



Les Rencontres du
Végétal

9^e
édition

2017
16 & 17 janvier

AGROCAMPUS OUEST
ANGERS, FRANCE

RECHERCHE
EXPÉRIMENTATION
INNOVATION

Fruits
Légumes
Ornement
Plantes aromatiques
et médicinales
Semences
Cidriculture
Viticulture
Paysage

**GenoParfum : développement de
ressources moléculaires pour
l'amélioration de la lavande**

Projet Casdar 2015-2017

Berline FOPA FOMEJU

Ingénieure de recherche, INRA-EPGV, VEGEPOLYS

CONTEXTE



Photo pers.

Lavande historiquement améliorée par sélection
massale

CONTEXTE



Photo pers.

Lavande historiquement améliorée par sélection
massale

Nouveaux enjeux de sélection



Photo pers.

Lavandes dépérissantes



Photo D. Blancard (INRA)



Photo C. Bassaglia
(Insecte.org)

CONTEXTE



Photo pers.

Lavande historiquement améliorée par sélection
massale

Nouveaux enjeux de sélection

↳ Développer de nouvelles
variétés

**Sélection assistée par marqueurs
(SAM)**



Photo pers.

Lavandes dépérissantes



Photo D. Blancard (INRA)



Photo C. Bassaglia
(Insecte.org)

CONTEXTE

Utilisation des marqueurs moléculaires en SAM

CONTEXTE

Utilisation des marqueurs moléculaires en
SAM

Explorer la diversité génétique en amont d'un
schéma de croisement



CONTEXTE

Utilisation des marqueurs moléculaires en SAM

Explorer la diversité génétique en amont d'un schéma de croisement



Génotype 1



X



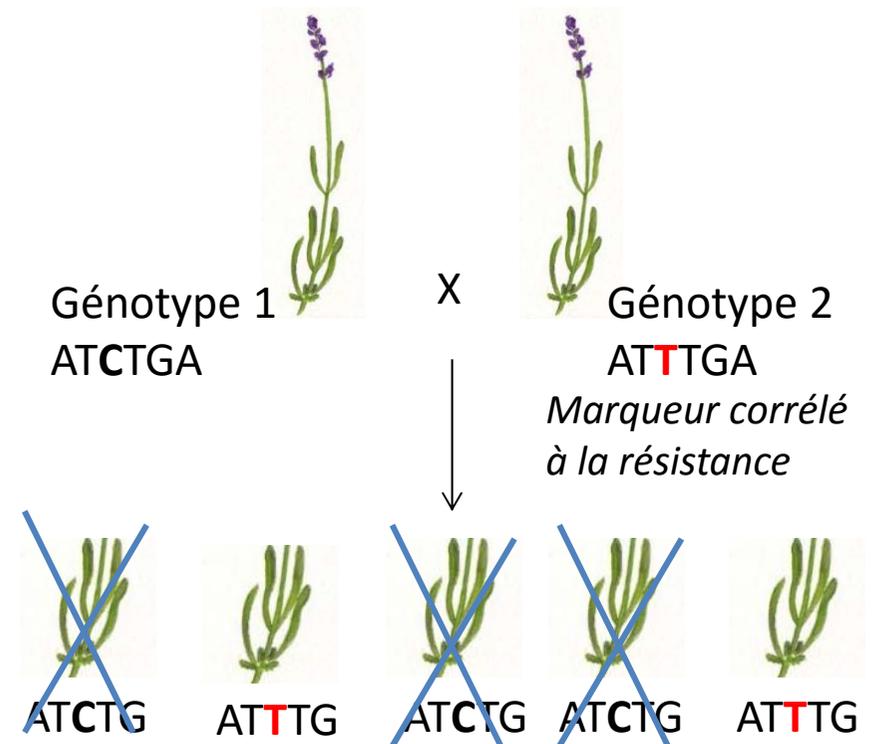
Génotype 2

CONTEXTE

Utilisation des marqueurs moléculaires en SAM

Explorer la diversité génétique en amont d'un schéma de croisement

Suivre un caractère corrélé à un ou plusieurs marqueurs dans un schéma de croisement



CONTEXTE

Ressources disponibles pour la lavande

- ❖ Espèce allogame, diploïde, génome nucléaire ~ 1 giga paires de bases
- ❖ Quelques données génomiques et protéiques publiques disponibles



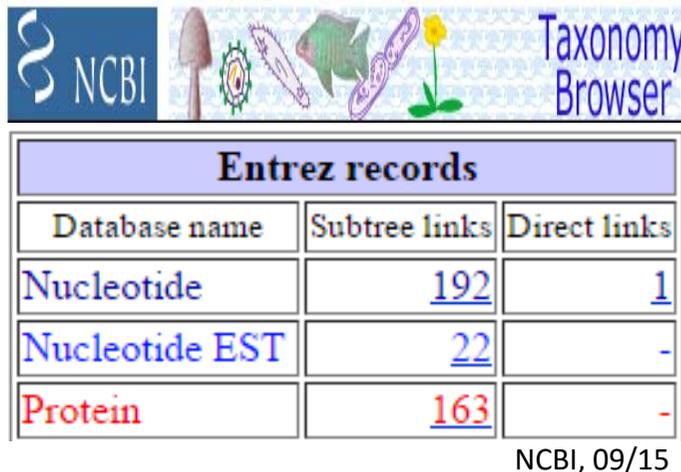
Entrez records		
Database name	Subtree links	Direct links
Nucleotide	192	1
Nucleotide EST	22	-
Protein	163	-

NCBI, 09/15

CONTEXTE

Ressources disponibles pour la lavande

- ❖ Espèce allogame, diploïde, génome nucléaire ~ 1 giga paires de bases
- ❖ Quelques données génomiques et protéiques publiques disponibles



The screenshot shows the NCBI Taxonomy Browser interface. At the top, there is a navigation bar with the NCBI logo and the text 'Taxonomy Browser'. Below this is a table titled 'Entrez records' with three columns: 'Database name', 'Subtree links', and 'Direct links'. The table contains three rows of data: 'Nucleotide' with 192 subtree links and 1 direct link; 'Nucleotide EST' with 22 subtree links and 0 direct links; and 'Protein' with 163 subtree links and 0 direct links. The date 'NCBI, 09/15' is displayed at the bottom right of the table.

Entrez records		
Database name	Subtree links	Direct links
Nucleotide	192	1
Nucleotide EST	22	-
Protein	163	-

NCBI, 09/15



Etoffer le catalogue de ressources moléculaires disponibles

OBJECTIF

GenoParfum : développer des ressources moléculaires pour la lavande

Catalogue de séquences de gènes de lavande

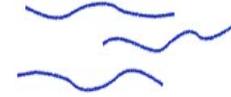


Plusieurs milliers de marqueurs moléculaires (SNP)

Données de diversité génétique du matériel étudié

STRATEGIE

Extraction ARNm



STRATEGIE

Extraction ARNm



- ❖ Moins coûteux à séquencer
- ❖ Accès direct aux séquences codants des protéines

STRATEGIE

Extraction ARNm



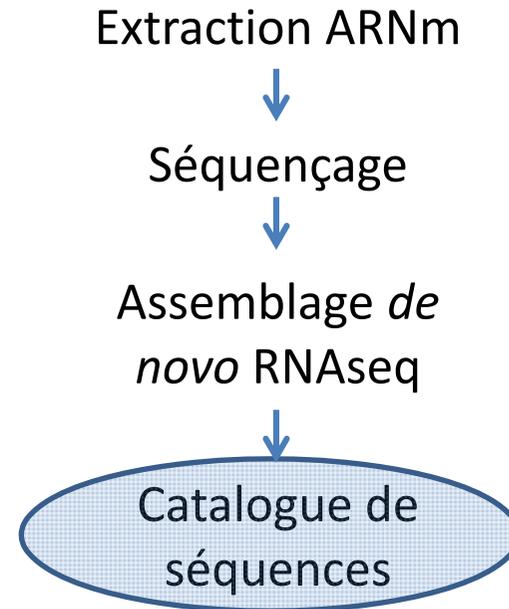
Séquençage



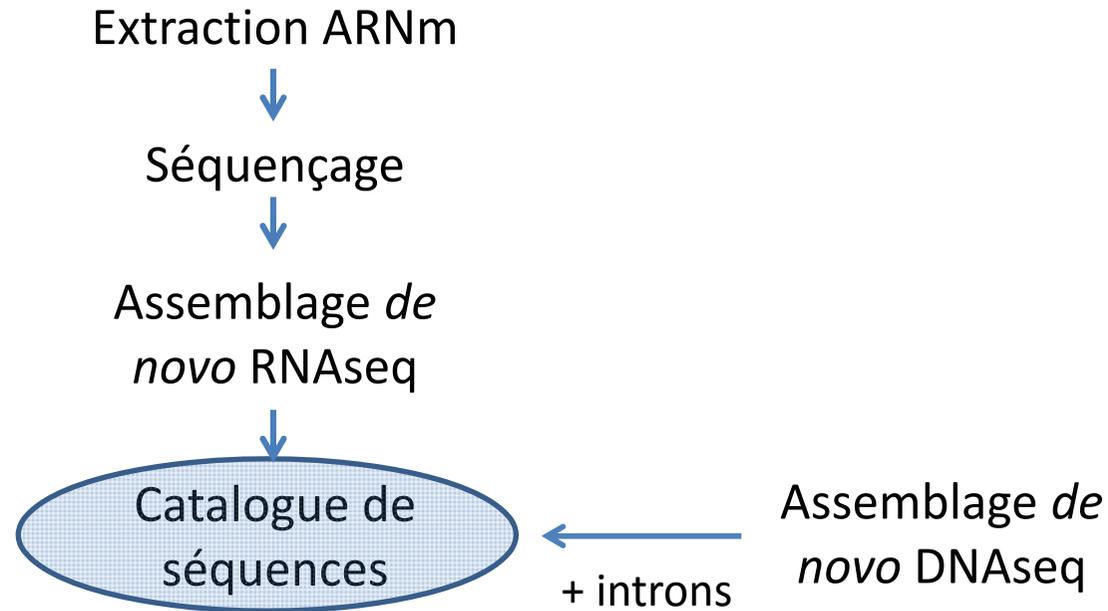
HiSeq 2500

CTAGCTACGCGATCC
GTAACCTAGCTACGCG
GCTACGCGATCCATT

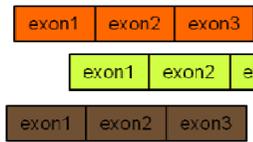
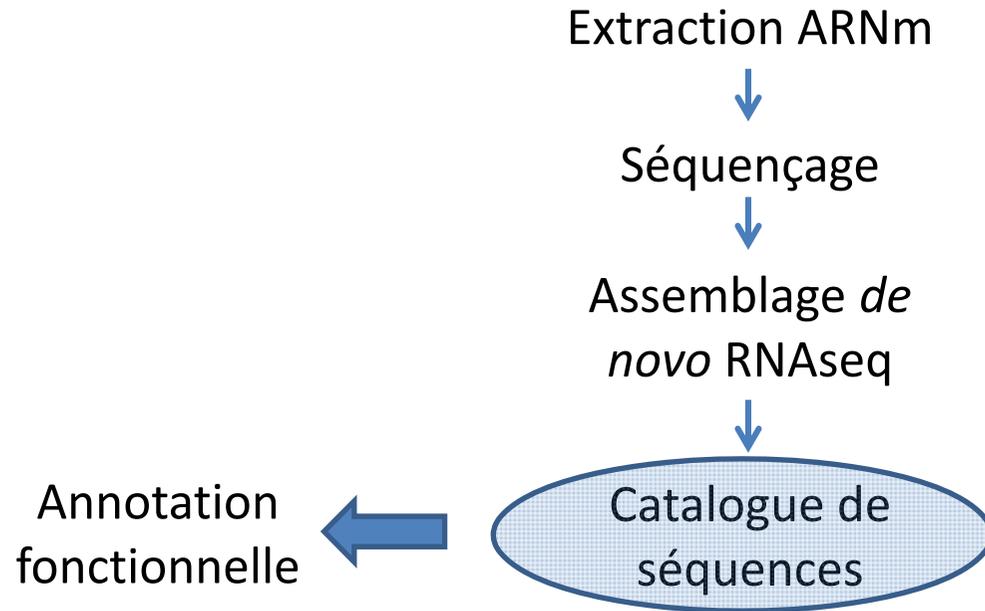
STRATEGIE



STRATEGIE



STRATEGIE



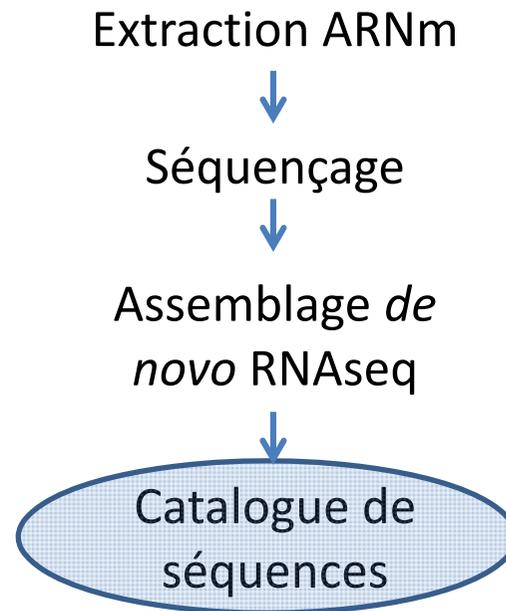
Reads
assemblés



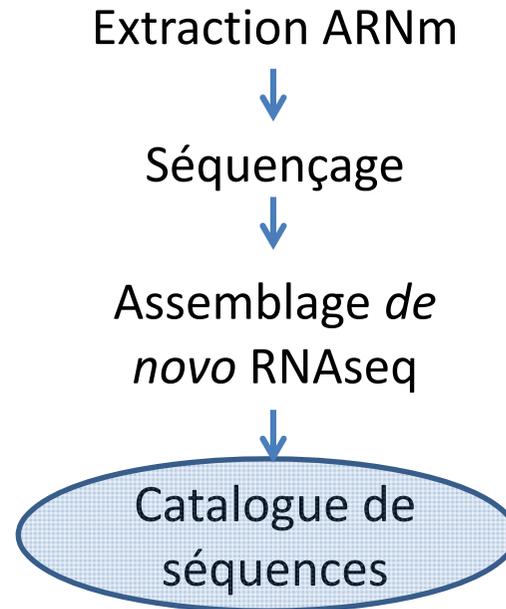
BlastX

→ Cortig
ressemble à
un gène
connu ?

STRATEGIE



STRATEGIE



Séquençage ADN de 15 cultivars de lavande

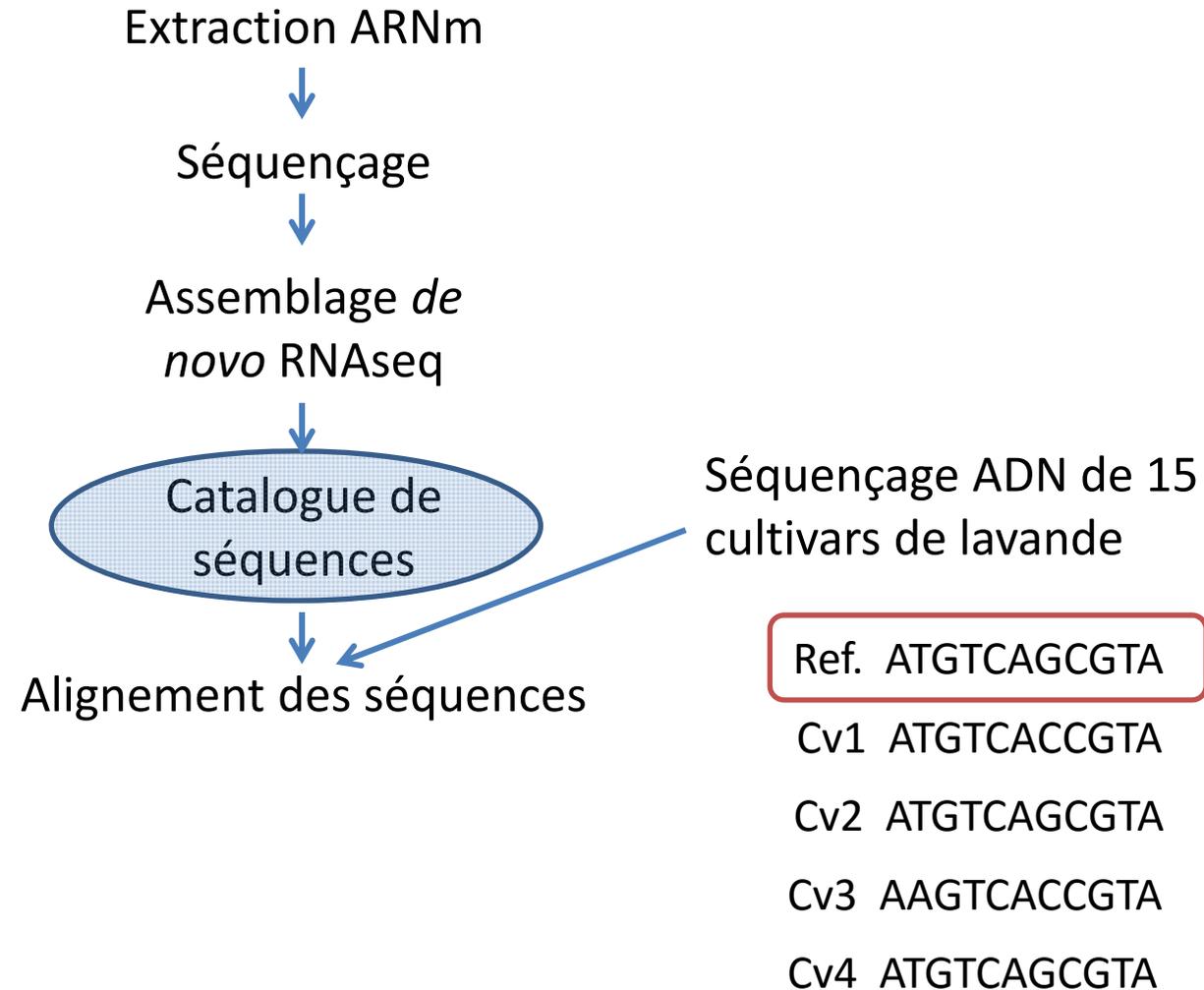
Cv1 ATGTCACCGTA

Cv2 ATGTCAGCGTA

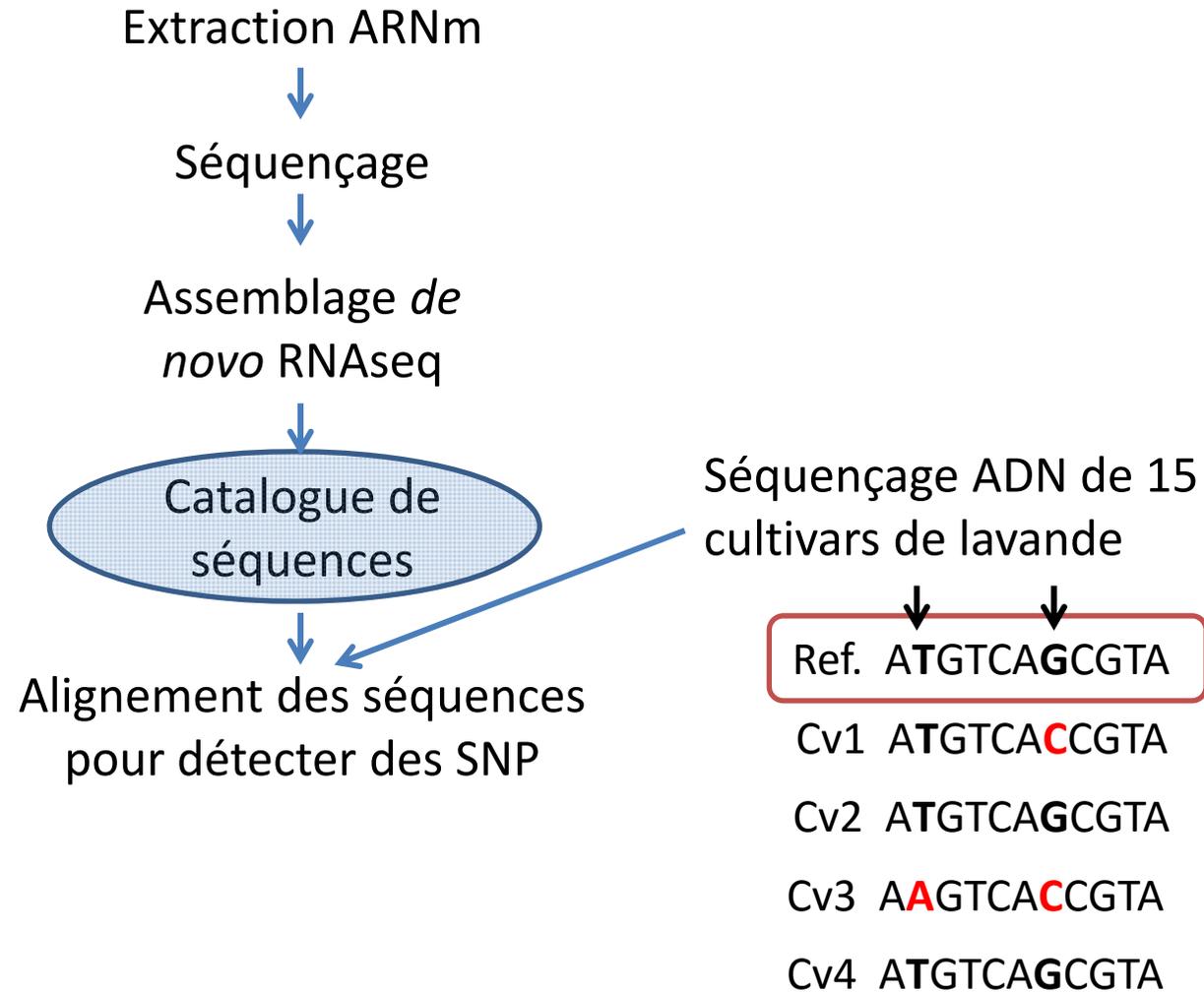
Cv3 AAGTCACCGTA

Cv4 ATGTCAGCGTA

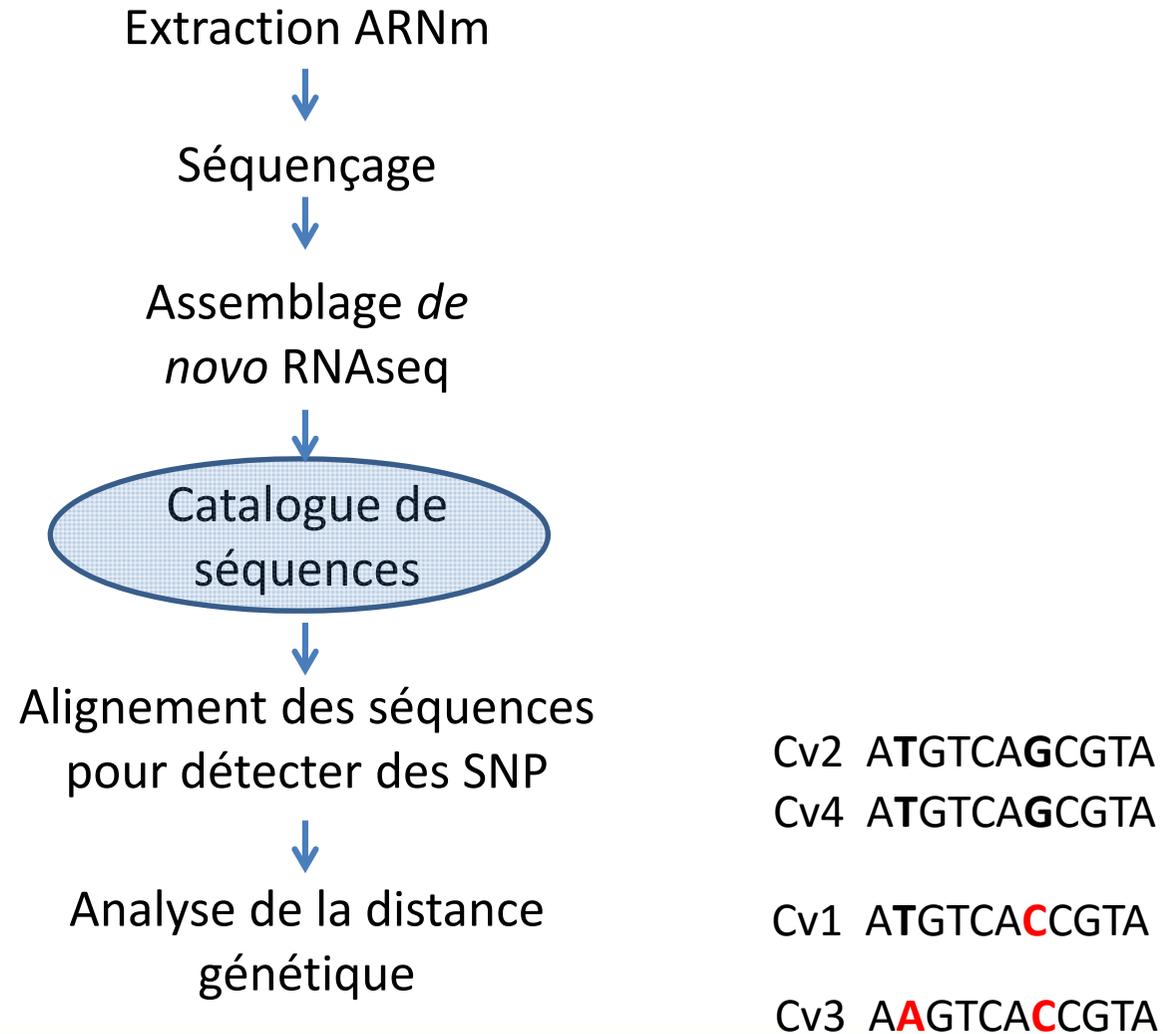
STRATEGIE



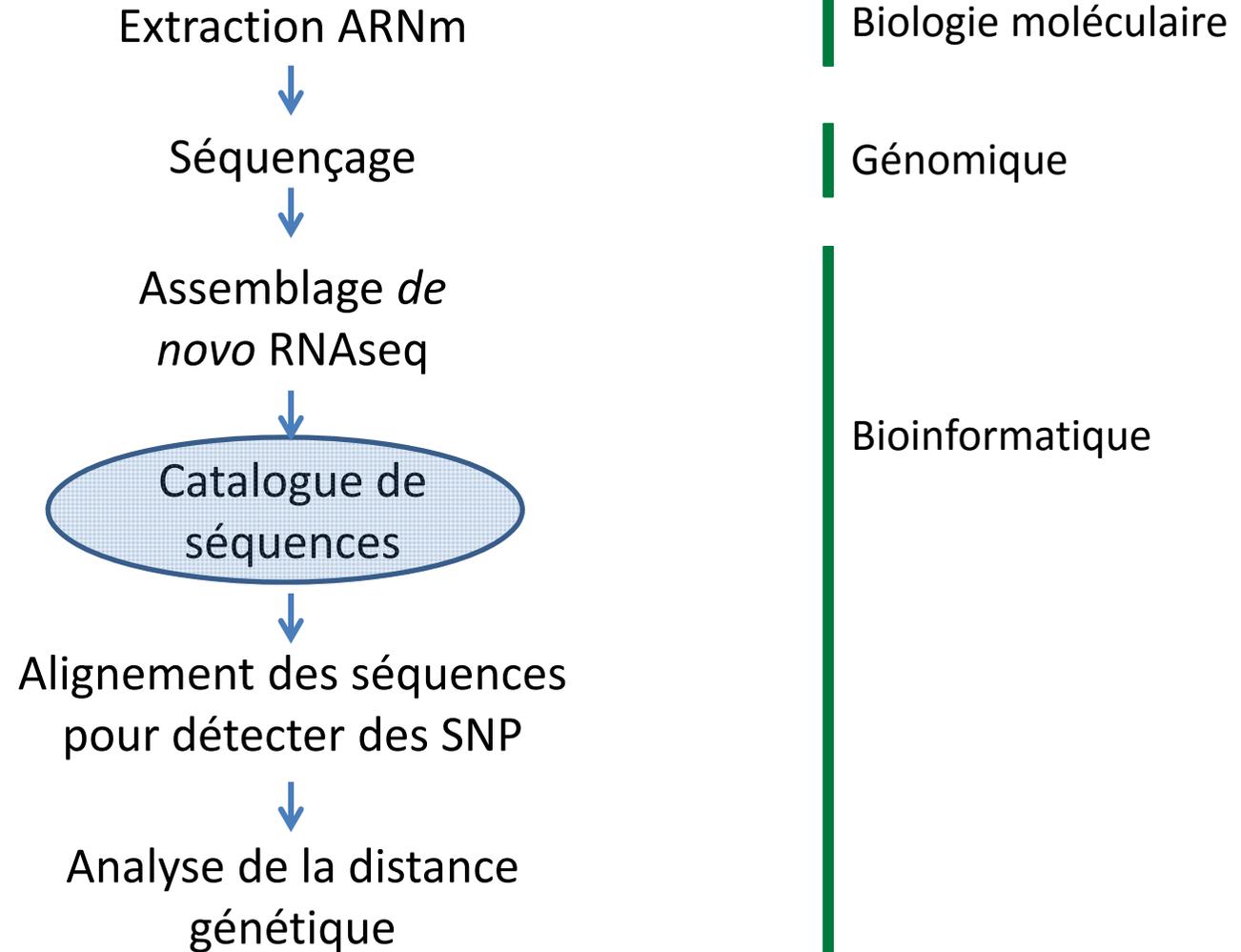
STRATEGIE



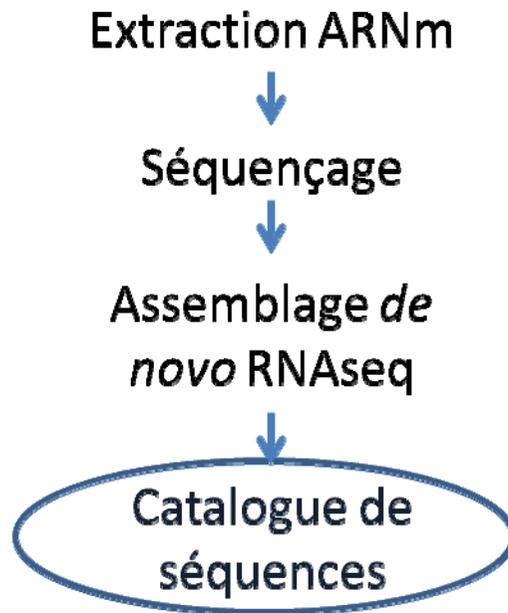
STRATEGIE



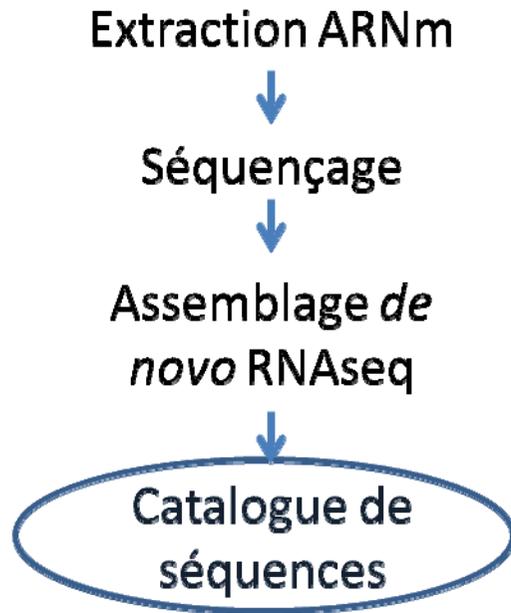
STRATEGIE



RESULTATS



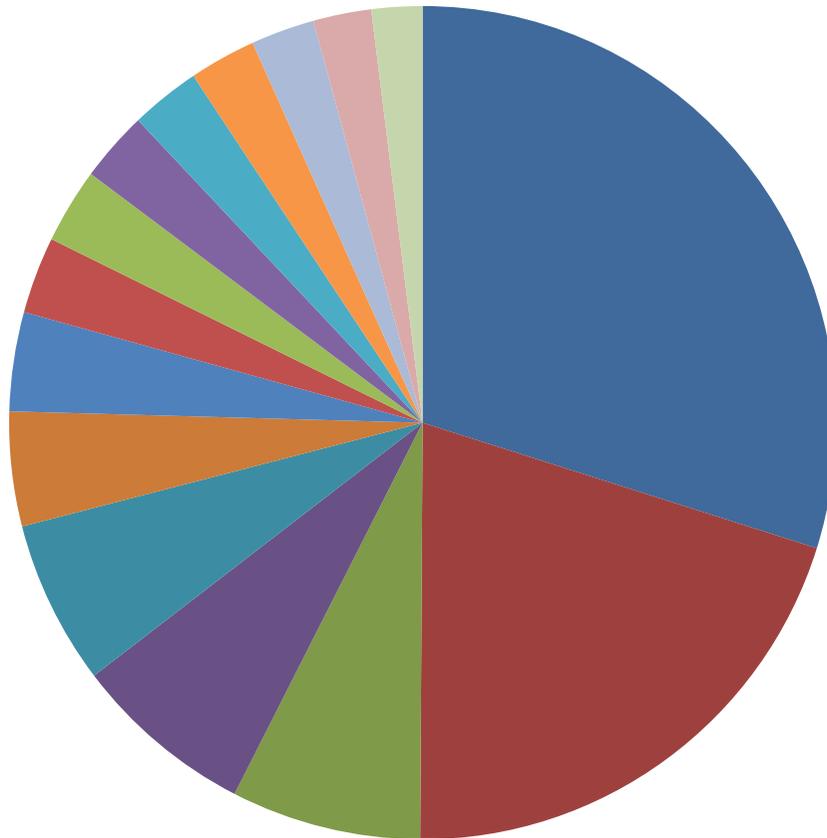
RESULTATS



PE reads	66 107 230
Nb séquences assemblées	171 189
Nb de séquences avec un hit dans la base de données	65 375 (38%)
Nb séquences non redondantes validées	9446

RESULTATS

9446 gènes impliqués dans des processus biologiques divers

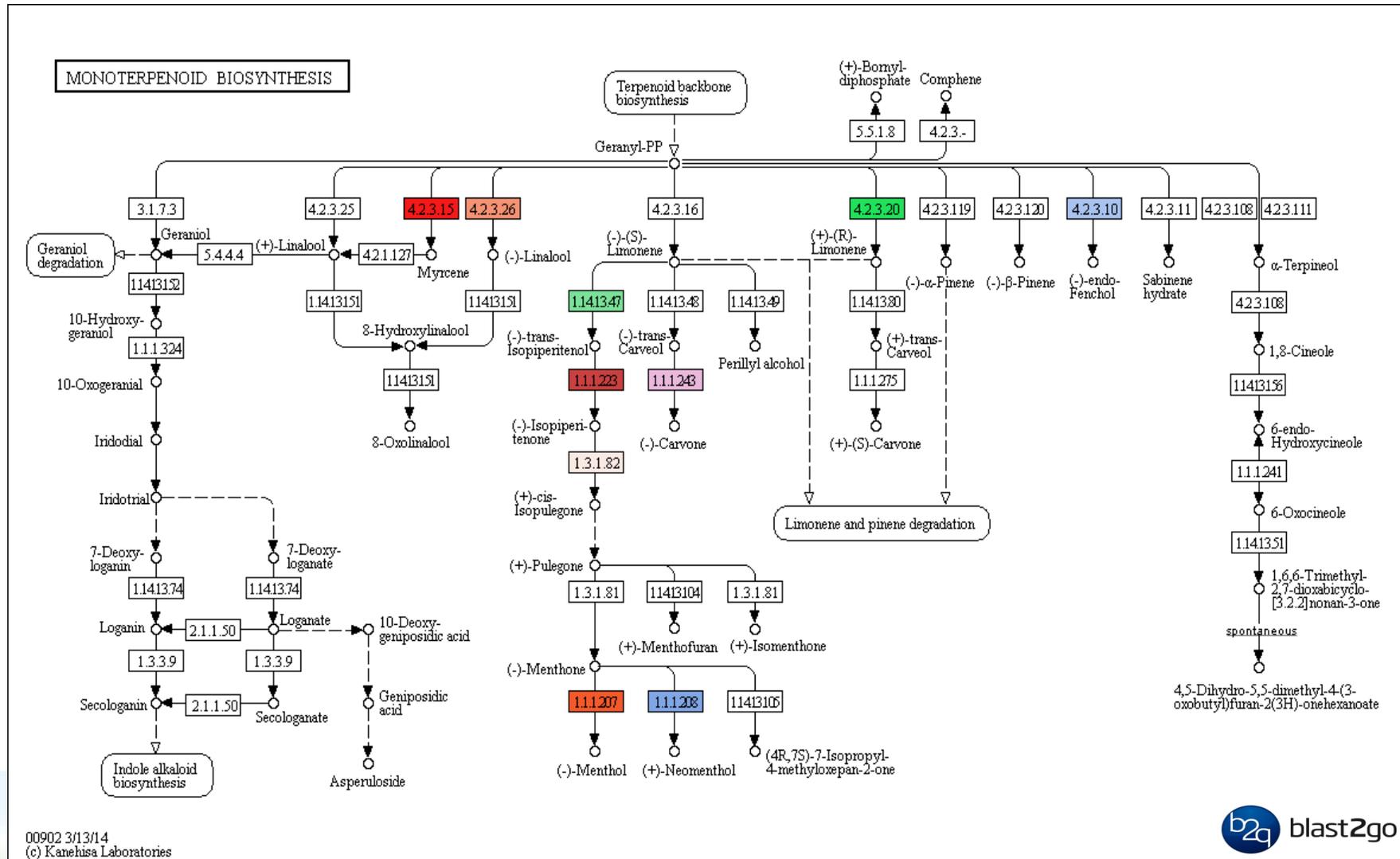


- Transport
- Transcription
- Défense de la plante
- Métabolisme lipidique
- Réponse au stress
- Synthèse/dégradation des parois cellulaires
- Cycle de la cellule
- Processing ARNm
- Biosynthèse protéique
- Métabolisme des glucides
- Biosynthèse des acides aminés
- Voie de signalisation de l'auxine



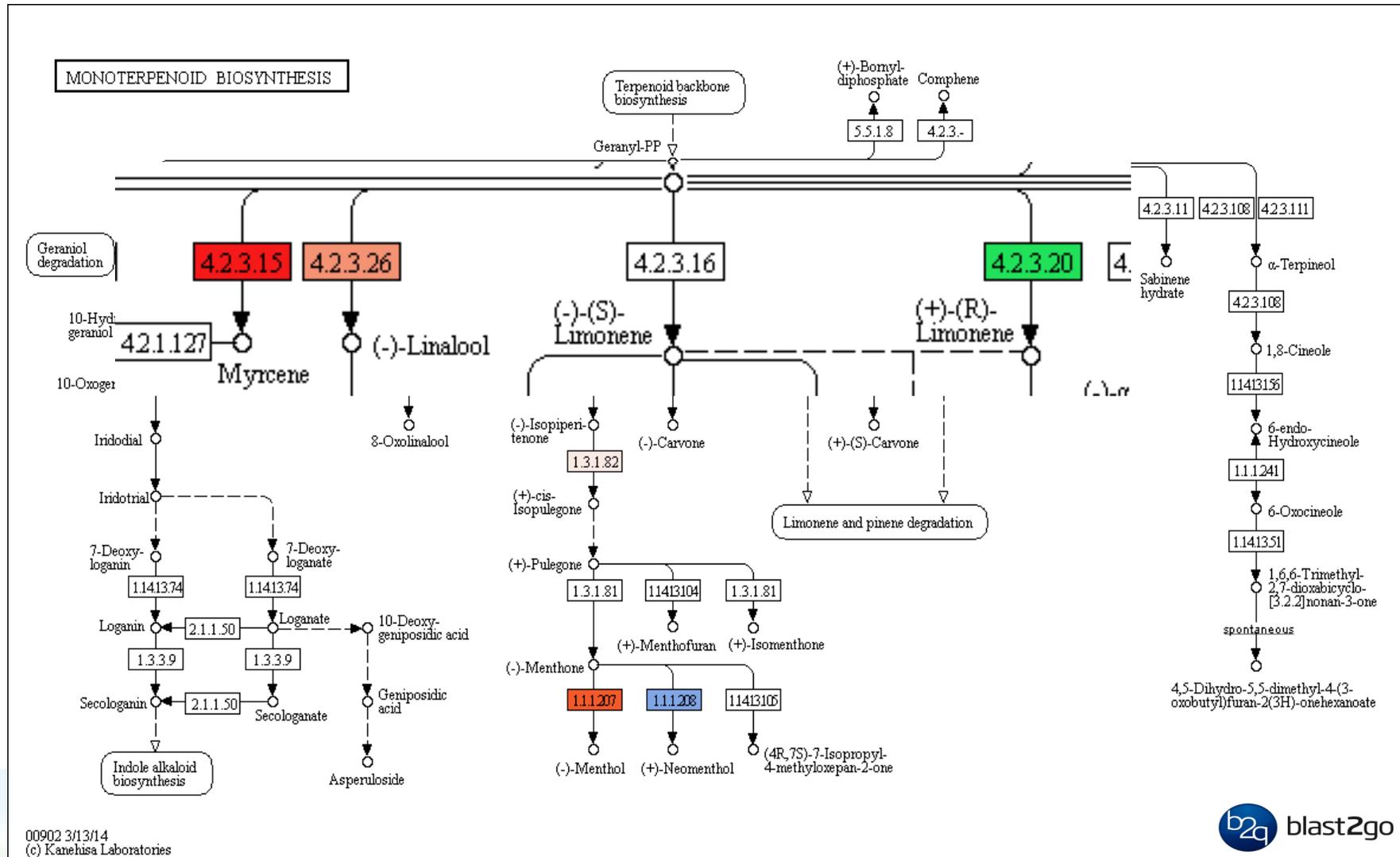
RESULTATS

9446 gènes impliqués dans des processus biologiques divers

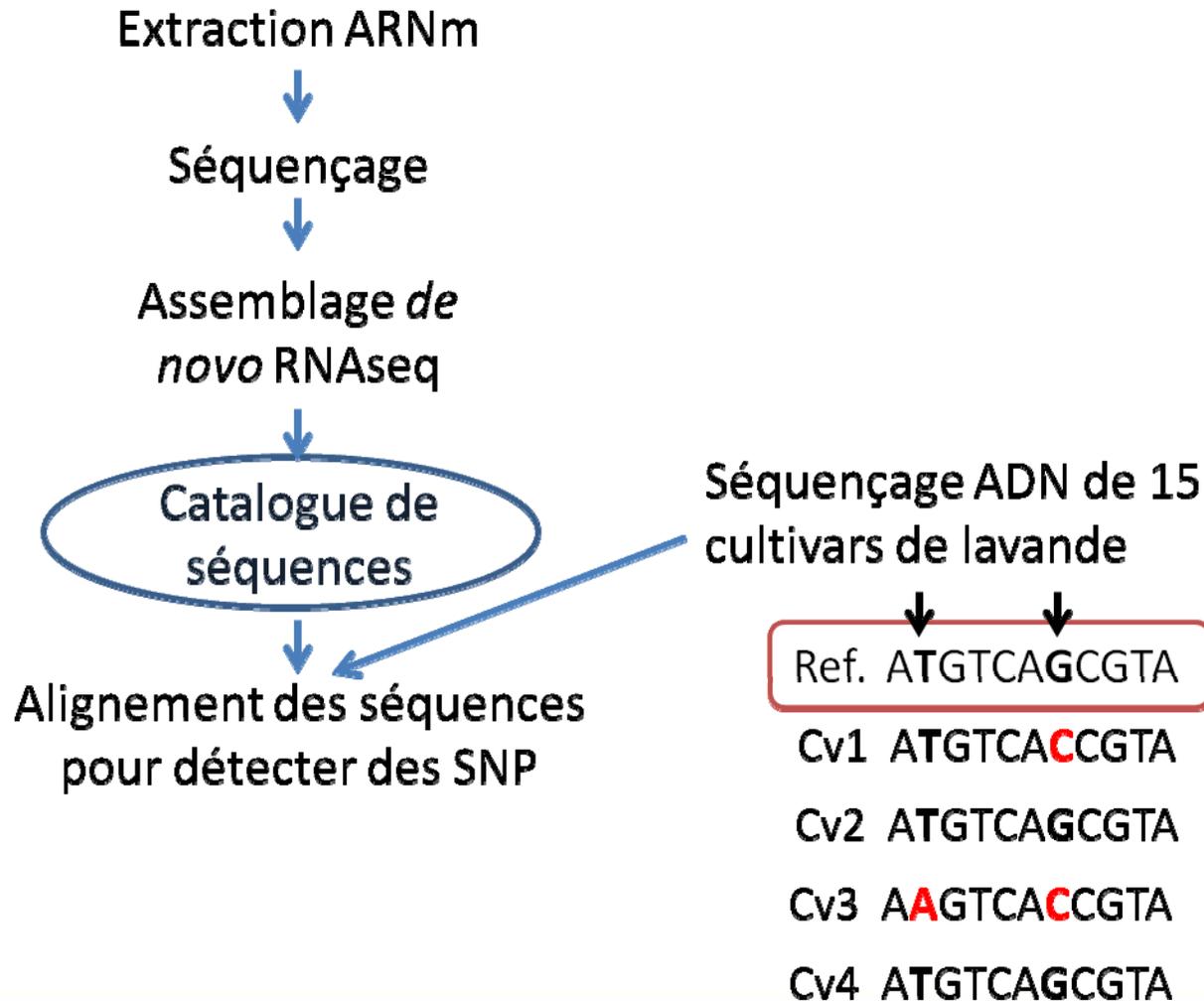


RESULTATS

9446 gènes impliqués dans des processus biologiques divers



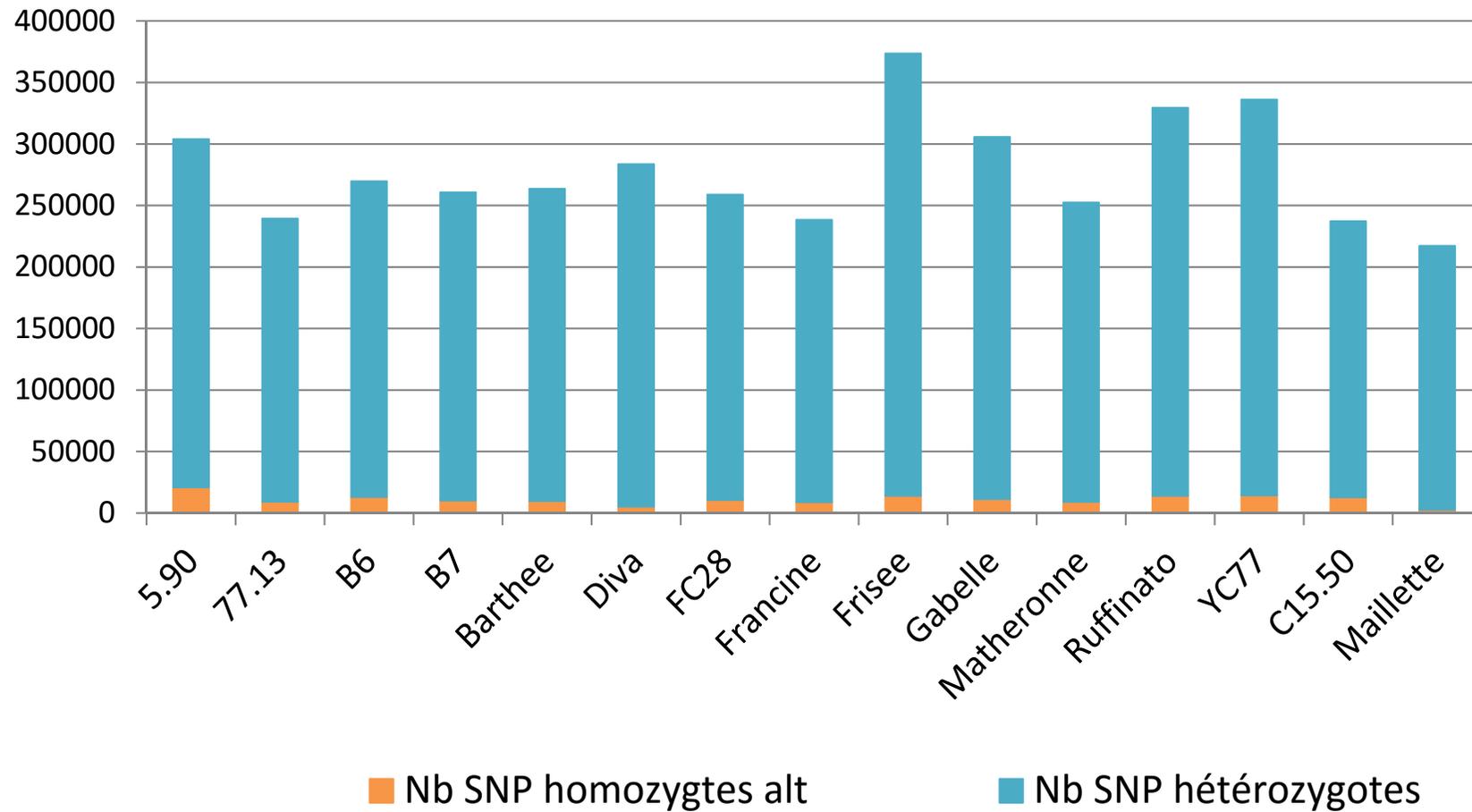
RESULTATS



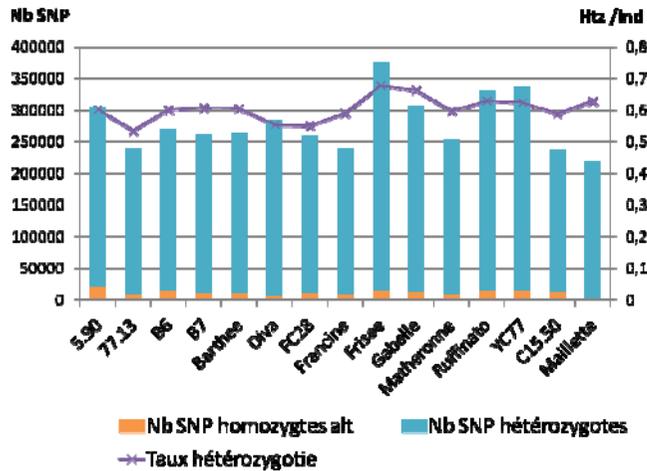
RESULTATS

Les lavandes étudiées sont hautement polymorphes et hétérozygotes

Nb SNP



RESULTATS

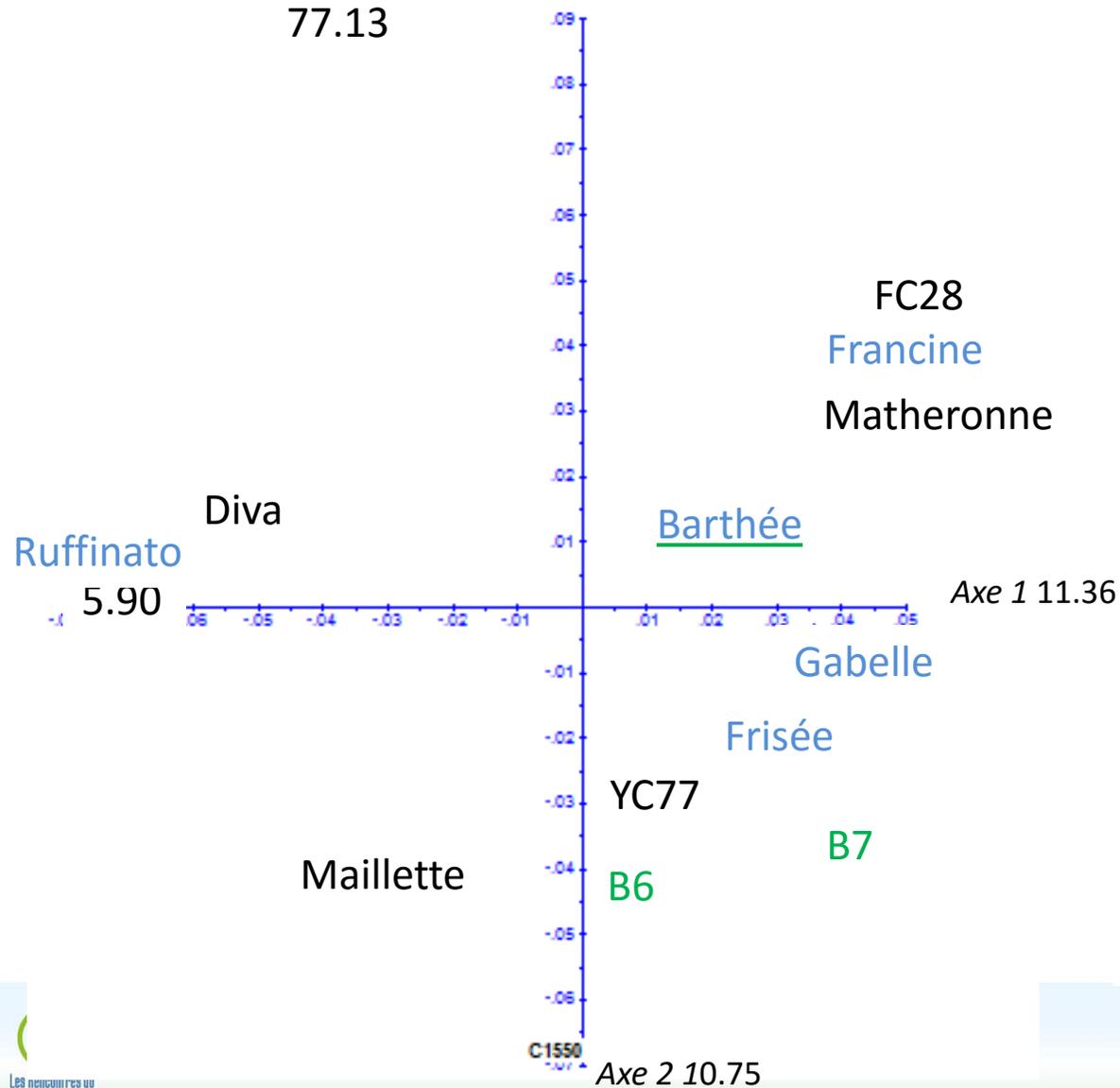


4739 SNP

- Marqueurs sans données manquantes
- Sélection de marqueurs non redondants
- Sélection de marqueurs sans fréquences alléliques rares

RESULTATS

Les lavandes étudiées sont faiblement structurées

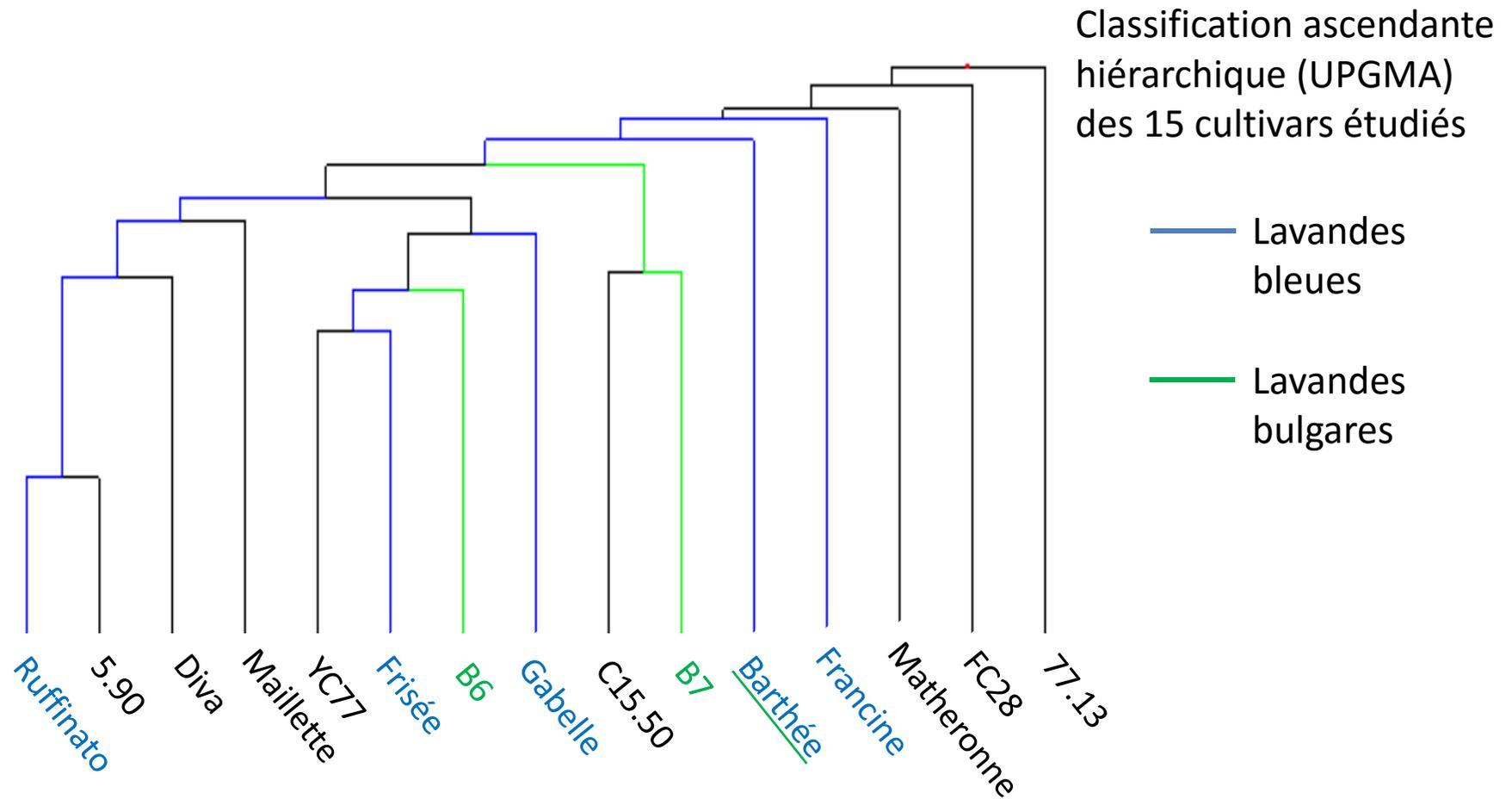


Analyse en Composantes Principales (ACP)

- Lavandes bleues
- Lavandes bulgares

RESULTATS

Les lavandes étudiées sont faiblement structurées



DARwin

RESULTATS

Les distances génétiques entre les 15 cultivars étudiés sont faibles

Dissimilarité max = 18 %

	5.90	77.13	B6	B7	Barthee	FC28	Francine	Frisee	Gabelle	YC77	C1550	Maillette	Diva	Ruffinato
77.13	0,167													
B6	0,157	0,185												
B7	0,175	0,186	0,173											
Barthee	0,172	0,182	0,172	0,175										
FC28	0,179	0,188	0,177	0,185	0,185									
Francine	0,174	0,184	0,173	0,174	0,178	0,181								
Frisee	0,154	0,175	0,148	0,168	0,169	0,168	0,170							
Gabelle	0,165	0,184	0,164	0,174	0,169	0,170	0,174	0,144						
YC77	0,153	0,182	0,147	0,171	0,168	0,173	0,174	0,141	0,158					
C1550	0,160	0,188	0,156	0,150	0,174	0,184	0,183	0,158	0,173	0,161				
Maillette	0,156	0,185	0,158	0,174	0,177	0,186	0,177	0,155	0,165	0,160	0,159			
Diva	0,148	0,175	0,167	0,178	0,174	0,181	0,176	0,171	0,172	0,164	0,171	0,159		
Ruffinato	0,115	0,171	0,158	0,177	0,171	0,177	0,177	0,158	0,169	0,156	0,164	0,164	0,151	
Mathero	0,177	0,185	0,171	0,179	0,182	0,184	0,177	0,165	0,172	0,168	0,182	0,179	0,178	0,175

DARwin

CONCLUSION

- ❖ Construction de séquences sur une espèce orpheline - > socle pour de l'amélioration génétique au sein de l'espèce et des espèces voisines) ;
La lavande est hautement hétérozygote -> schémas SAM adaptés

CONCLUSION

- ❖ Construction de séquences sur une espèce orpheline - > socle pour de l'amélioration génétique au sein de l'espèce et des espèces voisines) ;
La lavande est hautement hétérozygote -> schémas SAM adaptés
- ❖ Homologie de séquences, accès aux fonctions protéiques -> marquage ciblé, approches gènes-candidats ;
~1/3 gènes lavande identifiés

CONCLUSION

- ❖ Construction de séquences sur une espèce orpheline - > socle pour de l'amélioration génétique au sein de l'espèce et des espèces voisines ;
La lavande est hautement hétérozygote -> schémas SAM adaptés
- ❖ Homologie de séquences, accès aux fonctions protéiques -> marquage ciblé, approches gènes-candidats ;
~1/3 gènes lavande identifiés
- ❖ Marqueurs moléculaires = outils intéressant pour étudier la diversité génétique en amont d'un programme de sélection.
Résultats à venir sur 25 populations de lavande



Merci de votre attention

