



HAL
open science

Génotypage SNP : Protocole Hi-Plex2

Anne-Laure Besnard, Gilles Lassalle, Sophie Michon-Coudouel, Solenn Stoeckel, Eric J. Petit

► **To cite this version:**

Anne-Laure Besnard, Gilles Lassalle, Sophie Michon-Coudouel, Solenn Stoeckel, Eric J. Petit. Génotypage SNP : Protocole Hi-Plex2: Application à 5 espèces d'intérêt en écologie et évolution. Genomics, May 2022, Orléans, France. hal-04146101

HAL Id: hal-04146101

<https://hal.inrae.fr/hal-04146101>

Submitted on 29 Jun 2023

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.

Génotypage SNP

Protocole Hi-Plex2^{a,b}

Application à 5 espèces d'intérêt en écologie et évolution

Besnard AL¹, Lassalle G¹, Michon-Coudouel S², Stoeckel S³, Petit EJ¹

¹DECOD (Dynamique et Durabilité des Ecosystèmes), INRAE, IFREMER, Institut Agro, 35042 Rennes cedex, France

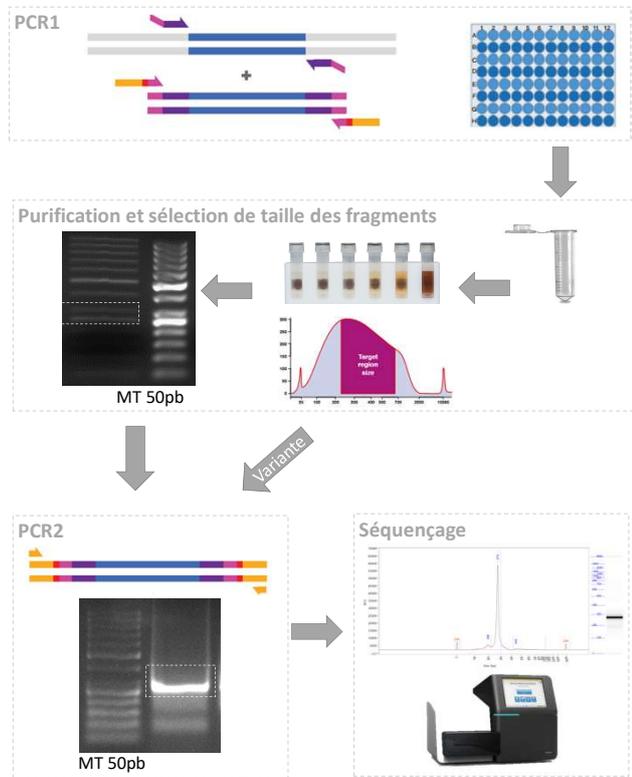
²EcogenO (plateforme génomique), Université Rennes 1, CNRS, 35042 Rennes Cedex, France

³IGEPP, INRAE, Institut Agro, Univ. Rennes 1, 35650 Le Rheu, France

Objectif :

Evaluation de la qualité du génotypage à partir de triplicas.

| | Cas 1 | Cas 2 | Cas 3 | Cas 4 | Cas 5 | Cas 6 | Cas 7 | Cas 8 | Cas 9 | .. |
|---|---------------|-------|-------|-------|-------|-------------|-------|------------------|-------|----|
| Replica 1 | TA | TA | TA | TA | TA | AA | AA | AA | AA | |
| Replica 2 | TA | TA | TA | TA | AA | AA | AA | AA | TT | |
| Replica 3 | TA | - | TT | AA | TT | AA | - | AT | - | |
| Consensus | TA | TA | TA | TA | TA | AA | AA | - | - | |
| | Hétérozygotes | | | | | Homozygotes | | Pas de consensus | | |
| Succès d'amplification | 3/3 | 2/3 | 3/3 | 3/3 | 3/3 | 3/3 | 2/3 | 3/3 | 2/3 | |
| Allelic dropout (ADO)^c | 0/3 | 0/3 | 1/3 | 1/3 | 2/3 | --- | --- | --- | --- | |
| Indice de qualité (QI)^d | 3/3 | 2/3 | 2/3 | 2/3 | 1/3 | 3/3 | 2/3 | --- | --- | |



| Espèces | Individus | Locus | Protocole | ADN | Succès d'amplification | Allele dropout (ADO) | Indice de qualité (QI) |
|--|-----------|-------|-------------------|---|------------------------|----------------------|------------------------|
| Pacifastacus leniusculus | 32 | 66 | Hi-Plex2 | Tissus biologiques 20 ng/μL DO > 1,8 | | | |
| Cornu aspersum | 96 | 192 | Hi-Plex2 | Tissus biologiques 20 ng/μL DO > 1,8 | | | |
| Salmo trutta | 276 | 459 | Hi-Plex2 | Tissus biologiques 0,5 – 70 ng/μL DO 0 – > 1,8 | | | |
| Lampetra fluviatilis Lampetra planeri | 96 | 189 | Hi-Plex2 variante | Tissus biologiques + Larves 7 – 300 ng/μL DO 1 à > 1,8 | | | |
| Rhinolophus hipposideros | 96 | 109 | Hi-Plex2 variante | Fécès 0 – 3 ng/μL DO 0 – 0,8 | | | |

Conclusion : Méthode facilement reproductible d'une espèce à l'autre (nous l'avons aussi appliquée à une espèce de plante polyploïde). Si besoin, les catalogues de marqueurs peuvent être aisément obtenus à partir de séquençage RAD de pools d'ADN^e. Avec une profondeur de séquençage de 100X, les critères de qualité décrits ci-dessus montrent une bonne qualité de génotypage quelle que soit les variations techniques mises en œuvre. **Coûts d'analyse :** env. 8 à 10€/échantillon.

Points d'amélioration : modèle de génotypage, homogénéité de la profondeur de lecture sur les différents locus

Références:

- ^aHammet et al. 2019 BioTechniques
- ^bNiguyen-Dumont et al. 2013 et 2015 BioTechniques
- ^cBroquet & Petit 2014 Mol Ecol
- ^dMiquel et al. 2014 Mol Ecol
- ^eDelord et al. 2019 Meth Ecol Evol