87-2a	6	15.5	+	+	+			+	+	+	+	2	7	0
B875	B875	13a	7	15.4	+	+	+			+	+	+	+	2	7	0
B875	B447	C65-2a	8	15.3	+	+	+			+	+	+	+	2	7	0
B551	B447	C104-3a	9	14.9	+	+	+	+			+	+	+	2	7	0
B551	B716	C130b	10	14.8	+	+	+	+		+		+	+	2	7	0

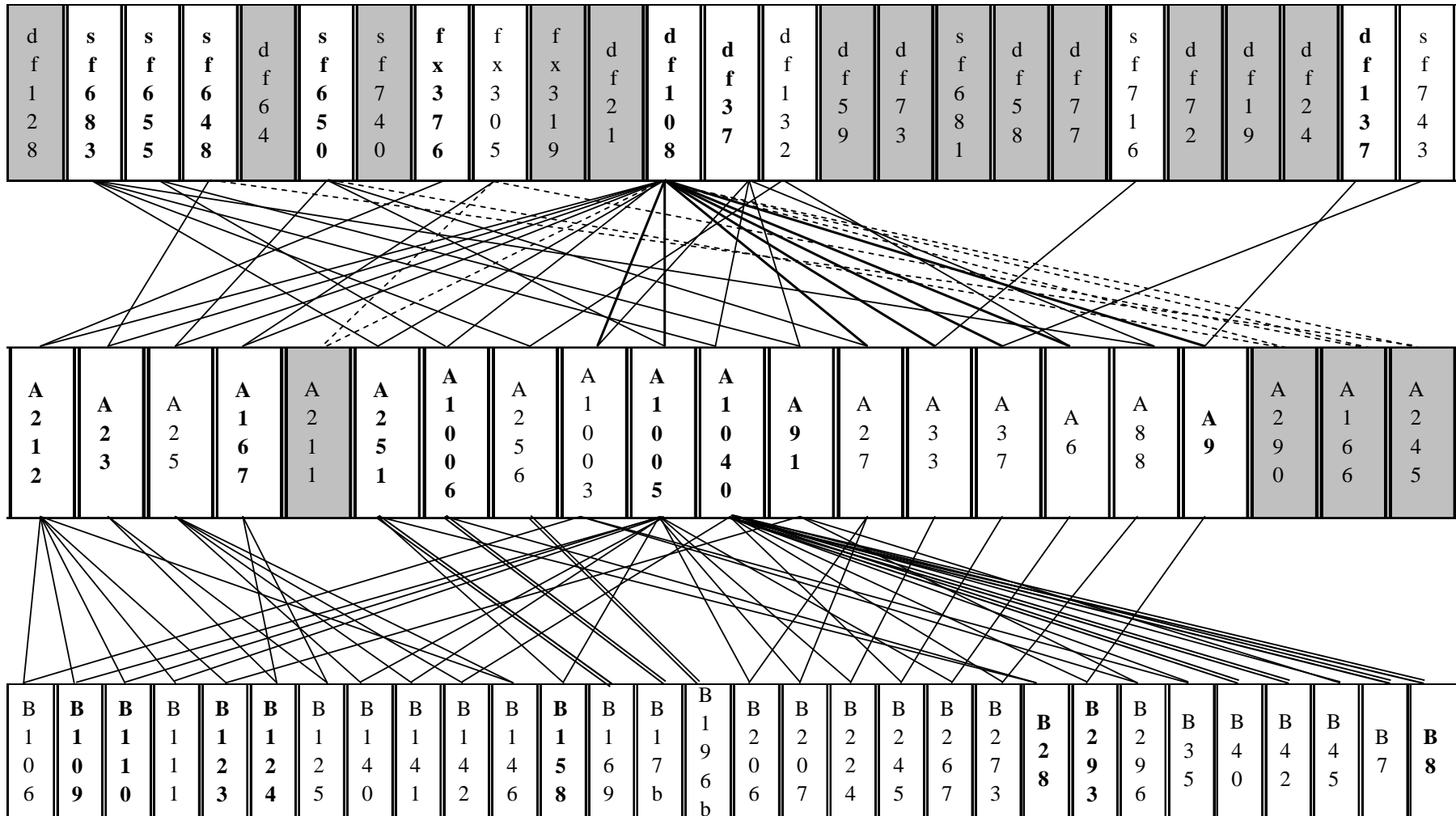


Figure 9 : Pedigree des individus sélectionnés au cours des trois cycles, pour le schéma floraison. En grisé, les individus qui ne contribuent pas au pedigree des individus sélectionnés à la génération suivante (pedigree en pointillés), en gras les individus participant au pedigree des dix derniers individus conservés.

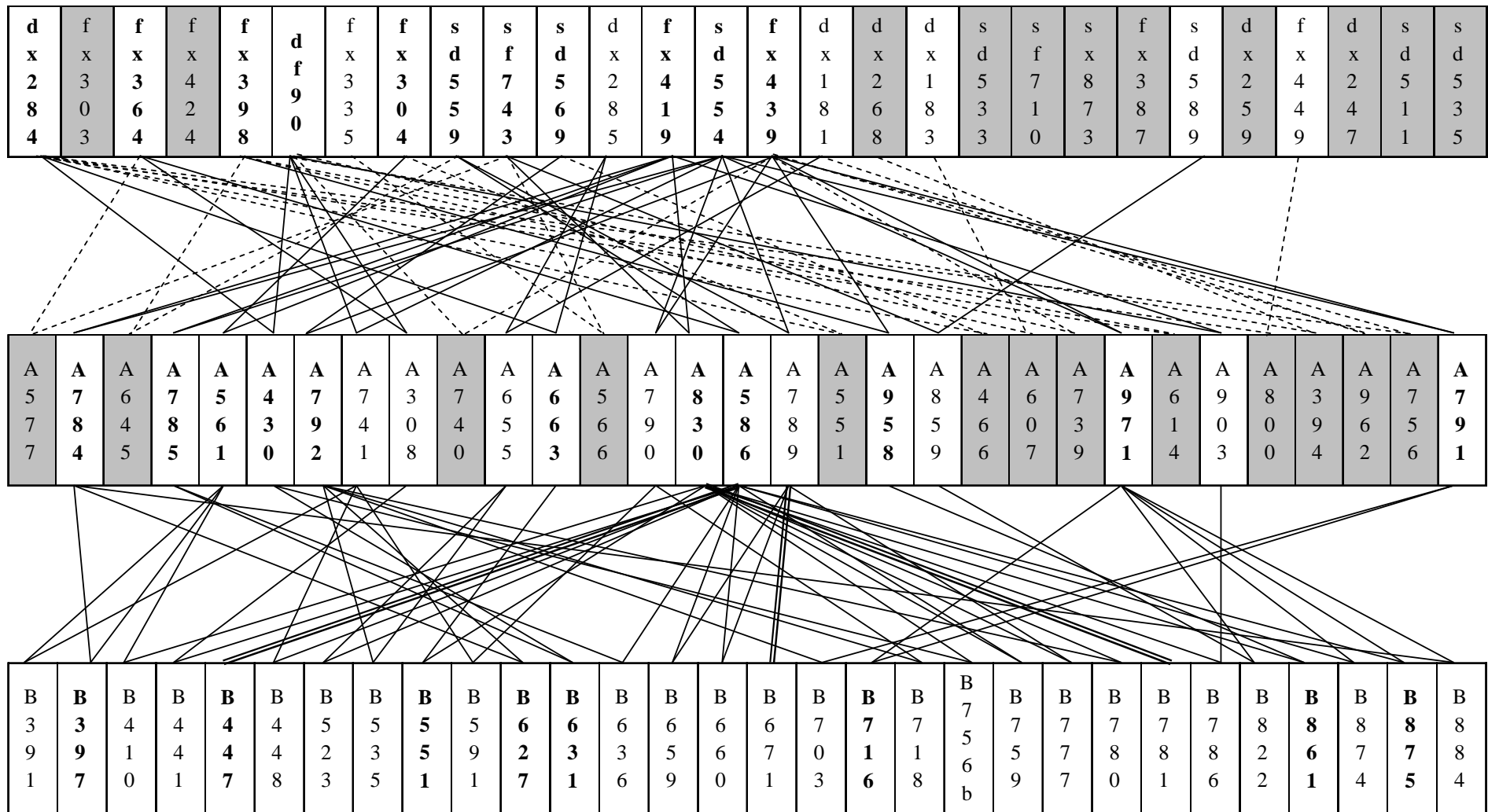


Figure 10 : Pedigree des individus sélectionnés au cours des trois cycles, pour le schéma floration. En grisé, les individus qui ne contribuent pas au pedigree des individus sélectionnés à la génération suivante (pedigree en pointillés), en gras les individus participant au pedigree des dix derniers individus conservés.

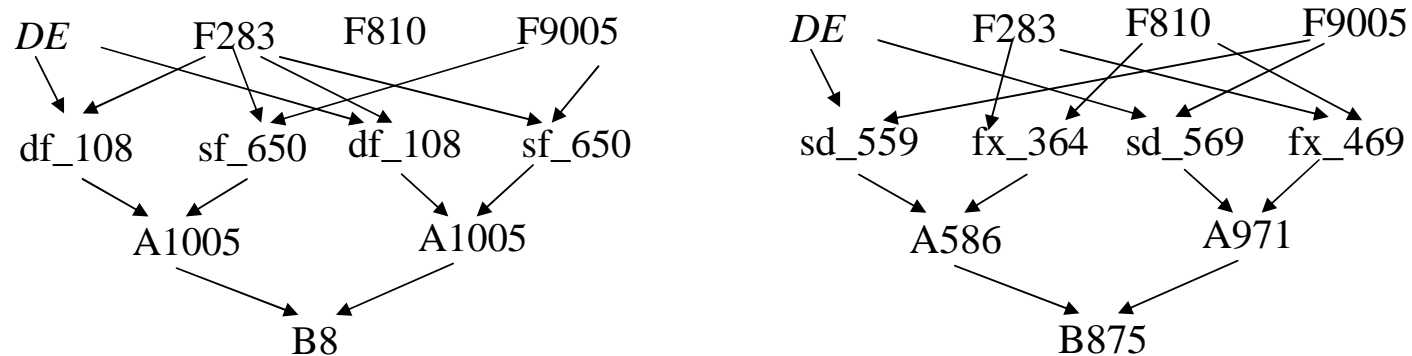


Figure 11 : Représentation du pedigree des meilleurs individus de chaque schéma de sélection, B8 pour la floraison et B875 pour le rendement.

Tableau 1 : Nombre de F_2 (nF2) dans le pedigree, taille efficace (Ne et rapport entre les deux pour les 3 populations produites.

Population	Génération	Floraison			Rendement		
		nF2	Ne	Ne/nF2	nF2	Ne	Ne/nF2
C	1	25	13.58	0.54	28	21.20	0.76
C+M	2	14	6.10	0.44	16	8.82	0.55
C+M+M produits	3	9	3.64	0.40	11	6.66	0.61

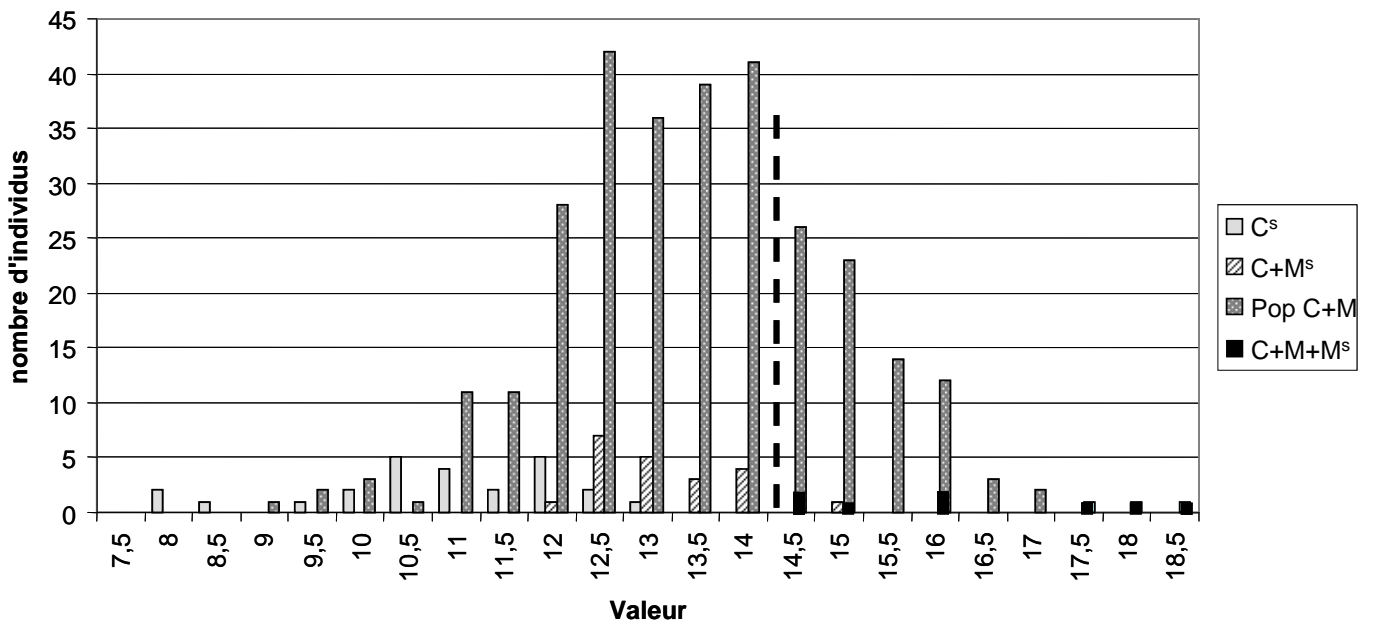


Figure 12 : Distribution des individus de la population C+M et des individus sélectionnés au cours des 3 cycles pour le schéma floraison, en fonction de leur valeur génétique.

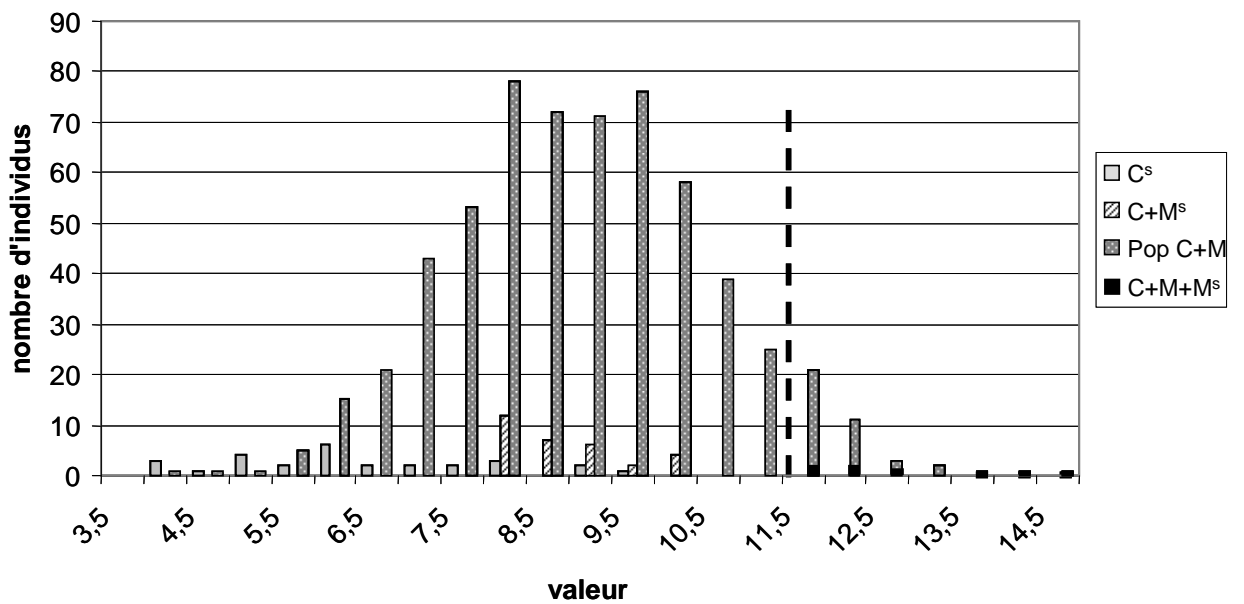


Figure 13 : Distribution de la valeur des individus de la population C+M et des individus sélectionnés au cours des 3 cycles pour le schéma rendement, en fonction de leur valeur génétique.

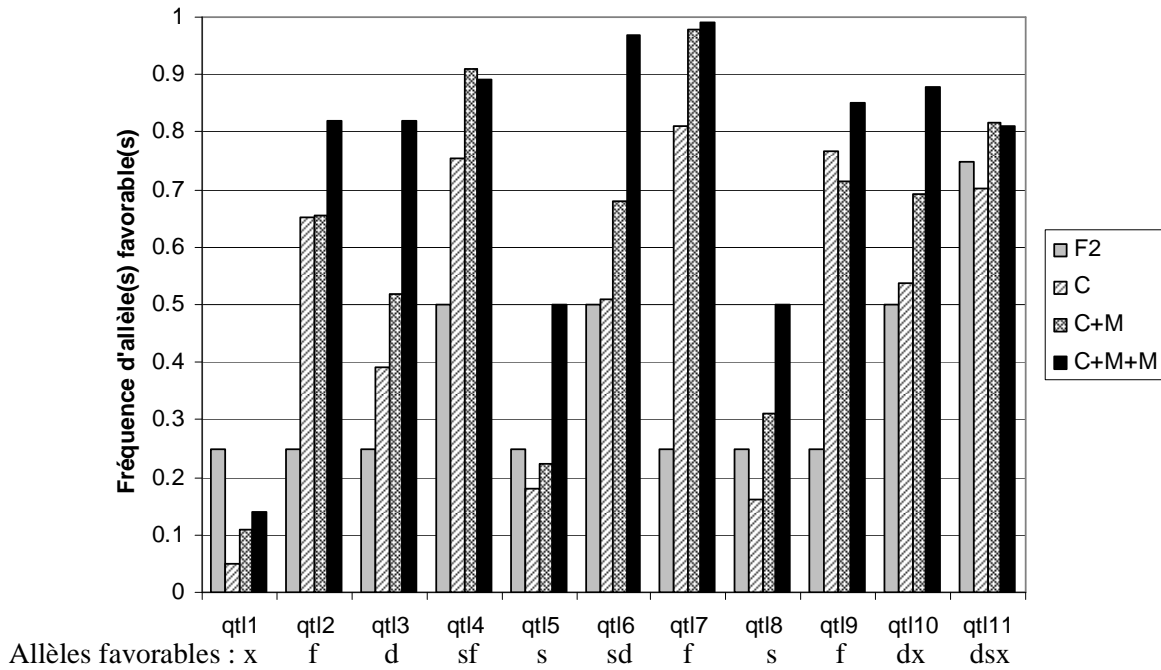


Figure 14 : Evolution de la fréquence d'allèle(s) favorable(s) pour les QTL de floraison, en moyenne sur les différentes populations.

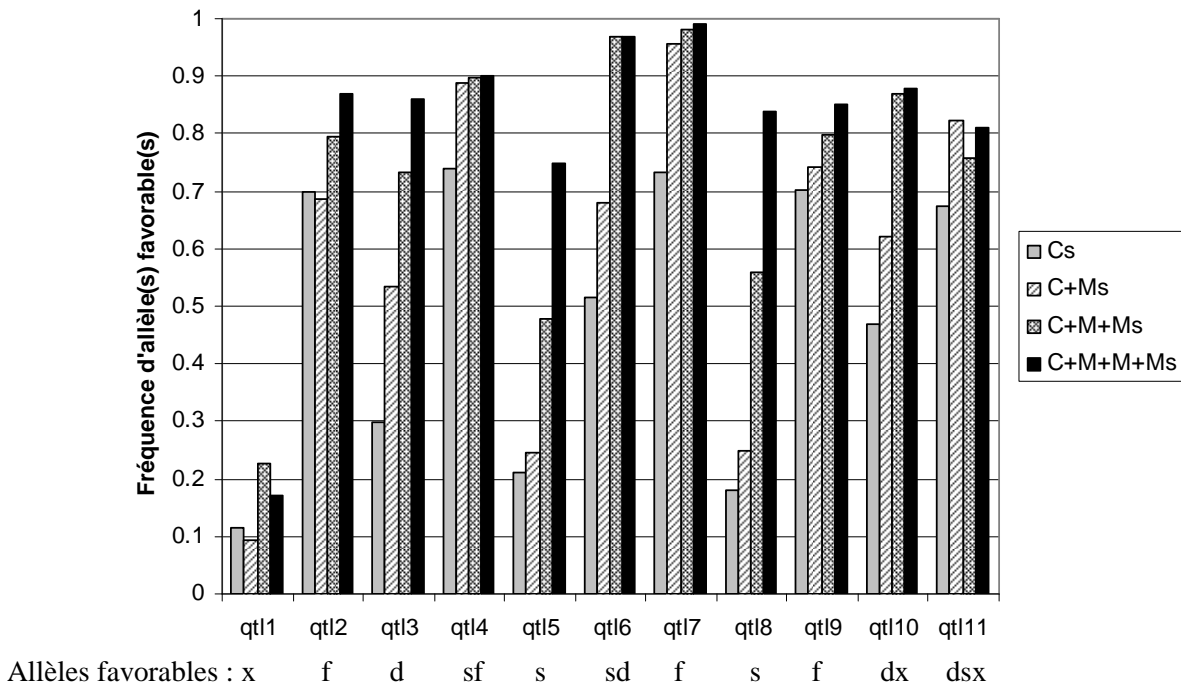
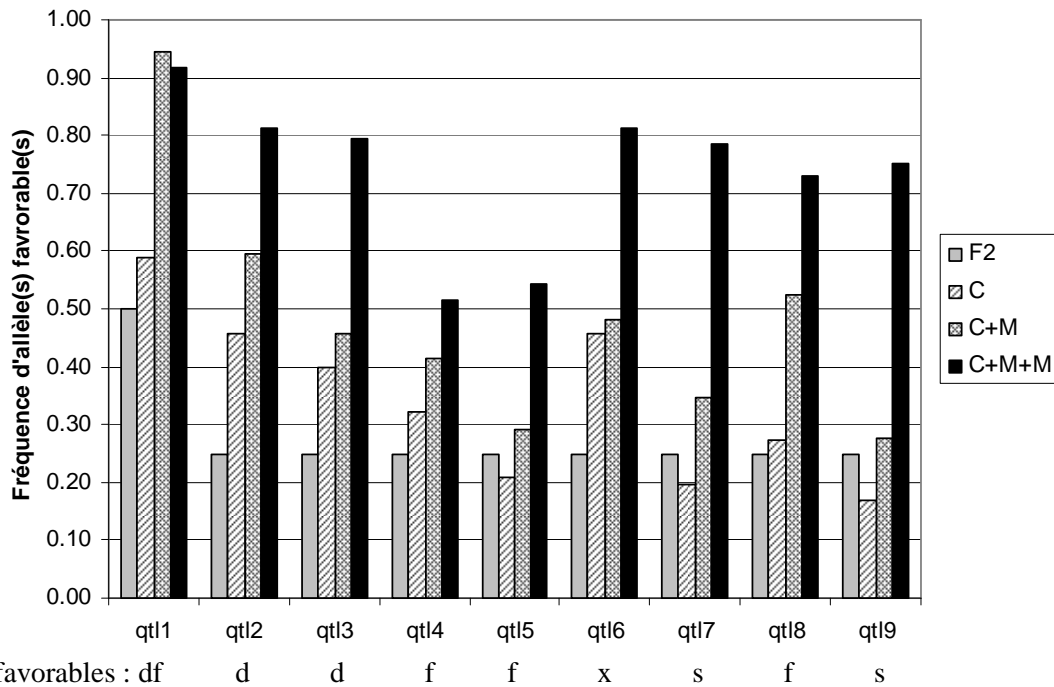
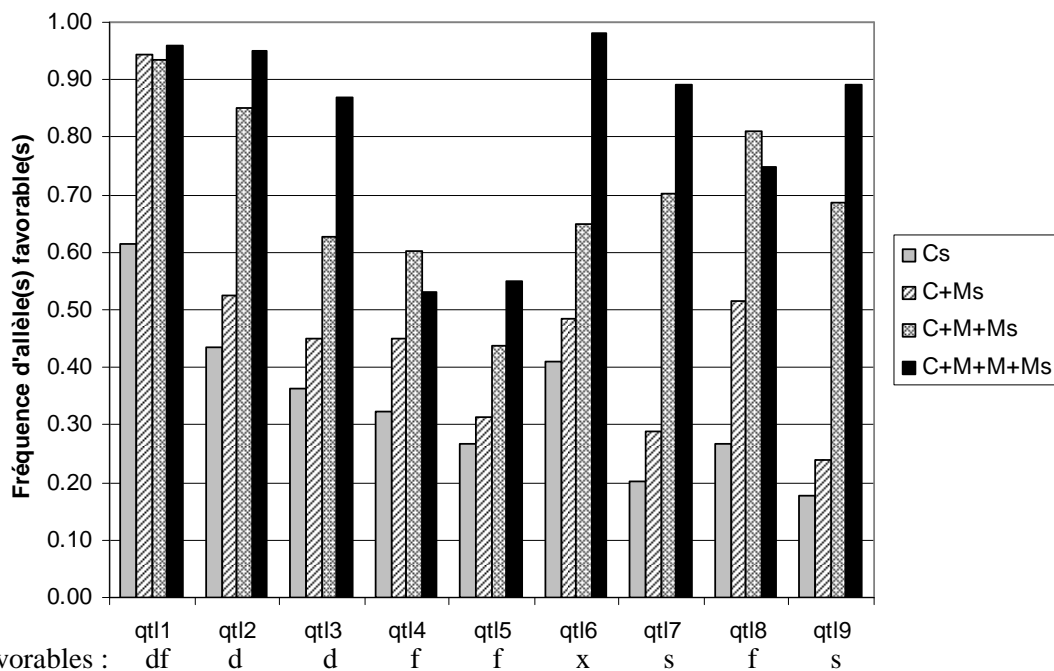


Figure 15 : Evolution de la fréquence d'allèle(s) favorable(s) pour les QTL de floraison, en moyenne sur les individus sélectionnés.



Allèles favorables : df d d f f x s f s

Figure 16 : Evolution de la fréquence d'allèle(s) favorable(s) pour les QTL de l'index (schéma de sélection sur le rendement), en moyenne sur les différentes populations.



Allèles favorables : df d d f f x s f s

Figure 17 : Evolution de la fréquence d'allèle(s) favorable(s) pour les QTL de l'index (schéma de sélection sur le rendement), en moyenne sur les individus sélectionnés.

Tableau 2 : Moyenne et coefficients de variation des essais de progrès génétique, sur les différents caractères mesurés.

Campagne 2004.

Code	Entreprise	Lieu d'essai		Rendement	Humidité	Floraison femelle	Floraison mâle	Asi	Fréquence Verse Pyrale	Fréquence Verse Récolte
1	Euralis	Blois	Moyenne	92,44	27,22	201,57				
			C.V.	6,65	2,18	0,30				
2	Maïsadour	Rhodon	Moyenne	98,25	27,48	200,99	200,16	0,83		0,88
			C.V.	5,26	3,46	0,43	3,24	769,8		117,86
3	R2N	Villampuy	Moyenne	102,98	28,00	202,46			7,12	
			C.V.	5,39	5,09	0,39			59,53	
4	SDME KWS	Chartres	Moyenne	101,75	33,84	206,45	203,77	2,67		0,81
			C.V.	4,18	2,21	0,44	0,36	37,84		116,70
5	INRA	Lusignan	Moyenne	87,62	26,70	202,43	198,95	3,47		1,70
			C.V.	7,54	1,70	0,38	0,37	24,32		160,15
6	INRA	Mons	Moyenne	86,00	34,38	209,96	208,36	1,60	4,32	1,01
			C.V.	7,76	1,37	0,40	0,36	43,77	82,01	177,96
7	INRA	Moulon	Moyenne	104,65	27,51	206,77	205,89	0,87		3,83
			C.V.	3,94	2,27	0,29	0,30	64,72		82,66
8	INRA	Rennes	Moyenne	94,97	35,96	212,08	207,06	5,02		
			C.V.	4,56	2,75	0,30	0,38	19,34		

Campagne 2005.

Code	Entreprise	Lieu d'essai		Rendement	Humidité	Floraison femelle	Floraison mâle	Asi	Fréquence Verse Pyrale	Fréquence Verse Récolte
9	Caussade	Chartres	Moyenne	97.34	24.15	200.91				
			C.V. après correction	5.06	2.50	0.55				
10	Limagrain	Corné	Moyenne	83.94	25.28	202.86	200.78	2.09		
			C.V. après correction	10.48	4.96	1.30	1.28	58.61		
11	Pioneer	Oucques	Moyenne	94.79	29.99					4.6:
			C.V. après correction	7.06	3.18					99.6
12	Syngenta		Moyenne	76.02	24.31	200.98				
			C.V. après correction	13.93	4.67	2.43				
13	INRA	Lusignan	Moyenne	112.66	22.27	196.65	195.10	1.83		1.5:
			C.V. après correction	7.46	2.22	0.49	0.47	57.75		120.0
14	INRA	Mons	Moyenne	76.02	33.82	213.17	212.76	0.41		4.4:
			C.V. après correction	8.38	1.50	0.60	0.66	288.34		69.3
15	INRA	Moulon	Moyenne	101.23	31.94	203.49	202.12	1.28		0.3:
			C.V. après correction	4.66	3.22	0.52	0.44	61.28		277.:
16	INRA	Rennes	Moyenne	74.86	34.02	208.71	204.60	3.92	3.07	
			C.V. après correction	11.39	6.29	0.43	0.42	20.99		

Tableau 3 : Corrélations entre caractères sur tous les essais.

Campagne 2004.

	Humidité	Rendement	Floraison femelle	Floraison mâle	Verse Pyrale	Verse récolte
Humidité	1.00					
Rendement	0.55***	1.00				
Floraison femelle	0.57***	0.58***	1.00			
Floraison mâle	0.53***	0.62***	0.94***	1.00		
Verse Pyrale	0.19**	0.18**	0.13ns	0.11ns	1.00	
Verse récolte	-0.13ns	-0.05ns	-0.02ns	-0.005ns	0.37***	1.00

Campagne 2005.

	Humidité	Rendement	Floraison femelle	Floraison mâle	Verse récolte
Humidité	1.00				
Rendement	0.37***	1.00			
Floraison femelle	0.50***	0.52***	1.00		
Floraison mâle	0.41***	0.43***	0.88***	1.00	
Verse récolte	-0.15*	-0.09ns	-0.01ns	0.04ns	1.00

* significatif à 10 %

** significatif à 5 %

*** significatif à 0,01 %

ns : non significatif

Tableau 4 : Moyennes ajustées sur les 16 lieux d'essais (deux années) pour la date de floraison femelle, le rendement et l'humidité, pour les différentes populations ou en moyenne sur les individus sélectionnés par cycle.

Type	Génotype	Humidité	Rendement	Index	Floraison femelle	Floraison mâle
Témoins	DEA	30.92	93.33	16.03	202.70	201.14
	Anjou285	27.13	110.51	42.70	204.28	204.31
Lignées	<i>DE</i>	28.20	93.13	22.62	204.11	202.97
	F283	29.95	98.02	23.14	206.08	204.27
	F810	28.45	91.63	20.51	205.59	204.41
	F9005	32.52	93.42	12.11	210.17	208.68
Hybride F ₁	<i>DE</i> *F283	29.01	95.59	23.08	204.75	201.79
	<i>DE</i> *F810	29.57	94.70	20.78	206.09	204.61
	F283*F810	30.74	100.18	23.33	207.23	205.87
	F9005* <i>DE</i>	28.17	92.20	21.77	203.74	202.45
	F9005*F283	29.88	96.48	21.80	205.97	204.58
	F9005*F810	29.39	94.89	21.43	205.73	204.62
	Moyenne F ₁	29.46	95.68	22.03	205.59	203.99
Population F ₂ (pool)	<i>DE</i> *F283	29.46	94.77	21.12	204.10	202.98
	<i>DE</i> *F810	29.65	93.74	19.63	206.03	205.03
	F283*F810	30.59	98.80	22.33	206.44	205.32
	F9005* <i>DE</i>	28.60	93.93	22.43	204.27	202.93
	F9005*F283	29.40	93.56	20.06	204.40	203.21
	F9005*F810	30.03	93.39	18.32	206.04	204.71
	Moyenne F ₂	29.62	94.70	20.65	205.21	204.03
Individus sélectionnés C ^s	Moyenne Cs flo	29.12	91.77	18.96	203.55	202.51
	Moyenne Cs rdt	29.35	96.01	22.65	205.69	204.73
Population C (pool)	C_flo	29.25	93.98	20.85	203.38	202.08
	C_rdt	29.63	96.23	22.15	205.59	204.11
Individus sélectionnés C+M ^s	Moyenne C+Ms flo	28.49	92.48	21.25	202.89	202.00
	Moyenne C+Ms rdt	29.47	96.84	23.16	205.66	204.60
Population C+M	CM_flo	28.41	94.01	22.99	202.91	202.20
	CM_rdt	29.73	100.11	25.78	205.92	204.38
30 Individus sélectionnés C+M+M ^s	Moyenne C+M+Ms flo	28.14	90.94	20.59	202.25	201.58
	Moyenne C+M+Ms rdt	28.96	97.88	25.49	204.86	204.05

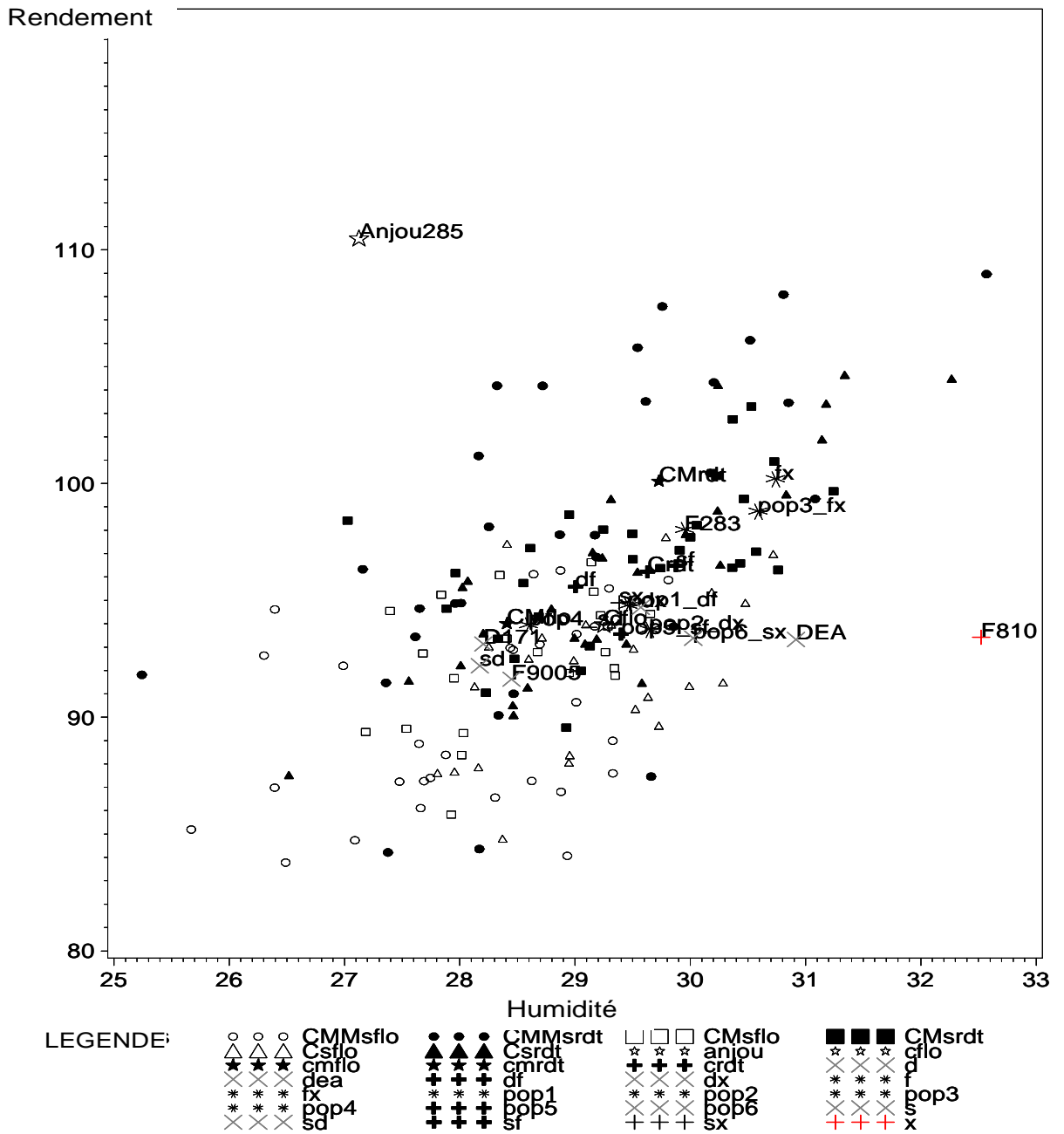


Figure 18 : Rendement en fonction de l'humidité pour les lignées, les hybrides, les populations F₂, et les individus sélectionnés dans les deux schémas.

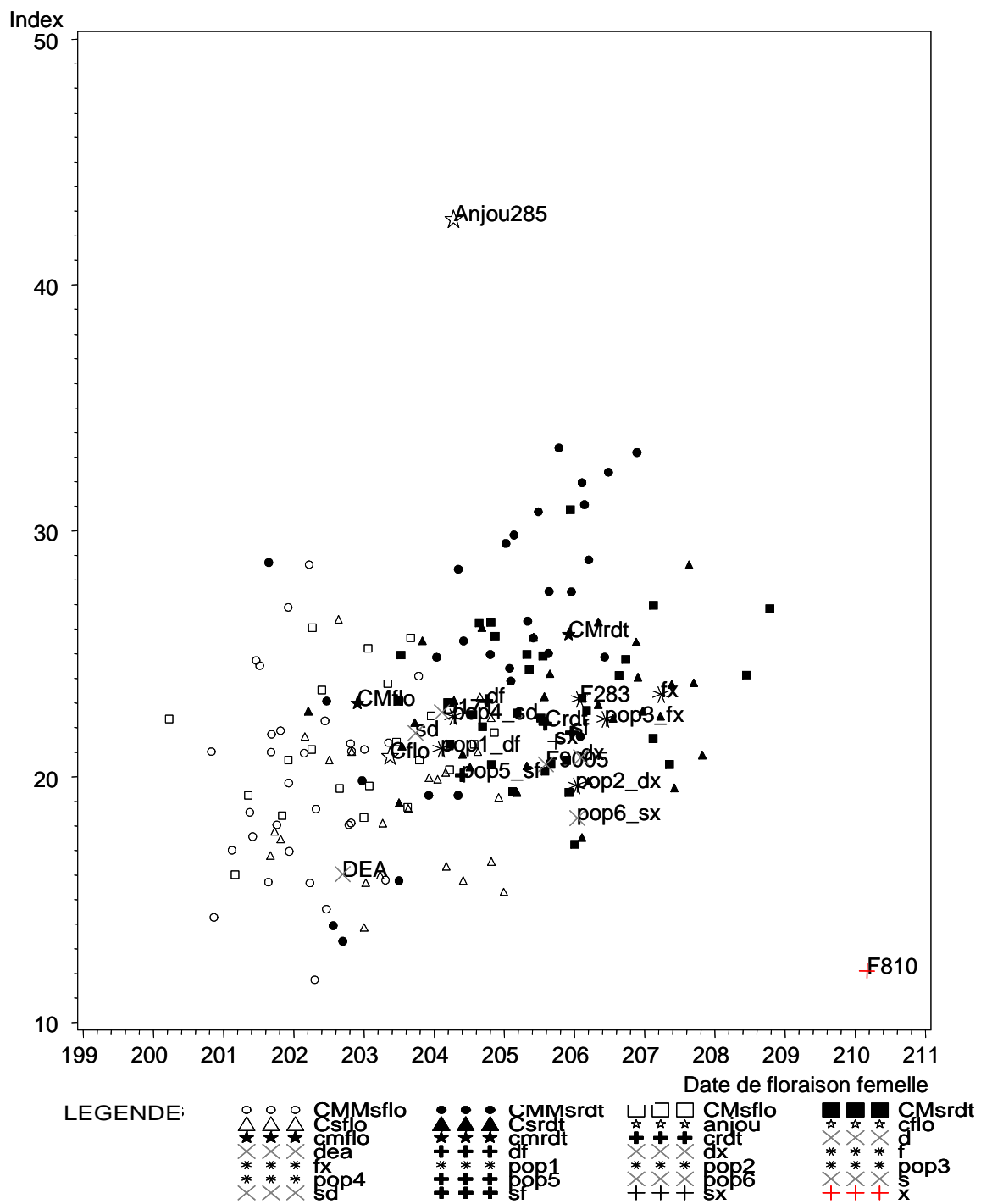


Figure 19 : Index en fonction de la date de floraison femelle pour les lignées, les hybrides, les populations F_2 , et les individus sélectionnés dans les deux schémas.

Tableau 5 : Progrès génétiques attendus et observés sur les différents caractères mesurés pour les deux schémas de sélection, entre les populations ou sur les individus sélectionnés.

Schéma de Caractère sélection			F ₂ à C (Cs)		C (Cs) à C+M (C+Ms)		C+M (C+Ms) à C+M+M (C+M+Ms)		Total	
			Attendu	Observé	Attendu	Observé	Attendu	Observé	Attendu	Observé
Floraison	Floraison (en jours)	Individus sélectionnés	-1.85	-1.66	-1.36	-0.66	-1.08	-0.64	-4.29	-2.96
		Populations	-2.22	-1.84	-1.08	-0.47	-	-	-3.30	-2.31
	Humidité (en%)	Individus sélectionnés	-	-0.50	-	-0.63	-	-0.35	-	-1.48
		Populations	-	-0.37	-	-0.84	-	-	-	-1.21
Rendement	Rendement (en q/ha)	Individus sélectionnés	-	+1.31	-	+0.82	-	+1.04	-	+3.17
		Populations	-	+1.53	-	+3.88	-	-	-	+5.41
	Humidité (en%)	Individus sélectionnés	-	-0.27	-	+0.12	-	-0.52	-	-0.67
		Populations	-	+0.01	-	+0.10	-	-	-	+0.11
	Index	Individus sélectionnés	+1.99	+2.00	+2.80	+0.51	+3.86	+2.33	+8.65	+4.84
		Populations	+2.01	+1.50	+3.10	+3.63	-	-	+5.11	+5.13

Tableau 6 : Corrélation entre les valeurs phénotypiques de floraison femelle et d'humidité observées (moyennes ajustées sur les essais 2004 et 2005) et les valeurs prédites globales ou pour chaque QTL de floraison, pour les populations F₂, les individus sélectionnés et les pools des populations (des deux schémas).

Valeur totale	Floraison Humidité	
	0.79***	0.47***
qtl1	-0.31***	-0.31***
qtl2	0.61***	0.23**
qtl3	0.30***	0.09ns
qtl4	0.63***	0.30***
qtl5	0.45***	0.51***
qtl6	0.59***	0.47***
qtl7	0.62***	0.24**
qtl8	0.43***	0.44***
qtl9	0.61***	0.32***
qtl10	0.22**	-0.04ns
qtl11	0.20***	0.35***

* significatif à 5 %

** significatif à 1 %

*** significatif à 0,1 %

ns : non significatif

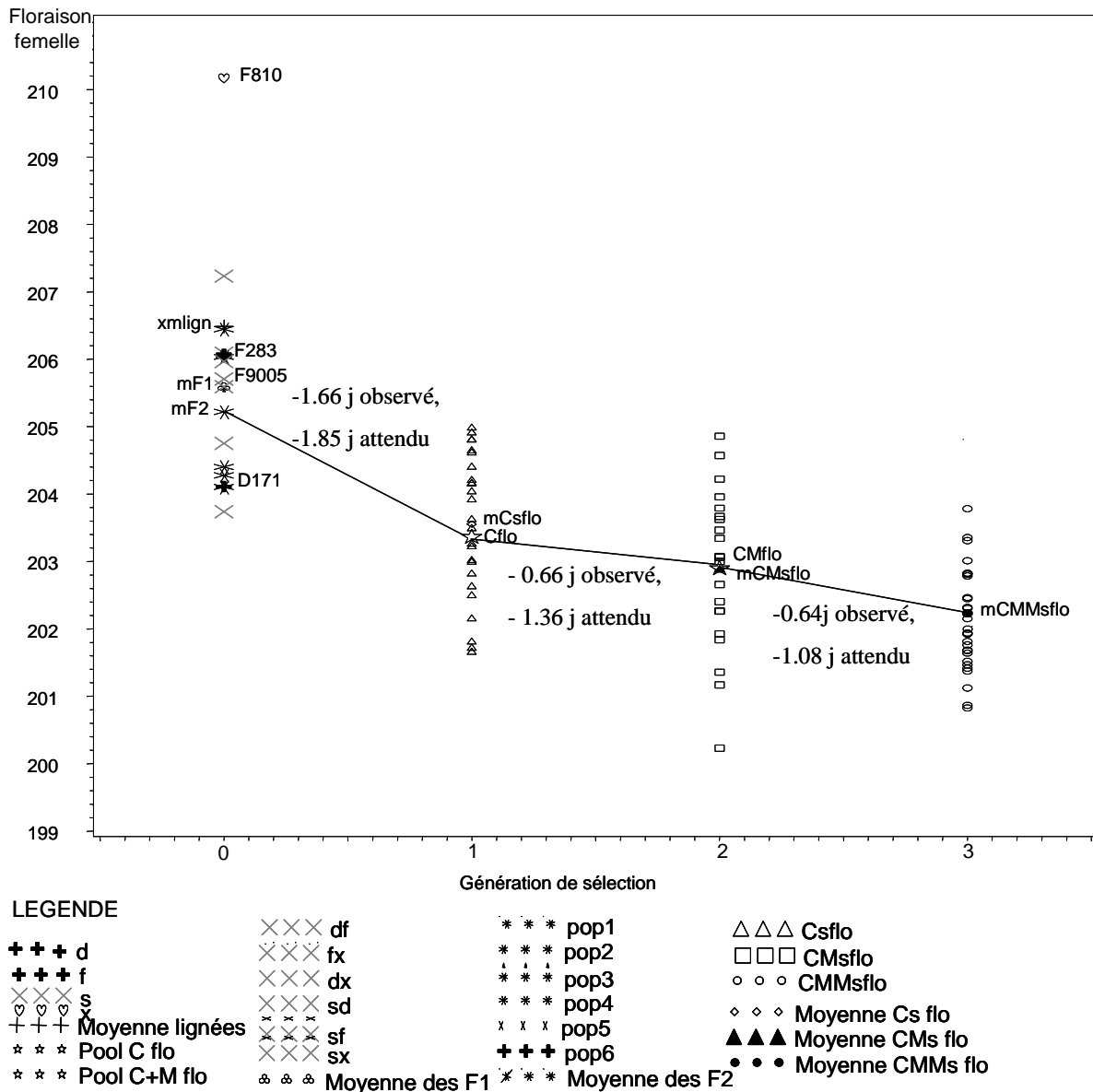
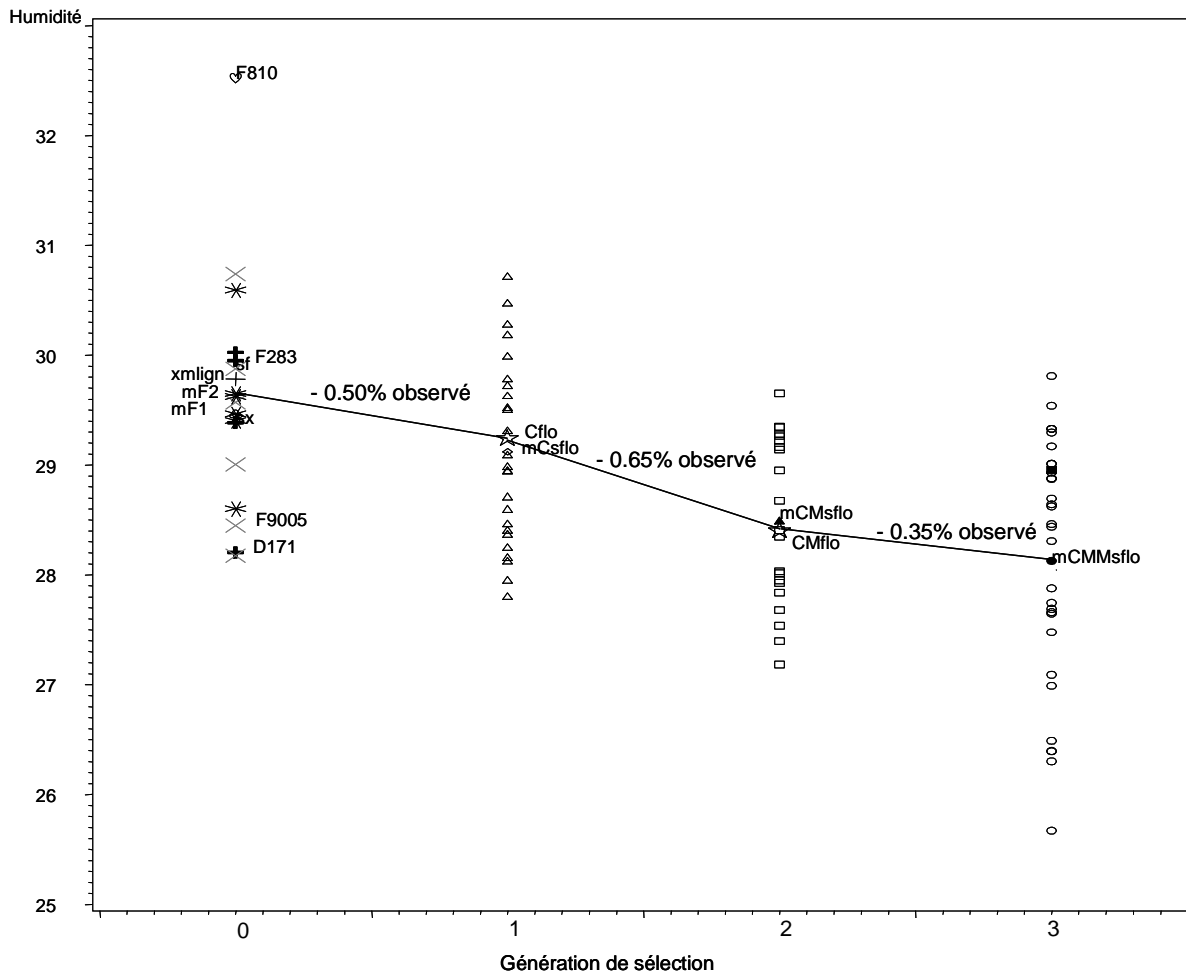


Figure 20 : Courbe de progrès génétique pour la floraison femelle sur le schéma de sélection floraison.



LEGENDE

- | | | | |
|---------------------|--------------------|--------------------|----------------------|
| +++ d | xxxx df | *** pop1 | △△△ Csflo |
| +++ f | xxxx fx | *** pop2 | □□□ CMsflo |
| xxx s | xxxx dx | *** pop3 | ooo CMMsflo |
| +++ Moyenne lignées | xxxx sd | *** pop4 | ◇◇◇ Moyenne Cs flo |
| *** Pool C flo | xxxx sf | xxx pop5 | ▲▲▲ Moyenne CMs flo |
| *** Pool C+M flo | xxxx sx | +++ pop6 | ●●● Moyenne CMMs flo |
| | ooo Moyenne des F1 | *** Moyenne des F2 | |

Figure 21 : Courbe de progrès génétique pour l'humidité sur le schéma de sélection floraison.

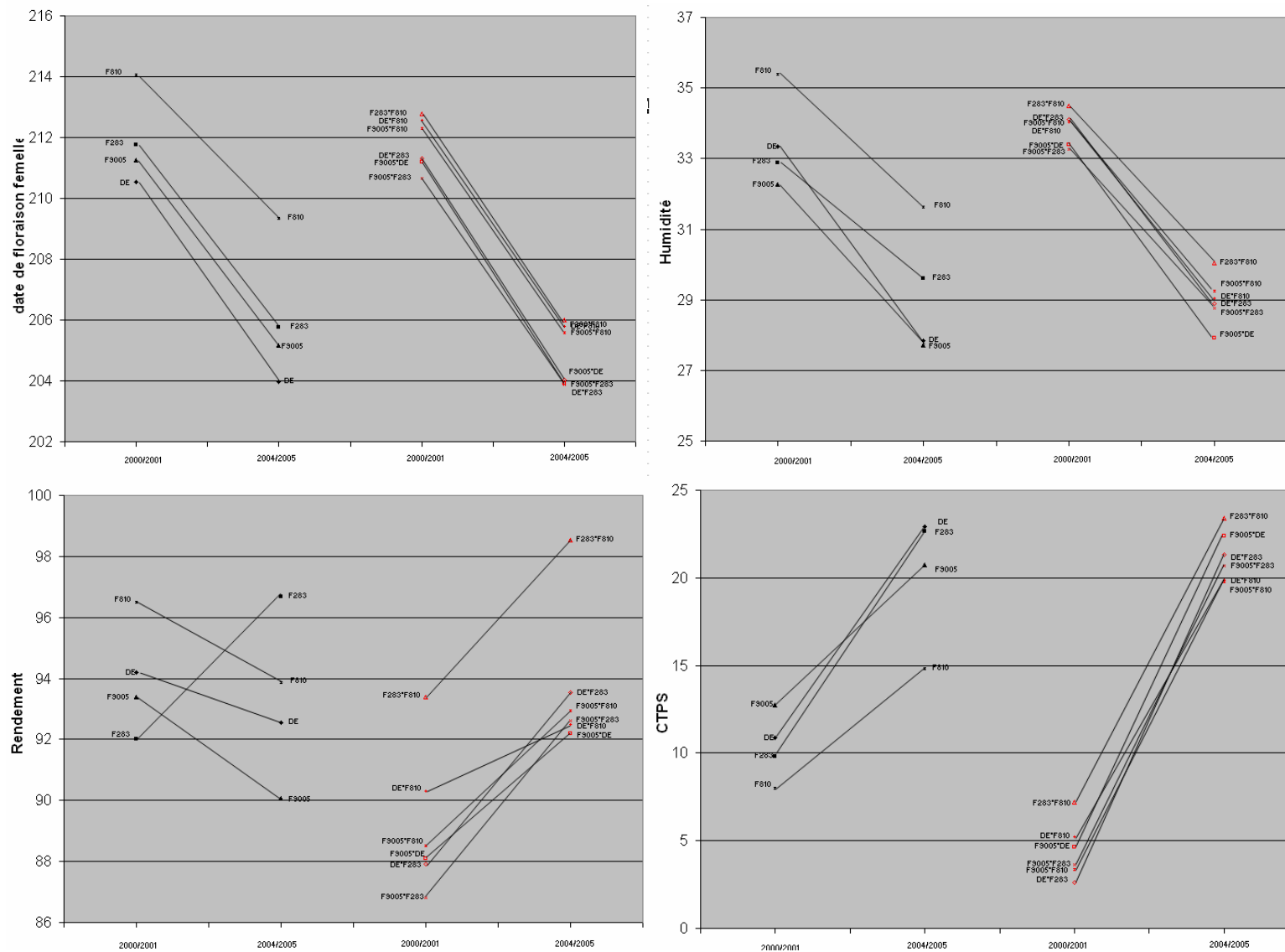


Figure 22 : Comparaison de la date de floraison femelle, de l'humidité, du rendement et de l'index sur les lignées (à gauche) et les populations F₂ (à droite) entre les essais 2000/2001 et les essais 2004/2005.

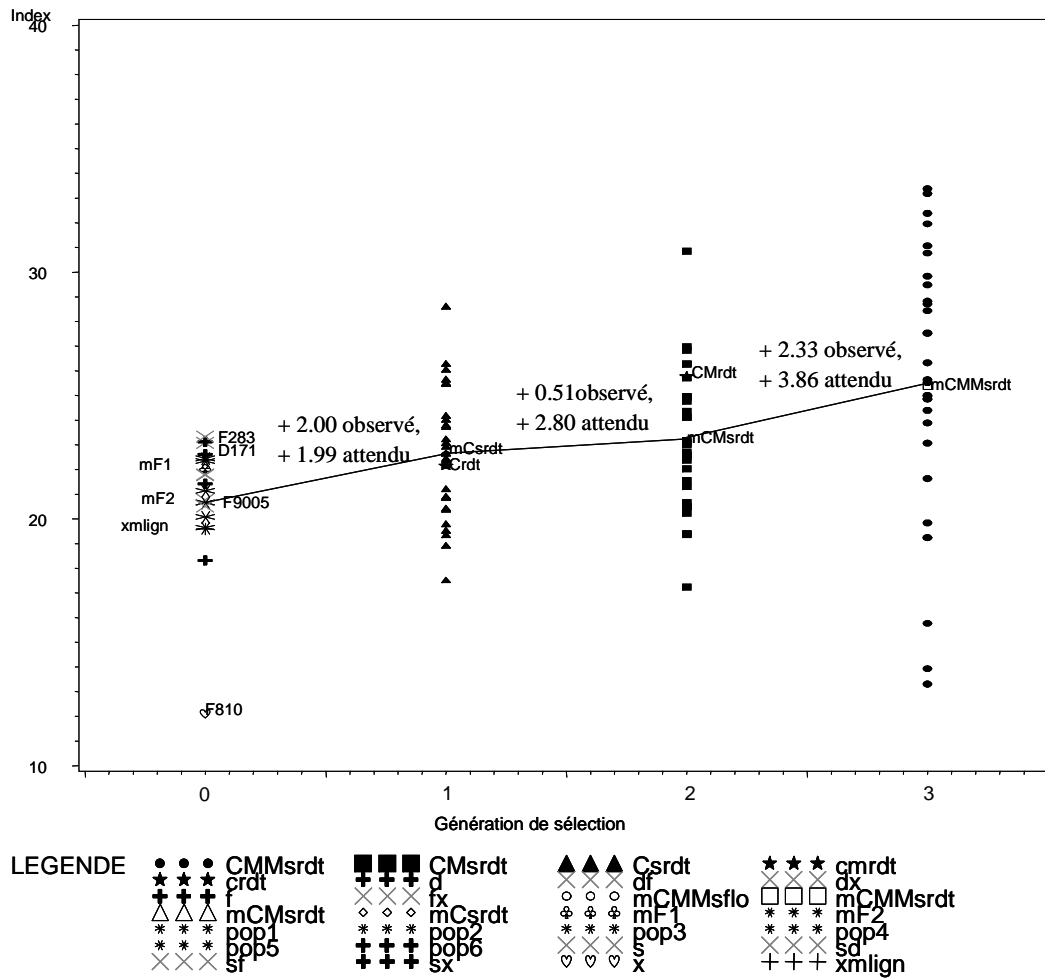


Figure 23 : Courbe de progrès génétique pour l'index pour le schéma de sélection sur le rendement.

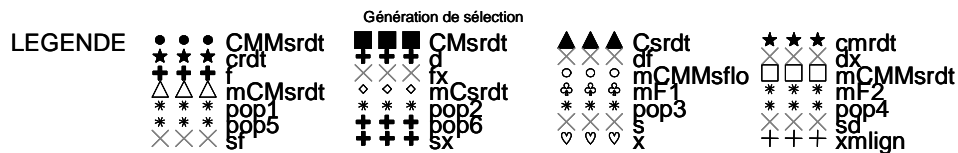
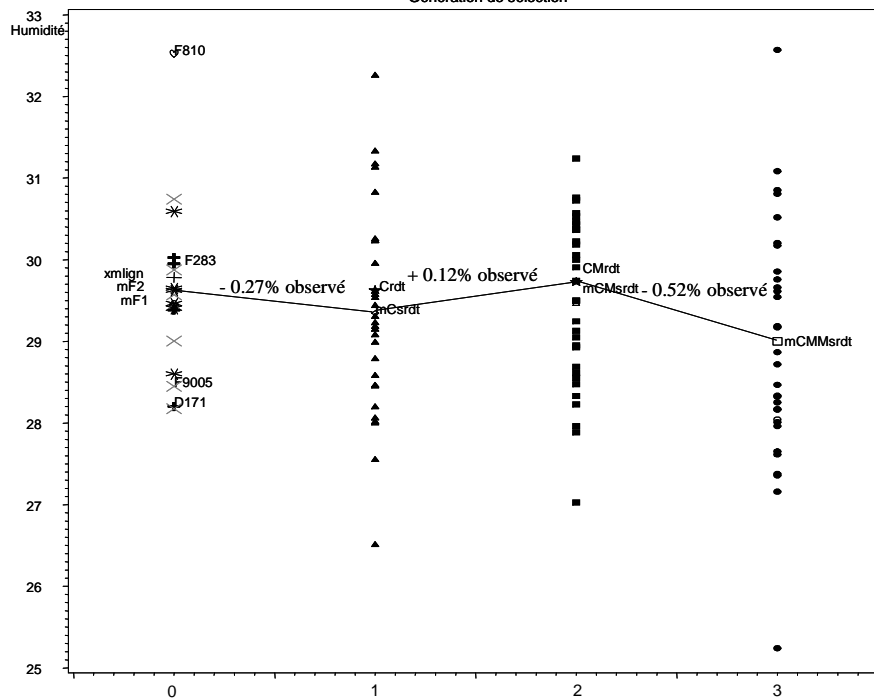
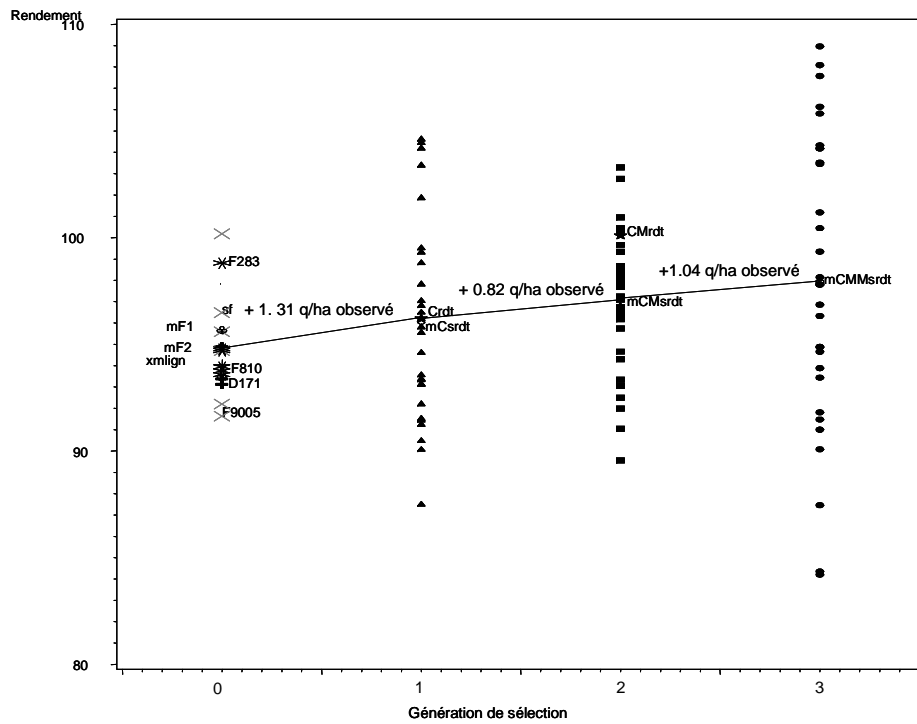
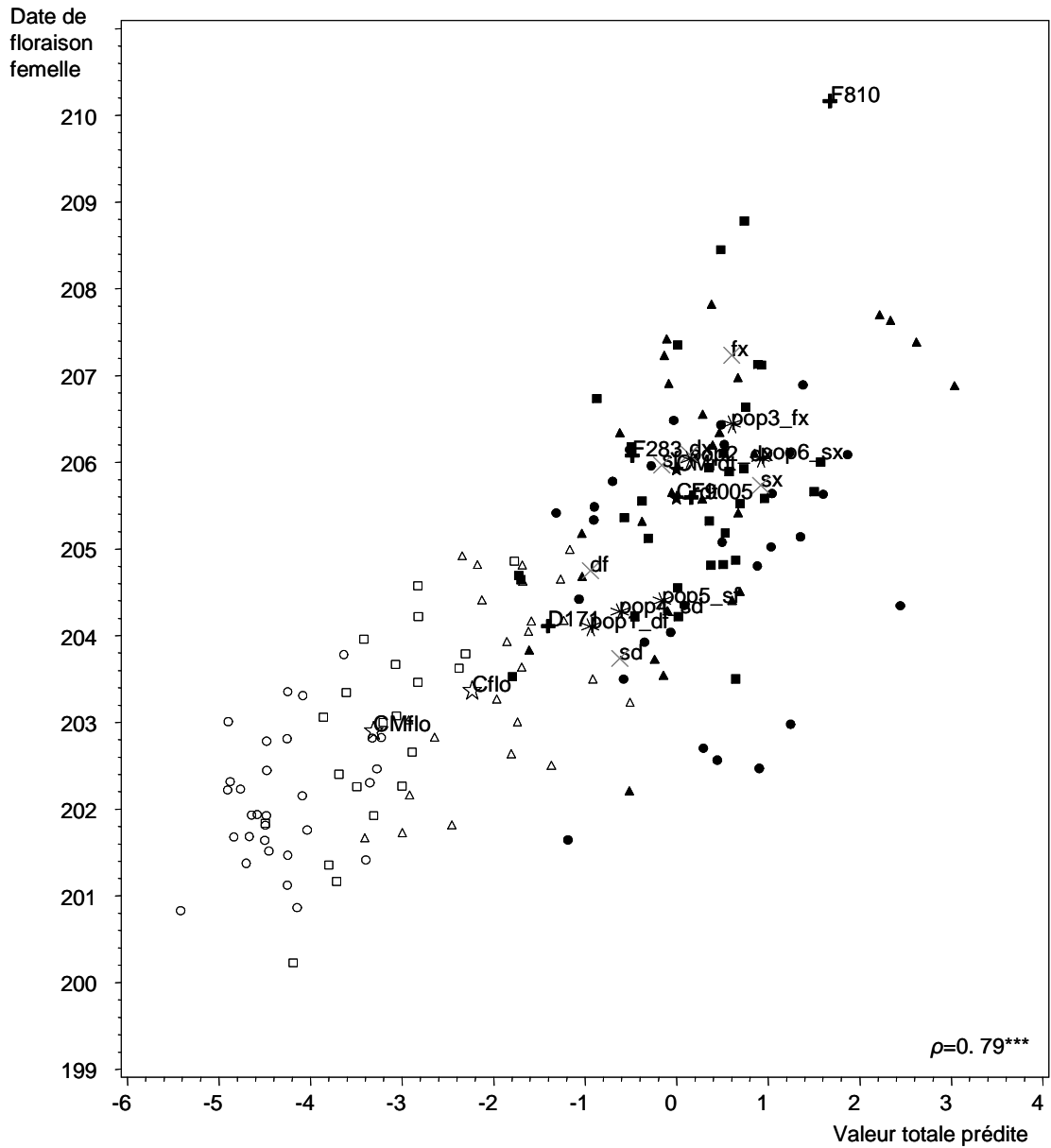
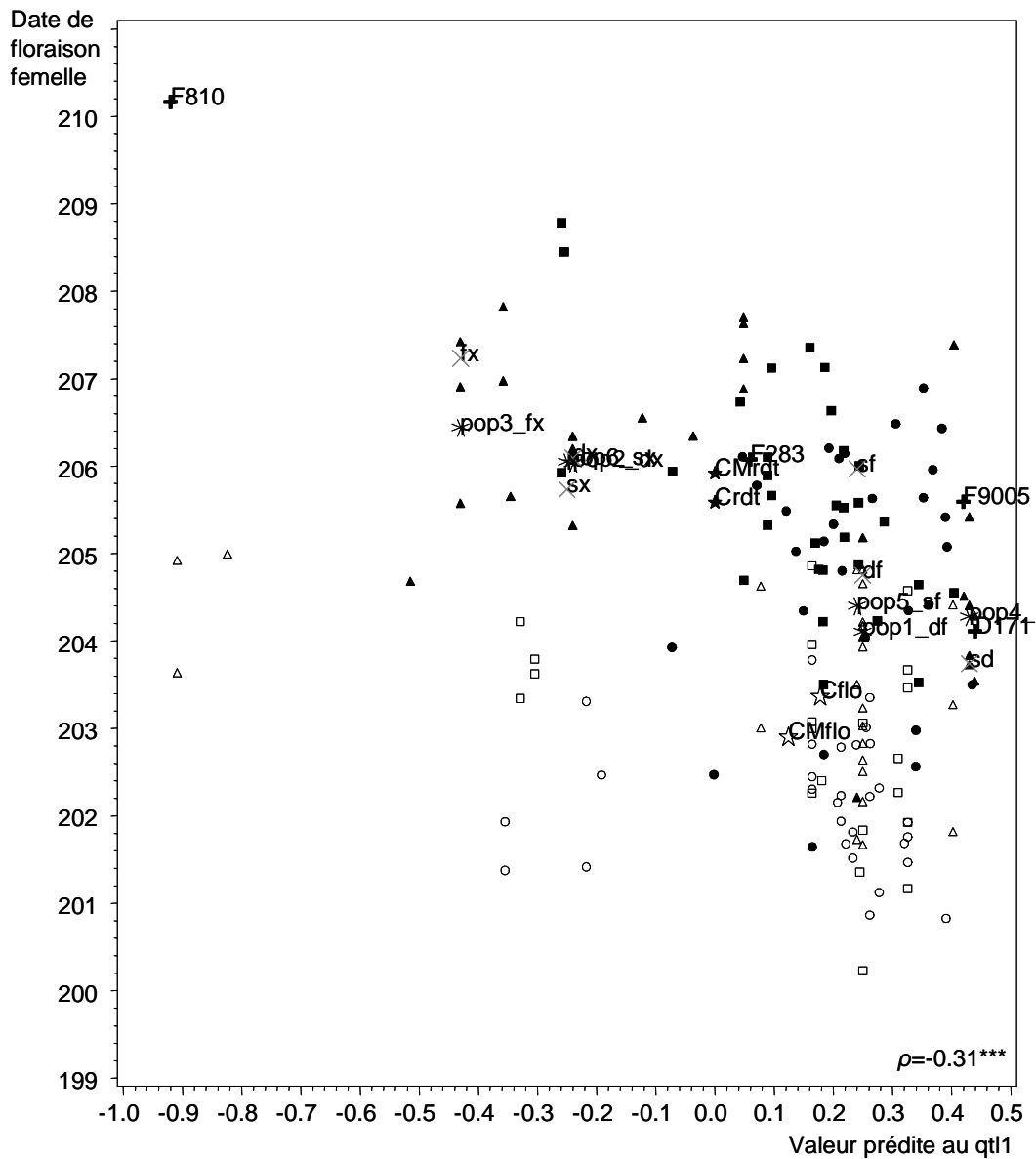


Figure 24 : Courbe de progrès génétique pour le rendement et l'humidité pour le schéma de sélection sur le rendement.



- LEGENDE**
- | | |
|------------------------|--|
| +++ Lignées parentales | △△△ C ^s flo |
| xxx Hybrides F1 | □□□ C ^M ^s flo |
| *** Populations F2 | ○○○ C ^M ^M ^s flo |
| ☆☆☆ Pool C flo | ▲▲▲ C ^s rdt |
| ☆☆☆ Pool C+M flo | ■ ■ ■ C ^M ^s rdt |
| ☆☆☆ Pool C rdt | ● ● ● C ^M ^M ^s rdt |
| ☆☆☆ Pool C+M rdt | |

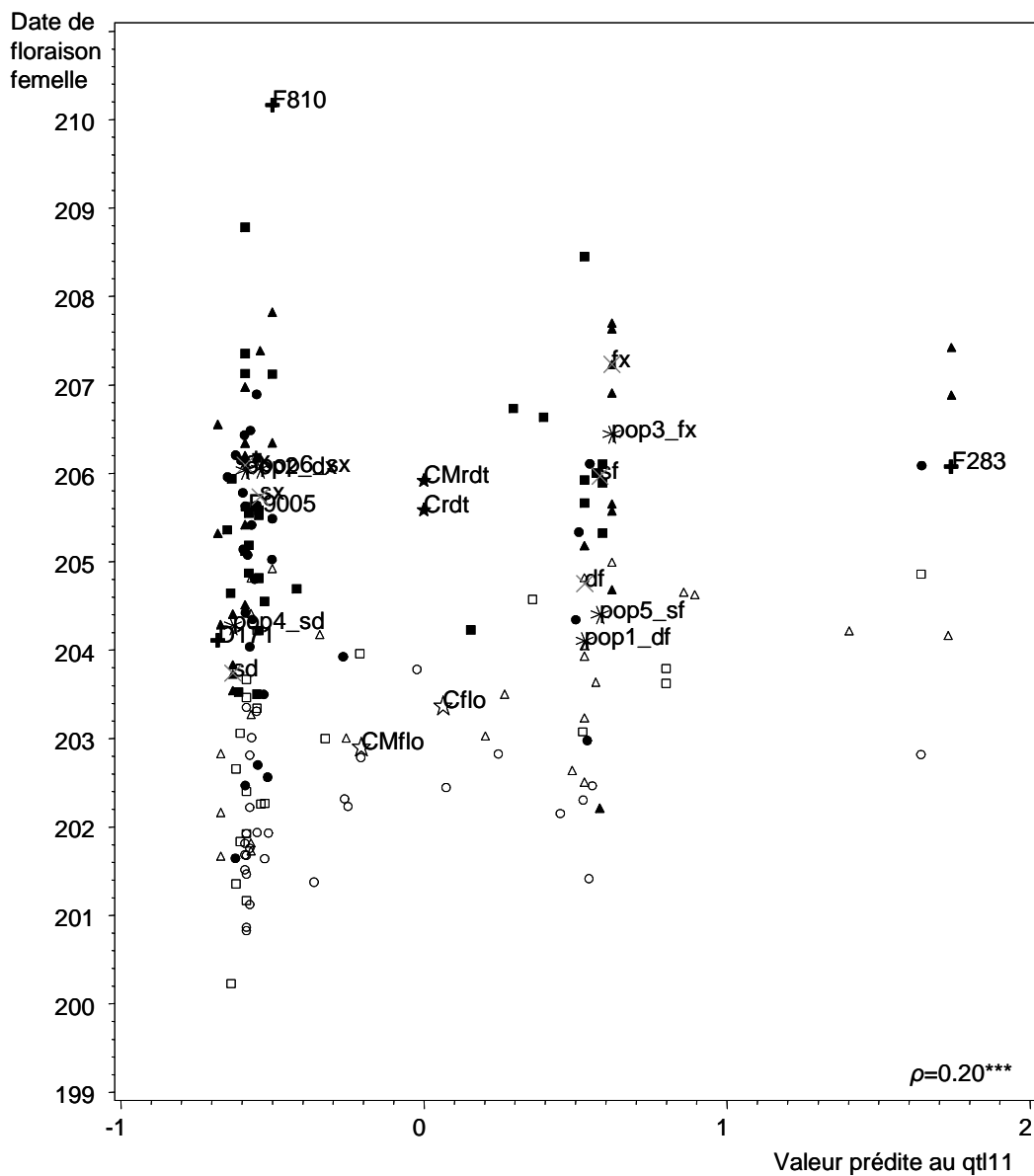
Figure 25 : Représentation de la date de floraison femelle en fonction de la valeur totale prédite sur les QTL de floraison, en fonction des différents types de génotypes observés.



LEGENDE

- | | |
|------------------------|----------------------------|
| +++ Lignées parentales | △△△ C ^s flo |
| ××× Hybrides F1 | □□□ CM ^s flo |
| *** Populations F2 | ○○○ CMM ^s flo |
| ☆☆☆ Pool C flo | ▲▲▲ C ^s rdt |
| ☆☆☆ Pool C+M flo | ■ ■ ■ CM ^s rdt |
| ☆☆☆ Pool C rdt | ● ● ● CMM ^s rdt |
| ☆☆☆ Pool C+M rdt | |

Figure 26 : Représentation de la date de floraison femelle en fonction de la valeur prédite au qtl1 de floraison, en fonction des différents types de génotypes observés.



LEGENDE

- | | |
|------------------------|----------------------------|
| +++ Lignées parentales | △△△ C ^s flo |
| ××× Hybrides F1 | □□□ CM ^s flo |
| * * * Populations F2 | ○ ○ ○ CMM ^s flo |
| ☆☆☆ Pool C flo | ▲▲▲ C ^s rdt |
| ☆☆☆ Pool C+M flo | ■ ■ ■ CM ^s rdt |
| ☆☆☆ Pool C rdt | ● ● ● CMM ^s rdt |
| ☆☆☆ Pool C+M rdt | |

Figure 27 : Représentation de la date de floraison femelle en fonction de la valeur prédite au qtl11 de floraison, en fonction des différents types de génotypes observés.

Tableau 7 : Corrélation entre les valeurs phénotypiques observées (de l'index, de rendement et d'humidité) et les valeurs prédites globales ou pour chaque QTL, pour les populations F₂, les individus sélectionnés et les pools des populations (des deux schémas). Les valeurs prédites sont calculées à l'aide des effets additifs des QTL de l'index.

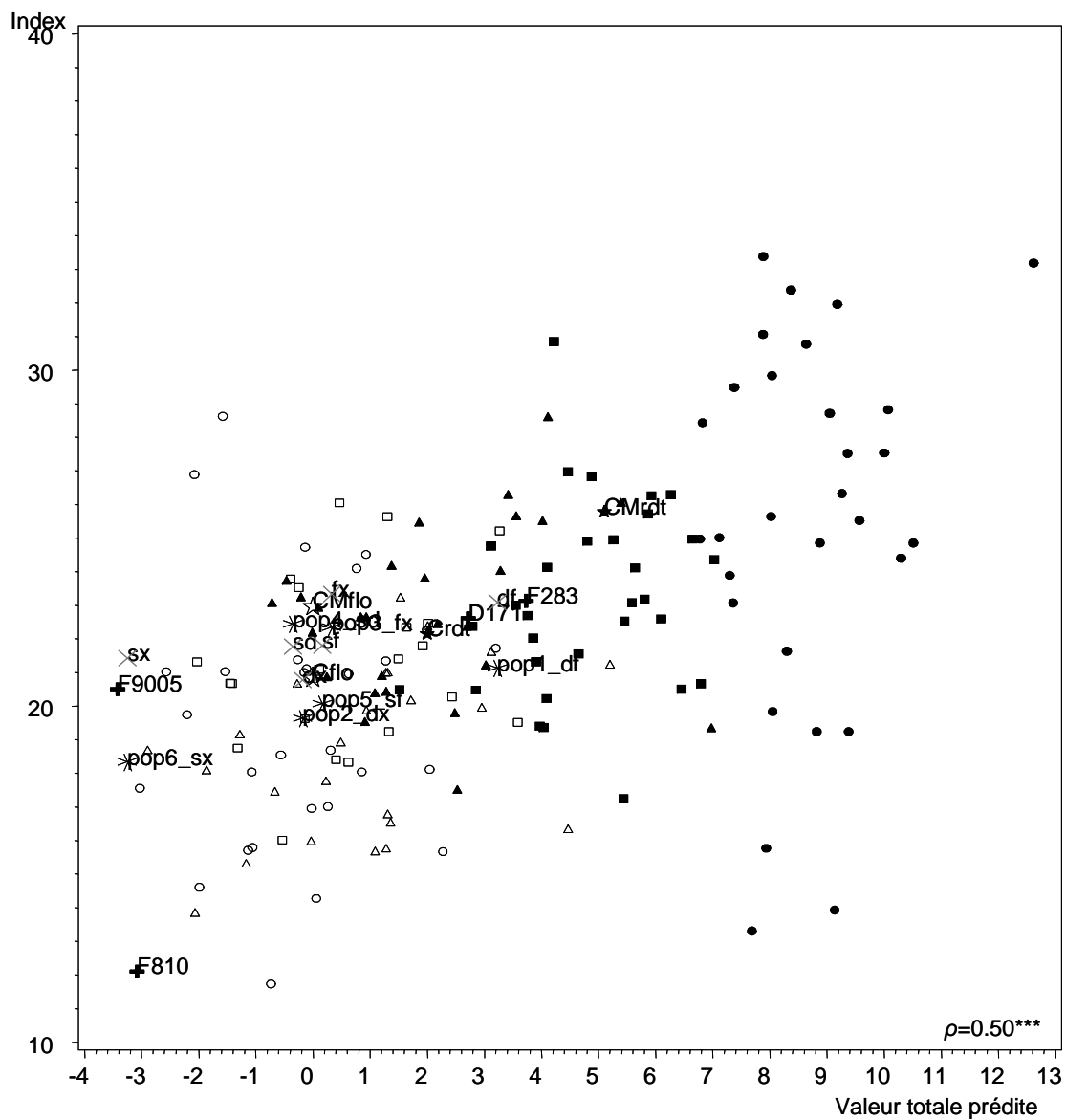
	Index	Rendement	Humidité
Valeur totale	0.50***	0.49***	0.16*
qtl1	0.29***	0.27***	0.06ns
qtl2	0.37***	0.23**	-0.10ns
qtl3	0.31***	0.35***	0.19**
qtl4	0.07ns	-0.04ns	-0.17*
qtl5	0.00ns	0.05ns	0.08ns
qtl6	0.34***	0.59***	0.55***
qtl7	0.03ns	-0.17*	-0.34***
qtl8	0.20**	0.40***	0.41***
qtl9	0.16*	0.01ns	-0.19*

* significatif à 5 %

** significatif à 1 %

*** significatif à 0,1 %

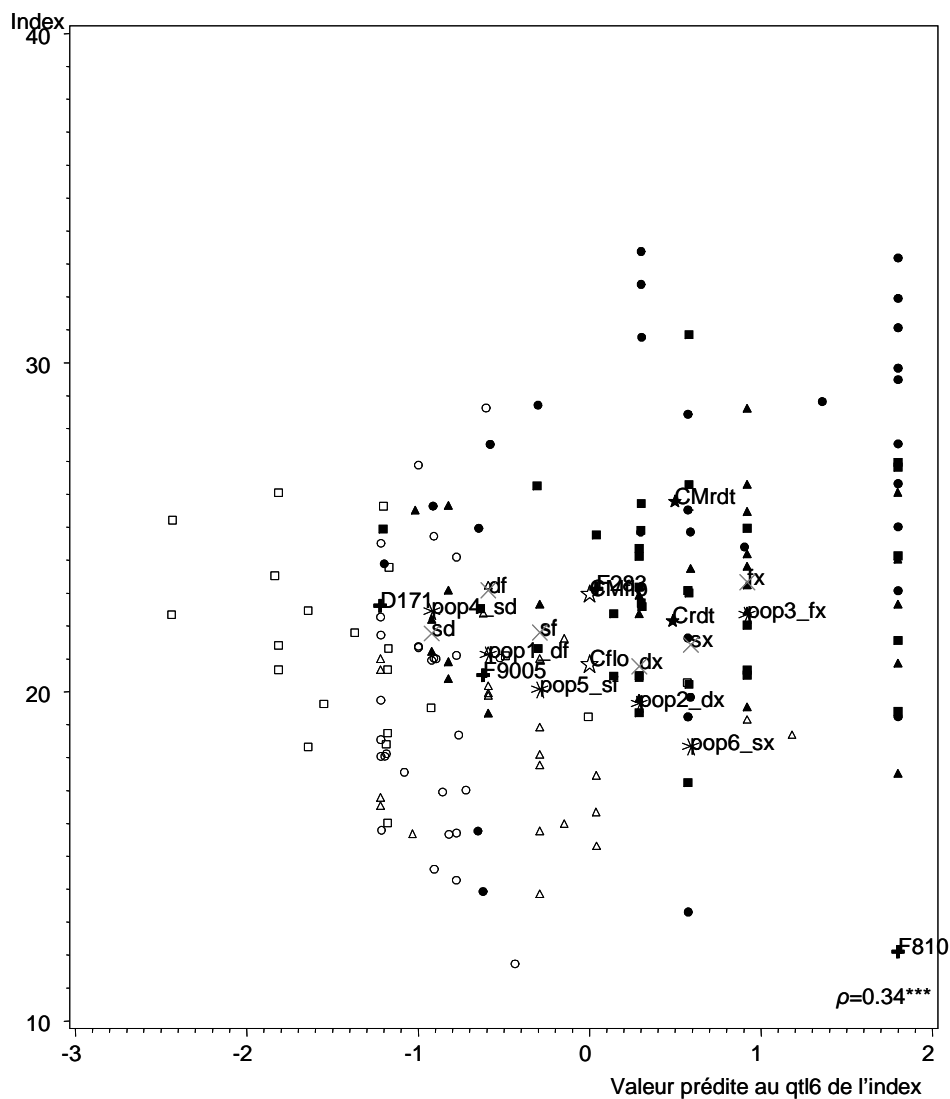
ns : non significatif



LEGENDE

- +++ Lignées parentales
- xxx Hybrides F1
- * * * Populations F2
- ☆☆☆ Pool C flo
- ☆☆☆ Pool C+M flo
- ★ ★ ★ Pool C rdt
- ★ ★ ★ Pool C+M rdt
- △ △ △ C^s flo
- □ □ C M^s flo
- ○ ○ C M M^s flo
- ▲ ▲ ▲ C^s rdt
- ■ ■ C M^s rdt
- ● ● C M M^s rdt

Figure 28 : Représentation de la valeur de l'index en fonction de la valeur totale prédite aux QTL de l'index, en fonction des différents types de génotypes observés.



LEGENDE

- +++ Lignées parentales
- xxx Hybrides F1
- *** Populations F2
- ☆☆☆ Pool C flo
- ☆☆☆ Pool C+M flo
- ☆☆☆ Pool C rdt
- ☆☆☆ Pool C+M rdt
- △△△ C^s flo
- C^M flo
- C^M flo
- ▲▲▲ C^s rdt
- ■ ■ C^M rdt
- ● ● C^M rdt

Figure 29 : Représentation de l'index en fonction de la valeur prédite au qtl6 de l'index, en fonction des différents types de génotypes observés.

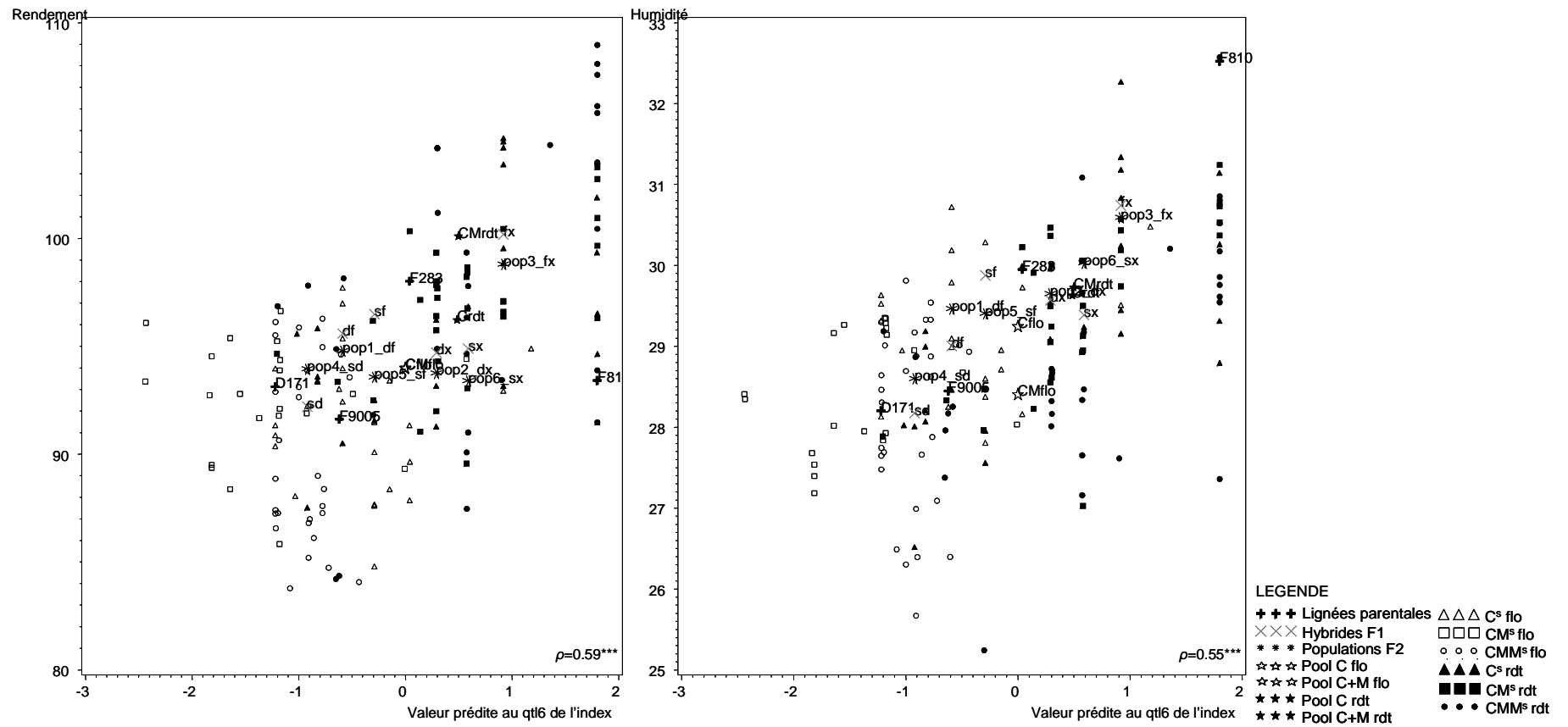


Figure 30 : Représentation du rendement et de l'humidité en fonction de la valeur prédite au qtl6 de l'index, en fonction des différents types de génotypes observés.

FIGURES CHAPITRE III

Table 1: Position, additive effects and individual r^2 (depending on P_M (%)) of major and background QTL defining both genetic models. Numbers in bold indicate the favorable alleles. For each model, # favorable indicates the total number of favorable alleles from parents 1 to 4. Individual r^2 of background QTL are indicated at the bottom of the table.

Genetic model	Chr	Pos	Additive effect				Individual r^2 depending on chosen parameter PM		
			a1	a2	a3	a4	50%	75%	100%
Model 1	10	29.9	0.34	-0.87	0.29	0.25	0.136	0.205	0.273
	3	41.1	-0.27	0.51	0.19	-0.43	0.061	0.091	0.121
	2	84.6	0.48	-0.19	-0.31	0.03	0.053	0.080	0.106
	1	46.4	-0.22	-0.03	-0.21	0.46	0.045	0.068	0.091
	1	139.8	-0.01	0.42	-0.06	-0.35	0.045	0.068	0.091
	8	57.7	0.23	0.03	-0.40	0.15	0.038	0.057	0.076
	3	149.7	0.07	-0.11	0.30	-0.26	0.030	0.045	0.061
	6	24.8	-0.13	-0.08	0.37	-0.17	0.030	0.045	0.061
	7	144.7	0.03	0.36	-0.15	-0.25	0.030	0.045	0.061
	4	74.7	0.24	-0.09	0.00	-0.15	0.015	0.023	0.030
	5	26.2	-0.06	0.29	-0.10	-0.12	0.015	0.023	0.030
	# favorable		6	4	2	1			
Model 2	1	44.4	0.99	1.14	-0.17	-1.95	0.125	0.188	0.250
	8	33.4	-0.32	-0.40	0.73	-0.01	0.023	0.034	0.045
	9	74.6	-0.20	-0.25	-0.54	0.99	0.034	0.051	0.068
	10	2.0	-0.21	0.88	-0.63	-0.03	0.034	0.051	0.068
	1	105.0	1.02	-0.86	0.17	-0.33	0.034	0.051	0.068
	1	160.1	0.67	-0.82	-0.83	0.98	0.045	0.068	0.091
	1	217	0.49	0.57	-0.06	-1.01	0.034	0.051	0.068
	3	35.1	0.39	-0.01	-0.94	0.55	0.023	0.034	0.045
	4	78.9	-0.83	0.15	-0.28	0.96	0.045	0.068	0.091
	4	164.1	-0.45	-0.07	1.03	-0.52	0.034	0.051	0.068
	6	22.8	-0.21	0.94	-0.87	0.14	0.034	0.051	0.068
7	138.7	-0.57	-0.57	0.41	0.73	0.034	0.051	0.068	
	# favorable		5	5	3	5			
Both	Background QTL						0.0167	0.0084	0.000

Table 2: Genetic progress values at generation four for the different selection scheme on the multiparental design and on average on the six biparental populations. These values were obtained with the model 2 and for $P_M=0.50$ and $h^2=0.50$. Standard deviations of the results over replications of the simulations are indicated between parentheses.

Selection type	Selection scheme	Genetic Progress ($\pm\sigma$)	
		Multiparental design	Biparental populations
Phenotypic	1-step mean	17.77 (± 1.37)	12.18 (± 2.08)
Phenotypic	2-step random	16.03 (± 1.04)	11.78 (± 2.06)
Phenotypic	2-step quarter diallel	17.02 (± 1.09)	12.20 (± 2.11)
MAS	1-step mean	18.46 (± 1.53)	8.66 (± 2.92)
MAS	2-step random	16.78 (± 1.30)	8.60 (± 2.86)
MAS	2-step quarter diallel	17.82 (± 1.32)	8.66 (± 2.91)
MAS	1-step utility criterion	18.13 (± 1.62)	7.95 (± 2.70)
MAS	2-step utility criterion	18.33 (± 1.43)	8.66 (± 2.96)

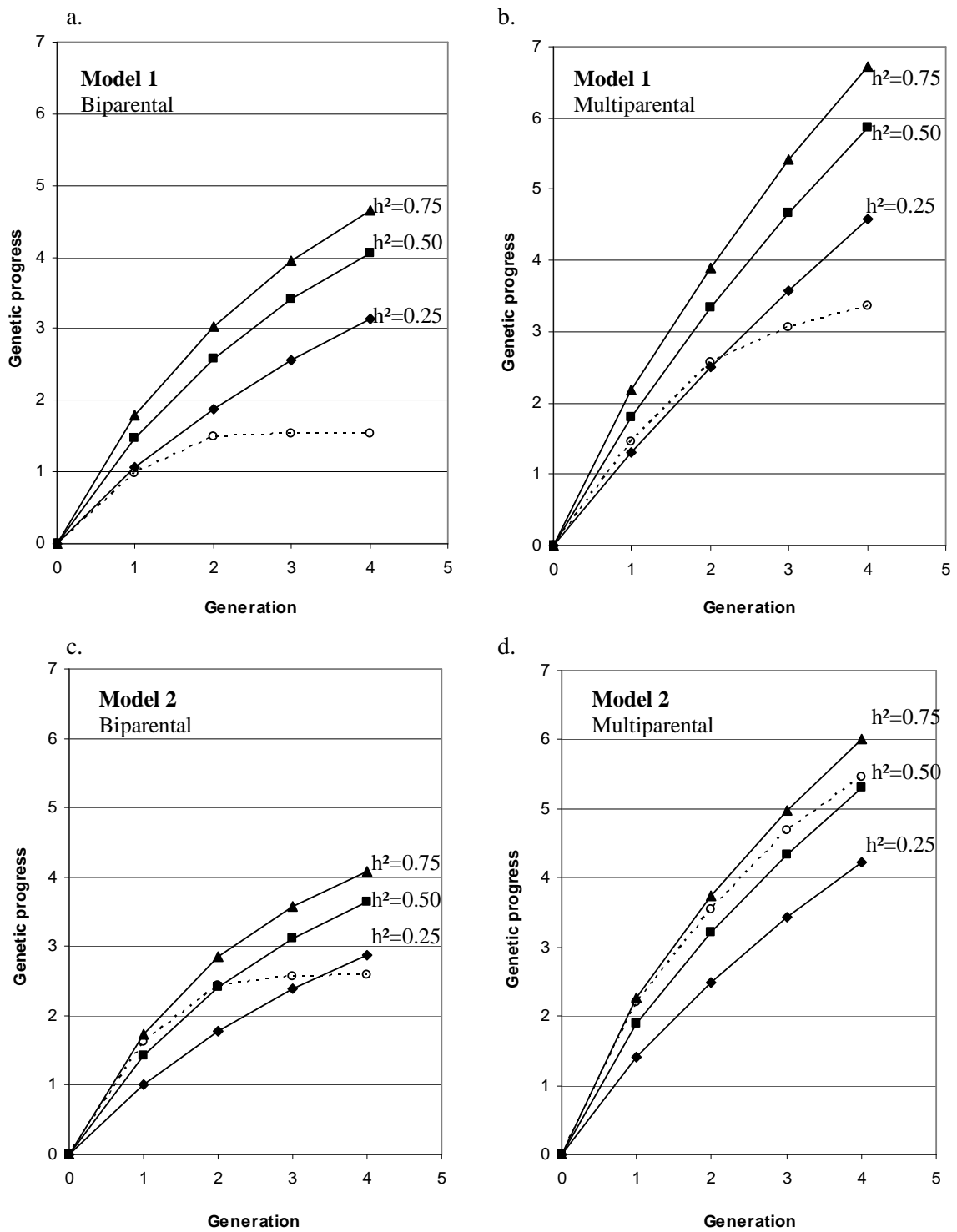


Figure 1: Genetic progress curves (expressed in σ_G) for the 1-step selection on mean for $P_M=0.50$, dotted lines for MAS and full lines for phenotypic selection (with different heritabilities). a, c. Average of the six biparental populations and b, d. Multiparental design. a and b were obtained with the genetic model 1 and c and d with the genetic model 2.

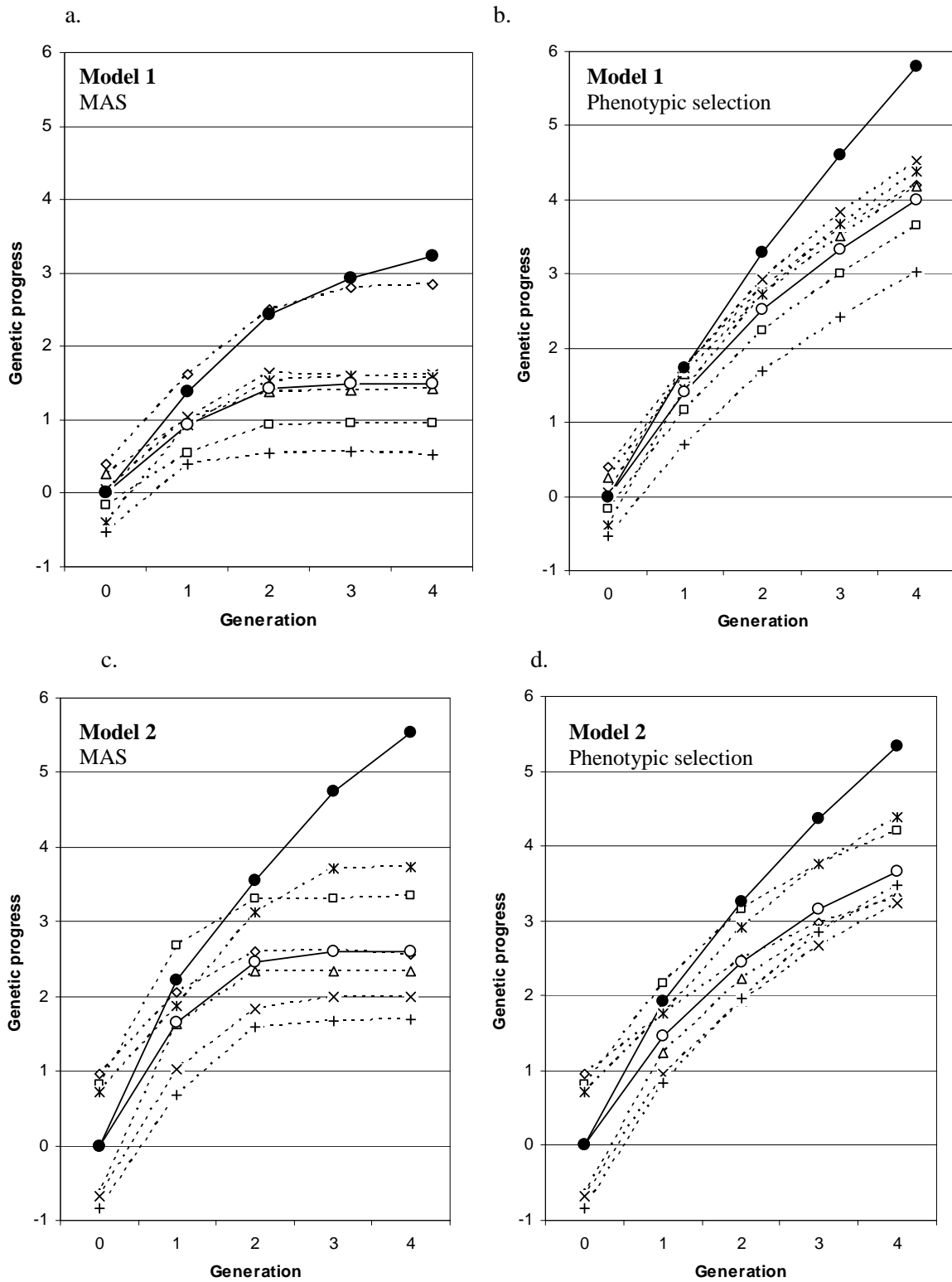
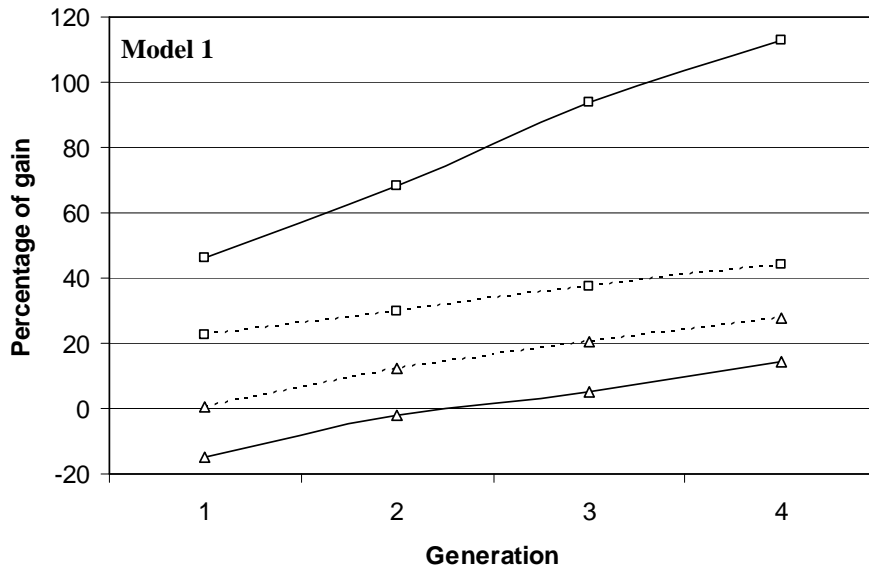


Figure 2: Genetic values curves (expressed in σ_G) for a selection in one-step on the mean parental value for the six biparental populations (dashed lines), the average of the six (full lines, empty circles) and the multiparental population (full lines, black dot), for $h^2=0.50$ and $P_M=0.50$. a, c. MAS and b, d. phenotypic selection. a, b were obtained with the genetic model 1 and c, d with the genetic model 2.

a.



b.

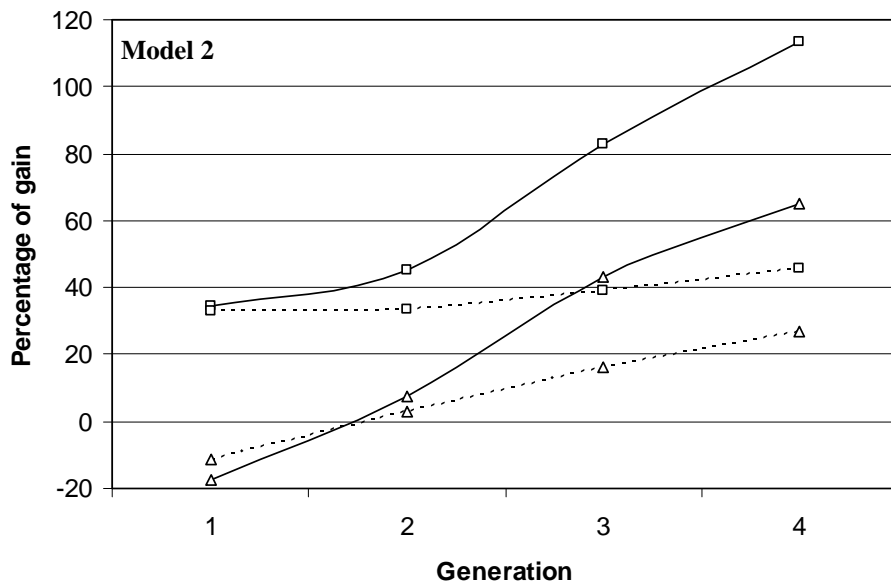
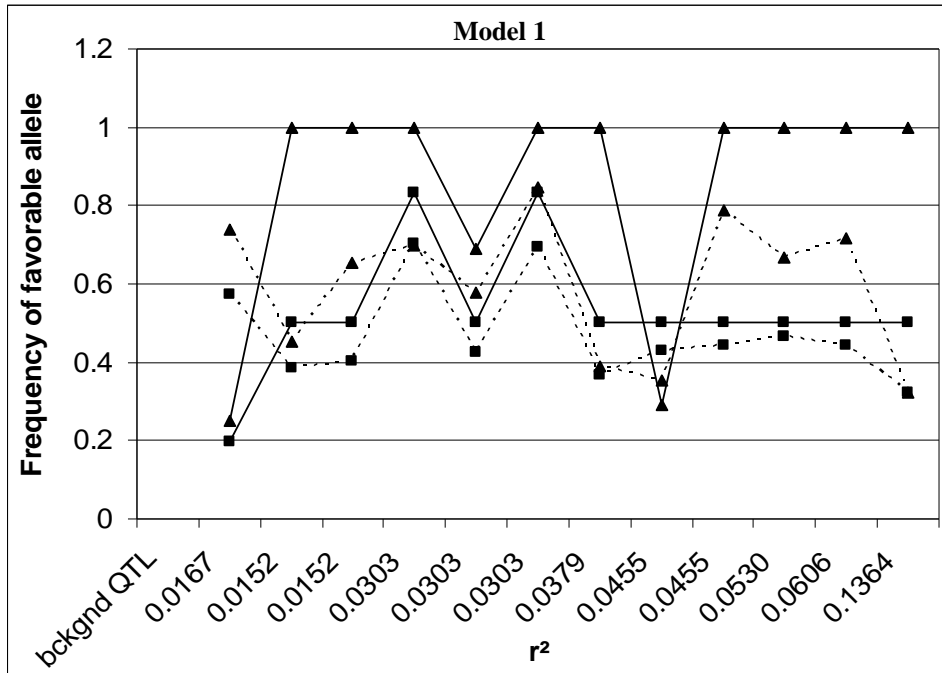


Figure 3: Percentage of gain of selecting in a multiparental design over selecting in biparental populations for the four generations of selection, $P_M=0.50$ and $h^2=0.50$. The superiority of the multiparental design (expressed in percentage of gain) is represented in two cases, over the average of the biparental populations (squares) and over the best of the biparental population (triangles) [population 1 for model 1 and population 3 for model 2]. Phenotypic selection schemes are represented with dashed lines, MAS schemes with full lines.
a. Model 1 and b. Model 2.

a.



b.

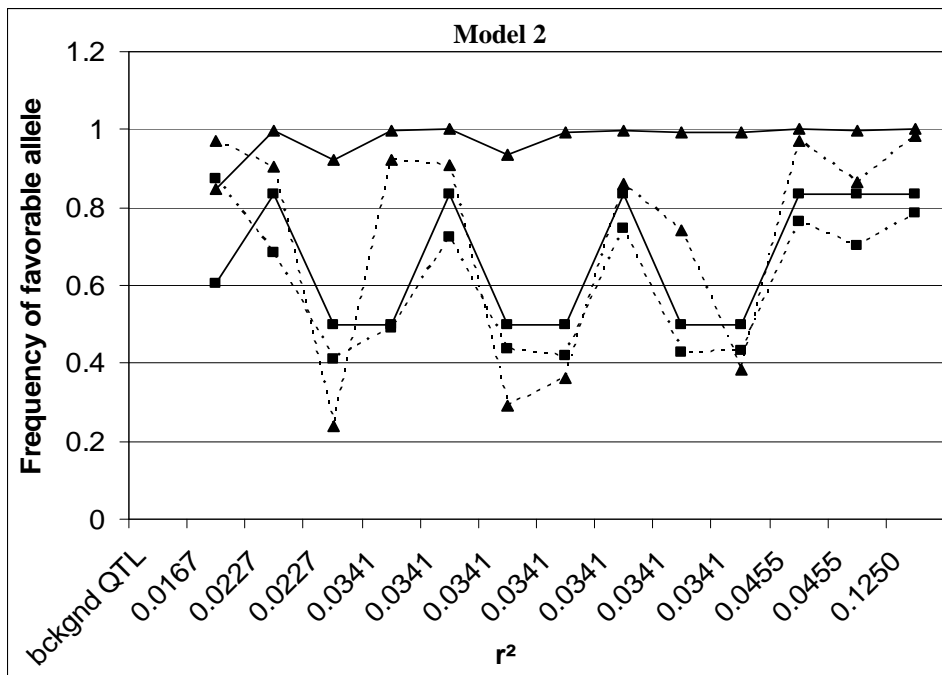


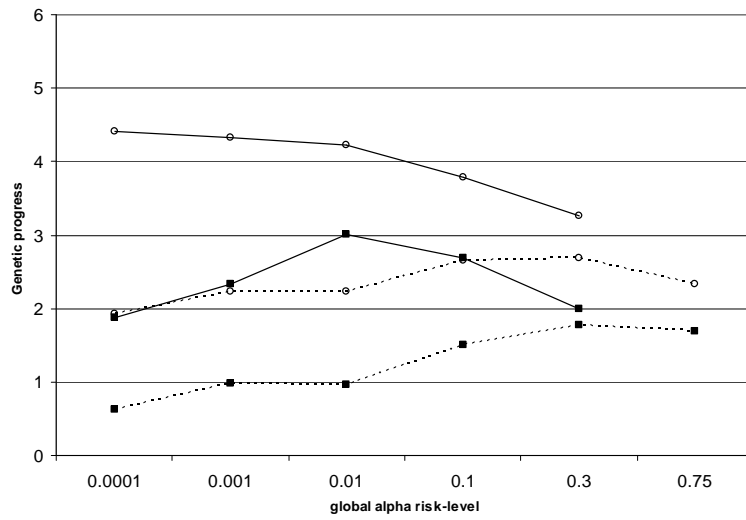
Figure 4: Frequency of favorable allele at QTL at the fourth generation of selection, for the multiparental design (triangles) and on average for the biparental populations (squares) $P_M=0.50$ and $h^2=0.50$. Phenotypic selection schemes are represented with dashed lines, MAS schemes with full lines. The first left symbol of each curve corresponds to the average frequency of favorable alleles at background QTL, the other symbols correspond to major QTL ranked according to their r^2 .

a. Model 1 and b. Model 2.

Table 3: Average (over 100 runs) number of QTL detected and R^2 for each configuration tested, on the multiparental design and on average over the six biparental populations, for genetic model 2.

h^2	P_M	Global risk	Multiparental populations		Biparental populations (averaged upon the 6)	
			#	R^2	#	R^2
25	50	0.0001	3.48	0.16	0.86	0.12
25	50	0.001	4.77	0.18	1.62	0.18
25	50	0.01	9.89	0.24	0.86	0.12
25	50	0.10	18.97	0.30	4.18	0.28
25	50	0.30	28.54	0.32	8.02	0.37
25	50	0.74			20.08	0.48
75	50	0.0001	12.51	0.55	4.27	0.59
75	50	0.001	14.11	0.55	5.78	0.64
75	50	0.01	20.51	0.58	5.88	0.64
75	50	0.10	27.79	0.56	9.80	0.71
75	50	0.30	29.78	0.52	14.16	0.74
75	50	0.74			22.93	0.71
25	100	0.0001	4.81	0.20	0.65	0.11
25	100	0.001	6.96	0.22	1.04	0.14
25	100	0.01	9.34	0.25	1.92	0.20
25	100	0.10	17.18	0.29	4.19	0.29
25	100	0.30	27.14	0.32	7.58	0.37
25	100	0.74			19.98	0.48
75	100	0.0001	12.40	0.58	3.84	0.60
75	100	0.001	13.28	0.57	4.87	0.65
75	100	0.01	15.28	0.56	5.92	0.67
75	100	0.10	21.42	0.55	8.42	0.71
75	100	0.30	27.58	0.51	11.92	0.73
75	100	0.74			21.41	0.71

a.



b.

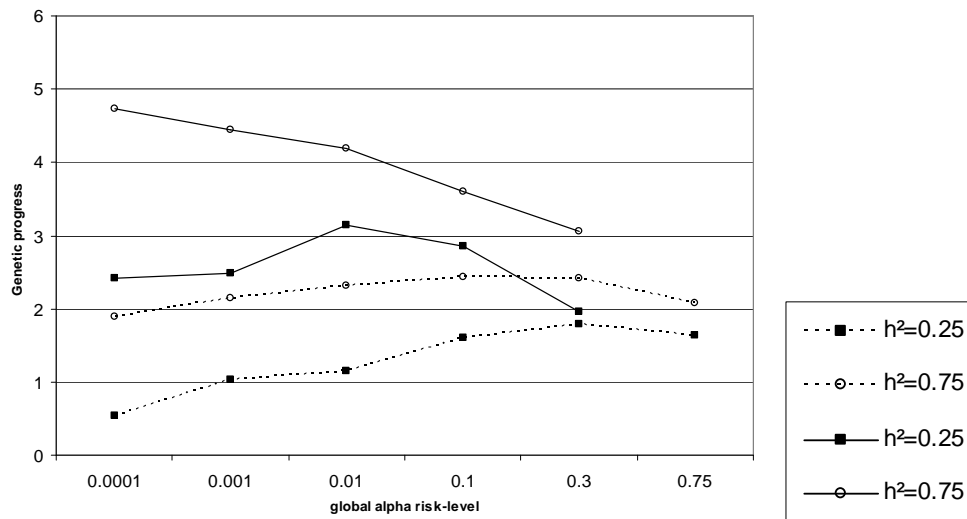


Figure 5: Genetic progress (expressed in σ_G) for MAS in function of global α -risk level used for QTL detection, for the selection in 1-step on mean at generation four and genetic model 2. Two values of heritability were considered for the biparental populations (dashed lines) and for the multiparental design (full lines). a. $P_M=0.50$. b. $P_M=1.00$.

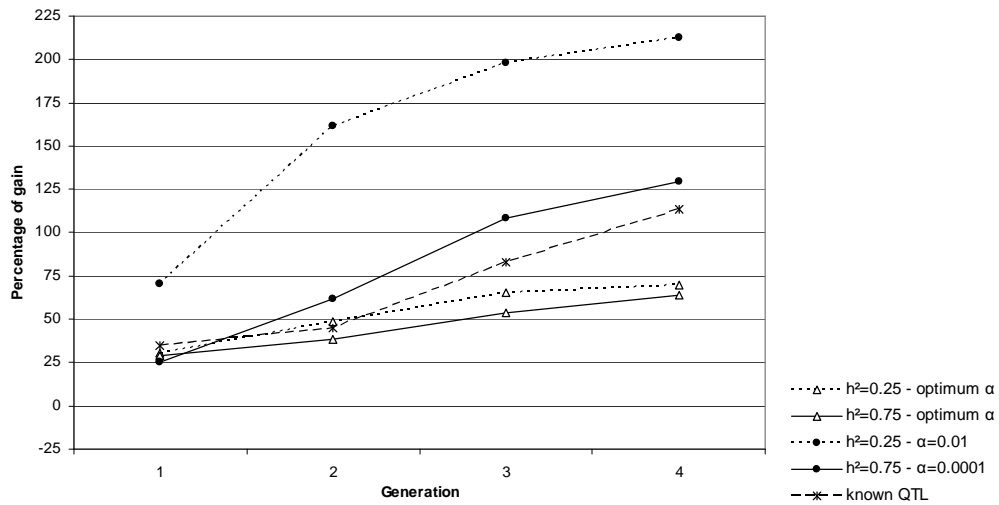


Figure 6: Superiority (expressed in percentage of gain) of selecting in a multiparental design over selecting in biparental populations taken separately, at $P_M=0.50$. The percentage of gain is represented when QTL are known (stars), when QTL detection is performed at the optimal risks for both designs (triangles) (*i.e.* we considered $\alpha_{\text{mono}}=0.06$ [$\alpha_{\text{global}}=0.30$] for the biparental populations and $\alpha_{\text{global}}=0.01$ or 0.0001 depending on heritability for the multiparental design), and at the optimal risk level of the multiparental design (dots) ($\alpha_{\text{global}}=0.01$ or 0.0001 depending on the heritability). $h^2=0.25$ is represented with dashed lines, $h^2=0.75$ with full lines.