

PrediCroit

Estimation de la capacité de prédiction génomique de la valeur d'un croisement



Blé tendre



Blé dur



Orge

FSOV 2020 I

- **Date de Début :** 1^{er} Octobre 2020
- **Durée du Programme :** 36 mois (3 ans)
- **Budget proposé :** 432 897,45 €
- **Aides FSOV :** 301 889,67 € (70%)

- **MOTS CLEFS :** blé tendre / prédiction génomique / protéine / rendement / date d'épiaison / valeur d'un croisement

● RÉSUMÉ DU PROGRAMME

L'objectif de ce projet est d'estimer notre capacité de prédiction génomique de la valeur d'un croisement grâce à des données expérimentales issues de programmes de sélection.

Depuis environ 10 000 ans, les hommes ont sélectionné plus ou moins consciemment les meilleurs animaux et plantes qui contribueraient à la génération suivante. La première question est de bien définir ce qui caractérise le « meilleur ». Cette notion varie suivant l'espèce, l'époque, le pays, l'environnement et les besoins / demandes des utilisateurs directs ou du marché et n'est pas le cœur de ce projet. Chez les céréales, le caractère d'intérêt principal a longtemps été le rendement. Quel que soit le(s) caractère(s) cible, en général, pour assurer un haut niveau dans la descendance et un gain génétique rapide, les sélectionneurs croisent les meilleurs individus qu'ils ont à disposition sur ce critère. Le principal risque est que ces individus possèdent des combinaisons alléliques similaires et que le matériel à disposition perde à moyen terme de nombreux allèles favorables, limitant son potentiel génétique sur le long terme. Pendant longtemps, les choix de croisements ont été basés sur des observations phénotypiques. Grâce aux prédictions génomiques, nous espérons pouvoir prédire la valeur des croisements, c'est-à-dire la distribution attendue dans la descendance, et surtout la valeur du meilleur individu potentiel. Il s'agit donc d'estimer la moyenne et la variance de la descendance. La moyenne de la descendance correspond à la moyenne des valeurs génétiques des parents. Par contre la variance est plus difficile à estimer. Elle dépend de la phase des allèles aux QTLs chez les parents, de la complémentarité allélique chez les parents, et du taux de recombinaison entre QTLs. Grâce au vecteur de recombinaison estimé sur l'ensemble du génome, la valeur d'un croisement peut

s'estimer soit par simulation de descendance soit par des formules analytiques. Alors que nous ne pouvons pas tester au champ tous les croisements possibles, nous pouvons estimer in-silico dans des délais raisonnables les valeurs de nombreux croisements pour nous aider à choisir des individus ayant des allèles favorables complémentaires. Nous proposons dans ce projet de tester la capacité prédictive de différents estimateurs de la valeur d'un croisement en les comparant à la distribution des performances des descendants observés au champ, ceci pour un nombre de croisements compris entre 60 et 150 au sein des programmes de sélection Florimond-Desprez et INRAE-Agri-Obtentions. Le nombre exact dépendra du nombre de descendants par croisements, que nous optimiserons par simulations. Nous évaluerons la distribution de la date d'épiaison, la hauteur, le rendement et la teneur en protéine. Nous essaierons de voir, grâce aux bases de données historiques des pedigrees des deux entreprises, si une tendance se dégage vis-à-vis des contributions parentales historiques, sur l'évolution de la diversité et des variances génétiques d'après les lignées élites proposées aux évaluations CTPS et à l'inscription.

● PERSPECTIVES DE RÉSULTATS OU DE VALORISATION

Nous publierons les résultats dans une revue à comité de lecture qui comparera l'efficacité de différents critères d'utilité pour prédire la valeur d'un croisement, sur données simulées et réelles.

Les algorithmes de prédiction de la valeur des croisements développés seront intégrés au pipeline de simulation de schémas de sélection développé dans le cadre de Breedwheat.

● COMITÉ DE PILOTAGE

- Madame Sophie BOUCHET (INRAE - UMR GDEC)
- Monsieur Laurent FALCHETTO (INRAE - UE PHACC)
- Monsieur Paul BATAILLON (INRAE - UE GCA)
- Monsieur Patrice WALCZAK (INRAE - UE FERLUS)
- Monsieur Jean-Michel ELSÉN (INRAE GenPhyse)
- Monsieur Emmanuel HEUMEZ (INRAE - UE GECIE)
- Madame Laure DUCHALAIS (Agri Obtention)
- Madame Ellen GOUDEMAM-DUGUE (Florimond Desprez Veuve et Fils)
- Monsieur Julien CONSTANT (SEMAE)