

RECHERCHE
EXPÉRIMENTATION
INNOVATION

Fruits
Légumes
Ornement
Plantes aromatiques
et médicinales
Semences
Cidriculture
Viticulture
Paysage

AGROCAMPUS
OUEST
ANGERS,
FRANCE

4 & 5 DÉC.
2018

10^e
édition



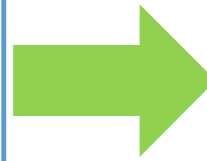
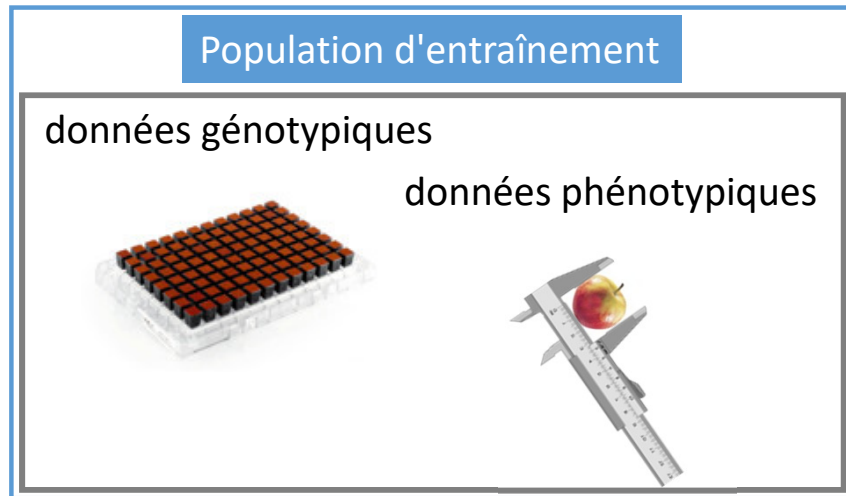
Sélection génomique chez le pommier : premiers pas et perspectives

Hélène Muranty

IRHS, INRA, Agrocampus-Ouest, Université d'Angers, SFR
4207 QuaSaV, 49071, Beaucouzé, FRANCE

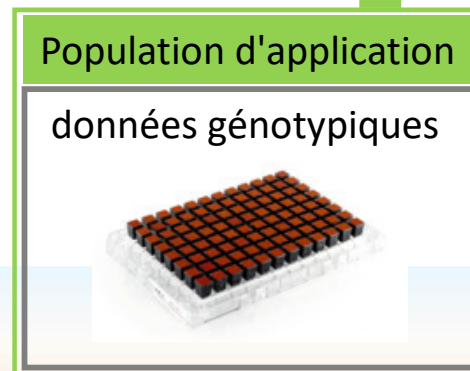


Qu'est-ce que la sélection génomique ?

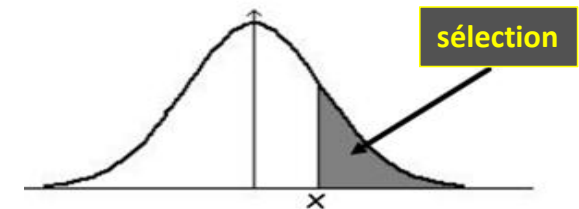


modèle statistique de
prédiction des valeurs
génétiques

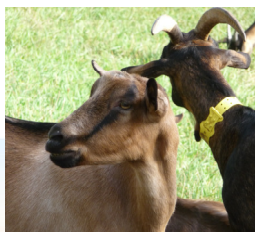
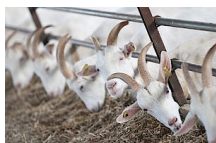
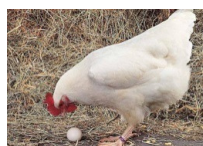
Hypothèse: Marquage dense → Pour chaque polymorphisme affectant un caractère, on pourra trouver un marqueur en **déséquilibre de liaison**.
Pas de détection de QTL



Prédiction et sélection



La sélection génomique est utilisée chez certaines espèces



Intérêt de la sélection génomique chez le pommier

- **Arbres** → grande surface pour les essais d'hybrides
- **Phase juvénile** → retarde l'évaluation de la productivité et de la qualité des fruits
- **Cycle de sélection long**
- **Beaucoup de critères**



$$\text{Gain génétique} / \text{unité de temps} = \frac{\text{Intensité de sélection} \times \text{Précision de prédiction} \times \text{Variation génétique}}{\text{Intervalle de génération}}$$

Premiers résultats sur la sélection génomique chez le pommier

Kumar S, Chagné D, Bink MCAM, et al. (2012) Genomic Selection for Fruit Quality Traits in Apple (*Malus × domestica* Borkh.). PLoS ONE 7:e36674. doi: 10.1371/journal.pone.0036674

plan de croisement factoriel 4 x 2
génotypage puce 8K

Précision de prédiction estimée par **validation croisée**:
Population divisée en 10 sous-ensembles au hasard:

- 9 utilisés pour développer l'équation de prédiction
- le dernier utilisé pour calculer la corrélation entre valeur prédite et valeur observée

(répété 10 fois)

Caractère	précision de prédiction
Fermeté du fruit	0.83
astriugence	0.67
acidité titrable	0.81

Précision de prédiction élevée (0.67 à 0.89):
prédiction intra-famille

Kumar S., Molloy C., Muñoz P., Daetwyler H., Chagné D., Volz R (2015) Genome-enabled estimates of additive and non-additive genetic variances and prediction of apple phenotypes across environments. G3: Genes | Genomes | Genetics doi:10.1534/g3.115.021105

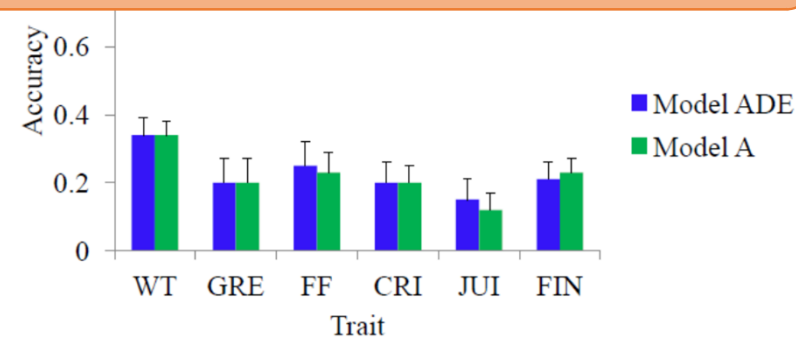
17 familles de pleins-frères, 15 clones par famille
génotypage puce 8K

Prédiction de la valeur génétique totale

Précision de prédiction estimée par **validation croisée**:
sous-ensembles = familles

Précision de prédiction moyenne (sur l'ensemble des familles) de différents caractères chez le pommier (WT: poids des fruits; GRE: graisse; FF: fermeté du fruit; CRI: croquant; JUI: jutosité; FIN: intensité aromatique) en utilisant la composante additive (Model A) ou les composantes additive et non-additive (Model ADE).

Précision de prédiction faible à moyenne
(0.15 à 0.35): prédiction inter-famille



Etude pilote de la sélection génomique du projet



2 objectifs

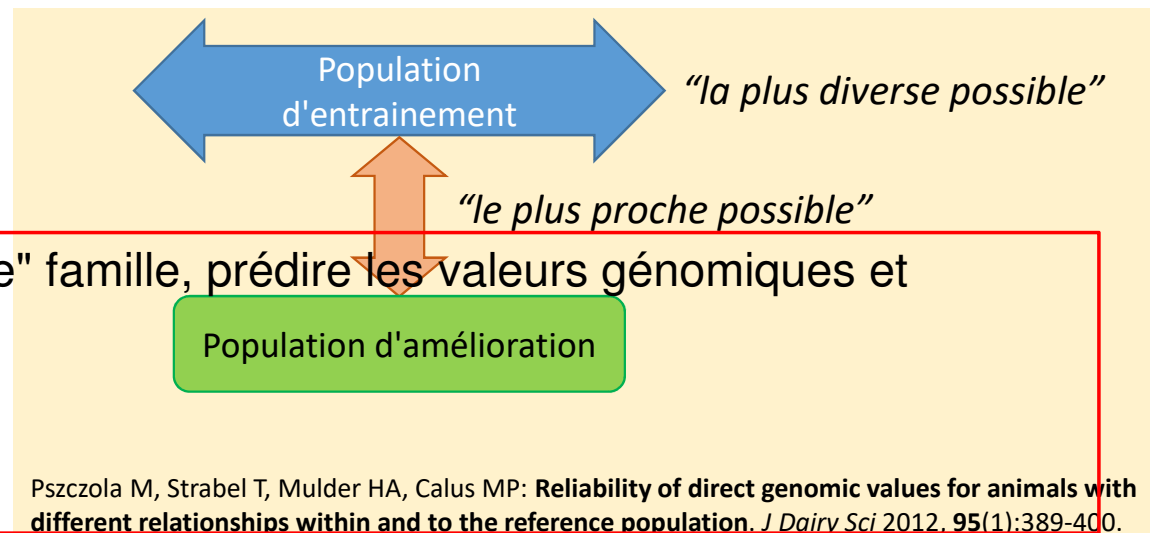
1. Précision de prédiction en fonction de l' apparentement entre population d'amélioration et population d'entraînement

2. Preuve de principe : dans une "grande" famille, prédire les valeurs génomiques et phénotyper

a. les 50 meilleurs individus

b. les 50 individus les plus faibles

⇒ Comparer les moyennes des groupes



Pszczola M, Strabel T, Mulder HA, Calus MP: **Reliability of direct genomic values for animals with different relationships within and to the reference population.** *J Dairy Sci* 2012. **95**(1):389-400.

Planning trop optimiste: valeurs génomiques prédites non disponibles dans les temps!!

⇒ phénotypage de bien plus d'individus

Etude pilote de la sélection génomique du projet

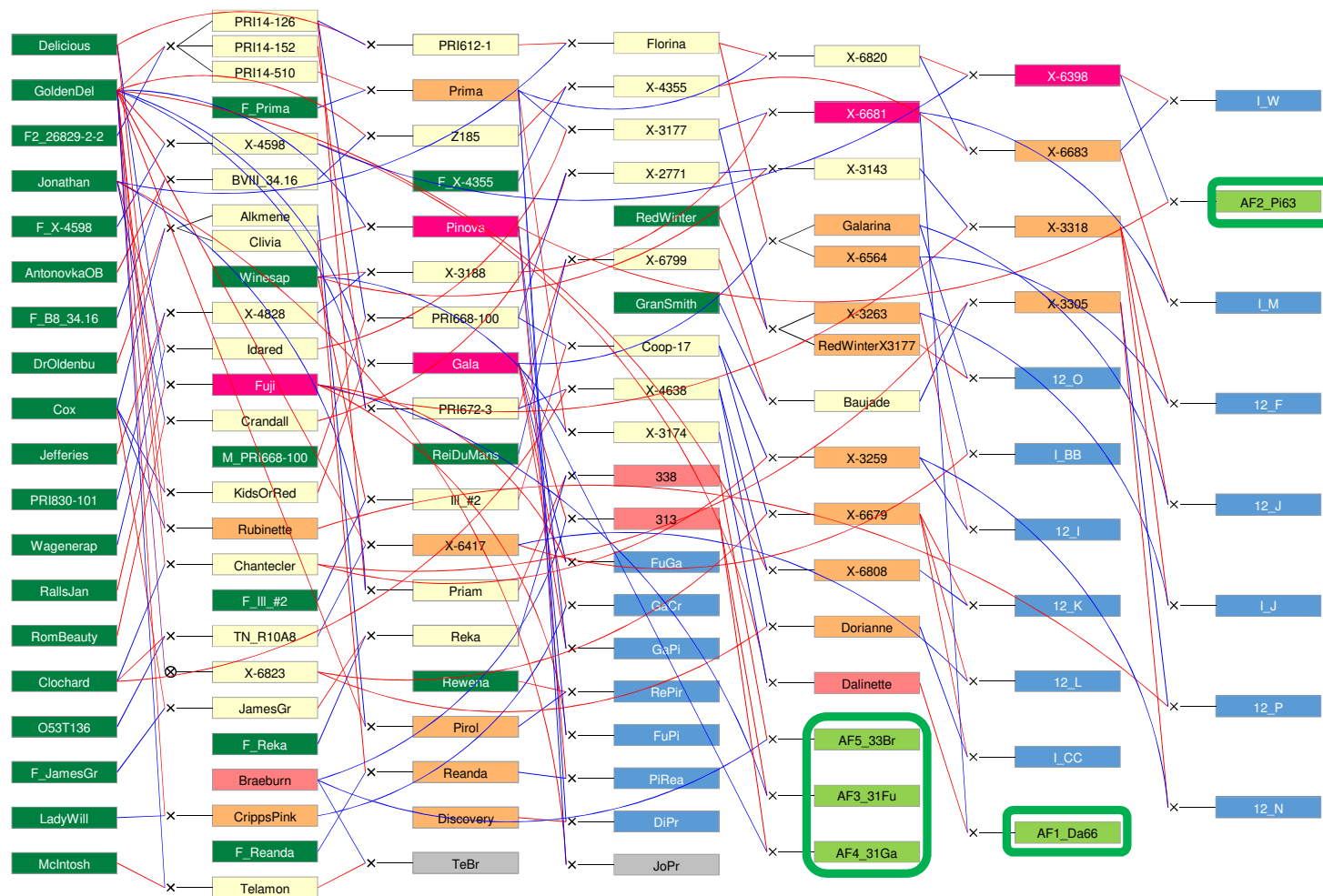


Populations

Population d'entraînement :
20 familles + parents + ancêtres
Génotypage = puce 20K SNP

Populations d'application :
5 familles (1500 individus) + parents

(Taille de population limitée par le budget
de génotypage)



founders	intermediate ancestors	training specific parents	training FS families	supplementary reference FS families
training and application parents		application specific parents	application FS families	

Etude pilote de la sélection génomique du projet



Stratégie de génotypage pour limiter les coûts

Utilisation puce 20K pour 1500 individus

- trop chère
- non nécessaire

Solution alternative : **IMPUTATION**

- descendants: génotypage basse densité 512 SNP, TaqMan OpenArray
- parents: génotypage haute densité (20K)
- imputation en haute densité chez les descendants

Etude pilote de la sélection génomique du projet



Phénotypage

- Caractères notés à la récolte
 - quantité de fruits par arbre, chutes de fruits avant récolte, calibre des fruits
 - couleur des fruits, attrait, russet, cracking
- Caractères de qualité du fruit après 2 mois de conservation
 - évalués en analyse sensorielle
fermeté, croustillance, texture, jutosité, teneur en sucre, acidité, saveur, note globale
 - évalués par mesure
fermeté, brix, acidité

Population d'entraînement :

- résultats de 3 années
 - plusieurs sites
 - 771 à 963 individus phénotypés selon les caractères
- ➔ moyennes ajustées

Populations d'application:

- résultats de
 - ✓ 2013 : ~ tous les individus
 - ✓ 2014 : individus sélectionnés sur GEBV
 - sites de chaque sélectionneur
- ➔ valeurs phénotypiques "brutes" + moyenne des 2 années

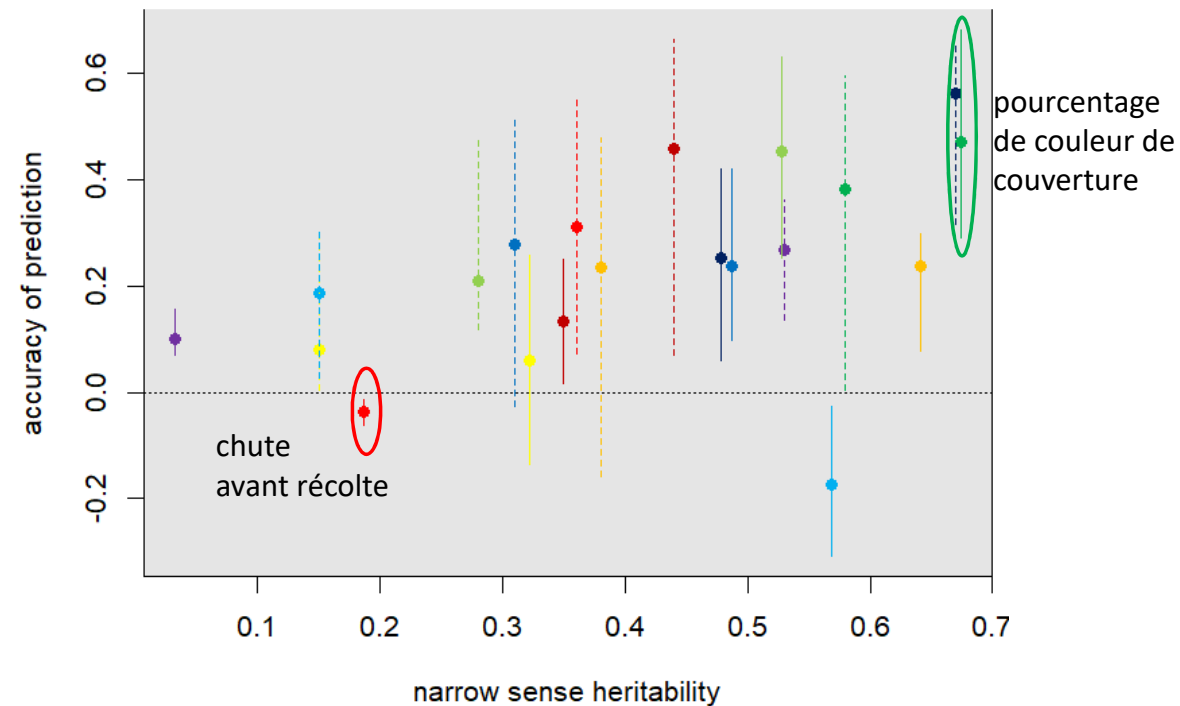
Etude pilote de la sélection génomique du projet



Résultats: précision de prédiction

précision de prédiction = corrélation entre

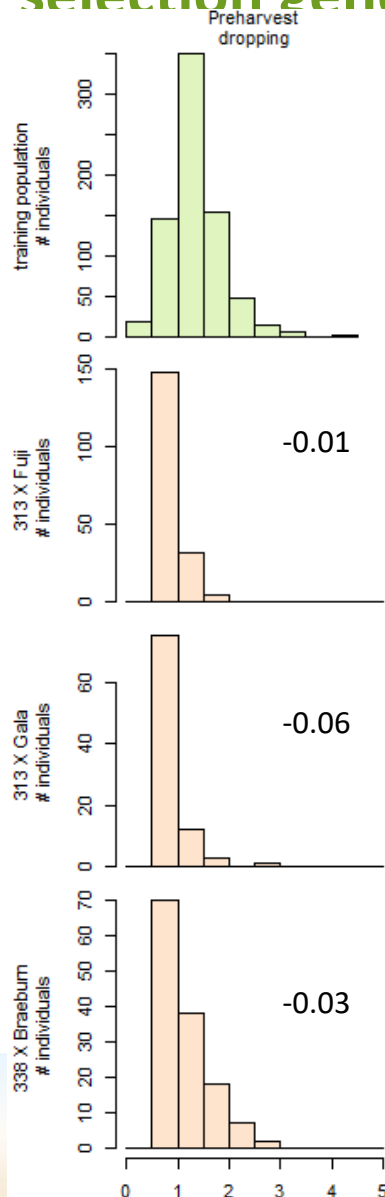
phénotype observé et
valeur génomique prédite



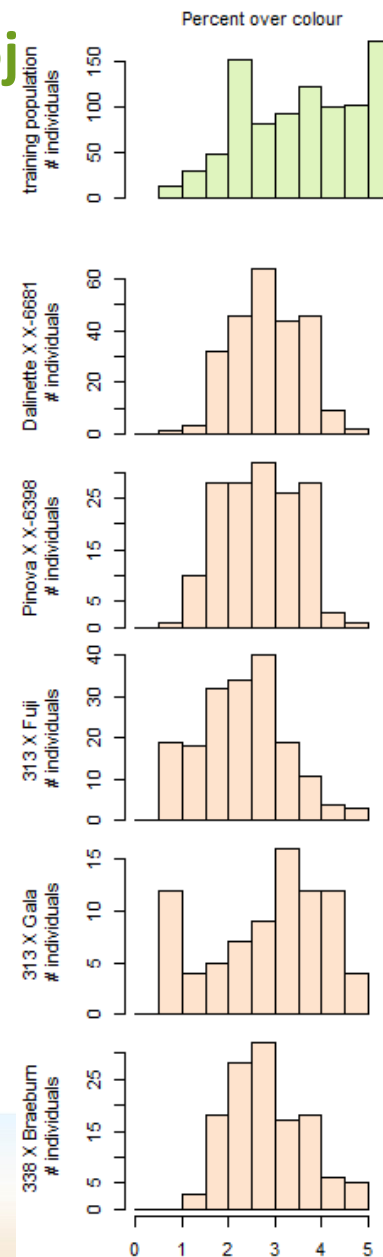
Etude pilote de la sélection génomique du proj

Résultats: précision de prédiction

chute
avant récolte



pourcentage
de couleur de
couverture



edomics
VEEN GENOMICS



Etude pilote de la sélection génomique du projet



Conclusion

- une expérimentation en "vraie grandeur"
 - population de validation = familles développées par des sélectionneurs
 - utilisation de l'imputation pour limiter les coûts de génotypage
- précision de prédiction
 - très variable selon les caractères (de nulle à modérée/bonne)
 - impact fort des distributions des caractères
 - variations d'apparentement génomique pas suffisantes pour tester leur effet sur les variations en précision de prédiction selon les familles
- Réponse à la sélection significative pour plusieurs caractères
 - sélection génomique adaptée pour éliminer les mauvais → à utiliser en sélection récurrente

Autres études en préparation

- évaluation de la précision de prédiction pour la résistance quantitative à la tavelure
- sélection génomique intra-famille en utilisant des données de génotypage-par-séquençage
- coupler les prédictions génomiques et les modèles éco-physiologiques pour prédire des phénotypes
- Valorisation des ressources génétiques dans la population d'amélioration élite chez le pommier: thèse qui démarre

Merci de votre attention

