HAL
open science

Quelle place pour la sélection génomique chez les plantes pérennes ?

Catherine Bastien, David Cros, Patrice P. This

To cite this version:

Catherine Bastien, David Cros, Patrice P. This. Quelle place pour la sélection génomique chez les plantes pérennes ?. Ecole chercheur "Sélection génomique", Sep 2013, Bruz, France. hal-02810865

HAL Id: hal-02810865

https://hal.inrae.fr/hal-02810865v1

Submitted on 6 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.

Quelle place pour la sélection génomique chez les plantes pérennes ?

Catherine Bastien[1], David Cros[2], Patrice This[3]

- Particularités des plantes pérennes
  - Exemple 1: **le palmier à huile**
    - Exemple 2: **la vigne**
      - Exemple 3: **le peuplier**

[1] INRA-AGPF Orléans, [2] CIRAD Montpellier, [3] INRA-UMR AGAP Montpellier

Points communs des plantes pérennes

Pommier

Pêcher

Cerisier

Palmier à huile

Vigne

Eucalyptus

Pin maritime

Peuplier

$$\textbf{Gain génétique /unité temps} = \frac{\text{Précision de prédiction} \times \text{Intensité de sélection} \nearrow \times \text{Variabilité génétique}}{\text{Longueur cycle} \searrow}$$

- Des **cycles de sélection longs** (maturité sexuelle + durée d'évaluation)
- Un **encombrement spatial** limitant les capacités de phénotypage
- Une **sélection multi-caractères** pour des environnements diversifiés (**GxE**)

Points communs des plantes pérennes

Pommier	Pêcher	Cerisier	Palmier à huile	Vigne	Eucalyptus	Pin maritime	Peuplier
2010	2010		2013	2007	2011	en cours	2006

- Des **génomes de référence** et d'importants développements de SNP
- Mais un **DL** qui chute rapidement à courte distance *(r^2 <0,2 à partir de 1 à 4 kb suivant espèce)*

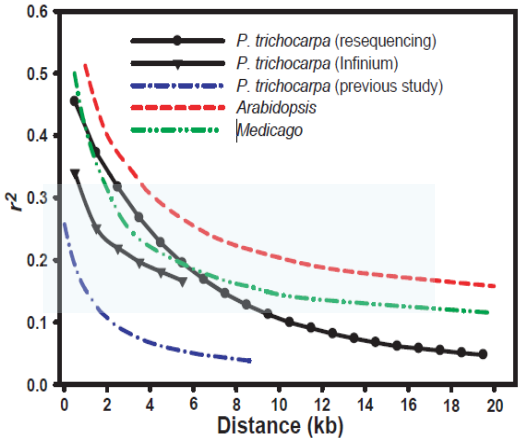
Densité de marqueurs **élevée**

Taille efficace **réduite**

Population d'entrainement **grande**

Précision de prédiction

Populus trichocarpa
Slavov et al. 2012



Quelle place pour la sélection génomique chez les plantes pérennes ?

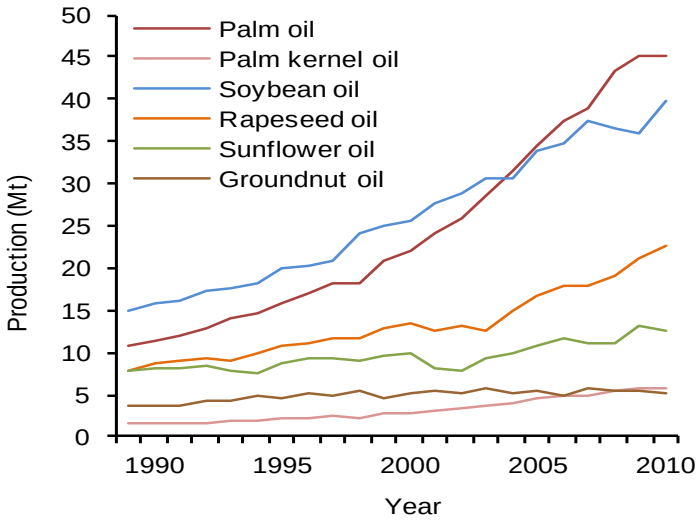
Exemple du palmier à huile

David Cros

CIRAD, Unit « Genetic improvement and adaptation of Mediterranean and tropical plants”, Montpellier

Le palmier à huile

1ère plante oléagineuse au monde (production >55 Mt)



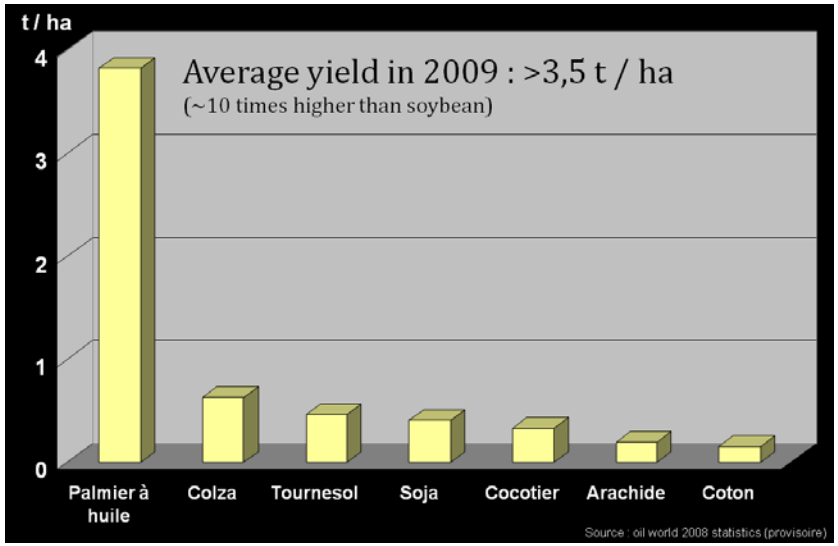
Cultivé dans toute la zone tropicale

80% pour l'alimentation humaine

(margarine, friture, etc.)

20% pour l'industrie

(savonnerie, cosmétiques, etc.)



Meilleur rendement chez les plantes oléagineuses

Caractéristiques d'importance pour l'amélioration

Le palmier à huile (*Elaeis guineensis*) :

- **diploide** (2n = 32)

- **allogame**
  (monoïque avec cyles males et femelles: « dioïque temporelle »)

- **multiplication végétative difficile**

- **pollinisation artificielle facile**

Diversité génétique chez *E. guineensis*

Bénin, Nigeria,
Afrique centrale

4 fondateurs
(1848)

Quelques fondateurs
(1920s)

13.35 %

Deli (Asie)

La Mé (Côte d'Ivoire)

From: Cochard B., 2008. **PhD thesis**.

ACP sur 318 *E. guineensis* (14 marqueurs SSR)

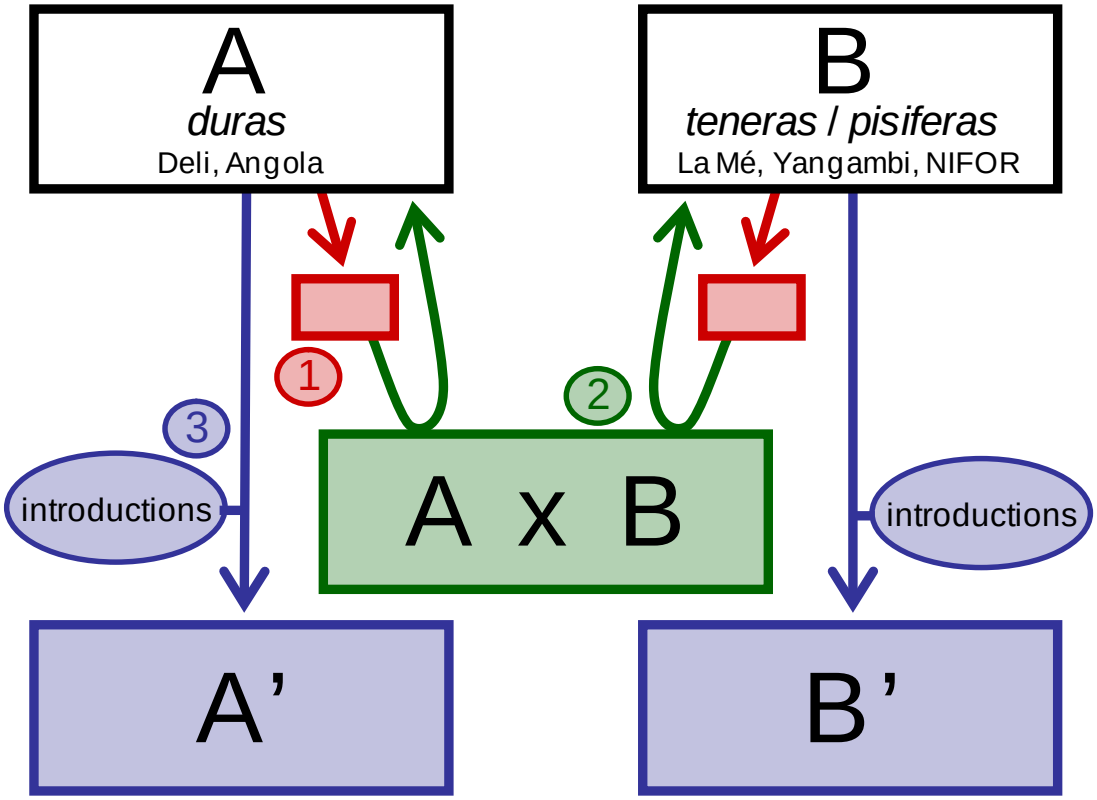
La Sélection Récurrente Réciproque pour le rendement

- groupes hétérotiques A et B (basés sur PM et NR)
- SRR (1957, adapté du maïs) :

① Les populations A et B de départ sont soumises à une **sélection sur les caractères les plus héritables** (%PF, %OP).

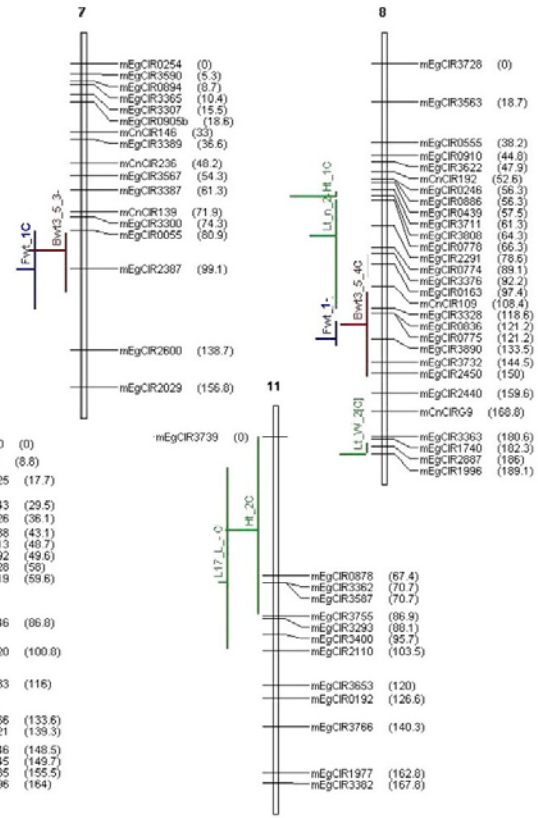
② Les individus A et B sélectionnés sont croisés entre eux et évalués dans des essais génétiques. La **sélection finale** est faite **sur les BLUPs** pour tous les caractères (%PF, %OP,%FR, PM, NR).

③ Les individus sélectionnés sont **autofécondés ou recombinés** au sein de chaque groupe pour former 2 populations A et B améliorées qui serviront de point de départ au cycle suivant et à produire des semences commerciales.



Connaissances sur le génome

Cartes génétiques
(~ 1700 to 2250 cM)



QTLs (rendement, développement végétatif, qualité de l'huile)

Séquence publiée en juillet 2013 (MPOB), population AVROS :
26X, 1.8-Gb, +34000 gènes (Singh et al 2013)

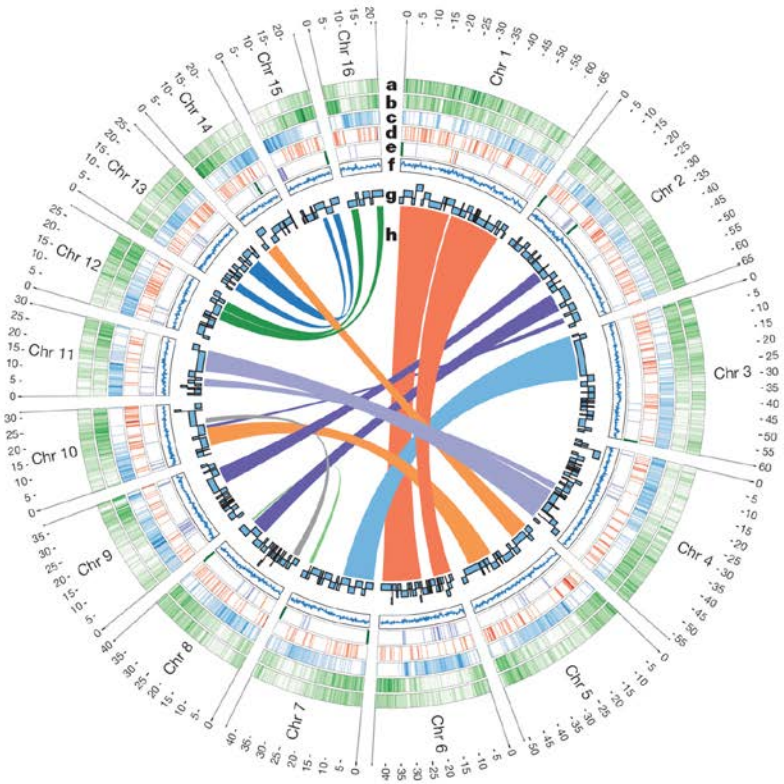


Figure 1 | The chromosomes of oil palm. *E. guineensis* has 16 chromosome pairs, ordered by size, which correspond to 16 linkage groups identified by genetic mapping (Supplementary Table 7). Tracks displayed are: **a**, gene density; **b**, methyl-filtered read density; **c**, retroelement density; **d**, simple sequence repeats; **e**, low copy number repetitive elements, including telomere repeat TTTAGGG (green), 5S rRNA (orange) and pericentromeric repeats (purple); **f**, regional G-C content (range 0.3–0.45); **g**, genetically mapped scaffolds from the P5-build; and **h**, segmental duplications. Densities for telomere repeats are exaggerated for visual clarity.

Séquençage en cours (CIRAD), population Deli

Ressources génomiques & utilisation actuelle

- +300 **SSR** dont SSR d'EST
- **SNP intragéniques** en développement
- 2014 : NGS → marqueurs **Dart** + **SNP**

- **16 SSR** utilisés en routine pour vérifier la **légitimité**

Perspectives d'application de la SG

Premiers résultats prometteurs…

- 1 **simulation** (Wong et Bernardo, 2008)
- 1 étude sur **données réelles** en cours de publication

Genetic gain per year

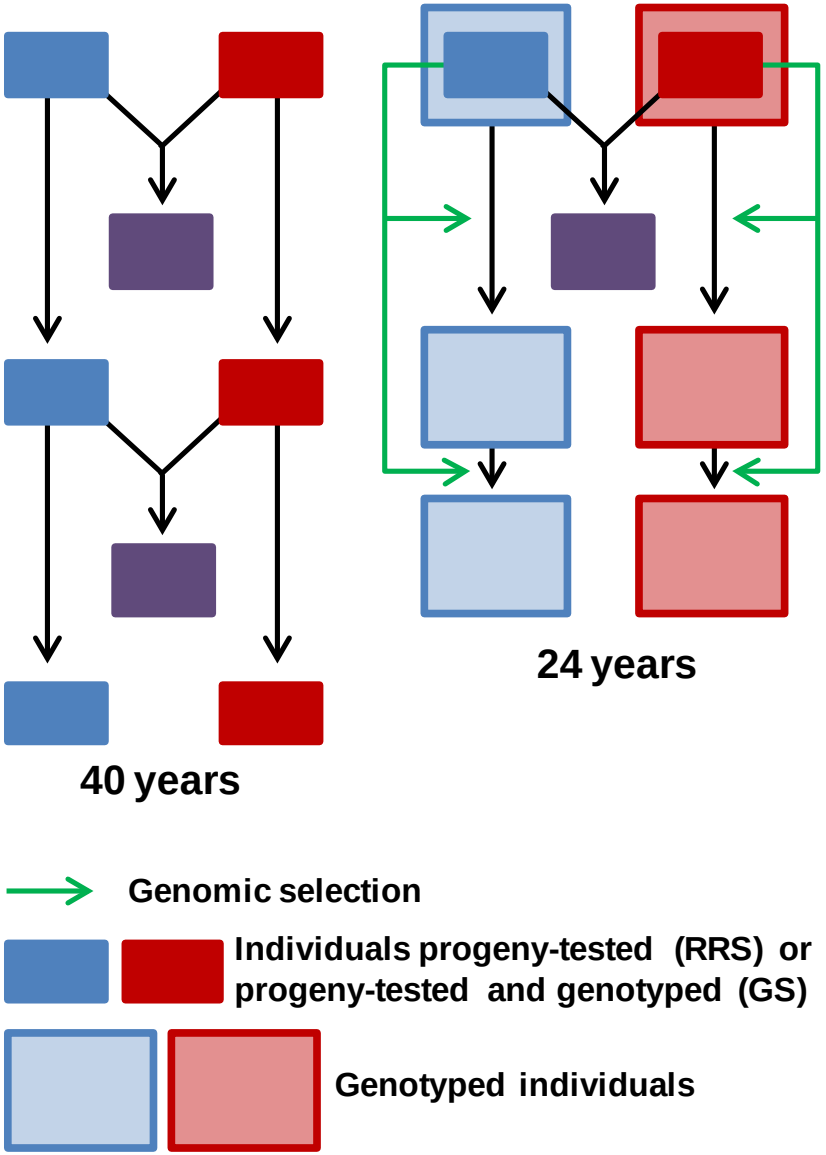
GS:

$$\frac{\text{intensity} * \text{accuracy} * \sigma_a}{\text{generation interval}}$$

= if accuracy >0.6

with accuracy = r(TBV, EBV)

(accuracy with RRS ~ 0.98)



Spécificités de la sélection génomique chez le palmier

Point de départ…	*Place de la SG…*
• intervalle de génération long	+ réduction possible si précision suffisante
• tests en croisement lourds → peu d'individus testés	+ augmentation intensité sélection - petites populations d'apprentissage
• faible taille efficace des populations	+ DL fort limite marqueurs et taille des populations d'apprentissage

Quelle place pour la sélection génomique chez les plantes pérennes ?

Exemple de la vigne

Patrice This

[3] INRA-UMR AGAP Montpellier

La vigne et le vin

- 800 000 ha de vigne = 3% de la SAU
- 15 % de la valeur de la production agricole
- 87000 exploitations
- Image forte de la France
- Solde balance commerciale positive (9.5 Mrd € 2012, 2ème place après aéronautique)
- Vigne à vin ou à raisins de table (1% surface)
- Vin AOC, IGP, table
- Principalement *V. vinifera*

Caractéristiques d'importance pour l'amélioration

La vigne (*Vitis vinifera*) :

- **diploide** (2n = 38)

- **allogame**
  (hermaphrodisme)

- **multiplication végétative très facile, existence d'une variabilité clonale**

- **pollinisation artificielle délicate car besoin de castration manuelle**

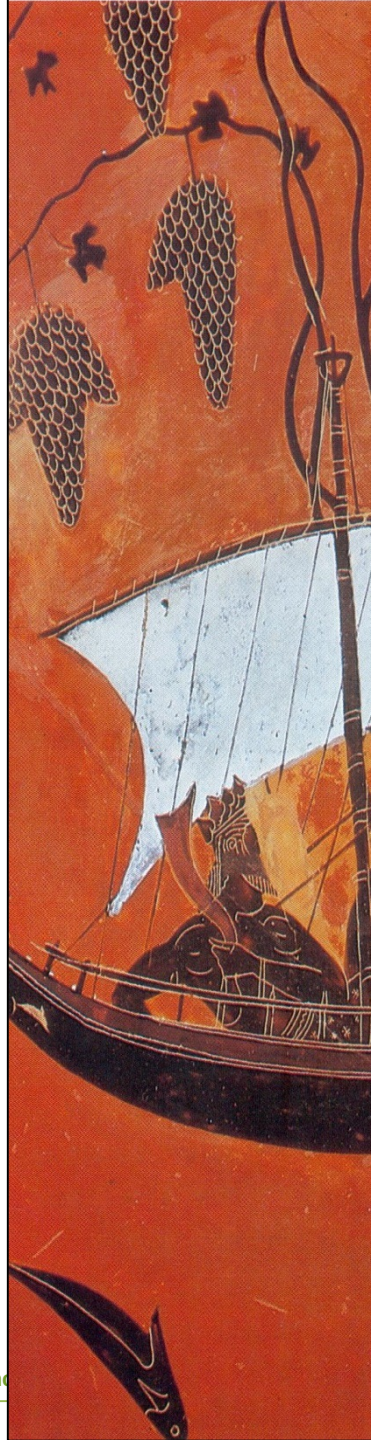
- **cycle de 3 à 4 ans (graine à graine) en condition normale, peut s'accélérer**

- **Genre *Vitis*, espèces interfertiles, origine**
- **Amérique, Asie et Europe *(V. vinifera*)**

Historique d'amélioration de la vigne

- La v
  60

- et de



Vignes sauvages Vignes Cultivé

Les enjeux de la viticulture française et de la création variétale

Réduire voire supprimer la consommation de fongicides anti-mildiou et anti-oïdium

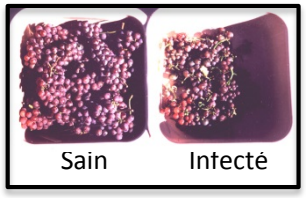
- 35000 tonnes de matières actives pour 3 % de la SAU
- Coût de plus 220 millions d'euros par an
- Conséquences sur l'environnement, sur la santé humaine, …
- Apparition de souches de pathogènes résistantes au fongicides

chardonnay avec protection phytosanitaire

chardonnay sans protection phytosanitaire

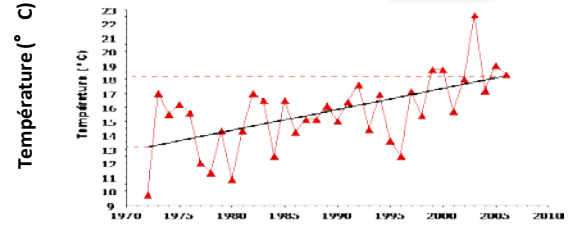
Développer des moyens de lutte vis à vis des agents pathogènes difficiles à contrôler par les méthodes disponibles

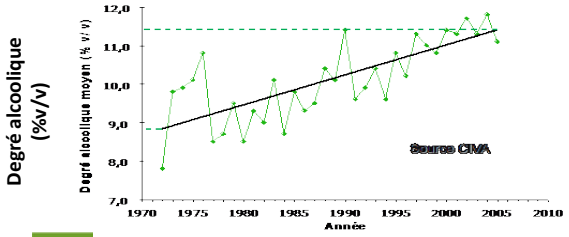
- Pertes de rendement dépassant 70 % en cas d'attaque sévère
- 30 % du vignoble touché, soit 240 000 sur 800 000 ha
- Nécessité de rechercher des alternatives à la lutte chimique : impasse technique et règlementaire



Maintenir la qualité et la typicité des vins dans un contexte de changement climatique

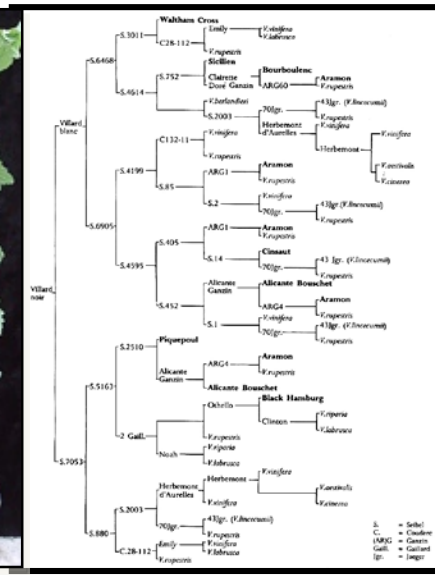
- Elévation de la température pendant la maturation des raisins : 5 °C
- Avancement de la date des vendanges : 4 semaines
- Augmentation du degré alcoolique : 2 degrés
- …





La création variétale Vigne

- Publique en France, quelques rares privés en Europe et dans le monde
- Durée de cycle de sélection /évaluation jusqu'à 20 ans
- Différents schémas de sélection
  - les plus courants = croisements biparentaux et sélection massale
  - quelques schémas d'introgression de résistance (7 générations)
  - schémas anciens de croisement inter-spécifique avec large généalogie
- Schémas du futur
  - Pyramidage à l'aide de populations de génotypes Dwarfs
  - Introduction de la SG dans la sélection multilocale



Connaissances sur le génome

Cartes génétiques
(~ 1700 cM)

Séquence publiée en 2007
Pinot PN 40024 (12x) , PN Entav –INRA 115 (6,5x):
12X, 585 Mb, +26500 gènes (Jaillon et al 2007)

Grape Genome Browser (12X)

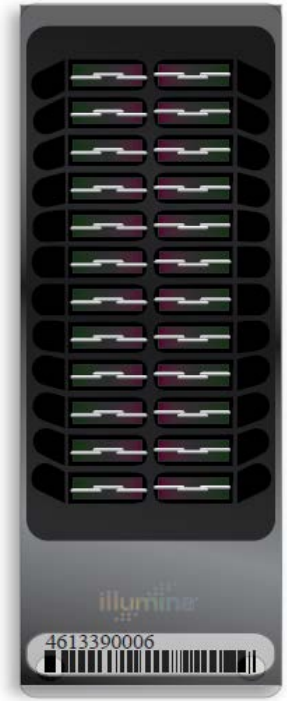
Genoscope Home || Vitis Project | B
Contact | Vitis (8X)

Search by position or name

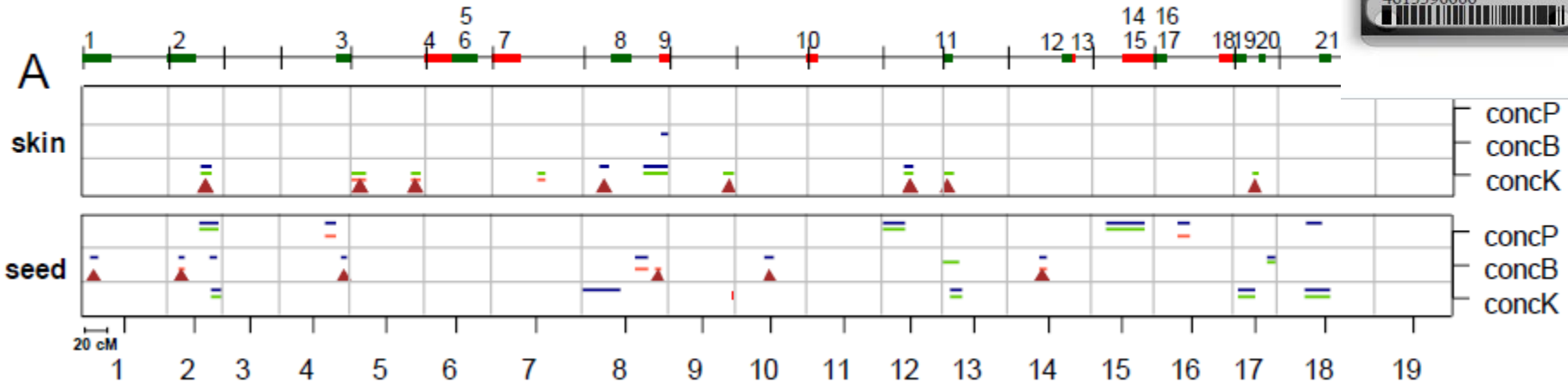
e name, locus, or
s allowed

Ressources génomiques

- **SSRs (plusieurs centaines)**
- **SNPs**
  - **18k illumina OPA**
  - **Reséquençage et GBS**



QTLs (résistances, qualité, stress abiotiques)

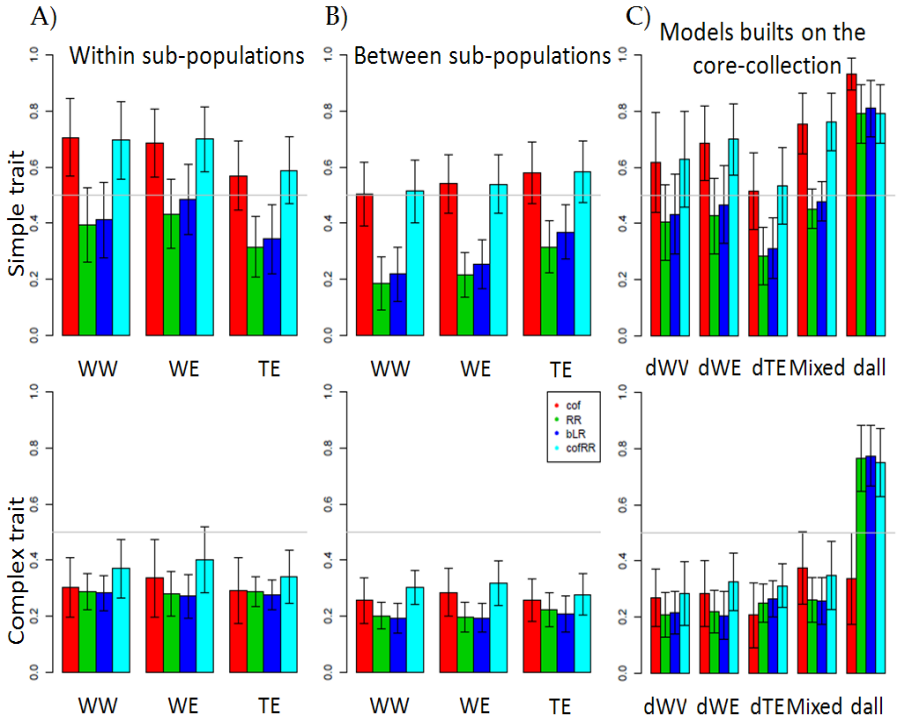


Perspectives d'application de la SG

Premiers résultats prometteurs…

- 1 **simulation** (Fodor et al, soumis)
  - Etude effet composition population entrainement
  - Etude différentes méthodes de calcul de la prédiction du phénotype
  - Test nombre de markers nécessaires

- 1 étude sur **données réelles** en cours d'analyse



Spécificités de la sélection génomique chez la Vigne

Point de départ…	*Place de la SG…*
• intervalle de génération long	+ réduction possible si précision suffisante et permet de réaliser des cycles sans phénotypages
• Données sur génome	+ intégration des données génomiques dans les analyses SG
• Interactions G x E	+ prédictions des comportements dans différents environnements
• Variabilité clonale utilisée en sélection clonale	+ SG est-elle utilisable dans un contexte de variabilité somatique ?

Quelle place pour la sélection génomique chez les plantes pérennes ?

Exemple du peuplier

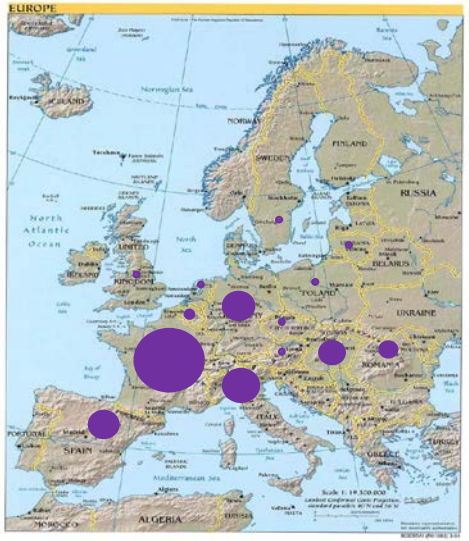
Catherine Bastien

INRA-AGPF, Orléans

Importance des peupleraies cultivées en France / Europe

- essence ligneuse la plus productive en climat tempéré: ~ 15 m³/ha/an
- des **rotations relativement courtes (12-20 ans)** limitant les risques
- production d'un bois homogène à haute valeur ajoutée industrielle (déroulage, biocarburants) en plantations **monoclonales**

~ 800 000 ha dont 236 000 ha en France



~ 4,8 M m³/an, deuxième essence feuillue

Une création variétale très majoritairement **publique** en Europe

Registre européen des variétés cultivées:

- **145** cultivars (clones) – 85% hyb. intersp.
- **10** variétés multiclonales

mais…

seulement moins de 15 clones très utilisés par pays

Une grande inertie au renouvellement variétal

Caractéristiques d'importance pour l'amélioration

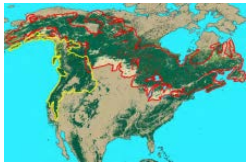
- **diploide** (2n = 38)

- **allogame, dioïque, intervalle graine à graine 4-8 ans**

- **Domestication** très limitée et importante **diversité génétique** entre et à l'intérieur des espèces

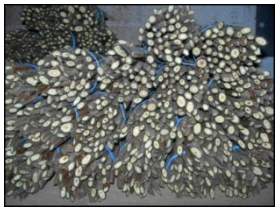
P.nigra

P. deltoides



P. trichocarpa

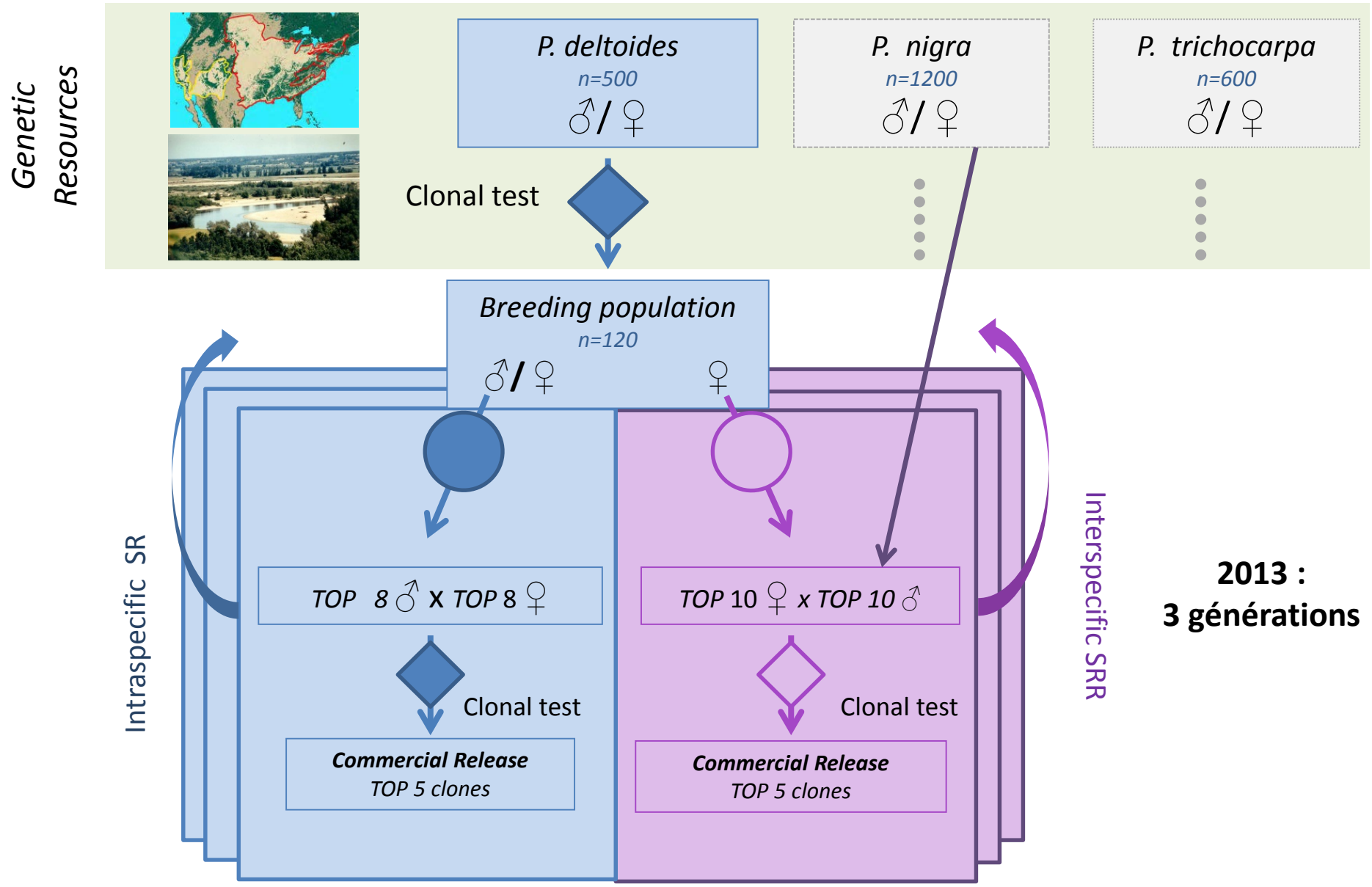
- La **multiplication végétative** est facile et la **foresterie clonale** a été acceptée depuis longtemps



- De nombreux avantages à **l'hybridation interspécifique**:
  complémentation (enracinement/résistances aux ravageurs, QB)
  hétérosis en F1 et F2 (+35% - +73% pour la croissance)

- Des effets **d'interactions G x E** marqués

Schémas de sélection



2013 :
3 générations

Schémas de sélection

Une sélection multicritère par étapes pour concilier **intensité de sélection** et **coût de phénotypage**

20-25 crosses/**5000** seeds **2500** seedlings

800 clones

800 clones

50 clones

25 clones

5 clones

Durée d'évaluation = 15-20 ans

Coûts de phénotypage élevés en plantation et pour les propriétés du bois

Interaction Clone x Environnement élevée

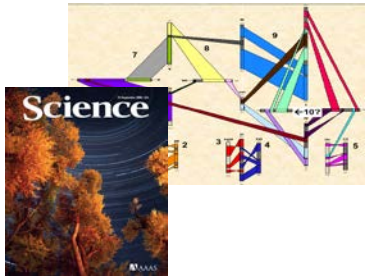
Mais peu de corrélations défavorables entre caractères

Connaissances sur le génome

- Un génome de référence séquencé et annoté chez *P. trichocarpa: n=19, ~480 Mb*

Populus: A Model System for Plant Biology

Annu. Rev. Plant Biol. 2007. 58:435–58



- Plusieurs cartes génétiques sur les différentes espèces : 1800 cM- 2800 cM

- Des QTL qui expliquent rarement plus de 10% de V_G sauf pour les résistances aux maladies

- Identification de SNP:

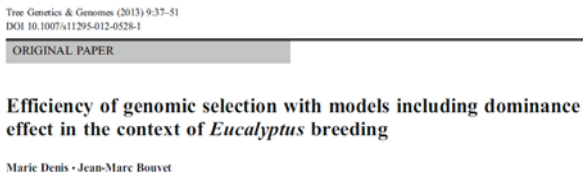
P. trichocarpa (Slavov et al. 2012)	*P. nigra* (Giacomello et al. 2012)	*P. deltoides* *en cours*
~ 7,000,000 SNP	~ 3,300,000 SNP	

- <u>Puces de génotypage :</u> (études d'association en pop. naturelles)

P. trichocarpa:	*P. nigra*	
Slavov et al 2012, Geraldes et al 2013	(Noveltree, Energy-Poplar)	aujourd'hui
Infinium Illumina **34 K**	Infinium Illumina **10,5K**	5 – 17 SNP /cM

Perspectives d'application de la SG

- Déception vis-à-vis de la SAM : un modèle plus proche du modèle de Fisher qui séduit
- Pas de résultats encore disponibles chez le peuplier mais des résultats encourageants sur Eucalyptus (schéma et contexte génétique proches)


Tree Genetics & Genomes (2013) 9:37–51
DOI 10.1007/s11295-012-0528-1

ORIGINAL PAPER

Efficiency of genomic selection with models including dominance effect in the context of *Eucalyptus* breeding

Marie Denis · Jean-Marc Bouvet

Research

New Phytologist

Genomic selection for growth and wood quality in *Eucalyptus*: capturing the missing heritability and accelerating breeding for complex traits in forest trees

Marcos D. V. Resende[1,2], Márcio F. R. Resende Jr[2], Carolina P. Sansaloni[2,3,4], Cesar D. Petroli[2,3,4], Alexandre A. Missiaggia[5], Aurelio M. Aguiar[5], Jupiter M. Abad[5], Elizabete K. Takahashi[5], Antonio M. Rosado[6], Danielle A. Faria[5], Georgios J. Pappas Jr.[2,7], Andrzej Kilian[8] and Dario Grattapaglia[2,7]

- Une situation expérimentale en cours d'évaluation chez *P. nigra*

		Objectifs	Population d'entrainement	Population de validation
N	**Précision de la prédiction génomique** G_{intra}, BV_{intra}	**Multi-trait** **Apparentement** **↘ Cycle** **↗ intensité**	**N_e= 15 N=1200** **Phénotypage acquis** **Génotypage 50% 10K**	apparentement variable à tester Schéma multi-population
DxN	Précision de la prédiction génomique G_{inter}, BV_{inter}	Non additivité ↘ Cycle ↗ intensité		$N_{e\ nigra}$= 10 N= 600 Phénotypage acquis

Spécificités de la sélection génomique chez le peuplier

Point de départ…	*Place de la SG…*
• intervalle de génération long	+ réduction possible si précision suffisante et recombinaison sans phénotypage + de réactivité vis-à-vis de nouvelles demandes
• Nbx caractères complexes peu héritable	+ améliorer la prédiction si densité en marqueurs suffisante + optimiser le phénotypage et la S multi-caractères
• Diversité issue de ≠ populations	+ si précision suffisante en modèle multi-populations (origine DL)
• Forte variabilité clonale surtout en xt interspécifiques	+ augmentation de l'intensité de sélection + meilleure gestion de la consanguinité + si prédiction inclut les effets non-additifs

Conclusions - plantes pérennes

- Une **grande attente** pour la **SG** après les espoirs déçus de la **SAM**
- Principaux verrous / questions / limites actuels

1- Définir des populations d'entrainement

taille efficace, apparentement avec pop. de sélection, multi-populations

2- Continuer à optimiser le génotypage

Développement de SNP, imputation, génotypage par re-séquençage, coût

3- Travailler sur les modèles de prédiction

Prise en compte de GxE
Inclure si disponible l'information sur QTL connus
Inclure les effets non additifs
Prédiction pure-bred / prédiction cross-bred
Prédiction multi-populations
Mise à jour des prédictions au fil des générations