

Source : INRA (IRHS)

Sélection génomique chez le pommier : premiers pas et perspectives

Hélène Muranty¹

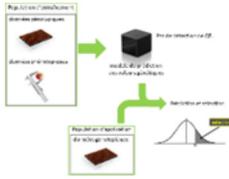
1. INRA , IRHS, 49 071 Beaucouzé, France

Oratrice : Hélène MURANTY

Les progrès des techniques de génotypage à haut débit ont ouvert la voie à l'application de la sélection génomique chez les plantes, y compris les arbres fruitiers. La mise en œuvre de la sélection génomique repose sur la construction d'un modèle de prédiction génomique, basé sur les données génotypiques et phénotypiques obtenues pour une population d'entraînement, et l'application de ce modèle à une population d'application constituée d'individus seulement génotypés. La sélection génomique devrait permettre d'accroître le progrès génétique dans les programmes d'amélioration des plantes, en réduisant l'intervalle de génération, en augmentant la pression de sélection et la précision de sélection.

Chez le pommier, plusieurs équipes ont commencé à explorer les possibilités offertes par la sélection génomique, en utilisant des données génotypiques obtenues à l'aide de puces de génotypage ou par génotypage par séquençage. Dans le cadre du projet Européen FruitBreedomics (2011-2015), nous avons réalisé une étude pilote de la sélection génomique, avec pour objectifs d'étudier 1) la réponse à la sélection et 2) la corrélation entre la précision de prédiction et l'apparementement entre les populations d'entraînement et d'application. La population d'entraînement était constituée de 997 individus provenant de 20 familles de pleins-frères, tous génotypés avec une puce de génotypage Illumina 20K. Ces individus avaient également été phénotypés pour la quantité de fruits produite, leur taille et leur apparence. Un modèle de prédiction génomique a été construit en utilisant ces données génotypiques et phénotypiques et l'approche Bayes $C\pi$, à l'aide du logiciel GS3. Le modèle a été appliqué à 1390 individus issus de cinq familles de pleins-frères produites par deux sélectionneurs. Les familles d'application ont été génotypées pour 364 SNPs et ces données ont été étendues en haute densité par imputation. Les familles d'application ont été phénotypées et les phénotypes ont été comparés aux valeurs génétiques prédites.

Les résultats ont montré le potentiel de la sélection génomique pour accélérer le progrès génétique chez les arbres fruitiers qui est freiné par un long intervalle de génération et des coûts de phénotypage importants. Les possibilités d'utilisation de la sélection génomique pour d'autres caractères, par exemple de qualité gustative du fruit ou de résistance aux maladies, restent à explorer. De plus, l'interaction Génotype X Milieu doit être mieux prise en compte afin de prédire l'adaptation des futures variétés à la diversité des milieux de production. Par ailleurs, les techniques de génotypage par puce ou par génotypage par séquençage méritent une comparaison plus approfondie. Enfin, si la population d'entraînement utilisée dans l'étude pilote, dérivée des principales variétés fondatrices des populations d'amélioration, semble une bonne base initiale pour mettre en place la sélection génomique dans les programmes d'amélioration en Europe, elle devra éventuellement être agrandie et enrichie pour bien représenter de nouvelles sources d'allèles favorables qui pourraient être identifiées dans les ressources génétiques.



Source : INRA (IRHS)

Genomic selection in apple: first steps and perspectives

Hélène Muranty¹

1. INRA , IRHS, 49 071 Beaucouzé, France

By Hélène MURANTY

The recent advances in high throughput genotyping techniques paved the way for the application of genomic selection in many crops, including fruits. Implementation of genomic selection relies on the building of a genomic prediction model, based on genotypic and phenotypic data obtained for a training population, and the application of this model to an application population composed of genotyped-only individuals. Genomic selection should enhance breeding efficiency by decreasing generation interval and increasing selection intensity and/or accuracy of breeding values.

In apple, several teams began exploring the possibilities opened by genomic selection, using genotypic data obtained through genotyping arrays or genotyping-by-sequencing. In the EU-FP7 project FruitBreedomics (2011-2015), we performed a pilot study of genomic selection in apple, with the objectives of studying 1) selection response and 2) correlation between prediction accuracy and relatedness between training and application populations. The training population comprised 997 individuals from twenty full-sib families, all genotyped with an Illumina 20K SNP array. These individuals were also phenotyped for fruit load, size and appearance traits. The Bayes $C\pi$ method was applied to train the GS prediction model by using the phenotypic and genotypic data on the training population in the software GS3. The model was then applied to 1390 individuals arising from five progenies produced in two commercial breeding programs. These individuals were genotyped for 364 SNPs and the genotypic data were completed through imputation up to the high density level. The application families were phenotyped and phenotypic data were compared to predicted genetic values.

The results underline the potential of genomic prediction to accelerate breeding progress in outbred fruit tree crops that still need to overcome long generation intervals and extensive phenotyping costs. Possible use of genomic selection for other traits, such as organoleptic fruit quality or disease resistance, remains to be investigated. Moreover, Genotype x Environment interaction should be better taken into account to enable prediction of the adaptation of future cultivars to the diversity of production environments. Besides, genotyping techniques using arrays or genotyping-by-sequencing deserve a more thorough comparison. Finally, even if the current training population, derived from the major founders of breeding populations, seems a good initial basis to implement genomic selection in many ongoing European breeding programs, it will possibly need extension and enrichment to represent well new sources of favorable alleles that could be found in genetic resources.