



HAL
open science

Phénomix : Estimation de l'héritabilité de spectres Raman et premiers résultats d'évaluation phéno-mique chez la truite

Florence Phocas, Pierrick Haffray, Florian Enez, Francois Allal, Pierre Boudry, Marc Vandeputte, Sophie Brard-Fudulea, Faten Jaouahdou

► To cite this version:

Florence Phocas, Pierrick Haffray, Florian Enez, Francois Allal, Pierre Boudry, et al.. Phénomix : Estimation de l'héritabilité de spectres Raman et premiers résultats d'évaluation phéno-mique chez la truite. Journées Techniques Interfilères du SYSAAF, Oct 2022, Rennes, France. hal-04386542

HAL Id: hal-04386542

<https://hal.inrae.fr/hal-04386542>

Submitted on 10 Jan 2024

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.

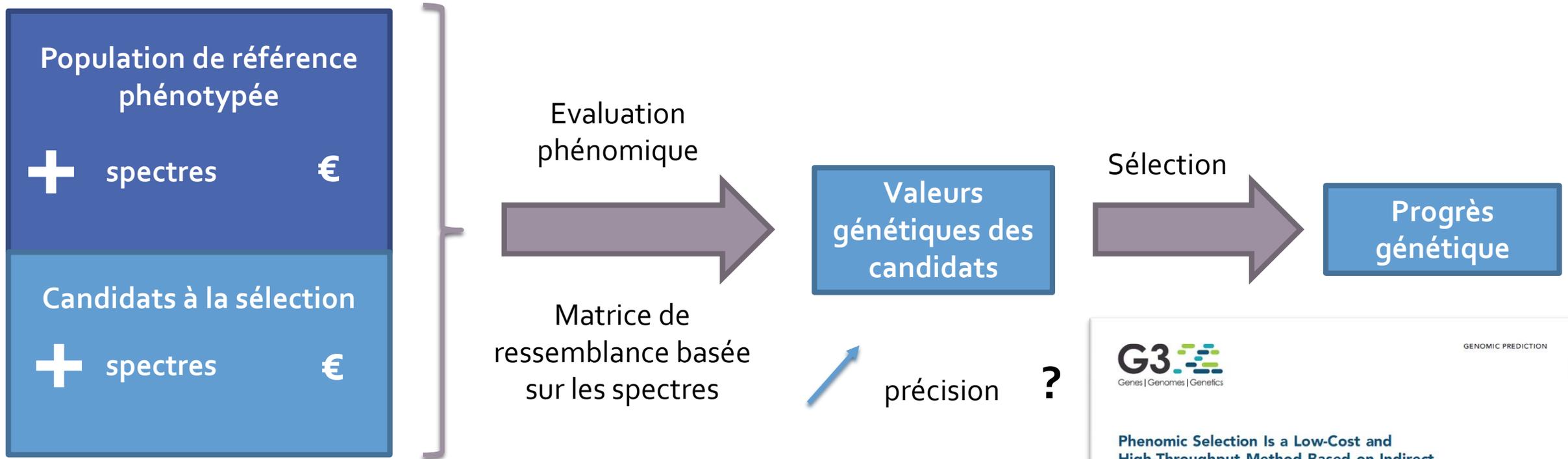
L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Phénomix : Estimation de l'héritabilité de spectres Raman et premiers résultats d'évaluation phénomique chez la truite

Faten Jaouahdou, Florian Enez, Christophe Eklouh-Molinier, Pierre Boudry, Vincent Segura, Virginie Nazabal, Florence Phocas, Marc Vandeputte, François Allal, Pierrick Haffray, Sophie Brard-Fudulea

Principe de l'évaluation phénotypique



G3 Genes | Genomes | Genetics

GENOMIC PREDICTION

Phenomic Selection Is a Low-Cost and High-Throughput Method Based on Indirect Predictions: Proof of Concept on Wheat and Poplar

Renaud Rincent,^{*} Jean-Paul Charpentier,^{1,†} Patricia Faivre-Rampant,[‡] Etienne Paux,^{*} Jacques Le Gouis,^{*} Catherine Bastien,[‡] and Vincent Segura^{1,†}

^{*}GDEC, INRA, UCA, 63000 Clermont-Ferrand, France, [†]BioFor, INRA, ONF, 45075 Orléans, France, [‡]GenoBois analytical platform, INRA, 45075 Orléans, France, and [§]EPGV, INRA, CEA-IG/CNG, 91057 Evry, France

ORCID IDs: 0000-0003-0885-0969 (R.R.); 0000-0002-6029-0498 (J.-P.C.); 0000-0002-3094-7129 (E.P.); 0000-0001-5726-4902 (J.L.G.);

Objectifs du programme Phénomix

- Comparer la précision de la sélection phénotypique à la précision de la sélection classique et de la sélection génomique.
- Tester la possibilité de combiner des spectres acquis dans des générations différentes
- Tester l'effet sur la précision de la technologie d'acquisition des spectres, du tissu, des prétraitements réalisés sur les spectres
- Estimer la dominance
- Identifier les régions les plus hérissables des spectres et susceptibles de reproduire la matrice d'apparentement génomique

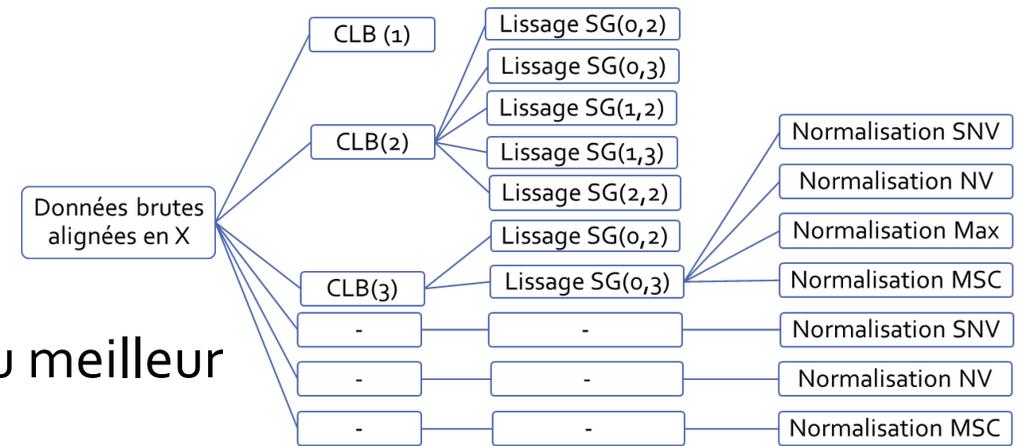
Première application à la truite



- Valorisation des données du programme Omega-truite (FEAMP)
- Biométrie réalisée en 2018 sur une génération de truites issue de 183 parents
- 1372 individus :
 - Phénotypés sur des caractères de production-découpe (poids, longueur, FAT, rendements...)
 - Analysés par spectrométrie Raman (tissu adipeux abdominal) pour estimation de la teneur en différents acides gras, sur 2 fenêtres spectrales :
 - Fenêtre 1 : [550, 1800] → 1845 nombres d'onde
 - Fenêtre 2 : [2610, 3100] → 1005 nombres d'onde
- Génotypages exploitables sur 1661 individus (génération phénotypée + parents), 29K SNP

Démarche expérimentale

- Prétraitements des spectres
- Estimation d' h^2 le long des spectres pour choix du meilleur prétraitement
- Construction d'une matrice de ressemblance basée sur les spectres prétraités
- Réalisation de validations croisées pour estimer la précision des évaluations pedigree, génomique et phénotypique



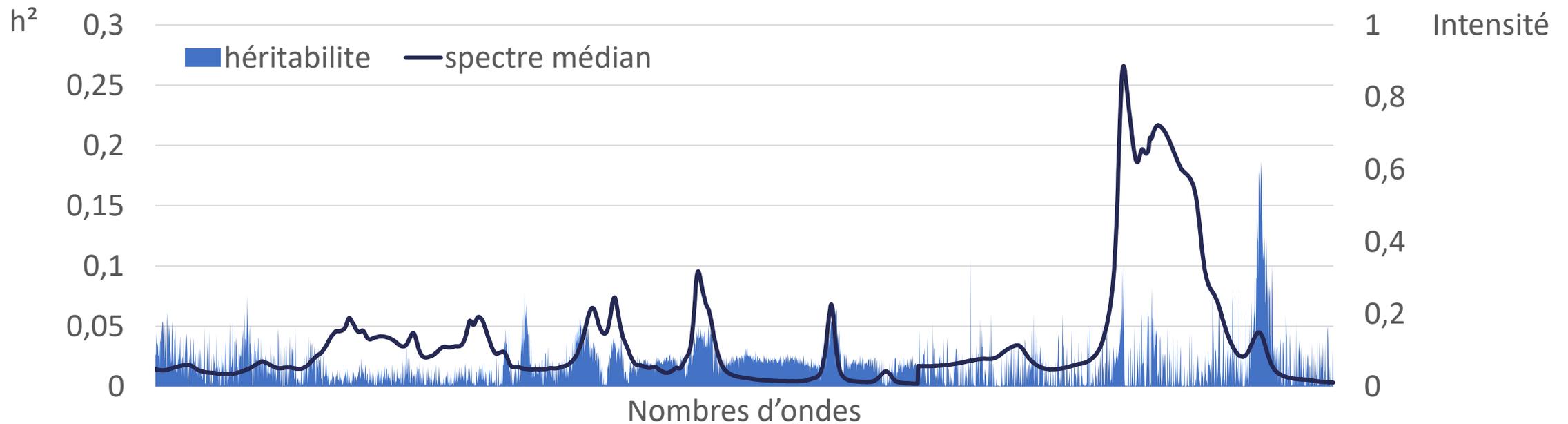
$$H = \frac{SS'}{n_w}$$



- Critère de validation : $corr(\text{Valeurs génétiques estimées}, \text{Phénotypes corrigés})$

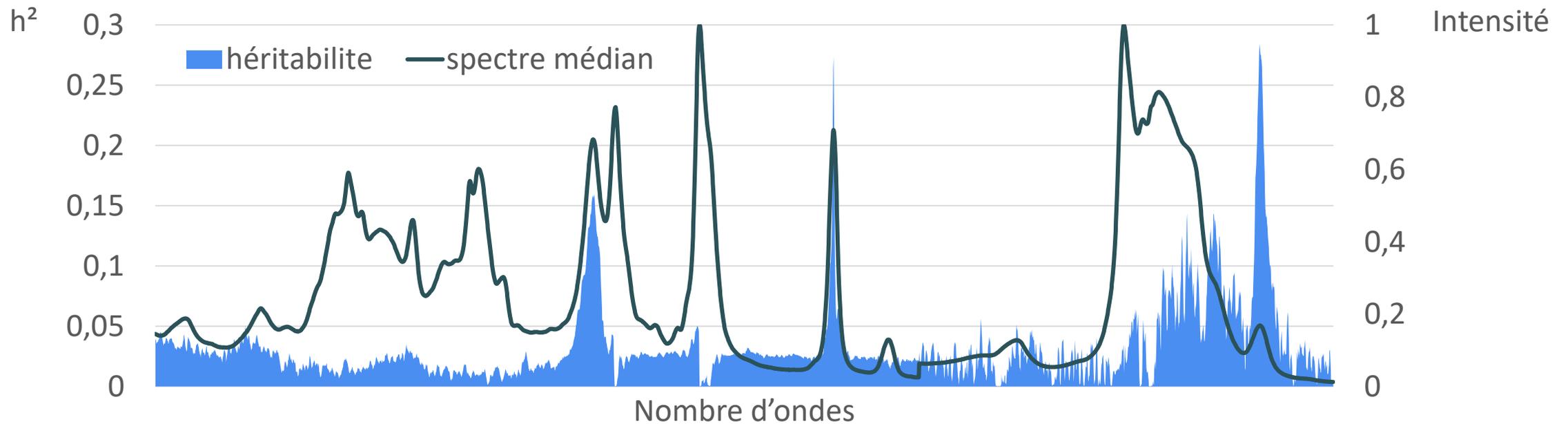
Une héritabilité faible à modérée le long des spectres bruts

| | Minimum | 1 ^{er} quartile | Médiane | 3 ^{ème} quartile | Maximum |
|---------------------------|---------|--------------------------|---------|---------------------------|---------|
| h^2 avant prétraitement | 0,00 | 0,01 | 0,02 | 0,03 | 0,19 |



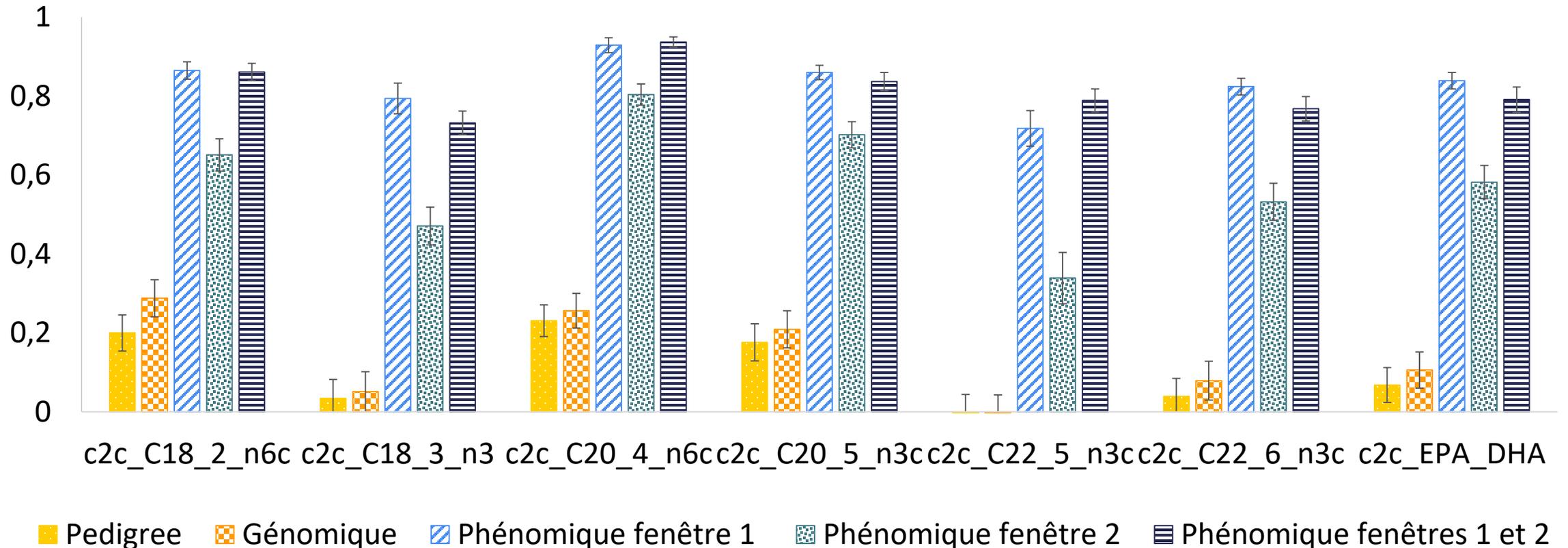
Une héritabilité faible à modérée le long des spectres, localement améliorée par les prétraitements

| | Minimum | 1 ^{er} quartile | Médiane | 3 ^{ème} quartile | Maximum |
|--|---------|--------------------------|---------|---------------------------|---------|
| h² avant prétraitement | 0,00 | 0,01 | 0,02 | 0,03 | 0,19 |
| h² après prétraitement | 0,00 | 0,02 | 0,03 | 0,03 | 0,28 |



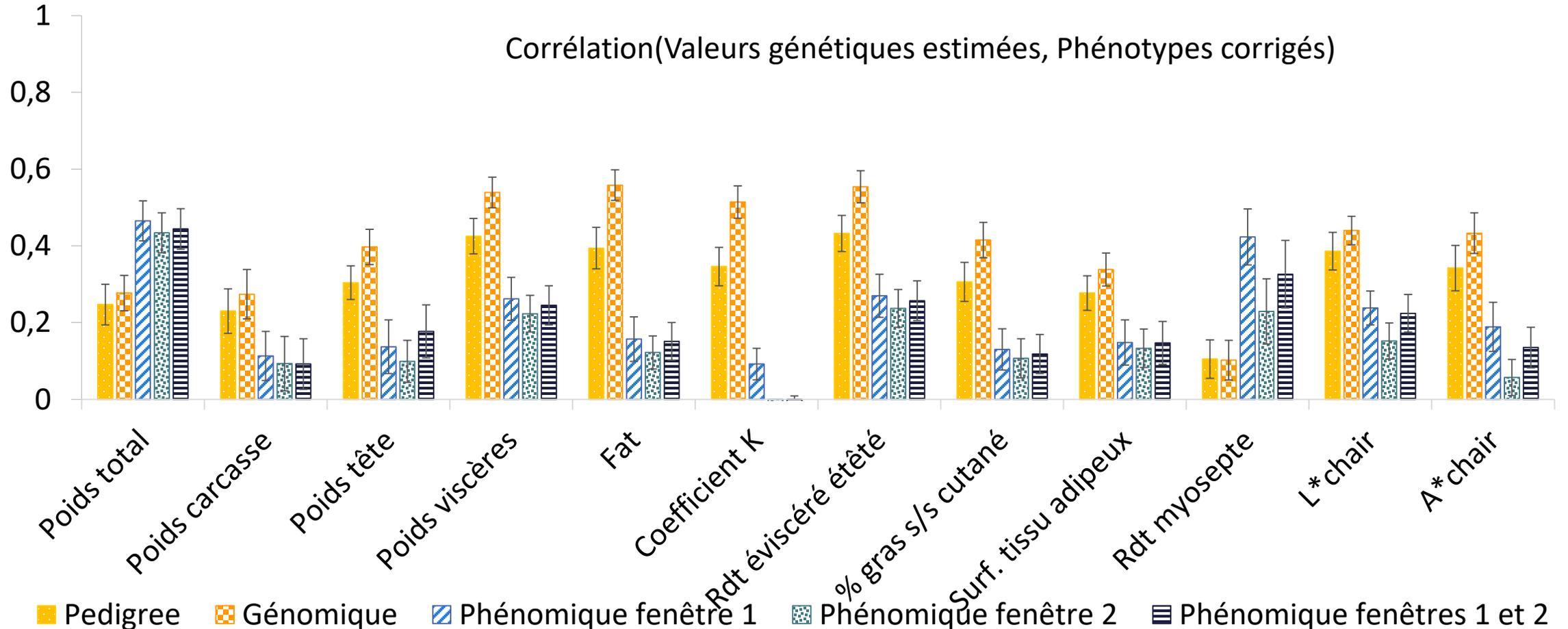
L'évaluation phénotypique permet de bien prédire les phénotypes dérivés des spectres

Corrélation (Valeurs génétiques estimées, Phénotypes corrigés)



L'évaluation phénotypique ne surpasse les évaluations classique et génomique que sur peu de caractères

Corrélation (Valeurs génétiques estimées, Phénotypes corrigés)



Conclusions & Perspectives

- Les prétraitements permettent une amélioration de l'héritabilité le long des spectres Raman
- Les intensités des spectres Raman acquis sur le tissu adipeux abdominal des truites sont peu à moyennement héritable
- L'évaluation phénotypique ne donne de meilleurs résultats que sur peu de caractères
- Une biométrie a été réalisée en 2022 sur une seconde génération de truites génétiquement connectée à la première :
 - Possibilité de vérifier la répétabilité des résultats et de combiner les jeux de données
 - Acquisition de spectres NIRS, pour test de l'effet du type de spectroscopie
- Deux autres jeux de données à analyser : NIRS et Raman sur daurade, et NIRS sur huitre creuse
- Possibilité de construire une matrice combinant pedigree et phénotypique ?

Merci pour votre attention

- Financeurs



- Partenaires

