



HAL
open science

Vers l'assignation et l'indexation génétique entre et chez les polyploïdes

Florence Phocas, Florian Enez

► **To cite this version:**

Florence Phocas, Florian Enez. Vers l'assignation et l'indexation génétique entre et chez les polyploïdes. Journées Techniques Interfilères du SYSAAF, Dec 2020, Rennes, France. hal-04386606

HAL Id: hal-04386606

<https://hal.inrae.fr/hal-04386606v1>

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.

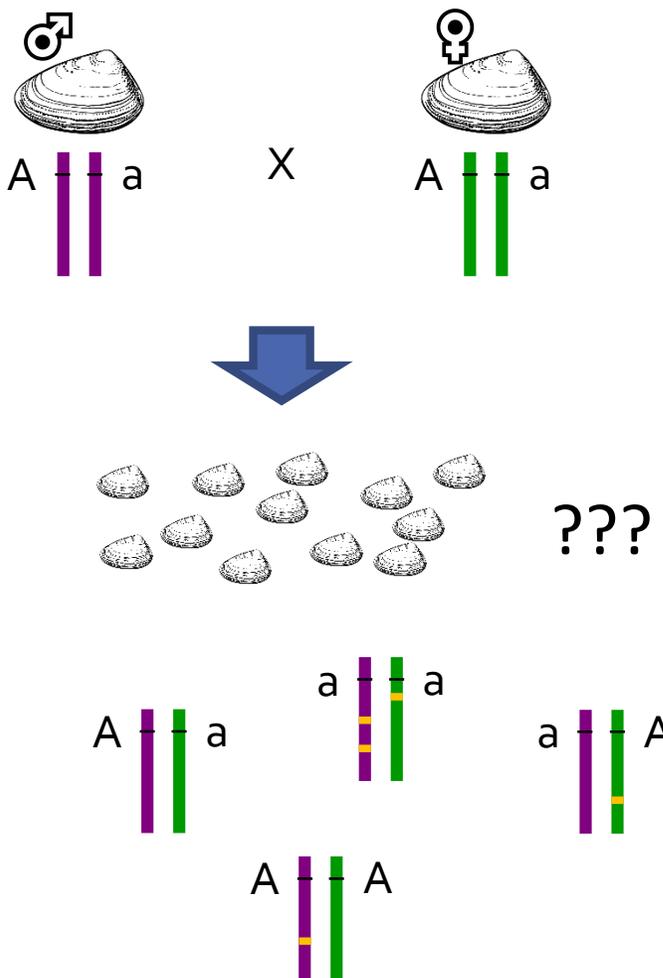
L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Vers l'assignation et l'indexation génétique entre et chez les polyploïdes

Florian ENEZ
Florence PHOCAS



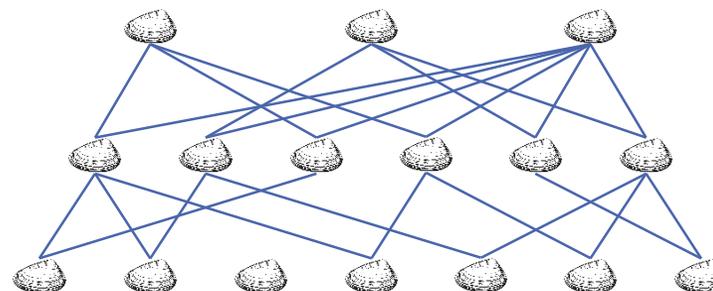
Génétique quantitative : le modèle diploïde



Hypothèse d'additivité des effets :

$$VG_i = \frac{1}{2} VG_{\text{♂}_i} + \frac{1}{2} VG_{\text{♀}_i} + \phi_i$$

➔ Reconstitution du pédigrée

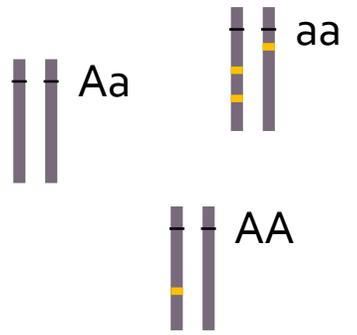
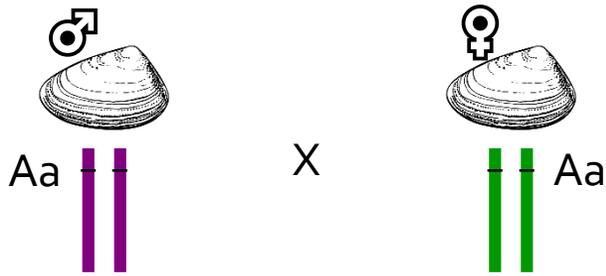


➔ Estimation des paramètres génétiques

$$Y = G + E + \epsilon$$

Phénotype Effet génétique additif Effets environnementaux Effet résiduel

Génétique quantitative : le modèle diploïde

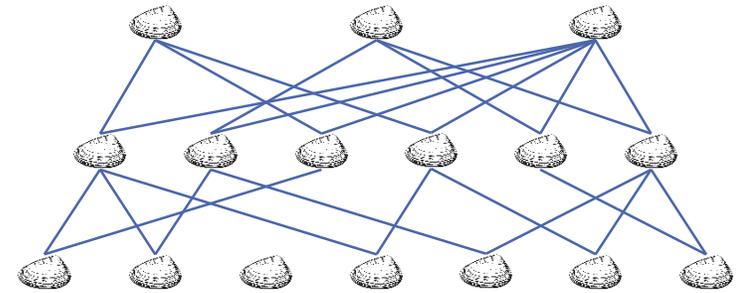


Combinaisons théoriques possibles	Probabilité d'être issu du croisement
Aa	0,50
AA	0,25
aa	0,25

Hypothèse d'additivité des effets :

$$VG_i = \frac{1}{2} VG_{\text{♂}_i} + \frac{1}{2} VG_{\text{♀}_i} + \phi_i$$

➔ Reconstitution du pédigrée



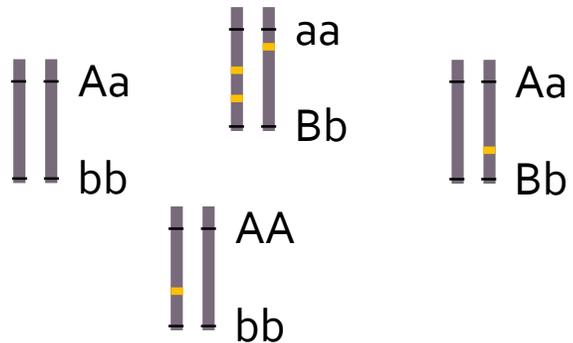
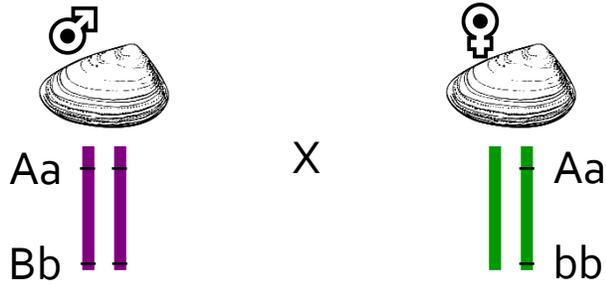
➔ Estimation des paramètres génétiques

$$Y = G + E + \epsilon$$

Phénotype
Effet génétique additif
Effets environnementaux
Effet résiduel

■ Modification d'un SNP due à l'aléa de méiose

Génétique quantitative : le modèle diploïde

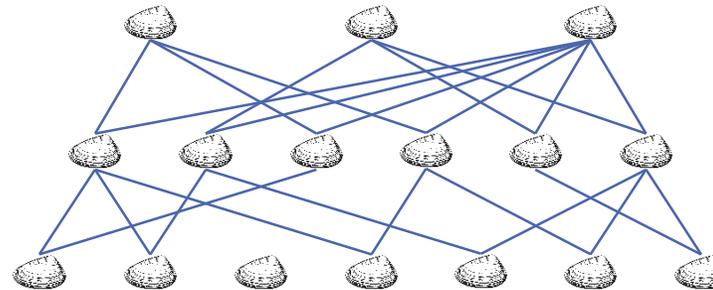


Combinaisons théoriques possibles	Probabilité d'être issu du croisement
Aa / Bb	0,25
Aa / bb	0,25
AA / Bb	0,125

Hypothèse d'additivité des effets :

$$VG_i = \frac{1}{2} VG_{\text{♂}_i} + \frac{1}{2} VG_{\text{♀}_i} + \phi_i$$

➔ Reconstitution du pédigrée



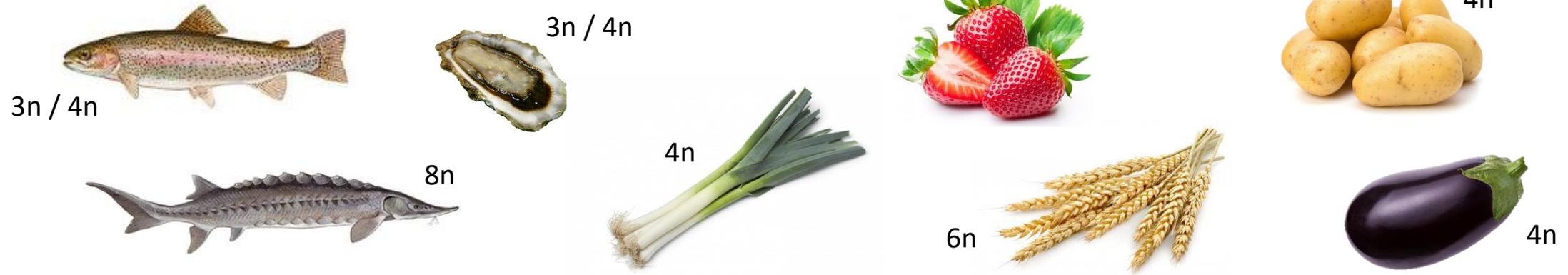
➔ Estimation des paramètres génétiques

$$Y = G + E + \epsilon$$

Phénotype
Effet génétique additif
Effets environnementaux
Effet résiduel

Complexité de l'analyse des polyploïdes

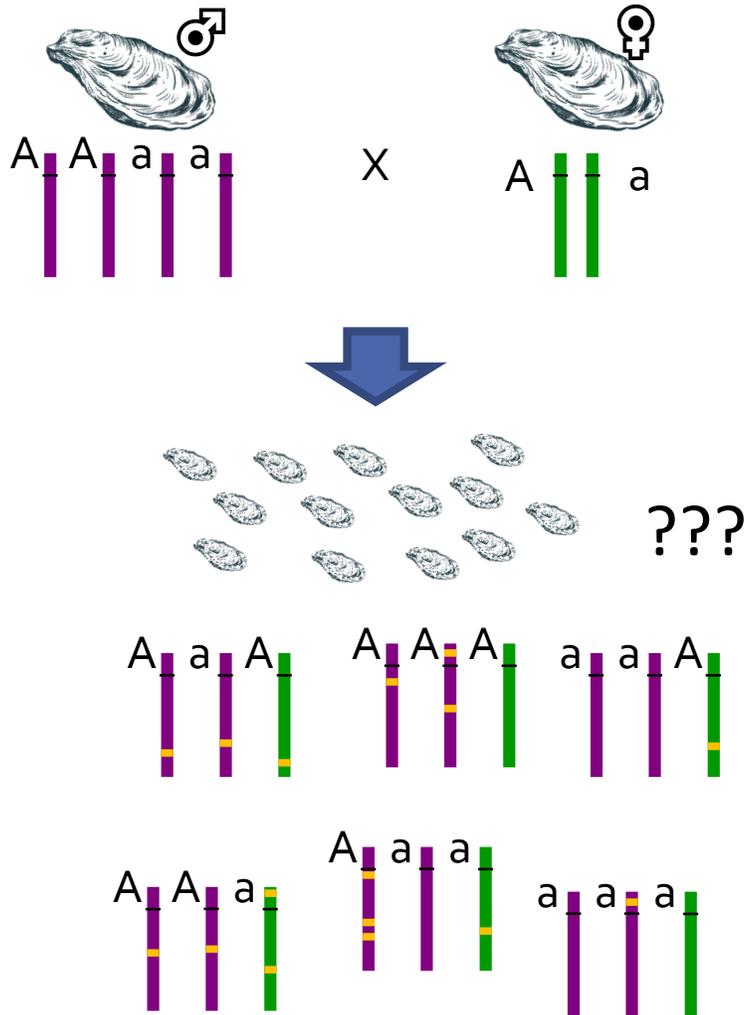
- Niveaux de ploïdie variables intra et inter-espèces



- Fertilité impactée par le niveau de ploïdie :
Polyploïdes pairs fertiles / Polyploïdes impairs stériles
- Différentes façons d'obtenir un polyploïde
 - Par croisement de polyploïdes pairs
 - Par traitement direct sur l'individu

Quel impact sur les analyses en génétique quantitative ?

Exemple de 3n obtenu par croisement 4n x 2n



■ Modification d'un SNP due à l'aléa de méiose

Hypothèse d'additivité des effets :

$$VG_i = \cancel{\frac{1}{2} VG_{\text{♂}_i}} + \cancel{\frac{1}{2} VG_{\text{♀}_i}} + \phi_i$$

Equation à adapter en fonction **du degré de polypléidie et de** la méthode d'obtention de l'individu polypléidie

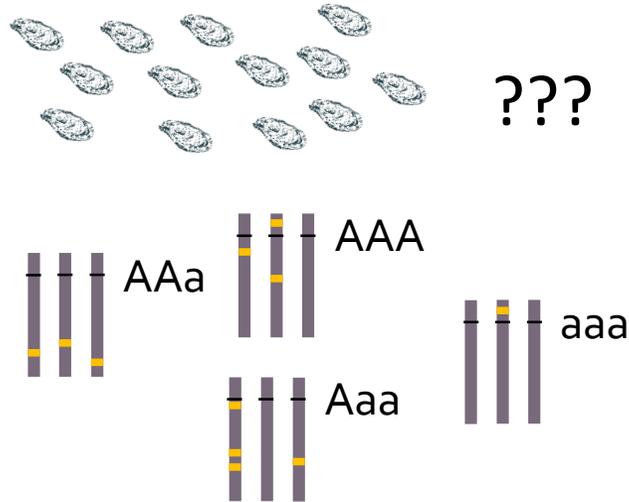
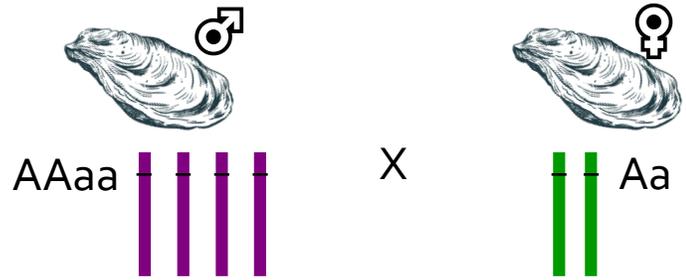
Quel impact du dosage génique sur les performances des individus polypléidies ?

➔ Nécessité d'adaptation des outils de traitement pour la prise en compte de ces particularités :

- Pour l'assignation de parenté
- **Pour les évaluations génétiques et génomiques**

Quel impact sur les analyses en génétique quantitative ?

Exemple de 3n obtenu par croisement 4n x 2n



Combinaisons théoriques possibles	Probabilité d'être issu du croisement
AAa	0,42
Aaa	0,42
AAA	0,08
aaa	0,08

Hypothèse d'additivité des effets :

$$VG_i = \cancel{\frac{1}{2} VG_{\text{♂}_i}} + \cancel{\frac{1}{2} VG_{\text{♀}_i}} + \phi_i$$

Equation à adapter en fonction **du degré de ploïdie** et de la méthode d'obtention de l'individu polyploïde

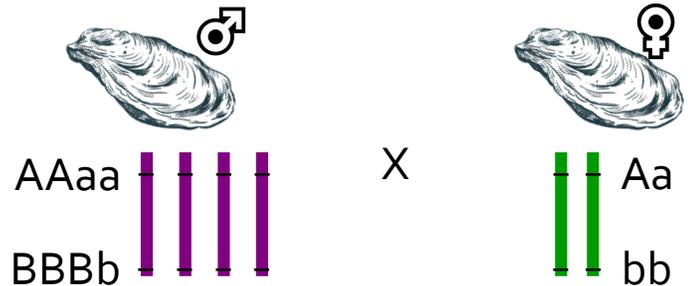
Quel impact du dosage génique sur les performances des individus polyploïdes ?

➔ Nécessité d'adaptation des outils de traitement pour la prise en compte de ces particularités :

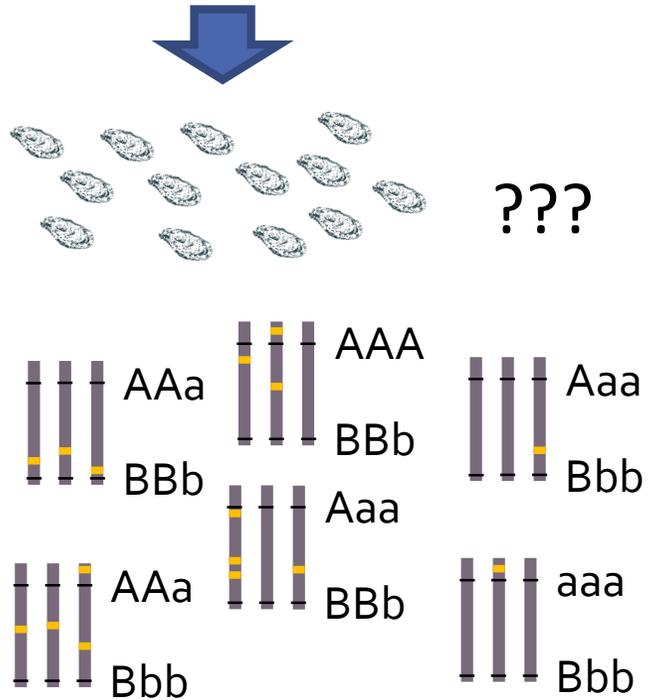
- Pour l'assignation de parenté
- Pour **les évaluations génétiques et génomiques**

Quelles impact sur les analyses en génétique quantitative ?

Exemple de 3n obtenu par croisement 4n x 2n



Combinaisons théoriques possibles	Probabilité d'être issu du croisement
AAa / BBb	0,21
AAA / BBb	0,04



Hypothèse d'additivité des effets :

$$VG_i = \cancel{\frac{1}{2} VG_{\text{♂}_i}} + \cancel{\frac{1}{2} VG_{\text{♀}_i}} + \phi_i$$

Equation à adapter en fonction de la méthode d'obtention de l'individu polyploïde

Quel impact du dosage génique sur les performances des individus polyploïdes ?

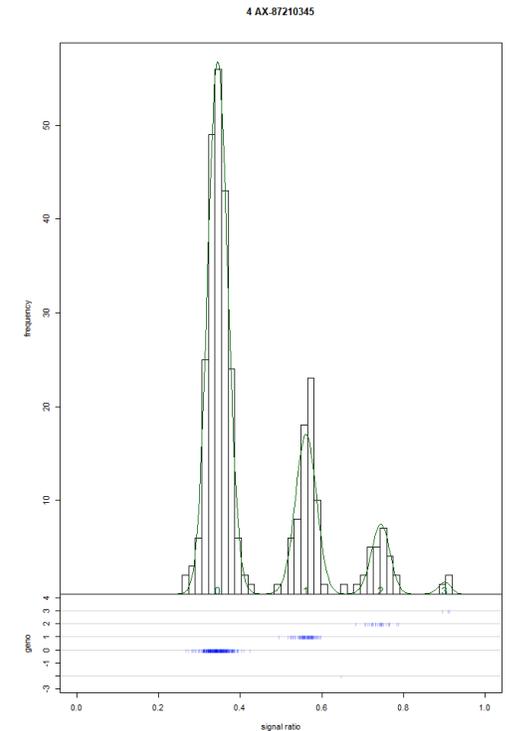
➔ Nécessité d'adaptation des outils de traitement pour la prise en compte de ces particularités :

- Pour l'assignation de parenté
- Pour les évaluation génétiques

Modification d'un SNP due à l'aléa de méiose

Encore très peu d'études publiées sur l'analyse des polyploïdes

- Détermination du génotype des individus polyploïdes analysés sur une puce ThermoFisher :
 - Packages R *FitTetra* et *FitPoly* (Zych et al., 2019 - Wageningen)
 - Méthode utilisant le package R *mclust* pour réaliser le clustering (Grashei et al., 2020)
- Bases méthodologiques proposées par Hamilton et Kerr (2018) pour l'adaptation aux espèces polyploïdes du **calcul de la matrice de parenté** qui sert à l'estimation des paramètres génétiques **et au l'évaluation BLUP**.
- Une étude américaine chez la truite arc-en-ciel montre **l'efficacité d'une sélection sur individus diploïdes pour améliorer les performances de triploïdes**, la prise en compte de phénotypes de triploïdes améliorerait toutefois l'efficacité de la sélection (Leeds et al., 2019).
- **Corrélation génétique $2n/3n$ de 0.79 ± 0.05** du poids chez le saumon atlantique (Kjøglum et al., 2019).



Travaux initiés

- Vers une adaptation du logiciel APIS pour l'assignation des polyploïdes
- Etude des performances d'individus 2n vs. 3n chez la truite arc-en-ciel (projet FEAMP Hypotemp)
 - Mesures de résistance à un stress hypoxique (été 2020) et de caractères de découpe (juin 2021)
 - Comparaison des performances phénotypiques familiales 2n vs 3n
 - Vers une évaluation des valeurs génétiques d'individus 3n ?

INRAE



UBO
Université de Bretagne Occidentale



aqualande
Origins

- Estimation de valeurs génétiques chez une espèce polyploïde pair : l'esturgeon (projet FEAMP S'Sturgeon)

INRAE



Merci pour votre attention

