



Fsov JEUDI 8 JANVIER 2015

VALIDATION DE MARQUEURS LIÉS À DES GÈNES D'INTÉRÊT EN VUE DE L'ÉTABLISSEMENT D'UNE BASE DE DONNÉES POUR LA SÉLECTION ASSISTÉE CHEZ LE BLÉ TENDRE.

SOURDILLE Pierre
INRA GDEC

Marion RANOUX, Claire NEDELLEC, Emmanuelle CARIOU-PHAM, Robert BOSSY, Claude de VALLAVIEILLE-POPE, Marc LECONTE, Dialekti VALSAMOU, Delphine HOURCADE, Laurent GUERREIRO

PARTENAIRES : INRA (GDEC CLERMONT-FERRAND, MIG JOUY, BIOGER GRIGNON), ARVALIS INSTITUT DU VÉGÉTAL, UFS









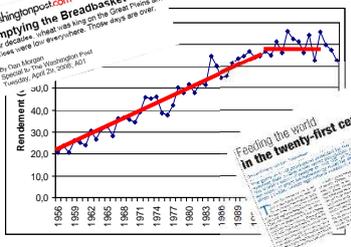
LES DÉFIS DE L'AMÉLIORATION DU BLÉ



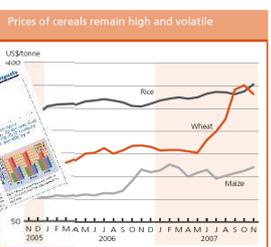
- **Un seul objectif** : fournir de façon régulière une production suffisante et de bonne qualité au travers d'un système agricole durable

washingtonpost.com
Emptying the Breadbasket
For decades, "wheat" was king on the Great Plains and prices were high everywhere. Those days are over.

By Dan Horgen
Special to The Washington Post
Tuesday, April 29, 2008, A01



Prices of cereals remain high and volatile












LES DÉFIS DE L'AMÉLIORATION DU BLÉ



○ Un contexte unique dans l'histoire de l'humanité

- Demande accrue : hausse de production de 2%/an jusqu'en 2050 (0.9% actuellement)
- Stagnation des rendements sur les 10 dernières années
- Compétition accrue entre utilisations alimentaires et non alimentaires (surfaces et production)
- Changement climatique rapide ; réduction et distribution des ressources en eau ; réduction des terres arables



POUR RELEVER CES DÉFIS...

○ Une deuxième révolution verte...

- Exploiter au mieux les ressources génétiques cultivées ou exotiques
- Améliorer les connaissances de celles-ci (phénotypiques et alléliques)
- Améliorer les schémas de sélection (durée, précision)

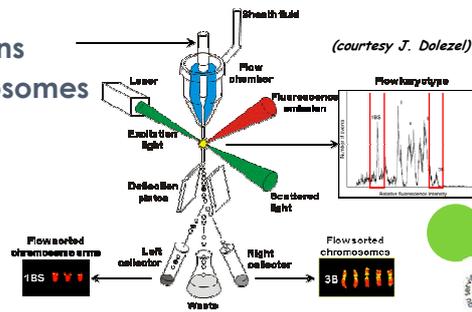
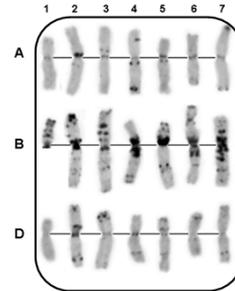
Utiliser les outils de génomique
=
Sélection Assistée par Marqueurs





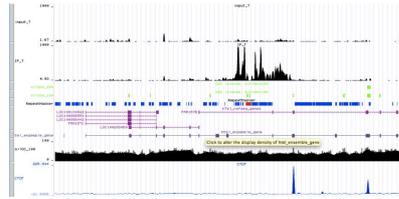
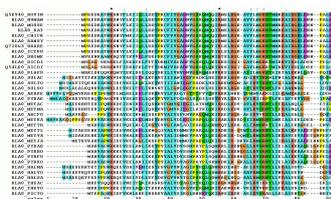
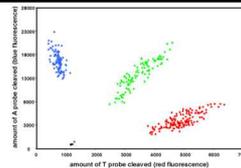
GÉNOMIQUE DU BLÉ

- Un génome complexe...
 - Polyploïde ($2n = 6x = 42$)
 - 17 Gb = 5 fois le génome humain
 - 85% de séquences répétées
- Mais des avantages
 - Aneuploïdes
 - Tolérance des mutations
 - Tri des bras de chromosomes



GÉNOMIQUE DU BLÉ

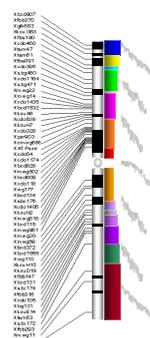
- Depuis 10 ans, développement des outils moléculaires chez le blé tendre :
 - 100aines K marqueurs moléculaires (cartes génétiques)
 - EST (>1.1M, puces d'expression) + RNASeq
 - Banques de grands fragments
 - Cartes physiques (par chromosome)
 - Validation fonctionnelle
 - Séquences (WGS, 3B, IWGSC)





GÉNOMIQUE DU BLÉ

- Capacité d'identifier des gènes impliqués dans des caractères d'intérêt agronomique :
 - Liaison avec des marqueurs (QTL, association)
 - Identification de gènes candidats (expression, bio-analyse)
 - Clonage positionnel
 - Analyse de la variabilité



PROBLÉMATIQUE

- Cette information est :
 - Dispersée dans la bibliographie et sur les sites internet (>3000 articles en 10 ans)
 - Incomplète et non validée
 - Pas adaptée au haut débit
 - Pas adaptée aux variétés élités actuelles
- Il faut donc rassembler, structurer et valider toute cette information = **base de données**





OBJECTIFS DU PROJET

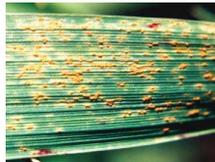
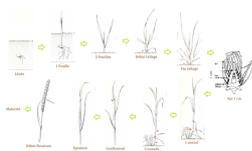
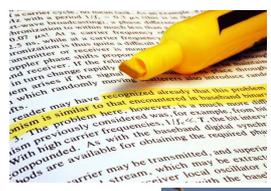


- Développement et incrémentation de la base de données
- Validation des protocoles moléculaires
- Validation sur collections
- Étude d'association



DÉVELOPPEMENT ET INCRÉMENTATION DE LA BASE DE DONNÉES

- Recherches automatisée des informations (INRA>250 revues)
- Quatre thématiques
 - stress biotiques
 - stress abiotiques
 - développement
 - qualité boulangère



FSOV 2010 H



DÉVELOPPEMENT ET INCRÉMENTATION DE LA BASE DE DONNÉES

- Développement de corpus
 - Entités simples « figées » : gènes, marqueurs, variétés
 - Entités complexes « non-figées » : caractères : problèmes d'ambiguïté et de diversité des termes = WheatPhenotype
- Développement d'un panel d'entraînement
 - Annotation manuelle d'articles
 - Relations entre entités
- Développement d'un moteur de recherche



DÉVELOPPEMENT ET INCRÉMENTATION DE LA BASE DE DONNÉES

○ Résultats sur les entités figées

	Comparaison exacte			Recouvrement partiel		
	Rappel	Précision	F1	Rappel	Précision	F1
Gène	0,61	0,49	0,54	0,73	0,61	0,66
Marqueur	0,58	0,65	0,61	0,59	0,66	0,62
Type	0,54	0,62	0,58	0,56	0,64	0,60
Taille d'allèle	0,39	0,49	0,43	0,46	0,50	0,48





DÉVELOPPEMENT ET INCRÉMENTATION DE LA BASE DE DONNÉES

○ Résultats sur les entités non-figées

	Sans désambiguïsation		Avec désambiguïsation	
Validation	# de termes	Proportion (%)	# de termes	Proportion (%)
Exemples >0	245	81	212	95
Précis	227	76	176	79
Généraux	18	5	36	16
Exemples <0	54	19	11	5
Erreur AL	5	1,7	4	2
Erreur M	16	5,4	7	3
Erreur P	33	11	0	0



VALIDATION DES PROTOCOLES MOLÉCULAIRES

- Rechercher des marqueurs automatisables (SSR, SNP, STS)
- Rechercher des lignées de référence (+/-)
- Validation protocoles :
 - Vérifier que toutes les étapes sont OK
 - Rechercher si validation par ailleurs
- Adaptation au haut débit :
 - Rechercher d'autres marqueurs voisins si besoin





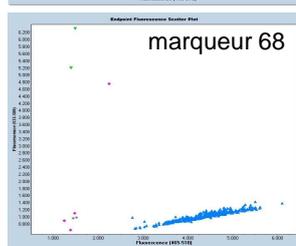
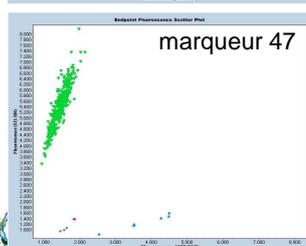
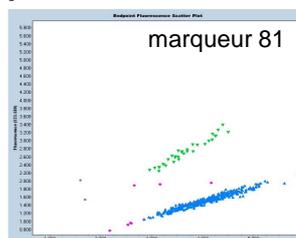
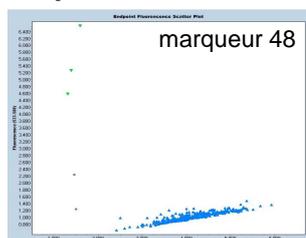
VALIDATION DES PROTOCOLES MOLÉCULAIRES : EXEMPLE DE *VRNA1*

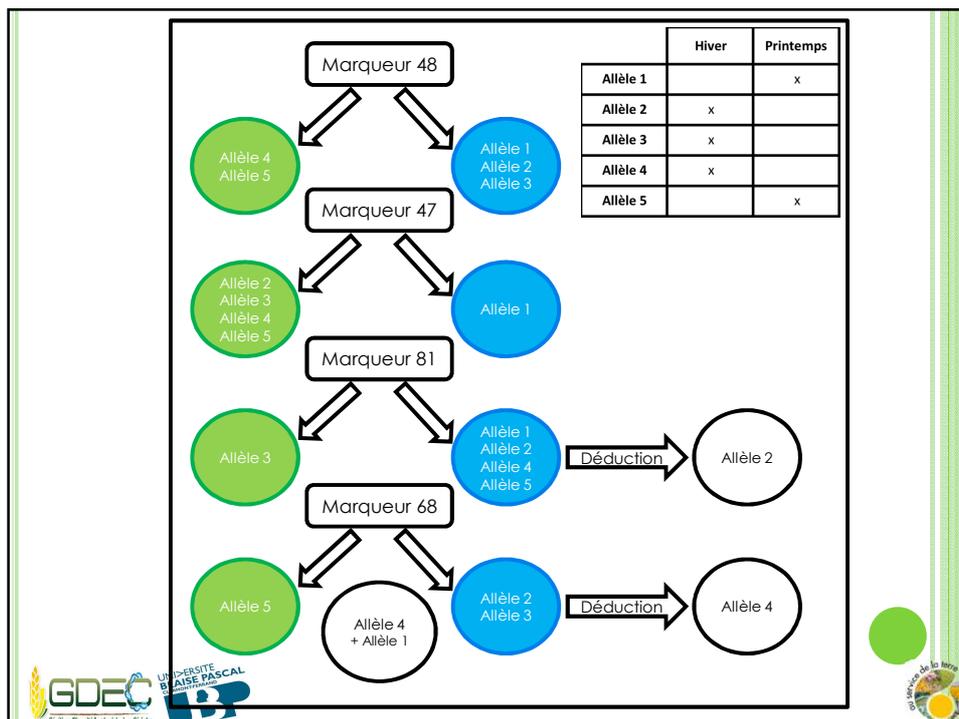
- Contrôle de la vernalisation chez le blé
- 10 allèles : 5 hiver et 5 printemps
 - 5 dans promoteur (3+2)
 - 3 dans intron 1 (1+2)
 - 2 dans exon 7 (1+1)
- 7 marqueurs SNP pour différencier tous les allèles



VALIDATION DES PROTOCOLES MOLÉCULAIRES : EXEMPLE DE *VRNA1*

- Exemple des 5 allèles du promoteur





VALIDATION DES PROTOCOLES MOLÉCULAIRES : BILAN

Thématiques	# de gènes	# de gènes avec un marqueur lié	# marqueurs testés sur panel référence	# de marqueurs testés sur panel élite
Qualité boulangère	16	10	31	20
Stress biotiques	91	63	158	115
Stress abiotiques	6	3	9	2
Développement	13	13	100	47
Total	126	101	298	184 (75 gènes marqueurs HD)



ÉTUDE D'ASSOCIATION

- Évaluation de collections de 30 variétés au champ
 - Focalisation sur résistances
 - Septoriose
 - Fusariose
 - Oïdium
 - Rouille brune
 - Rouille jaune
 - Mosaïque
- Évaluation rouille jaune en conditions contrôlées
- Génétique d'association entre données de génotypage et de phénotypes

ARVALIS
Institut du végétal

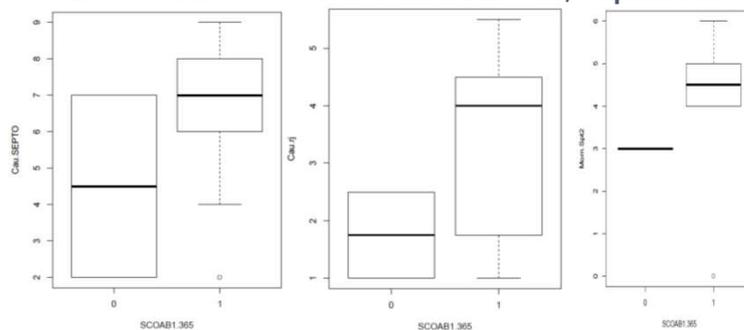


BIOGER
L'ÉVALUATION



ÉTUDE D'ASSOCIATION : QUELQUES RÉSULTATS

- Rouille brune : *Lr24*, marqueur SCOAB
 - Aucune variété avec l'allèle 0 (Rés) phénotypée pour rouille brune
 - Effet relatif sur les autres maladies RJ, Septoriose



ARVALIS
Institut du végétal



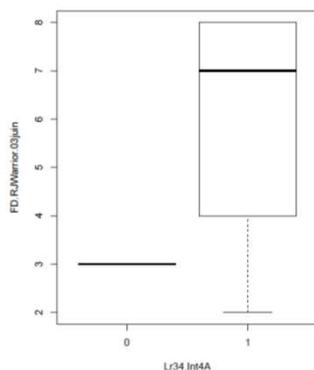
BIOGER
L'ÉVALUATION





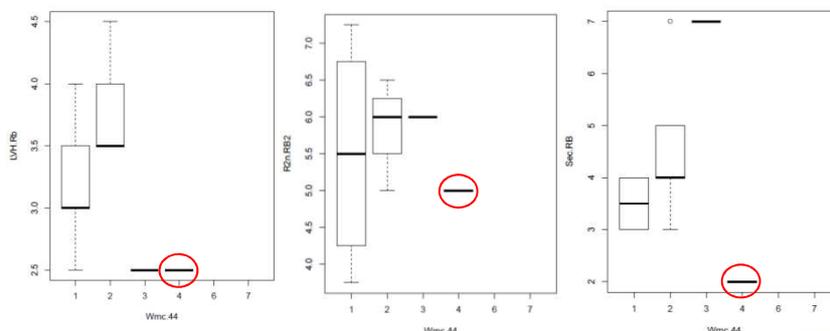
ÉTUDE D'ASSOCIATION : QUELQUES RÉSULTATS

- Rouille brune : *Lr34*, marqueur Int4A ; allèle 0 (Rés)
 - Effet sur RJ ! Co-localisation avec *Yr18*



ÉTUDE D'ASSOCIATION : QUELQUES RÉSULTATS

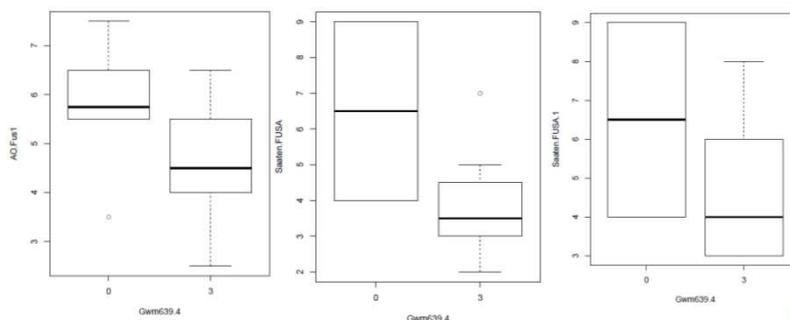
- Rouille brune : *Lr46*, marqueur WMC44 ; allèle 4 (Rés)
 - Toisonдор et Arkeos portent l'allèle





ÉTUDE D'ASSOCIATION : QUELQUES RÉSULTATS

- Fusariose: *FHB3*, marqueur *GWM639* ; allèle 3 (Rés)
 - 10 variétés portent l'allèle : Altigo, Apache, Barok, Haussman, JB Diego, Musik, Pakito, Paledor, Sokal, Solehio



ARVALIS
Institut du végétal

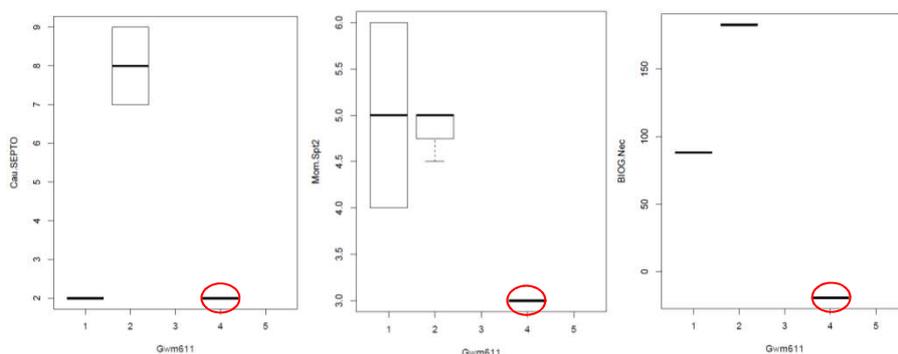


BIOGER



ÉTUDE D'ASSOCIATION : QUELQUES RÉSULTATS

- Septoriose: *STB8*, marqueur *GWM611* ; allèle 4 (Rés)
 - Maxwell porte l'allèle 4



ARVALIS
Institut du végétal



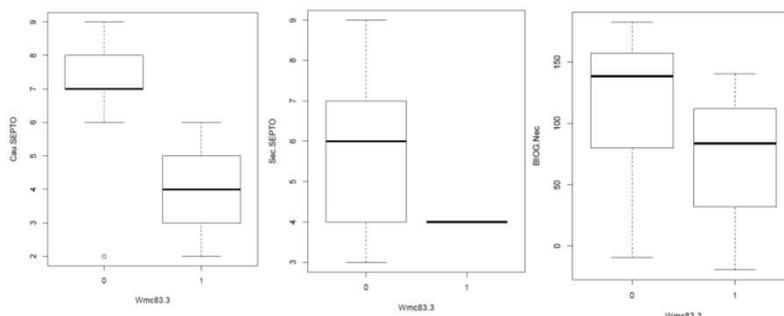
BIOGER





ÉTUDE D'ASSOCIATION : QUELQUES RÉSULTATS

- Septoriose: *STB3*, marqueur WMC83 ; allèle 1 (Rés)
 - 7 variétés portent l'allèle 1 : Allez-y, Ambition, Boregar, Koreli, Maxwell, Renan, Tulip



ARVALIS
Institut du végétal

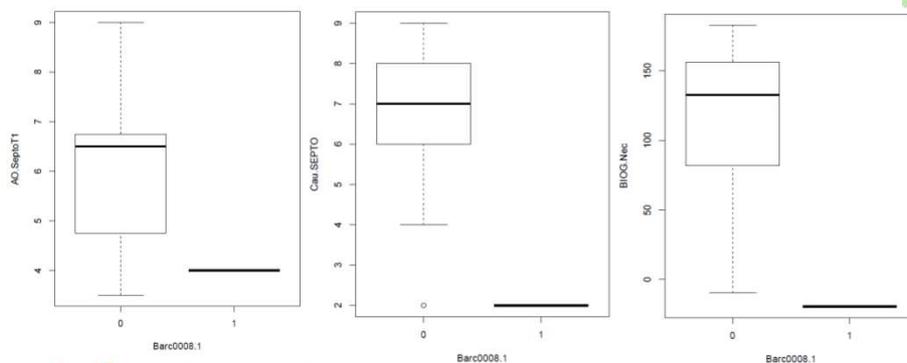


BIOGE R
L'ÉVALUATION



ÉTUDE D'ASSOCIATION : QUELQUES RÉSULTATS

- Septoriose: *STB2*, marqueur BARC8 ; allèle 1 (Rés)
 - 3 variétés portent l'allèle 1 : Camp-Rémy, Maxwell, Sokal
 - Regarder allèle à 283 bp au stade adulte



ARVALIS
Institut du végétal



BIOGE R
L'ÉVALUATION



FSOV 2010 H



ÉTUDE D'ASSOCIATION : QUELQUES RÉSULTATS

- Rouille jaune: Yr32, marqueur WMC170 ; allèle à 208 bp (Rés)
 - Sur 19 variétés évaluées comme Yr32+, 18 sont 208+

		Yr32
Variété	Knowledge C.Pope	Wmc 170
ALKAN	Yr32	208
ALZEO	Yr32	208
ARKEOS	Yr32	242
ATLASS	Yr32	208
Barok	Yr32	208
BOREGAR	Yr32	208
CARRE	Yr32	208
EPIDOC	Yr32	208
EUCLIDE	Yr32 ?	208
GARCIA	Yr32	208
OAKLEY	Yr32	208
ORATORIO	Yr32	208
PERFECTOR	Yr32	208
PERRIOT	Yr32	208
ROBIGUS	Yr32	208
SCOR	Yr32	208
TOISONDOR	Yr32	208
TRAPEZ	Yr32	208
TULIP	Yr32	208

ARVALIS
Institut du végétal



BIOGE R



CONCLUSIONS - PERSPECTIVES

- Extraction automatisée
 - Outils ~OK
 - Besoin d'articles expertisés pour entraînement
 - Mise à jour régulière de la base de données d'articles
- Validation des marqueurs
 - Besoin de lignées de référence
- Analyse de liaison
 - Besoin de données phénotypiques
- Incrémentation de la base
 - Exploitation des données BW et autres

GDEC
Génétique des maladies et des résistances

ARVALIS
Institut du végétal



M I G
Mathématiques, Informatique & Génome

Mathématiques
Informatique
& Génome

BIOGE R

UNIVERSITÉ
BLAISE PASCAL
Clermont-Ferrand
BP
Génétique des maladies et des résistances



REMERCIEMENTS



- GDEC : M Ranoux, L Georges (GENTYANE)
- MIG : C Nédellec, R Bossy, D Valsamou, W Golik
- Arvalis : D Hourcade, E Cariou-Pham (L Guerreiro)
- UFS : Tous les partenaires pour les essais et les analyses d'articles !
- BIOGER : C de Vallavieille-Pope, M Leconte



MERCI DE VOTRE ATTENTION !



- <http://genome.jouy.inra.fr/~rbossy/cgi-bin/FSOV/SAM.cgi>

genome.jouy.inra.fr/~rbossy/cgi-bin/FSOV/SAM.cgi

ministère Les plus visités Débuter avec Firefox

  **FSOV SAM Marker Annotations**

Welcome to the FSOV SAM annotations database. Here you can search for knowledge gathered by the FSOV SAM Blé project about wheat phenotypes and genetic markers. Start the search by selecting an entity as a starting point.

Select Entity

Gene Marker Allele AlleleSize

Trait Phenotype Type Variety

Copyright © INRA 2014









FSOV 2010 H