



HAL
open science

Sélection génomique - Quelles perspectives chez les Prunus ?

Mariem N’Sibi, Carole Confolent, Patrick Lambert, Sylvie Bureau, Barbara Gouble, Alain Blanc, Guillaume Roch, Mariem Omrani, Timothée Flutre, Christopher Sauvage, et al.

► **To cite this version:**

Mariem N’Sibi, Carole Confolent, Patrick Lambert, Sylvie Bureau, Barbara Gouble, et al.. Sélection génomique - Quelles perspectives chez les Prunus ?. Séminaire SelGen 2017: "La sélection génomique, bilan et perspectives", Sep 2017, Paris, France. 1 p, 2017. hal-02789979

HAL Id: hal-02789979

<https://hal.inrae.fr/hal-02789979>

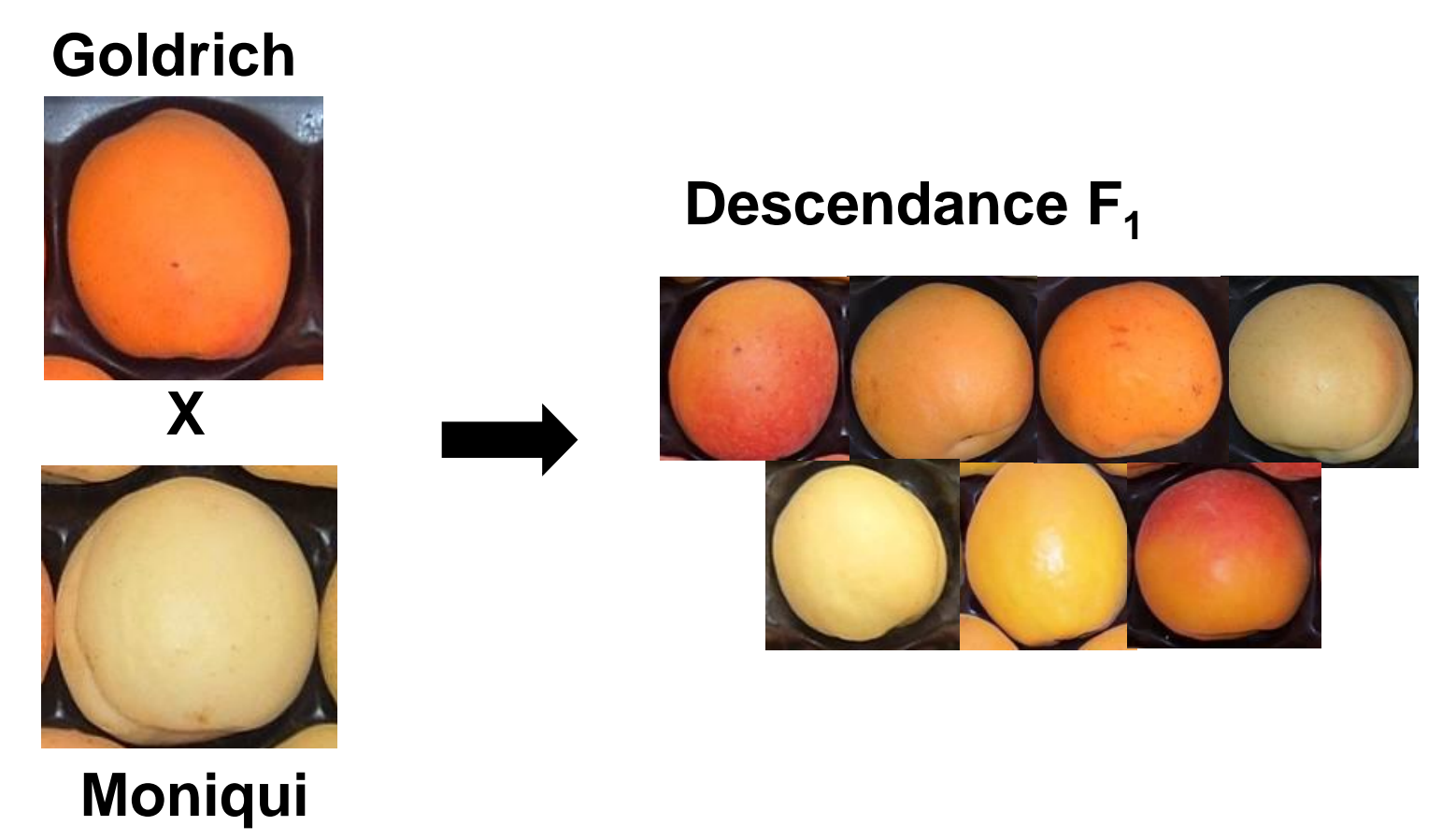
Submitted on 5 Jun 2020

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.

Engagé en janvier 2015, le projet FruitSelGen a pour but de tester la faisabilité de la sélection génomique au sein de croisements bi-parentaux d'espèces fruitières pérennes.

Dans le cas de l'abricotier, une descendance hybride pseudoF1 entre deux variétés aux comportements contrastés a été étudiée : Goldrich (variété américaine, à chair orangée, ferme, acidulée et à évolution normale) et Moniqui (variété Espagnole, à chair blanche, molle, douce et à évolution très rapide).



Matériel et Méthodes

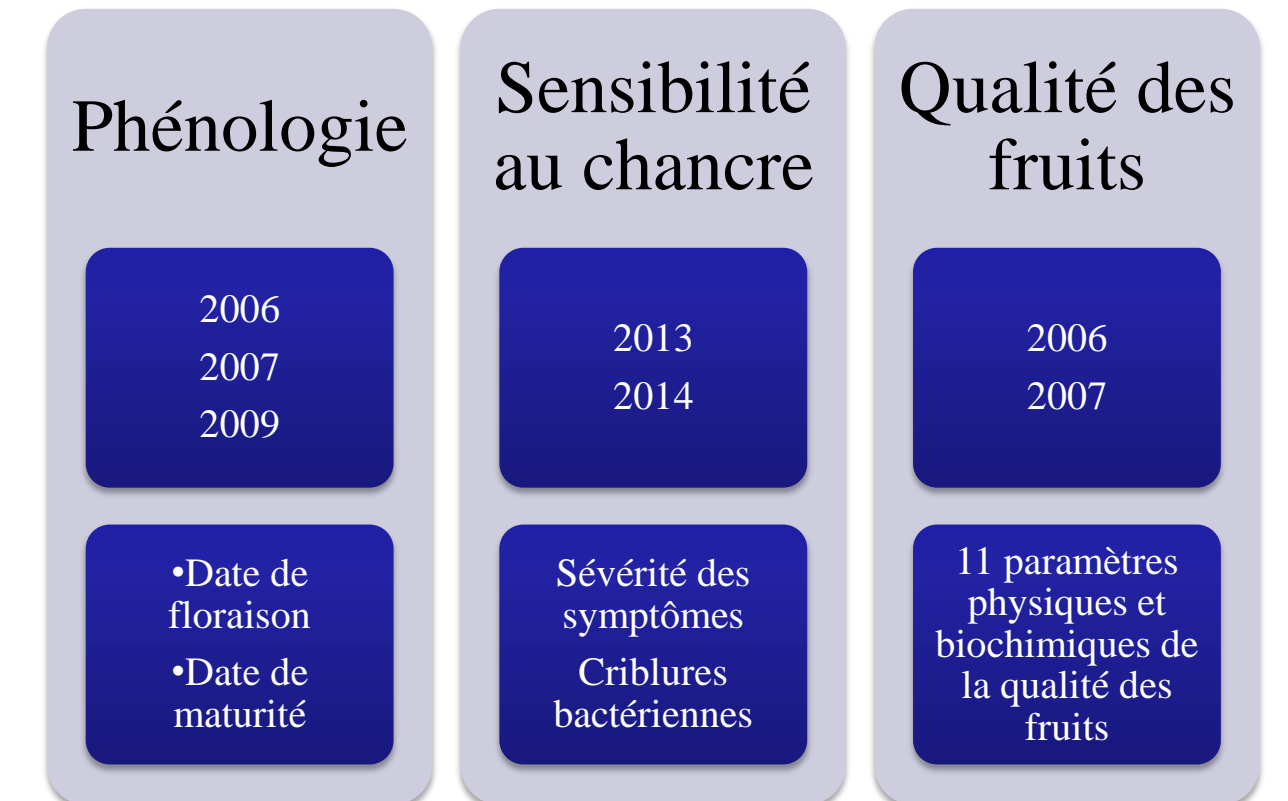
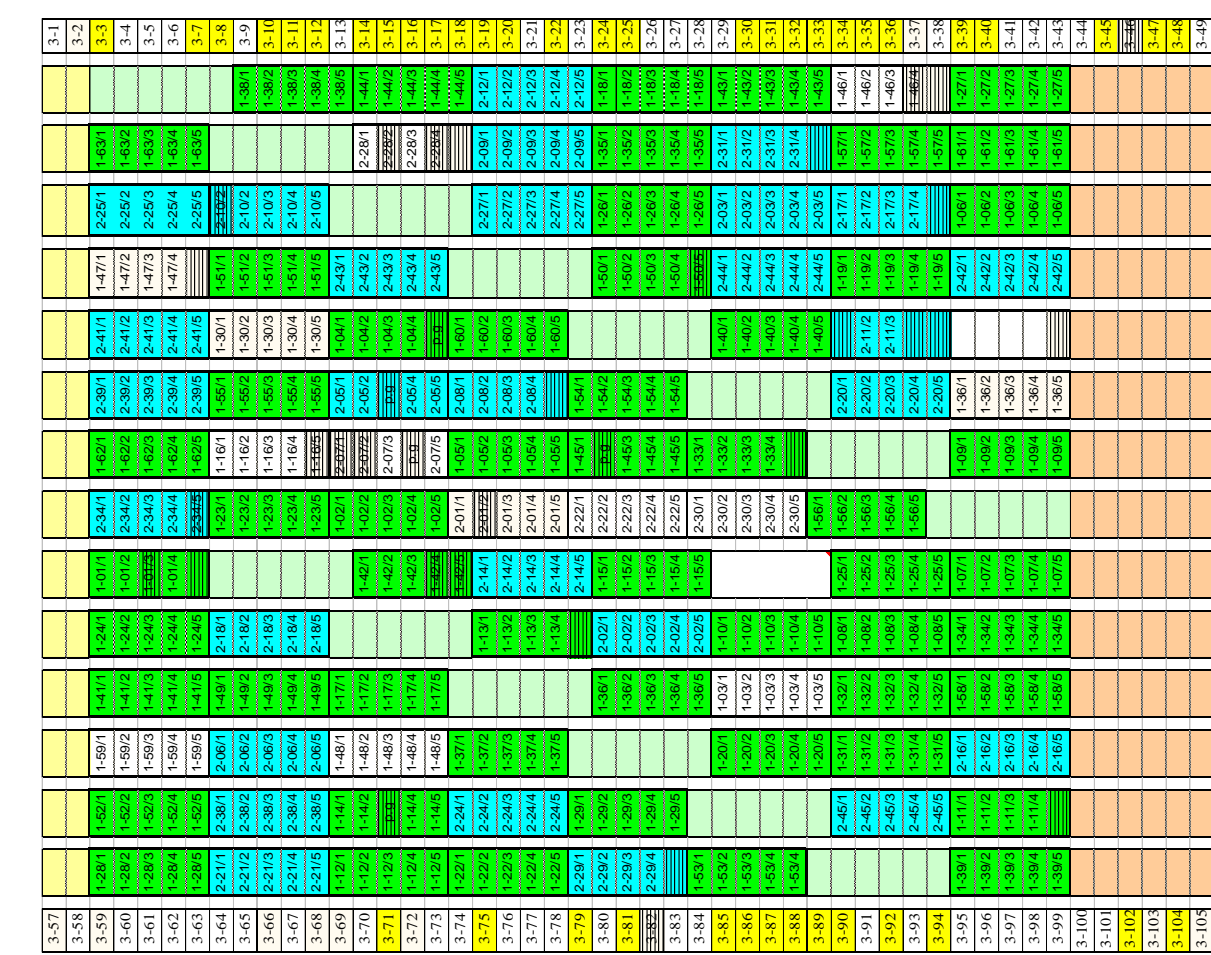
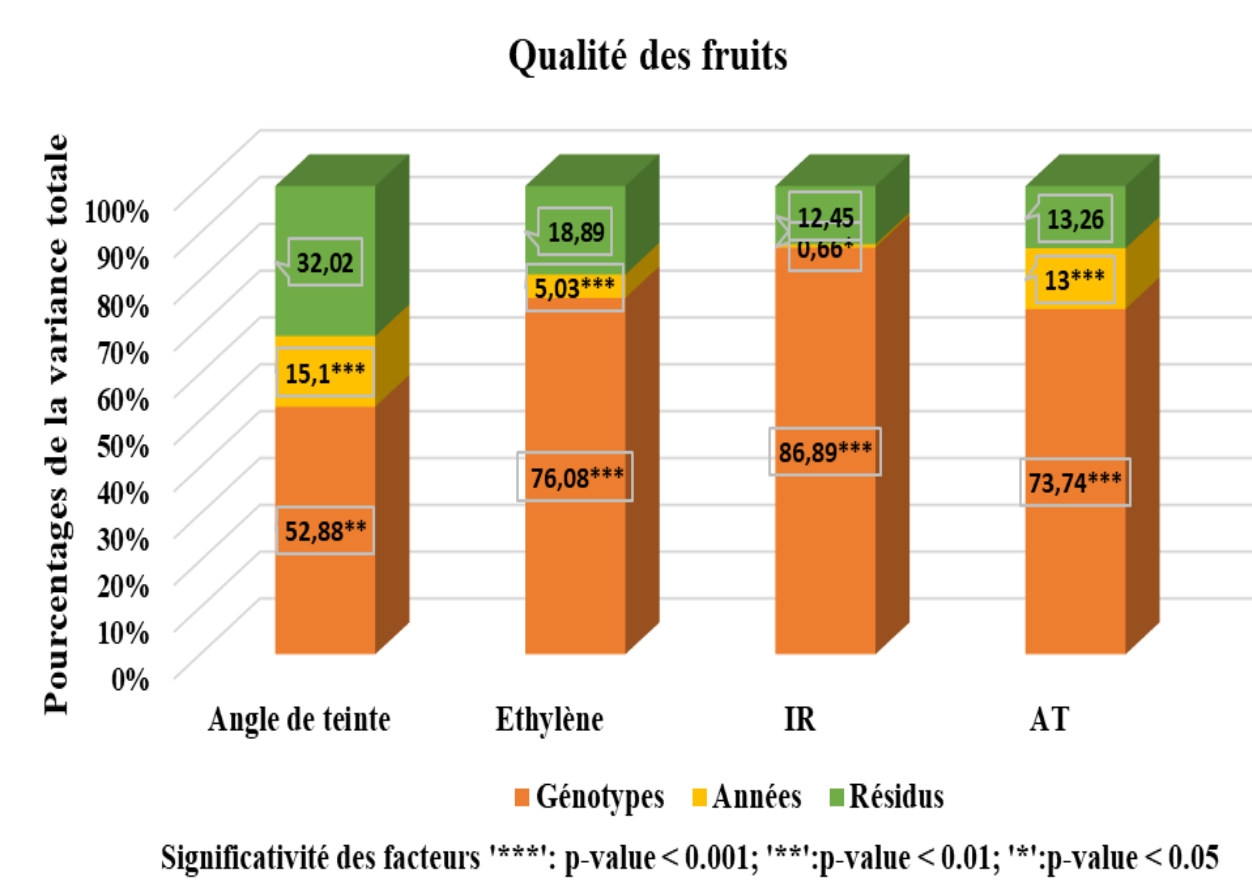
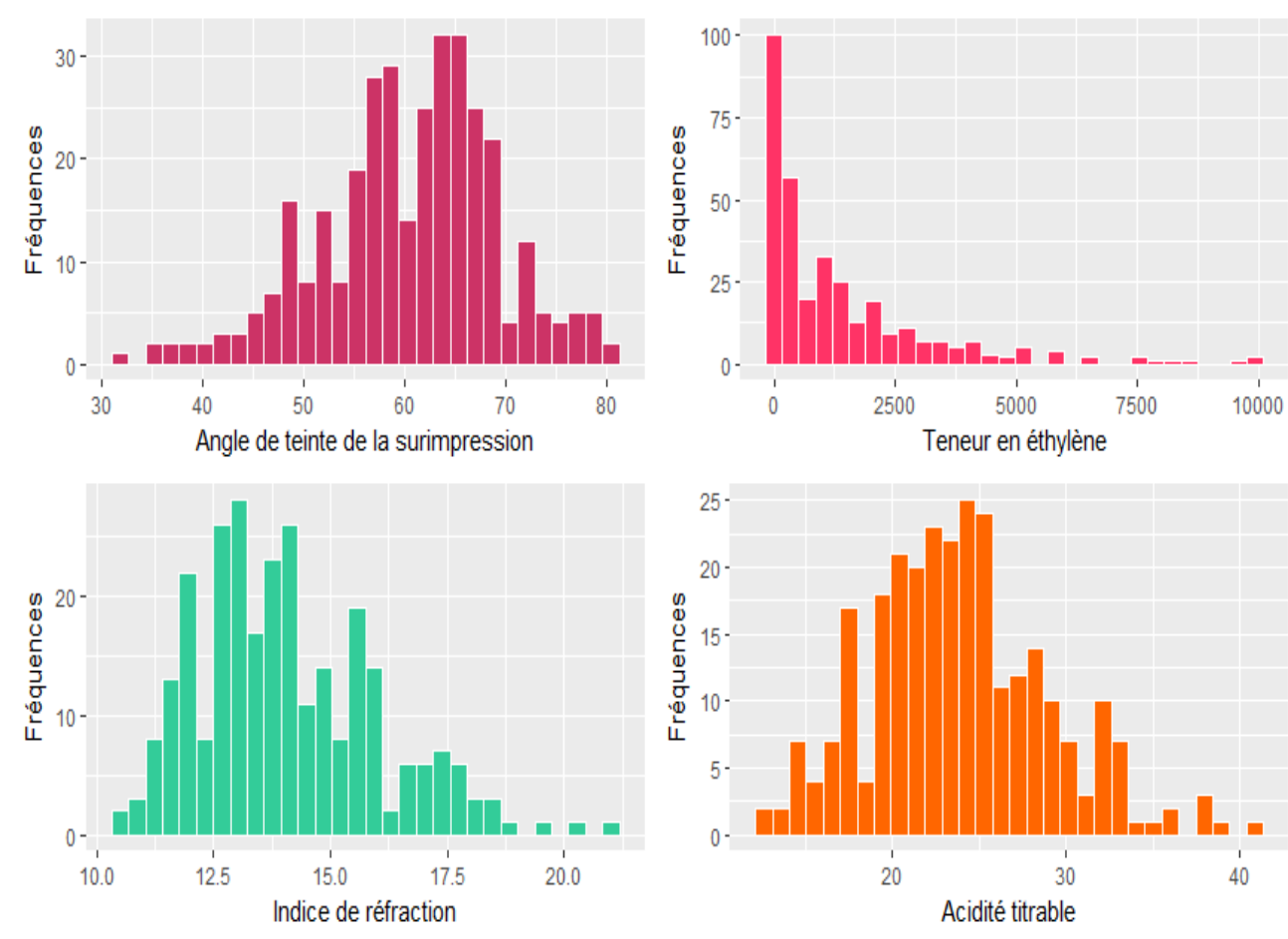
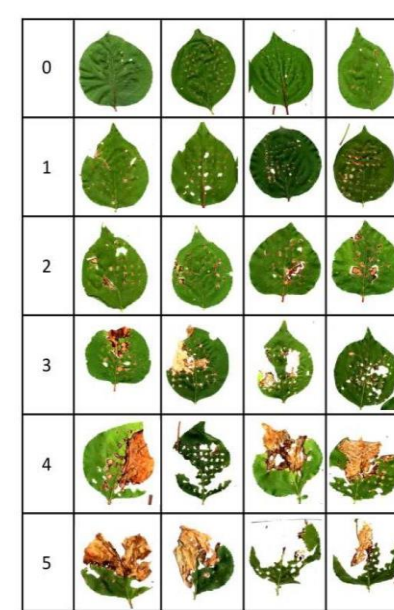
Matériel

La descendance hybride, implantée sur le domaine INRA de l'Amarine à Bellegarde (30), compte 184 individus.

Données de phénotypage

Elles ont été recueillies au moins 2 années consécutives, sur chacun des individus, et ont porté sur :

- la phénologie (date de floraison, date de maturité des fruits),
- la qualité des fruits évaluée à maturité commerciale (poids, couleur, fermeté, couleur (L*, a*, b*), production éthylénique, teneur en sucre (IR), et teneur en acides (acidité titrable),
- et la criblure bactérienne (après inoculation mécanique).



Données de génotypage

Les données de génotypage (issues de génotypage par séquençage (Eshire et al. 2011)) ont été acquises sur les plateformes de Montpellier (AGAP) et de Toulouse (GET-Plage).

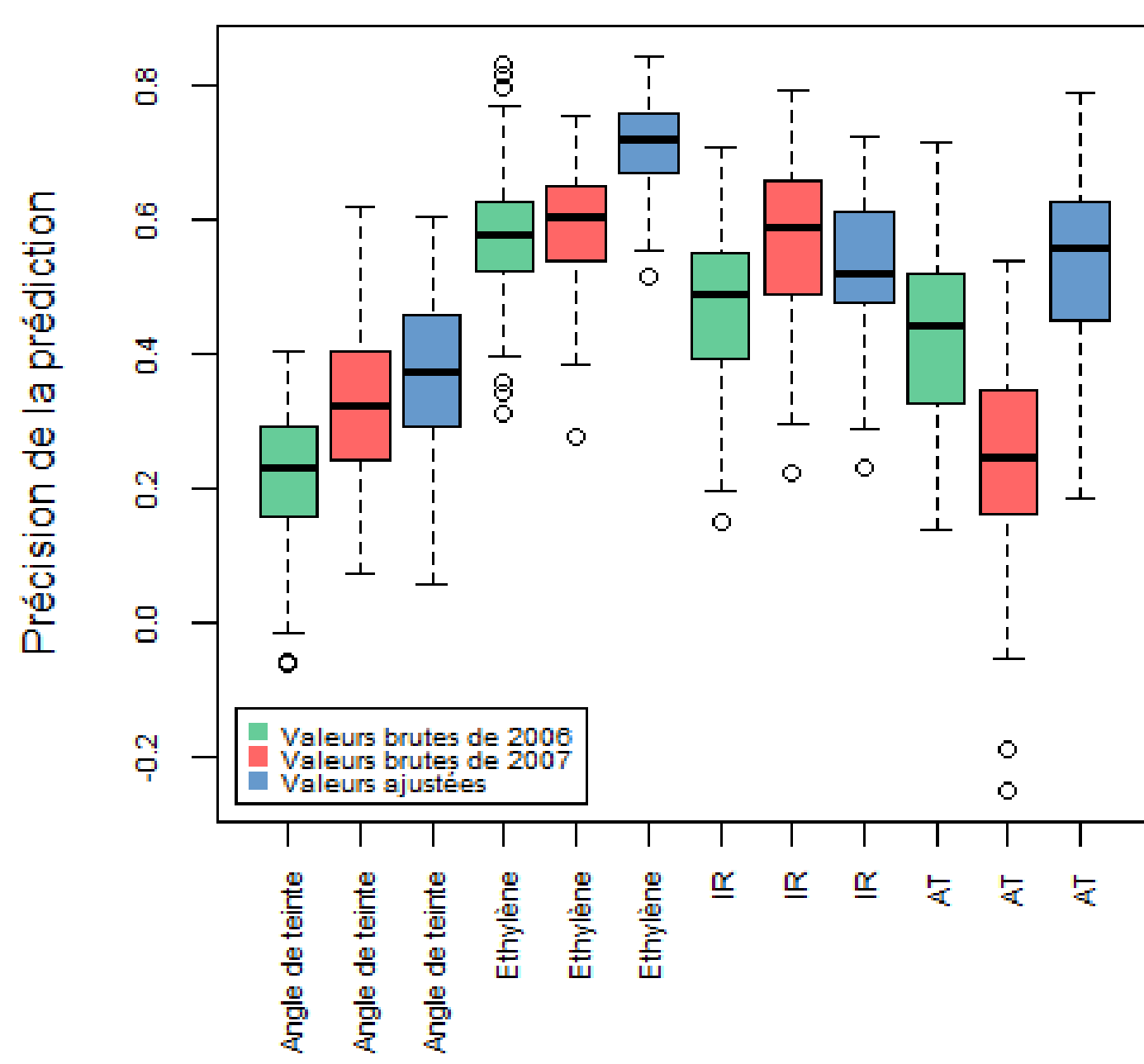
Au total, 61 030 SNP ont été détectés parmi lesquels 4922 ont été retenus après filtration en fonction des ségrégations attendues.

Traitements statistiques

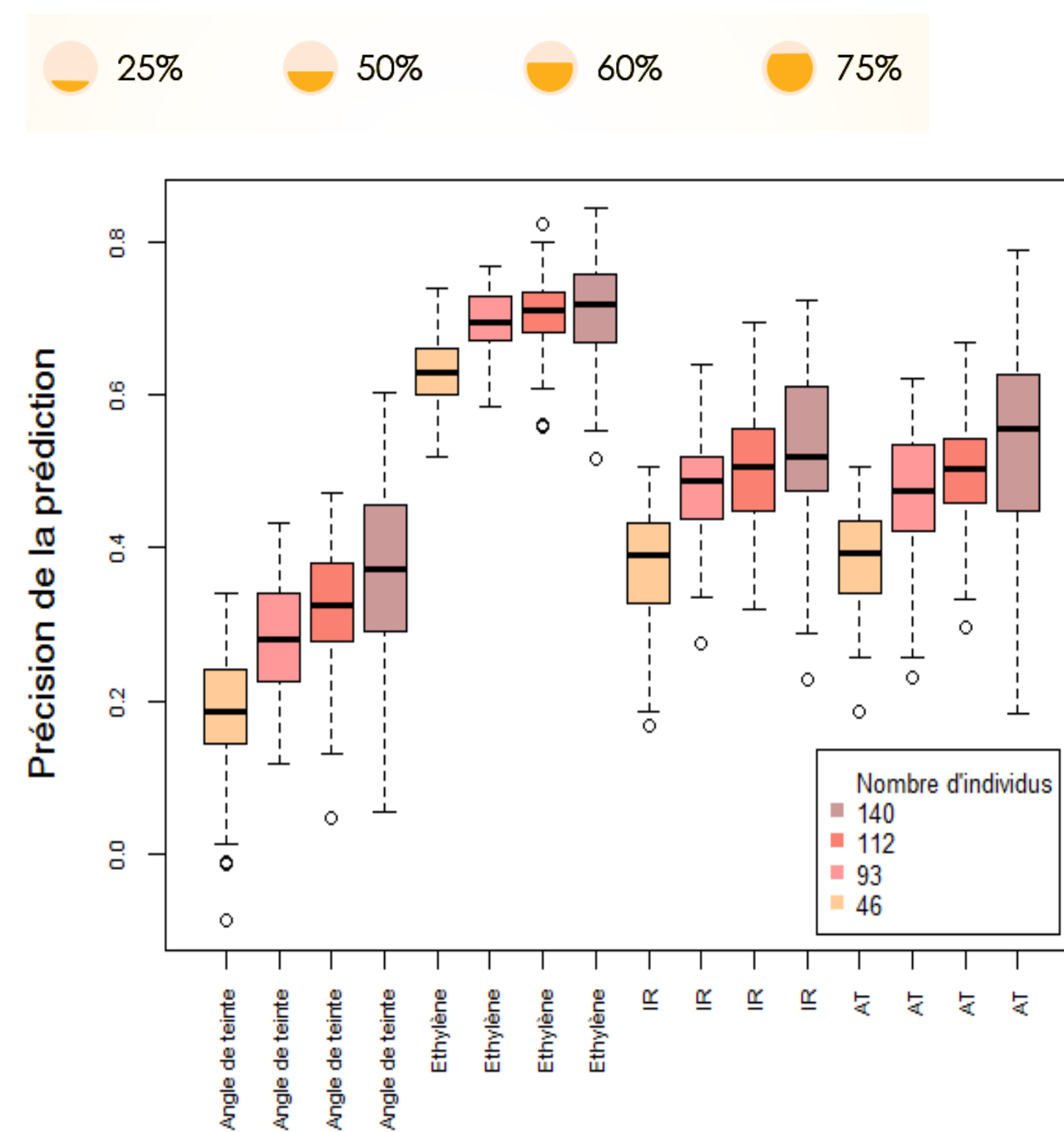
La méthode de prédiction régression Ridge (RR-BLUP) a été utilisée pour estimer les paramètres du modèle sur la population d'entraînement. Ils ont été ensuite appliqués sur la population restante.

Le coefficient de corrélation de Pearson a été utilisé pour juger de la qualité de la précision de la prédiction après 100 itérations de la méthode de prédiction.

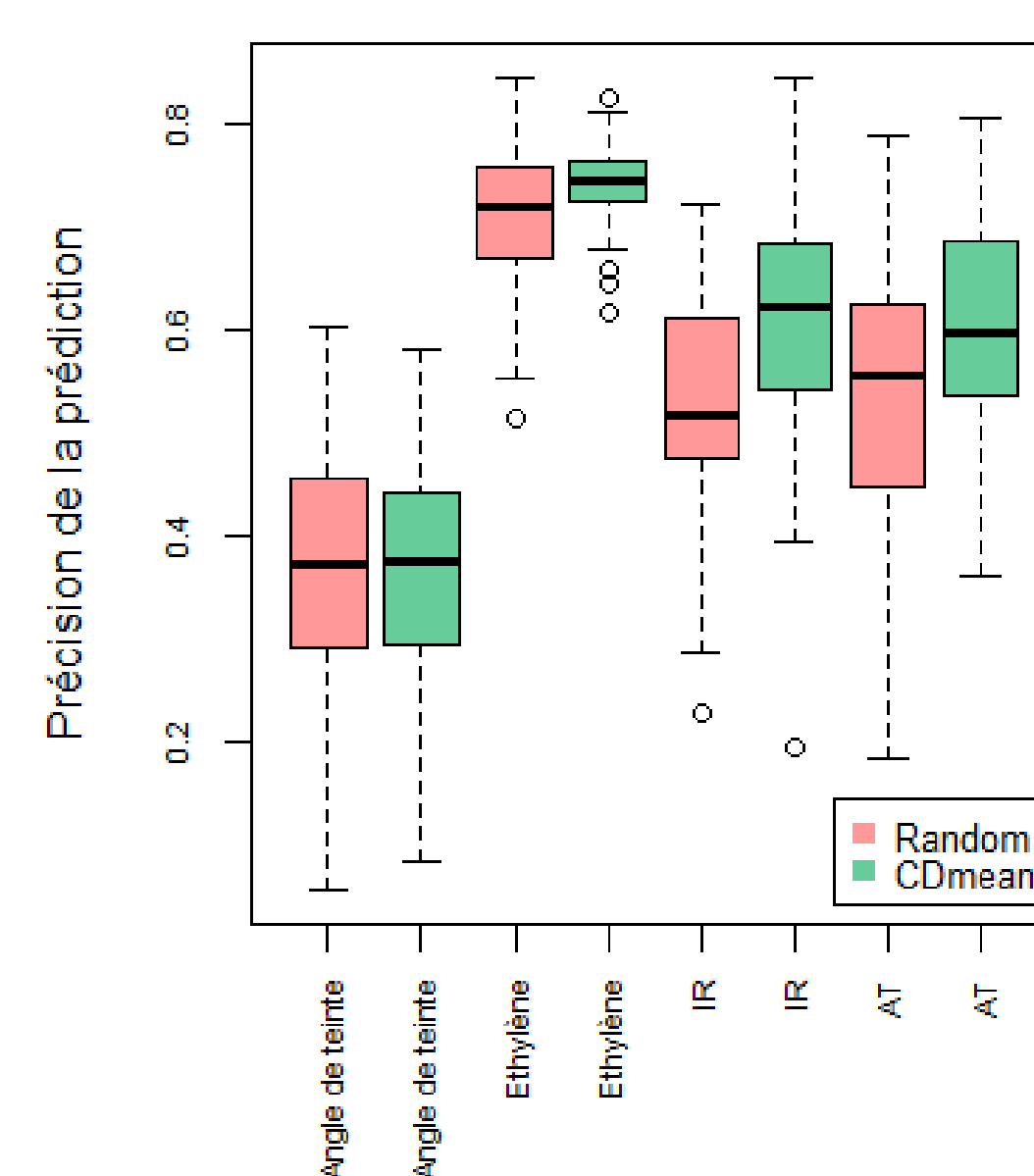
Comparaison valeurs ajustées / annuelles



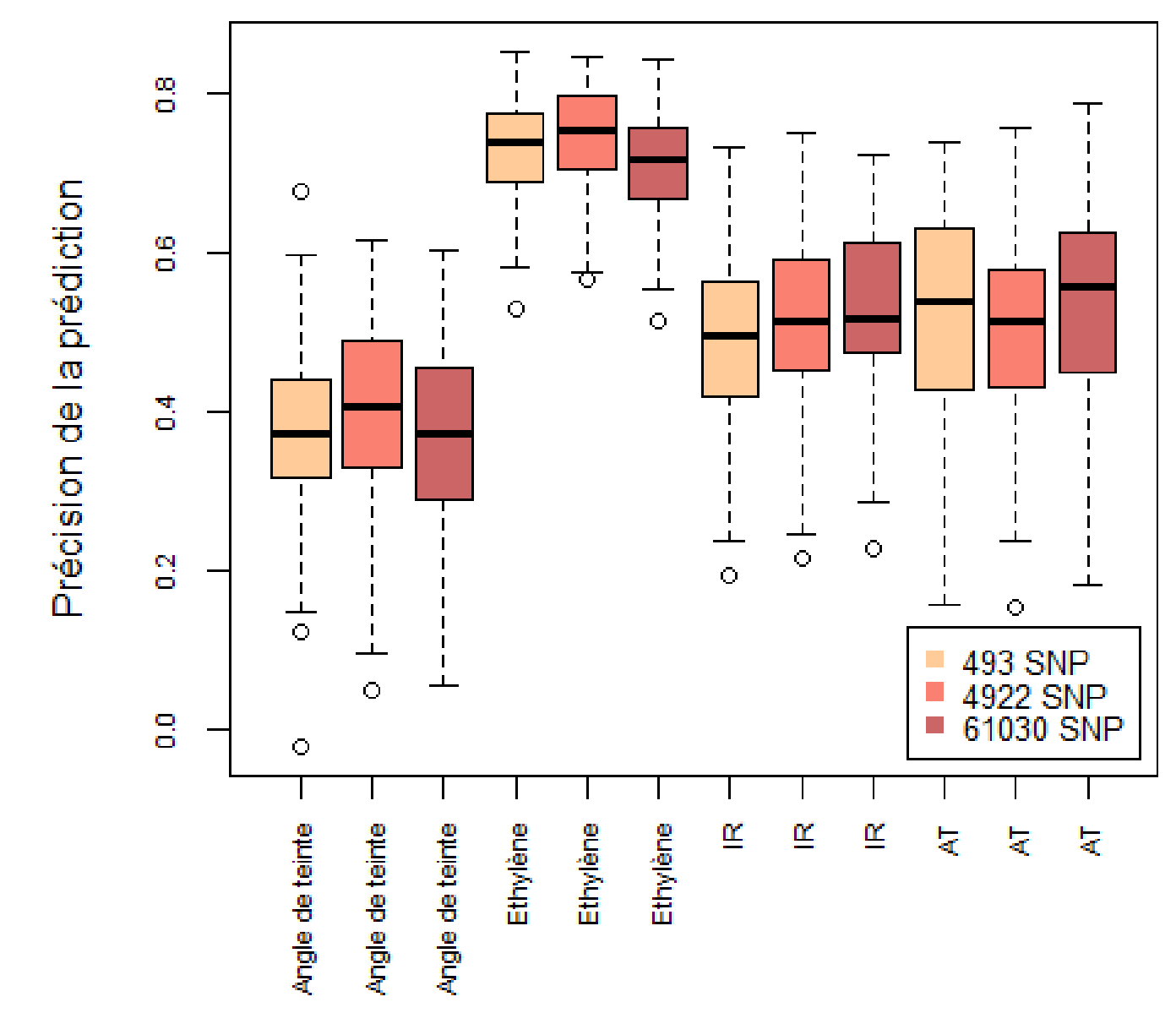
Taille de la population d'entraînement



Composition de la population d'entraînement



Densité de marqueurs



CD mean : Méthode fondée sur la maximisation du critère CD moyen (Rincent et al., 2012).

La nature des caractères, et les caractéristiques de la population d'entraînement se sont avérées déterminantes sur la qualité de la prédiction, l'influence du nombre de marqueurs étant beaucoup plus limitée.

Sur ces bases, les perspectives de mobilisation de la sélection génomique chez l'abricotier, notamment pour les traits à architecture complexe, difficiles à mesurer, pourraient s'avérer particulièrement intéressante.

Héritabilité

