



# BSA-seq : un bon outil pour dérrouiller le peuplier

Aurélie CANAGUIER



# PLAN

## ❖ Introduction

- Le peuplier - Espèce d'intérêt
- La rouille du peuplier
- Les ressources du peuplier

## ❖ Mise en place du projet

- Point de départ
- But
- BSA-seq
- Création des mélanges (Bulks)

## ❖ Résultats

- Du mapping à l'identification des intervalles
- Focus sur la région  $R_{us}$
- Description des intervalles
- *Populus trichocarpa* versus *Populus deltoides*

## ❖ Conclusions et Perspectives

# Le peuplier – Espèce d'intérêt

## Intérêt écologique

Structuration des berges, maintien des sols par les ripisylves

## Intérêt économique

2017 : vente d'environ 800 000 arbres

- ⇒ +5% par rapport à 2016,
- ⇒ 2<sup>ème</sup> rang des ventes d'arbres feuillus français,
- ⇒ 1,5% de la forêt française.

Ministère de l'Agriculture et  
de la pêche (2018)



© G. Bodineau, INRA





## Introduction

# La rouille du peuplier

## Agent pathogène responsable

*Melampsora larici-populina* (Mlp) – champignons, parasites obligatoires hétéroïque  
(<https://fr.wikipedia.org/wiki/Melampsora>).

## Symptômes chez le peuplier

**Fructification oranges** (sores) sur la face inférieure des feuilles,  
**Chute** précoce, puis importante des feuilles,  
**Mauvais aoûtement** des pousses terminales,  
=> **Affaiblissement général** de l'arbre.



(<http://www.lafranceagricole.fr/article/une-strategie-de-lutte-contre-la-rouille-du-peuplier-1,0,68007833.html>)

# Les ressources du peuplier

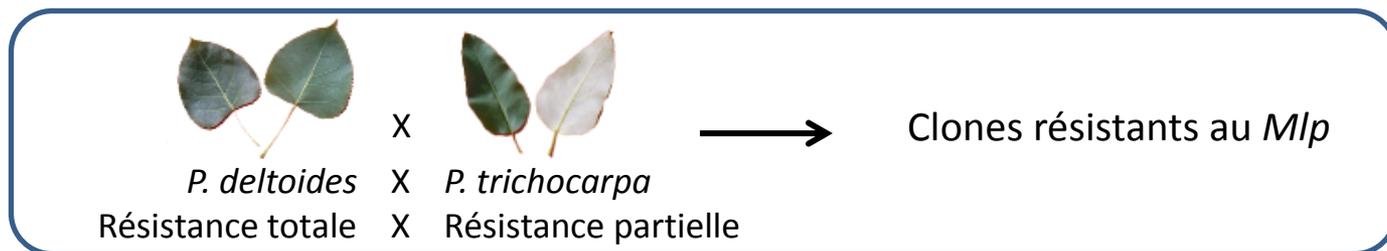
Une trentaine d'espèces de la famille des Salicacées



Caractérisations phénotypiques  
Croisements intra- et interspécifiques

**1980-2000 : Exploitation des outils de biologie moléculaire (marqueurs neutres)**

- ⇒ Structuration des collections de peupliers avec des marqueurs neutres,
- ⇒ Elimination des arbres redondants sur la base du génotypage de marqueurs neutres,
- ⇒ Accélération de la sélection, réduction des coûts.



**2006** : 1<sup>ère</sup> référence génomique pour le peuplier (*Populus trichocarpa* Nisqually) Tuskan, G. A. et al 2006

**2017** : référence génomique pour *Populus deltoides* WV94 v2.0

# Mise en place du projet

## Point de départ



- **Génotypage** et **phénotypage** de 343 descendants avec 500 marqueurs.
- Augmentation de la population en ségrégation à **1415 descendants**, en plusieurs phases.
- **Phénotypage** des 1415 descendants pour la résistance (taille et nombre des fructifications, latence après infection).

Mise en évidence des **gènes  $R_{US}$  et  $R1$**  et de **QTL** (*Quantitative Trait Loci*) pour la résistance à la rouille foliaire.

*Dowkiw et Bastien 2004, Jorge et al 2005, Monclus et al 2012.*

# Mise en place du projet

## Point de départ



- **Génotypage** et **phénotypage** de 343 descendants avec 500 marqueurs.
- Augmentation de la population en ségrégation à **1415 descendants**, en plusieurs phases.
- **Phénotypage** des 1415 descendants pour la résistance (taille et nombre des fructifications, latence après infection).

Mise en évidence des **gènes  $R_{US}$  et  $R1$**  et de **QTL** (*Quantitative Trait Loci*) pour la résistance à la rouille foliaire.

*Dowkiw et Bastien 2004, Jorge et al 2005, Monclus et al 2012.*

- Génotypage de 68 marqueurs du chromosome 19 sur les 1415 descendants.

**Cartographie fine** du gène majeur  $R_{US}$  contrôlant la taille des sores lors de l'interaction peuplier – champignon.

*Bresson A and al 2011.*





## Mise en place du projet

# But du projet

Prouver que la BSA-seq est applicable pour l'étude d'un **caractère complexe** chez le peuplier, une espèce diploïde hautement **hétérozygote** (~480Mb, 19 chromosomes, ~15SNP/kb).



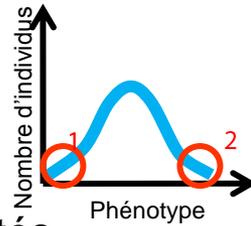
# Mise en place du projet BSA-seq ou QTL-seq

*Bulk Segregant Analysis - sequences*

ou

Analyse de **mélange** de descendants sur la base de données NGS

- ⇒ il faut une **population** en ségrégation pour **un caractère d'intérêt**
- ⇒ Il faut **phénotyper** cette population
- ⇒ Il faut **sélectionner** au moins 2 groupes de descendants de phénotypes contrastés
- ⇒ il faut des **données NGS** des parents et des mélanges, **détecter et comparer les positions** variantes (génotypage par séquençage).





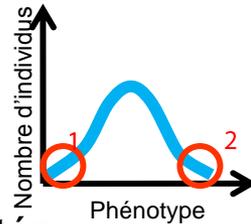
# Mise en place du projet BSA-seq ou QTL-seq

*Bulk Segregant Analysis - sequences*

ou

Analyse de **mélange** de descendants sur la base de données NGS

- ⇒ il faut une **population** en ségrégation pour **un caractère d'intérêt**
- ⇒ Il faut **phénotyper** cette population
- ⇒ Il faut **sélectionner** au moins 2 groupes de descendants de phénotypes contrastés
- ⇒ il faut des **données NGS** des parents et des mélanges, **détecter et comparer les positions** variantes (génotypage par séquençage).



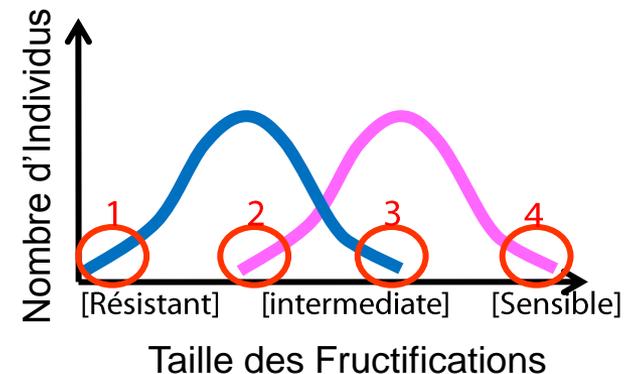
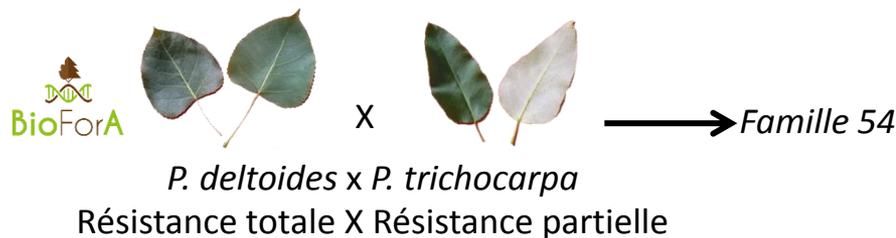
## Hypothèses (communes à la BSA classique, *Michelmore et al 1991*)

- ⇒ Au sein d'**un** mélange, **ressemblance génomique** des régions impliquées dans le caractère d'intérêt.
- ⇒ **Entre les 2 mélanges** de phénotypes extrêmes, **contraste génomique** des régions impliquées dans le caractère d'intérêt.

# Mise en place du projet

## Création des mélanges

- ❖ **Population** : Famille 54 dans laquelle ségrége la résistance à la rouille foliaire (1415 individus)
- ❖ **Phénotypage** des 1415 individus.



- ❖ **Sélection** d'individus sur le **phénotype** et ... ..

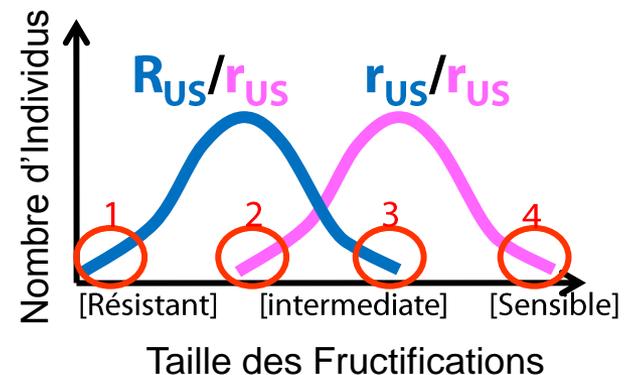
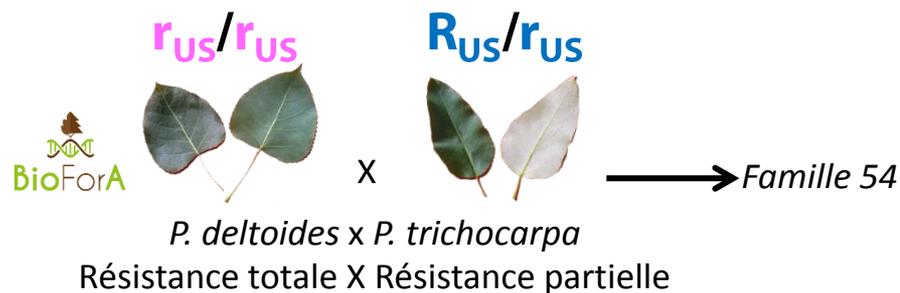
  - Bulk1 : 16 descendants avec phénotype « résistant »
  - Bulk2 : 14 descendants avec phénotype « intermédiaire »
  - Bulk3 : 16 descendants avec phénotype « intermédiaire »
  - Bulk4 : 16 descendants avec phénotype « sensible »

# Mise en place du projet

## Création des mélanges



- ❖ **Population** : Famille 54 dans laquelle ségrége la résistance à la rouille foliaire (1415 individus)
- ❖ **Phénotypage** des 1415 individus.
- ❖ **Génotypage** de la population avec les 18 marqueurs associés au gène *Rus* (Bresson et al 2011).



### ❖ Sélection d'individus sur le phénotype et ... .. le génotypage

- Bulk1 : 16 descendants avec phénotype « résistant » [R<sub>US</sub>]
- Bulk2 : 14 descendants avec phénotype « intermédiaire » [r<sub>US</sub>]
- Bulk3 : 16 descendants avec phénotype « intermédiaire » [R<sub>US</sub>]
- Bulk4 : 16 descendants avec phénotype « sensible » [r<sub>US</sub>]



Résultats

# Comparaison des Bulks

**Pour chaque position**, identification du type de variant :

- **description** des allèles parentaux
- **suivi** de la ségrégation des allèles spécifiques de l'un des parents dans les Bulks

**P**tricho *Populus trichocarpa*, **P**delto *Populus deltoides*, **B1** Bulk1, **B2** Bulk2, **B3** Bulk3, **B4** Bulk4



## Résultats

# Comparaison des Bulks

Pour chaque position, identification du type de variant :

- **description** des allèles parentaux
- **suivi** de la ségrégation des allèles spécifiques de l'un des parents dans les Bulks

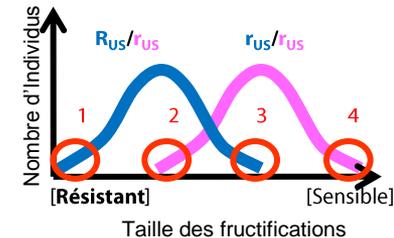
Nature du variant

=> Variant RUS

=> Variant OTH

=> Variant OTH

=> Variant NS



**P**tricho *Populus trichocarpa*, **P**delto *Populus deltoides*, **B1** Bulk1, **B2** Bulk2, **B3** Bulk3, **B4** Bulk4



# Comparaison des Bulks

Pour chaque position, identification du type de variant :

- **description** des allèles parentaux
- **suivi** de la ségrégation des allèles spécifiques de l'un des parents dans les Bulks

## Conditions

Allèle spécifique de Ptricho :

Observé dans **B1,B3** et PAS dans B2,B4

Allèle spécifique de Pdelto :

Observé dans **B1,B3** et PAS dans B2,B4

Allèle spécifique de Ptricho et/ou Pdelto :

Observé dans **B1,B2** et PAS dans **B3,B4**

Observé dans **B3,B4** et PAS dans **B1,B2**

Autre distribution, pas d'allèle spécifique

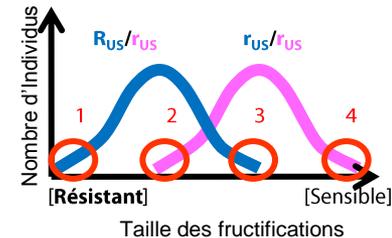
## Nature du variant

=> Variant RUS

=> Variant OTH

=> Variant OTH

=> Variant NS



**Ptricho** *Populus trichocarpa*, **Pdelto** *Populus deltoides*, **B1** Bulk1, **B2** Bulk2, **B3** Bulk3, **B4** Bulk4

# Du séquençage à l'identification des intervalles

Séquençage NGS et Trimming des 6 échantillons

←

**Alignement** BWA pour les 6 individus sur  
*P. trichocarpa* Nisqually v3.0 softmasked

↓  
filtres

**Détection** de variants avec Freebayes  
pour les 6 échantillons (~**35var/kb**)

↓

**Sélection** de variants

filtres qualitatifs et génétique (~**5var/kb**)



**Comparaison** des génotypes des Bulks,  
Attribution d'un type à chaque variant



**Identification** d'intervalles *P. trichocarpa* :

Suite de variants du même type (RUS et OTH)

# Du séquençage à l'identification des intervalles

Séquençage NGS et Trimming des 6 échantillons

**Alignement** BWA pour les 6 individus sur  
*P. trichocarpa* Nisqually v3.0 softmasked

↓  
filtres

**Détection** de variants avec Freebayes  
pour les 6 échantillons (~**35var/kb**)

↓  
**Sélection** de variants

filtres qualitatifs et génétique (~**5var/kb**)



**Comparaison** des génotypes des Bulks,  
Attribution d'un type à chaque variant



**Identification** d'intervalles *P. trichocarpa* :  
Suite de variants du même type (RUS et OTH)

**Référence :**

*P. deltoides* WV94\_445 v2.0 softmasked



**Détection** de variants (~**31var/kb**)



**Sélection** de variants (~**4var/kb**)



**Identification** d'intervalles *P. deltoides* :  
(RUS et OTH)

# Du séquençage à l'identification des intervalles

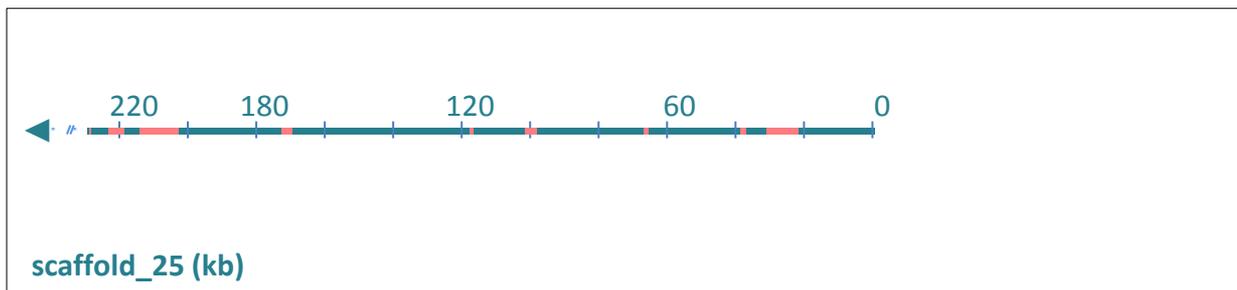
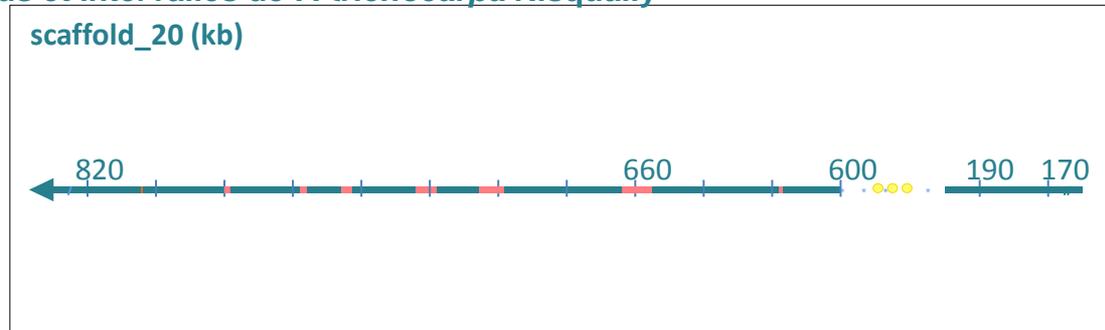
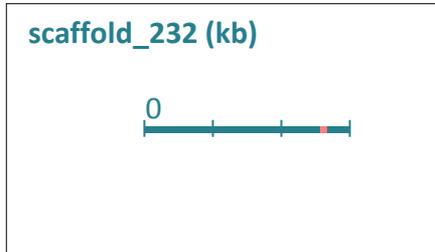
*P. trichocarpa* Nisqually v3.0 softmasked  
**12 intervalles > 2kb (143kb)**  
**OTH:2int et 47kb**  
**RUS:10int et 96kb**  
**39 couples d'amorces**

*P. deltoides* WV94\_445 v2.0 softmasked  
**11 intervalles > 2kb (180kb)**  
**OTH:2int et 20kb**  
**RUS:9int et 160kb**  
**48 couples d'amorces**

# Résultats – Comparaison sur les 4 Bulks

## Focus sur la région du gène $R_{US}$

Chromosome, scaffolds et intervalles de *P. trichocarpa* Nisqually

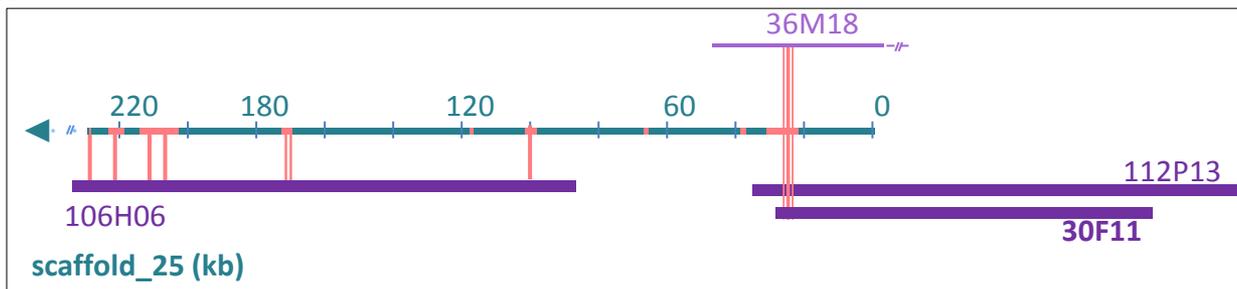
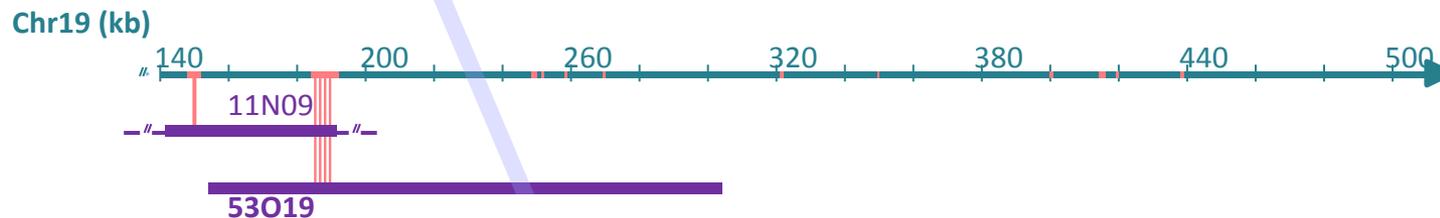
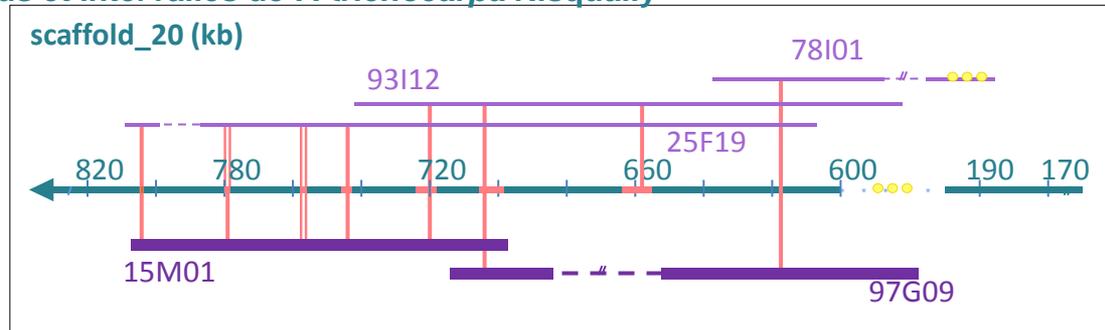
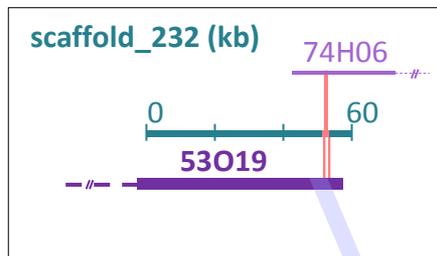


● Localisation physique du gène  $R_{US}$

# Résultats – Comparaison sur les 4 Bulks

## Focus sur la région du gène $R_{US}$

Chromosome, scaffolds et intervalles de *P. trichocarpa* Nisqually



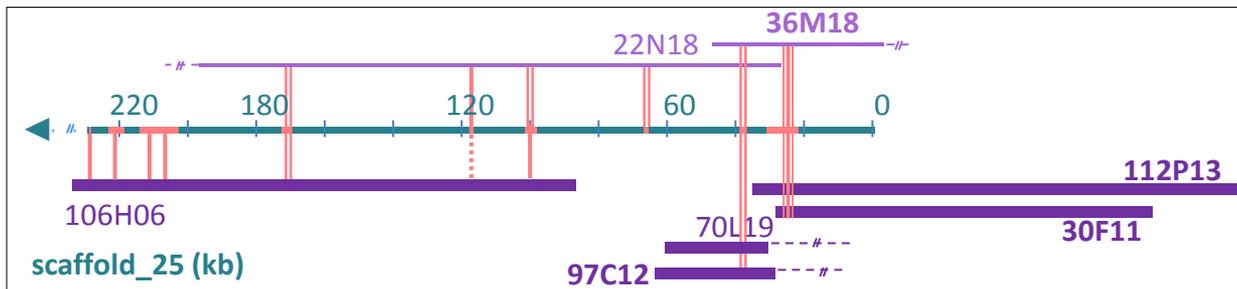
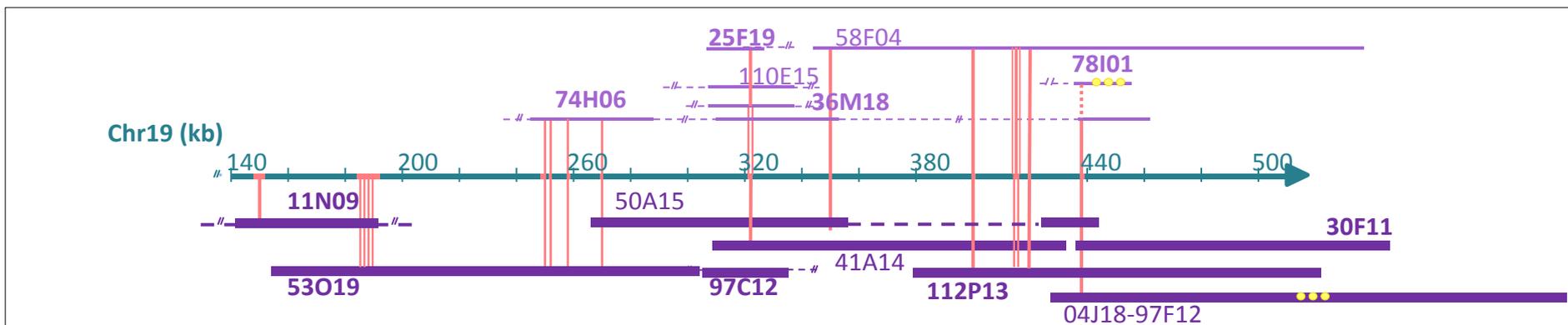
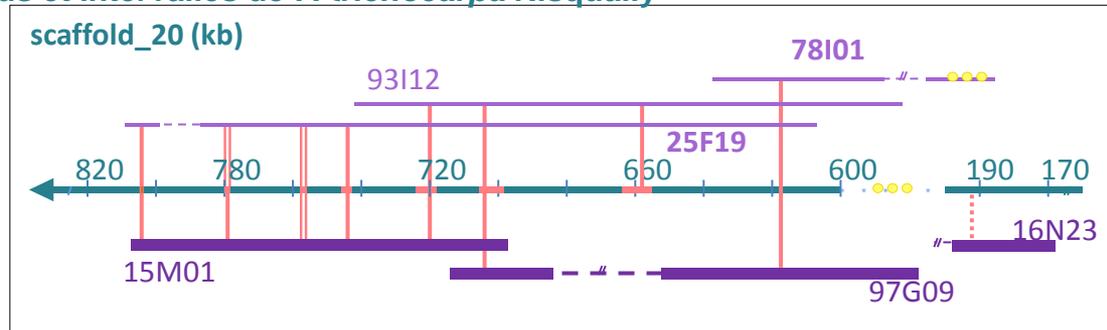
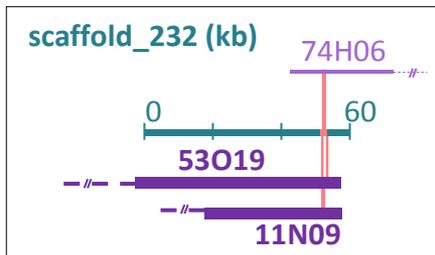
BLAST des amorces  
des intervalles > 2kb

Localisation physique  
du gène  $R_{US}$

# Résultats – Comparaison sur les 4 Bulks

## Focus sur la région du gène $R_{US}$

Chromosome, scaffolds et intervalles de *P. trichocarpa* Nisqually



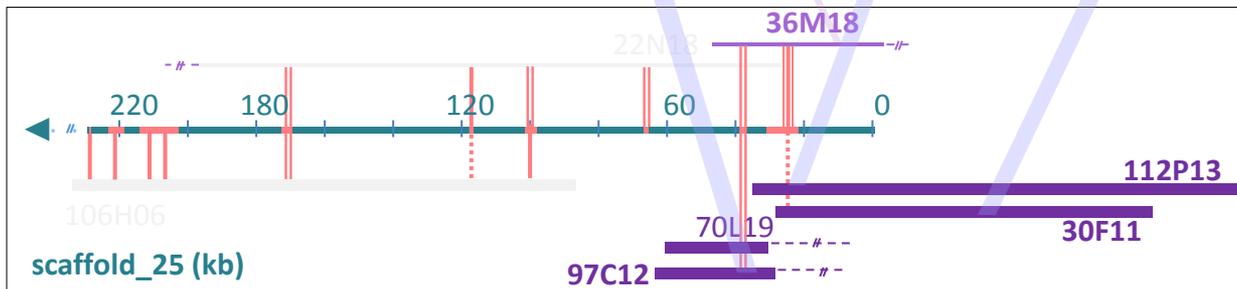
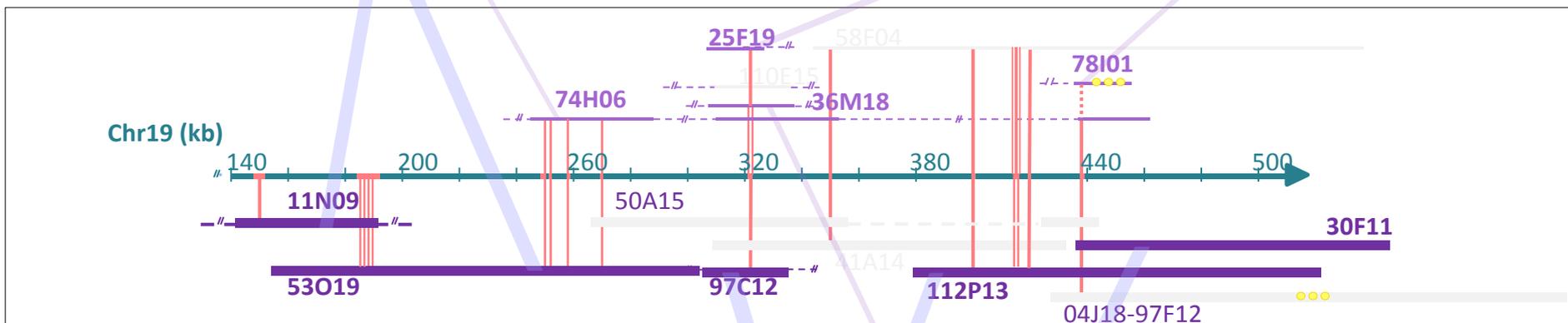
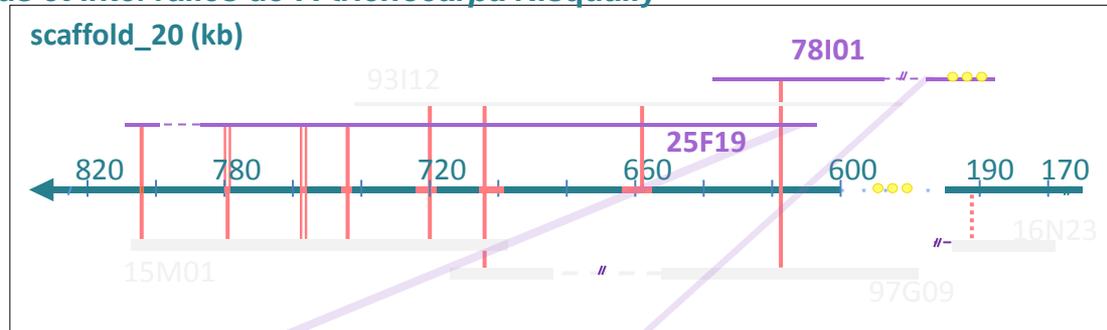
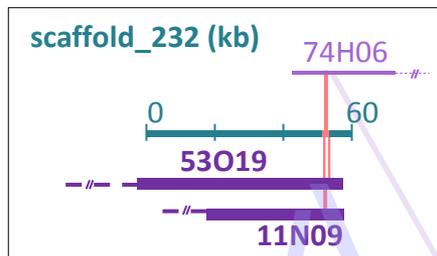
█ BLAST des amorces  
des intervalles > 50pb

● Localisation physique  
du gène  $R_{US}$

# Résultats – Comparaison sur les 4 Bulks

## Focus sur la région du gène $R_{US}$

Chromosome, scaffolds et intervalles de *P. trichocarpa* Nisqually



- BLAST des amorces des intervalles > 50pb
- Localisation physique du gène  $R_{US}$

# Description des intervalles – Contenu en gènes

*P. trichocarpa* Nisqually v3.0 softmasked  
**12 intervalles (144kb)**  
**21/43 gènes avec annotations**

*P. deltoides* WV94\_445 v2.0 softmasked  
**11 intervalles (180kb)**  
**10/28 gènes avec annotations**



**Extraction** des gènes annotés depuis  
l'interface Phytozome

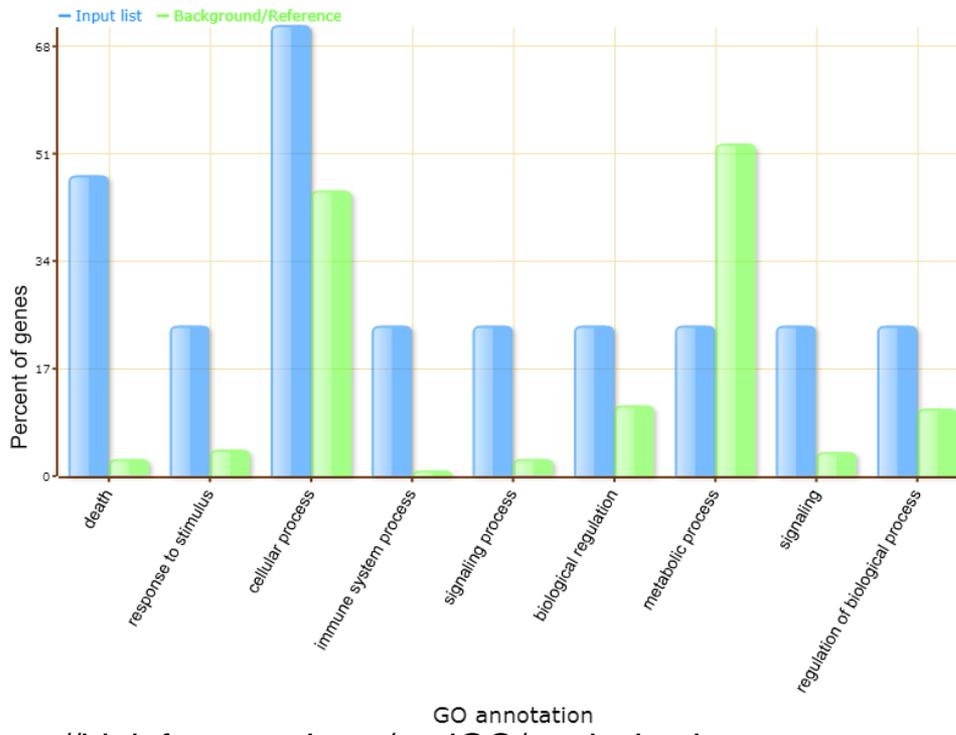


Test d'enrichissement en termes GO (**agriGO**)

# Description des intervalles – Contenu en gènes

*P. trichocarpa* Nisqually v3.0 softmasked

21 gènes avec annotations et 29 termes GO significatifs



GO annotation

GO term	Ontology	Description	Number in input list	Number in BG/Ref	p-value	FDR
GO:0043531	F	ADP binding	10	554	3,60E-11	2,30E-09
GO:0006915	P	apoptosis	10	565	4,40E-11	1,20E-09
GO:0012501	P	programmed cell death	10	565	4,40E-11	1,20E-09
GO:0016265	P	death	10	592	6,80E-11	1,20E-09
GO:0008219	P	cell death	10	592	6,80E-11	1,20E-09
GO:0045087	P	innate immune response	5	195	1,20E-06	1,10E-05
GO:0002376	P	immune system process	5	195	1,20E-06	1,10E-05
GO:0006955	P	immune response	5	195	1,20E-06	1,10E-05
GO:0006952	P	defense response	5	251	3,90E-06	3,30E-05
GO:0005524	F	ATP binding	13	3601	4,10E-06	6,30E-05
GO:0032559	F	adenyl ribonucleotide binding	13	3601	4,10E-06	6,30E-05
GO:0004888	F	transmembrane receptor activity	5	263	4,80E-06	6,30E-05
GO:0004872	F	receptor activity	5	265	5,00E-06	6,30E-05
GO:0001883	F	purine nucleoside binding	13	3816	7,90E-06	6,40E-05
GO:0030554	F	adenyl nucleotide binding	13	3816	7,90E-06	6,40E-05
GO:0001882	F	nucleoside binding	13	3826	8,20E-06	6,40E-05
GO:0032555	F	purine ribonucleotide binding	13	3919	1,10E-05	6,80E-05
GO:0032553	F	ribonucleotide binding	13	3919	1,10E-05	6,80E-05
GO:0017076	F	purine nucleotide binding	13	4142	2,00E-05	0,00011
GO:0000166	F	nucleotide binding	13	4339	3,40E-05	0,00018
GO:0060089	F	molecular transducer activity	5	435	5,30E-05	0,00024
GO:0004871	F	signal transducer activity	5	435	5,30E-05	0,00024
GO:0007165	P	signal transduction	5	513	0,00011	0,00085
GO:0023046	P	signaling process	5	577	0,0002	0,0012
GO:0023060	P	signal transmission	5	577	0,0002	0,0012
GO:0006950	P	response to stress	5	730	0,00057	0,0032
GO:0023052	P	signaling	5	831	0,001	0,0053
GO:0050896	P	response to stimulus	5	910	0,0015	0,0074
GO:0031224	C	intrinsic to membrane	5	1337	0,008	0,12

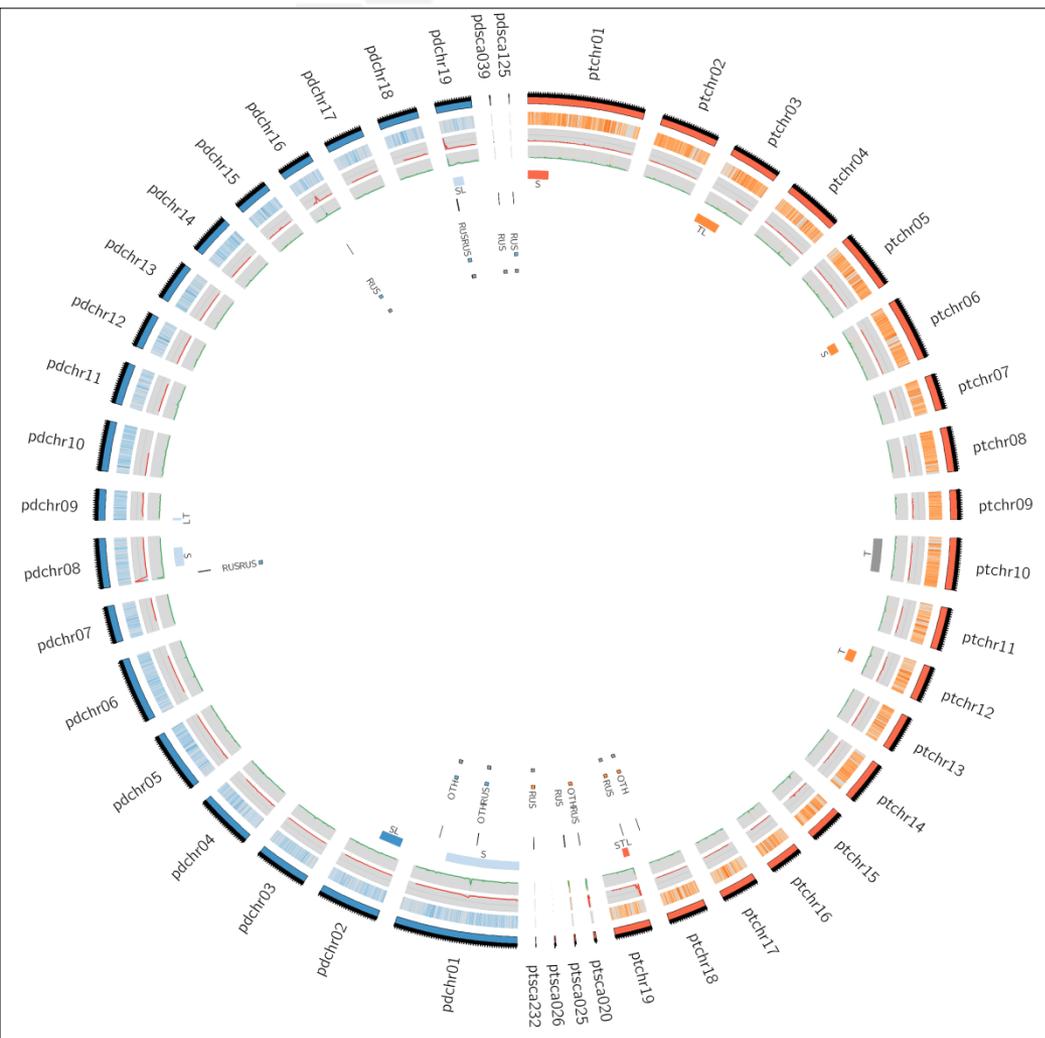
<http://bioinfo.cau.edu.cn/agriGO/analysis.php>



Résultats – Comparaison sur les 4 Bulks

# Description des intervalles - Positionnement

# Description des intervalles - Positionnement



## Chromosomes et scaffolds :

 *P. deltoidea*  *P. trichocarpa*

## Nombre de variants / 100kb :

Heatmap des Variants NS  
Heatmap et courbe des Variants RUS  
Heatmap et courbe des Variants OTH

## QTL :

**S** Nombre de sores ; **T** Taille des sores ; **L** Latence

## Intervalles :

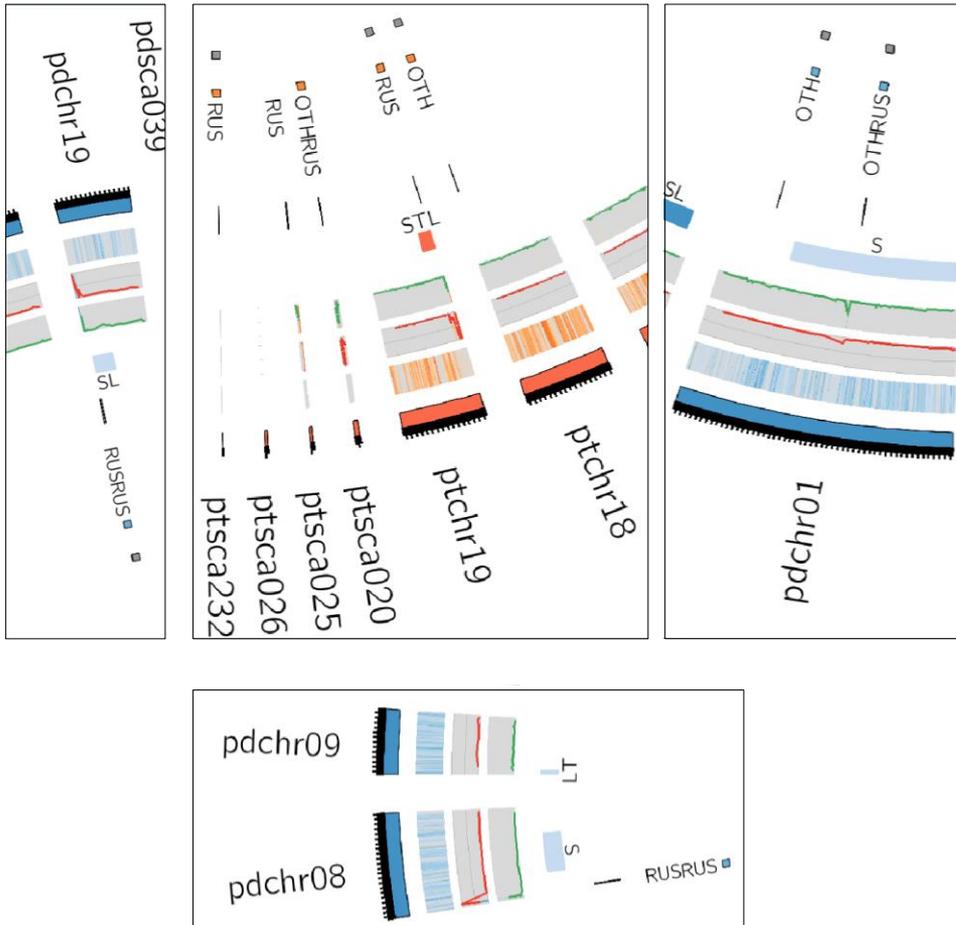
RUS ; OTH

## Résultats des BLAST des amorces PCR :

Position initiale et autre position    
Position initiale    
Amorce répétée 

# Description des intervalles – Densité en variants

Des intervalles sous les QTL



**Chromosomes et scaffolds :**

   
*P. deltooides* *P. trichocarpa*

**Nombre de variants / 100kb :**

Heatmap des Variants NS  
 Heatmap et courbe des Variants RUS  
 Heatmap et courbe des Variants OTH

**QTL :**

**S** Nombre de sores ; **T** Taille des sores ; **L** Latence

**Intervalles :**

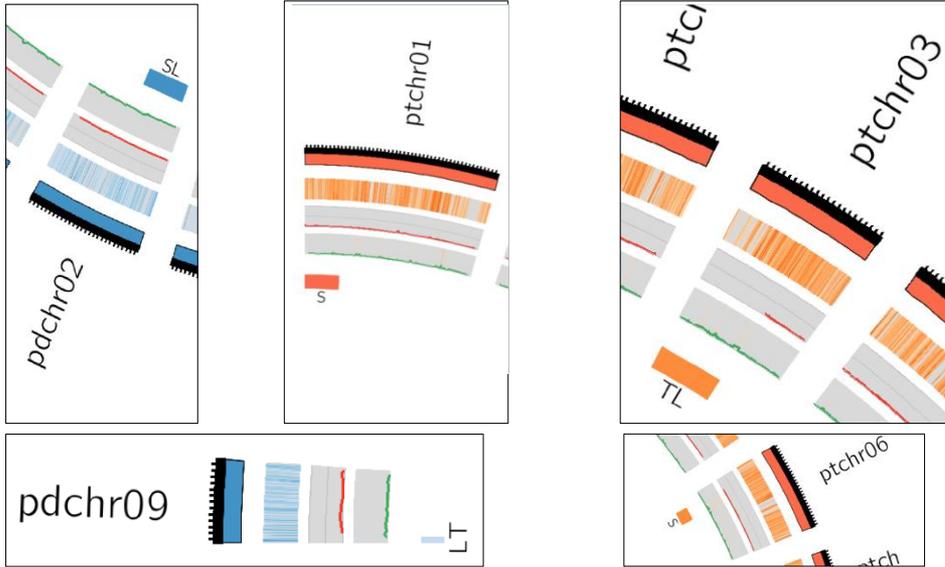
RUS ; OTH

**Résultats des BLAST des amorces PCR :**

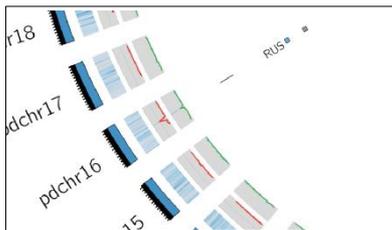
Position initiale et autre position    
 Position initiale    
 Amorce répétée 

# Description des intervalles – Densité en variants

## Des QTL sans intervalles



## Des intervalles sans QTL



### Chromosomes et scaffolds :

   
*P. deltoides* *P. trichocarpa*

### Nombre de variants / 100kb :

Heatmap des Variants NS  
 Heatmap et courbe des Variants RUS  
 Heatmap et courbe des Variants OTH

### QTL :

**S** Nombre de sores ; **T** Taille des sores ; **L** Latence

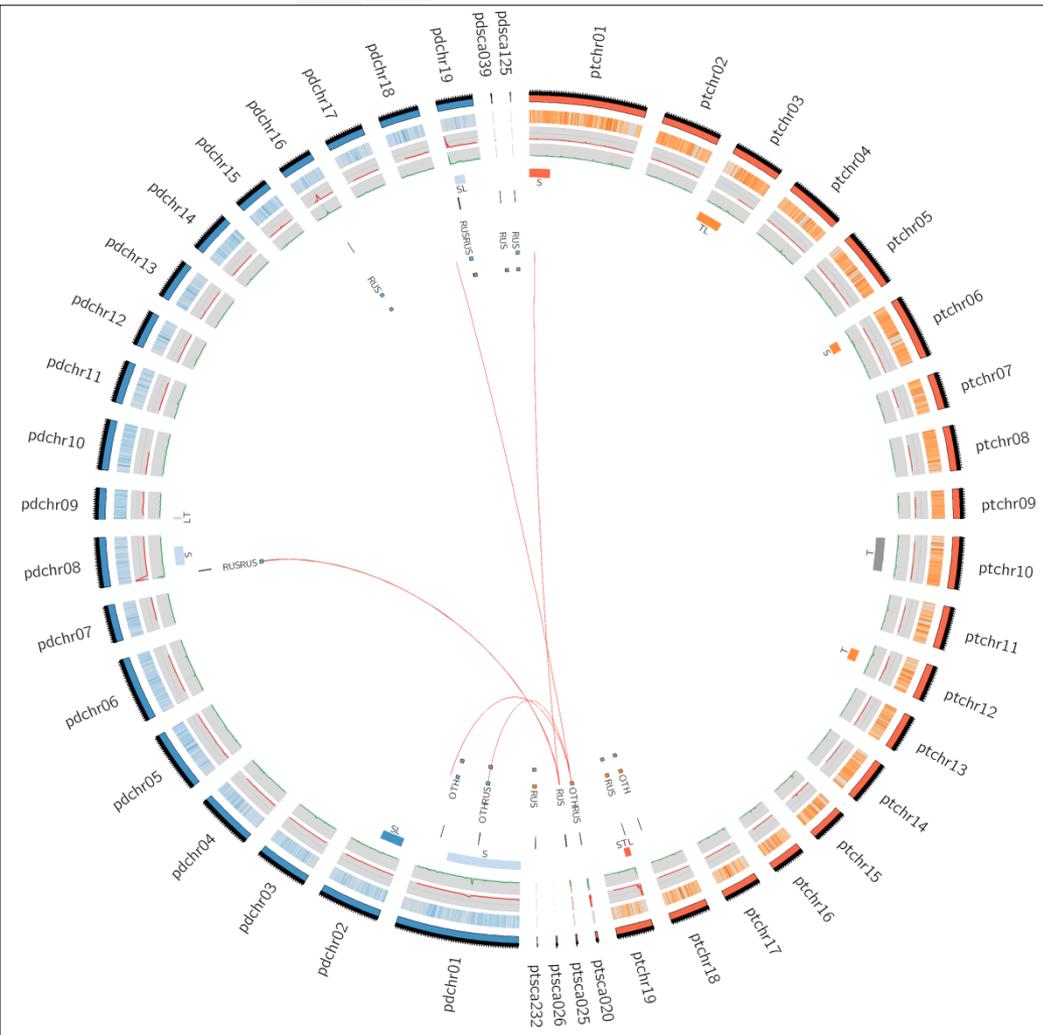
### Intervalles :

RUS ; OTH

### Résultats des BLAST des amorces PCR :

Position initiale et autre position    
 Position initiale    
 Amorce répétée 

# Populus trichocarpa versus Populus deltoides



## Chromosomes et scaffolds :

 *P. deltoides*  *P. trichocarpa*

## Nombre de variants / 100kb :

Heatmap des Variants NS  
Heatmap et courbe des Variants RUS  
Heatmap et courbe des Variants OTH

## QTL :

S Nombre de sores ; T Taille des sores ; L Latence

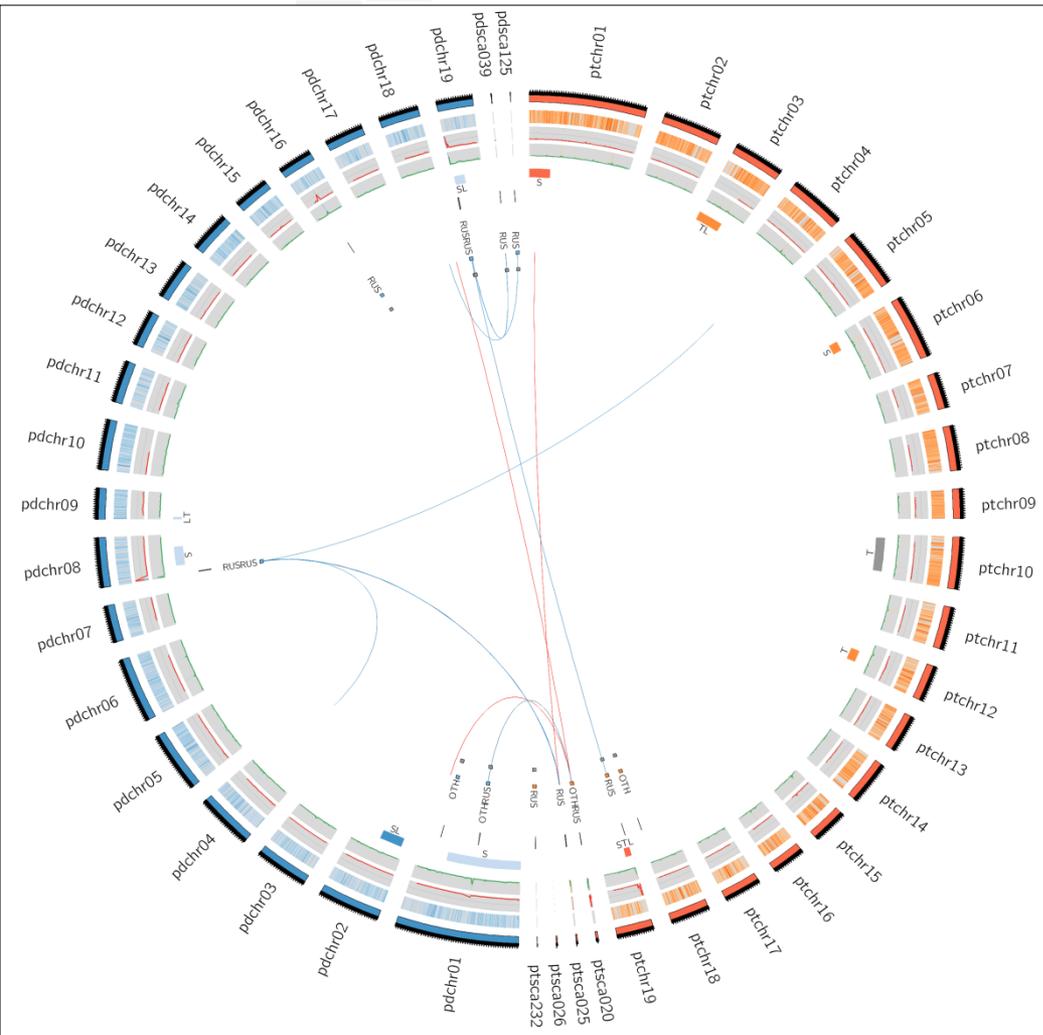
## Intervalles :

RUS ; OTH

## Résultats des BLAST des amorces PCR :

Pdeldo Ptrico  
Position initiale et autre position    
Position initiale    
Amorce répétée 

# Populus trichocarpa versus Populus deltoides



## Chromosomes et scaffolds :

 *P. deltoides*  *P. trichocarpa*

## Nombre de variants / 100kb :

Heatmap des Variants NS  
Heatmap et courbe des Variants RUS  
Heatmap et courbe des Variants OTH

## QTL :

**S** Nombre de sores ; **T** Taille des sores ; **L** Latence

## Intervalles :

RUS ; OTH

## Résultats des BLAST des amorces PCR :

Position initiale et autre position    
Position initiale    
Amorce répétée 

# Conclusions et Perspectives

## Bilan :

Malgré le polymorphisme entre les références et les génotype étudiés

- ⇒ Obtention de **marqueurs** et **régions génomiques** à proximité du **gène majeur  $R_{us}$**
- ⇒ Obtention de régions génomiques associés à la résistance pour **les 2 espèces**
- ⇒ Définition de **nouveaux marqueurs**

## Pré-requis indispensables

- ⇒ **~15 individus** par Bulk : c'est suffisant sous réserve d'un phénotypage fiable
- ⇒ Obtention de **profondeurs** suffisantes pour valider statistiquement les fréquences alléliques
- ⇒ Importance de la **qualité de la référence** pour localiser les régions d'intérêt

## Perspectives :

- ⇒ Validation **expérimentale** (génotypage des nouveaux marqueurs sur la Famille 54)
- ⇒ **Annotation** des gènes de *Populus deltoides*, analyse de l'homologie entre *Populus trichocarpa*, *Populus deltoides*
- ⇒ Description de **l'impact du polymorphisme** sur la fonctionnalités des gènes
- ⇒ **Test de diversité** génétique présente sous les QTL dans les populations d'amélioration (*Populus trichocarpa*, *Populus deltoides*)

# Remerciements



**EPGV**

Etude du Polymorphisme  
des Génomés Végétaux

Patricia Faivre-Rampant  
Marie-Christine Le Paslier  
Aurélie Bérard  
Aurélie Chauveau  
Isabelle Le Clainche  
Elodie Marquand  
Dominique Brunel



**BioForA**

Catherine Bastien  
Véronique Jorge  
Vanina Guérin  
Odile Rogier  
Vincent Segura  
Arnaud Dowkiw  
Marc Villar



Aloïs Bresson  
Frédérique Bitton



Sophie Mangenot  
Valérie Barbe  
Corinne Cruaud  
Artem Kourlaiev

**CEA – CNRGH** Equipe système



**Merci pour votre attention.**

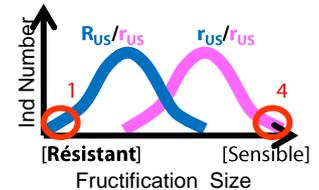


# Comparaison des Bulks

Pour chaque position, identification du type de variant :

- **description** des allèles parentaux
- **suivi** de la ségrégation des allèles spécifiques de l'un des parents dans les Bulks

Bulks comparés	Conditions	Nature du variant
<b>B1</b> vs <b>B4</b>	Allèle <u>spécifique de Ptricho</u> : Observé dans <b>B1</b> , <b>B3</b> et PAS dans <b>B2</b> , <b>B4</b>	=> Variant RUS
<b>B1</b> vs <b>B4</b>	Allèle <u>spécifique de Ptricho</u> : Observé dans <b>B4</b> et PAS dans <b>B1</b>	=> Variant OTH
<b>B1</b> vs <b>B4</b>	Allèle <u>spécifique de Pdelto</u> : Observé dans <b>B1</b> et PAS dans <b>B4</b> Observé dans <b>B4</b> et PAS dans <b>B1</b>	=> Variant OTH
<b>B1</b> vs <b>B4</b>	Allèle <u>spécifique de Pdelto ou Ptricho</u> : Observé dans <b>B1</b> , <b>B4</b> Pas d'allèle spécifique	=> Variant NS



**Ptricho** *Populus trichocarpa*, **Pdelto** *Populus deltoides*, **B1** Bulk1, **B2** Bulk2, **B3** Bulk3, **B4** Bulk4

# Du séquençage à l'identification des intervalles

ETAPES	OUTILS	REMARQUES
Séquençage NGS	DNA_TruseqA_Illumina	<b>Sizing</b> 450-650bp ; PE(2x76) or (2x101) cycles <b>6 librairies</b> : Pt;Pd;Bulk1;Bulk2,Bulk3;Bulk4
Trimming	trimmomatic/0.32	Min Length = 36pb ; No N ; PHRED score > 20 on 4 bases (sliding windows)
Alignment	bwa/0.7.12	<b>Ref1</b> : <i>P. trichocarpa</i> Nisqually v3.0 softmasked <b>Ref2</b> : <i>P. deltoides</i> WV94_445 v2.0 softmasked (Default parameters)
Merging and filtration of alignment	samtools/1.3.1	Mapping unic in paire with quality ≥ 30
Variant detection	freebayes/0.9.21	<b>Ref1</b> : 19 Chromosomes and 146 scaffolds ≥ 50Kb Depth ≥ 30 ; multi samples (Pt, Pd, B1, B2, B3 et B4) <b>Ref2</b> : 19 Chromosomes and 192 scaffolds ≥ 50Kb Depth ≥ 30 ; multi samples (Pt, Pd, B1, B2, B3 et B4)
Variant validation and selection	Pearson's Chi2	<b>Ref1 et Ref2</b> : Respect of the Mendellian rules ; Parental depth > 10 ; information on the 4 bulks
Bulk comparison and Intervalles identification	In-house Perl scripts	<b>Ref1 et Ref2</b> : <b>2 comparaisons</b> with the <b>4 Bulks</b>
<i>In silico</i> Intervalles validation	Primer3/BLAST	Primer3 on intervalles Ref1 and Ref2 Validation on BAC sequences.

# Résultats

## Séquençage et Trimming

INDIV	NB_trimmomatic elimADAPT 36pb	%restant
Ptrichocarpa_101.74	1 017 888	5,27
Ptrichocarpa_101.74	1 017 888	5,27
Ptrichocarpa_101.74	14 069 495	65,06
Ptrichocarpa_101.74	14 069 495	65,06
Ptrichocarpa_101.74	21 229 808	84,98
Ptrichocarpa_101.74	21 229 808	84,98
Pdeltoides_73028	98 647 856	90,13
Pdeltoides_73028	98 647 856	90,13
Pdeltoides_73028	24 826 822	91,16
Pdeltoides_73028	24 826 822	91,16
Pdeltoides_73028	18 855 484	91,11
Pdeltoides_73028	18 855 484	91,11
Bulk1	48 795 256	86,15
Bulk1	48 795 256	86,15
Bulk4	37 087 931	92,37
Bulk4	37 087 931	92,37
Bulk1	54 297 975	83,74
Bulk1	54 297 975	83,74
Bulk2	72 866 755	85,31
Bulk2	72 866 755	85,31
Bulk2	20 244 211	88,55
Bulk2	20 244 211	88,55
Bulk3	59 873 292	86,63
Bulk3	59 873 292	86,63
Bulk3	16 299 028	90,18
Bulk3	16 299 028	90,18
Bulk4	52 243 686	89,14
Bulk4	52 243 686	89,14



# Résultats Mapping

Profondeur

⇒ Pour mémoire

Reference	Info	P. trichocarpa 101-74	P. deltoides 73028	Bulk 1	Bulk 2	Bulk 3	Bulk 4
Pt Nisqually v3.0	Total_paired_reads_number	72 732 158	288 097 881	209 481 530	188 964 351	154 437 392	180 483 975
	reads_in_paired_MappingQuality > 30	51 903 451	173 489 464	129 698 163	121 026 257	99 723 832	114 707 114
	%_mapped_filtered_reads_number	71,36	60,22	61,91	64,05	64,57	63,56
	depth_mean_filtered	8X	34X	26X	24X	20X	23X
	Reads_in_pairs_Average_length (pb)	488	352	370	338	325	315
	reads_average_length (pb)	73	98	98	98	98	98
Pdeltoides v2.0	reads_in_paired_MappingQuality > 30	35 484 417	202 020 050	117 374 139	109 606 250	89 926 605	102 718 554
	%_mapped_filtered_reads_number	48,79	70,12	56,03	58,00	58,23	56,91
	depth_mean_filtered	~5X	41X	23X	22X	18X	21X
	consensus	19	19	19	19	19	19
	Reads_in_pairs_Average_length (pb)	486	352	370	338	325	316
	reads_average_length (pb)	73	98	98	98	98	98



# Résultats

## Nombre de variants

Détection de variants contre *P. trichocarpa* N.

CHR	CHR_SIZE	VCF	DP10	CHI2_CONF	%usable
Chr01	50 495 391	1 734 543	526 850	267 174	15,40
Chr02	25 263 035	882 711	270 984	141 617	16,04
Chr03	21 816 808	721 662	211 593	110 566	15,32
Chr04	24 267 051	794 228	236 237	120 947	15,23
Chr05	25 890 704	850 151	270 780	144 585	17,01
Chr06	27 912 125	935 204	294 571	155 591	16,64
Chr07	15 610 913	525 826	159 989	84 574	16,08
Chr08	19 465 461	618 642	199 720	105 543	17,06
Chr09	12 948 742	433 510	137 951	77 528	17,88
Chr10	22 580 532	715 949	222 101	120 733	16,86
Chr11	18 501 271	604 083	176 956	84 085	13,92
Chr12	15 760 346	521 357	154 804	77 009	14,77
Chr13	16 320 717	543 973	167 025	86 726	15,94
Chr14	18 920 894	610 083	182 207	92 809	15,21
Chr15	15 278 577	524 338	164 245	84 095	16,04
Chr16	14 494 361	495 310	147 038	73 241	14,79
Chr17	16 080 358	494 564	132 092	65 814	13,31
Chr18	16 958 300	532 165	150 579	77 920	14,64
Chr19	<b>15 942 145</b>	<b>447 904</b>	<b>107 065</b>	<b>50 627</b>	<b>11,30</b>
scaffold_20	<b>910 294</b>	<b>22 523</b>	<b>1 738</b>	<b>648</b>	<b>2,88</b>
scaffold_21	859 952	22 734	2 872	680	2,99

~35 variants/kb

~5 variants/kb

Détection de variants contre *P. deltoides*

CHR	CHR_SIZE	VCF	DP10	CHI2_CONF	%usable
Chr01	53 068 527	1 652 772	332 653	189 631	11,47
Chr02	26 740 511	842 920	161 742	98 077	11,64
Chr03	22 910 382	674 613	137 232	80 044	11,87
Chr04	24 217 135	749 123	154 895	88 491	11,81
Chr05	26 434 723	831 017	178 104	107 530	12,94
Chr06	28 312 790	899 846	191 162	112 507	12,50
Chr07	16 144 408	500 694	100 920	60 302	12,04
Chr08	21 697 855	611 821	129 860	77 724	12,70
Chr09	13 400 034	421 859	91 269	58 724	13,92
Chr10	21 858 526	677 589	149 986	91 795	13,55
Chr11	18 308 449	547 294	108 668	58 787	10,74
Chr12	15 560 171	461 987	91 313	51 425	11,13
Chr13	17 528 735	508 097	108 185	63 435	12,48
Chr14	17 666 977	570 354	119 178	71 194	12,48
Chr15	15 249 739	480 768	100 589	59 613	12,40
Chr16	14 753 505	469 306	93 674	51 904	11,06
Chr17	16 614 164	474 529	91 840	49 508	10,43
Chr18	17 179 579	541 694	107 168	62 647	11,57
Chr19	15 519 173	405 574	70 356	38 864	9,58
scaffold_20	409 394	10 689	2 475	500	4,68
scaffold_21	325 530	11 595	1 434	392	3,38
scaffold_39	149 435	1 366	36	9	0,66

~31 variants/kb

~4 variants/kb

# Comparaisons avec 2 Bulks / 4Bulks

## 2 Bulks

*P. trichocarpa* Nisqually v3.0 softmasked  
**34 intervalles > 2kb (525kb)**  
**OTH:12int et 360kb**  
**RUS:22int et 165kb**  
442 intervalles > 50pb (629kb)  
OTH:94int et 382kb  
RUS:348int et 247kb

*P. deltoides* WV94\_445 v2.0 softmasked  
**15 intervalles > 2kb(108kb)**  
**OTH:4int et 18kb**  
**RUS:11int et 90kb**  
331 intervalles > 50pb(175kb)  
OTH:72int et 38kb  
RUS:259int et 137kb

## 4 Bulks

*P. trichocarpa* Nisqually v3.0 softmasked  
**12 intervalles > 2kb (143kb)**  
**OTH:2int et 47kb**  
**RUS:10int et 96kb**  
**39 couples d'amorces (4 multihit)**  
92 intervalles > 50pb (670kb)  
OTH:24int et 52kb  
RUS:68int et 618kb

*P. deltoides* WV94\_445 v2.0 softmasked  
**11 intervalles > 2kb (180kb)**  
**OTH:2int et 20kb**  
**RUS:9int et 160kb**  
**48 couples d'amorces (18 multihit)**  
43 intervalles > 50pb (188kb)  
OTH:14int et 22kb  
RUS:29int et 166kb