

Accélération des programmes d'amélioration des plantes grâce à la génomique

19 janvier 2022

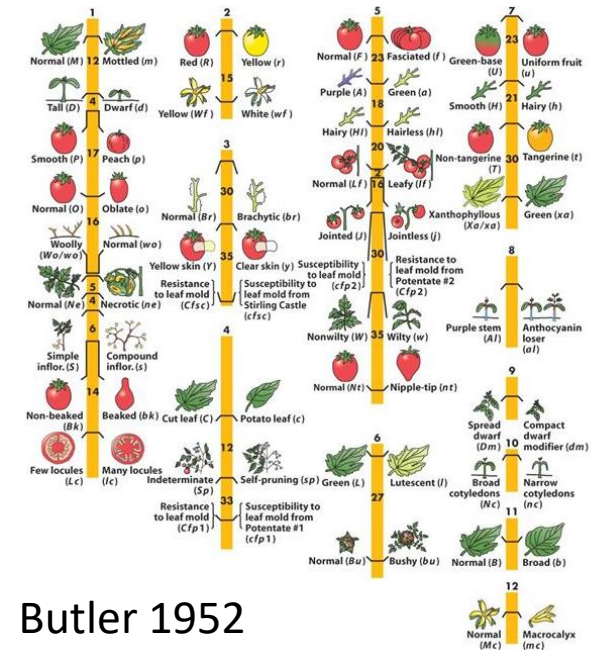
Séance co-organisée par les sections

1 (productions végétales) et 2 (forêts et filière bois)

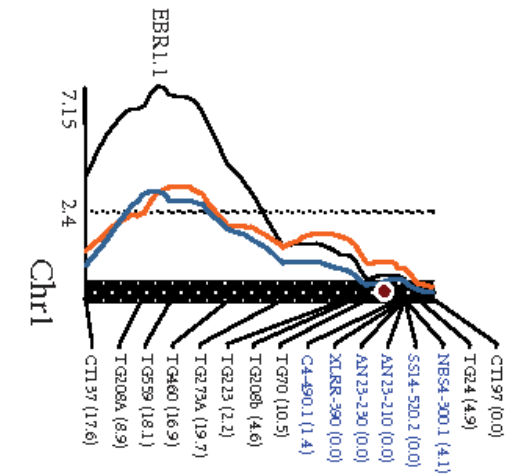
Mathilde Causse & Catherine Bastien

Les premiers marqueurs moléculaires

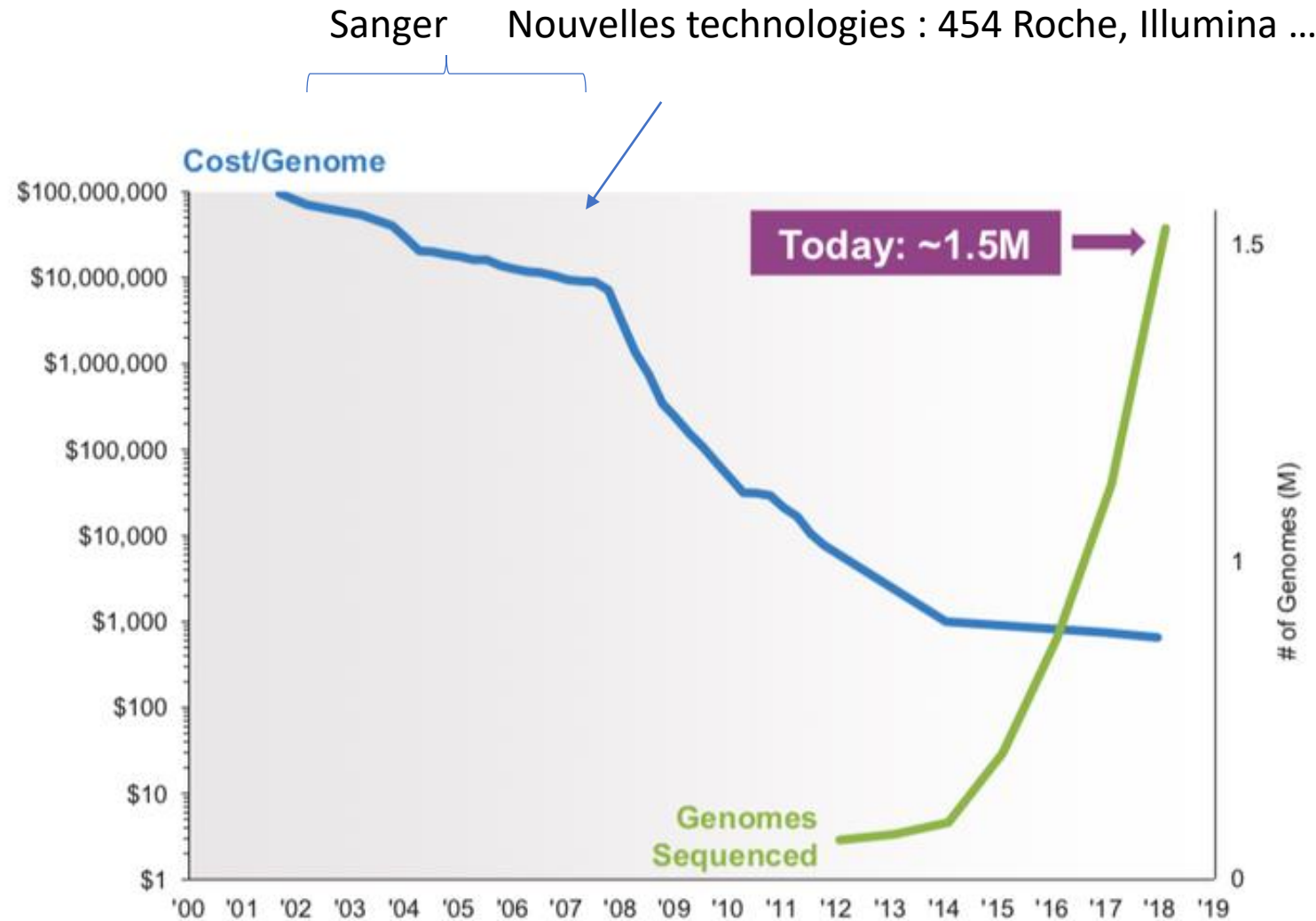
- Principe de la cartographie des gènes & QTL ancien
➔ besoin de marqueurs
- Premiers marqueurs de l'ADN fin 80's
 - 1977 invention du séquençage de l'ADN (Sanger)
 - 1978 découverte des enzymes de restriction ➔ marqueurs RFLP
 - 1983 Kary Mullis invente la PCR (amplification ciblée de l'ADN)
➔ nouveaux marqueurs
➔ premières cartes saturées des génomes
➔ premiers QTL



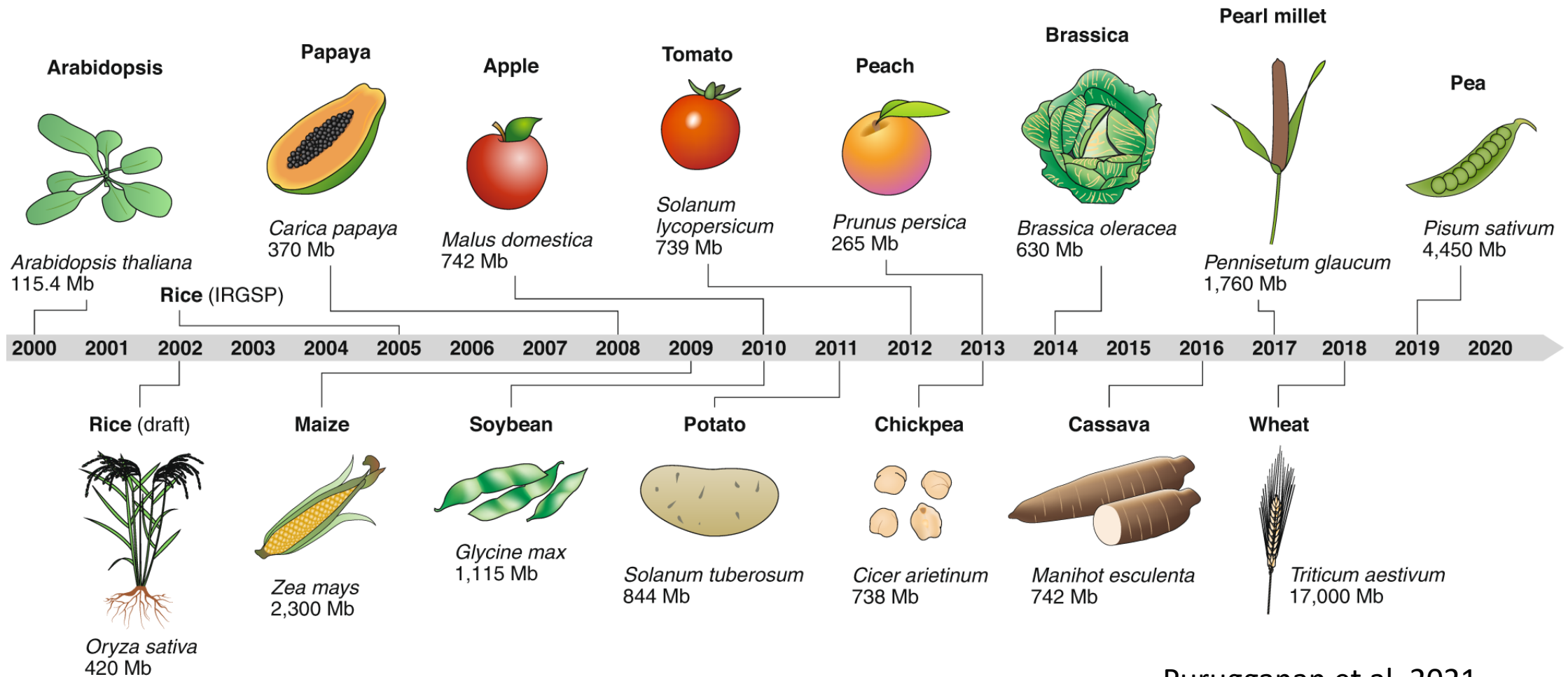
Butler 1952



Evolution technique du séquençage

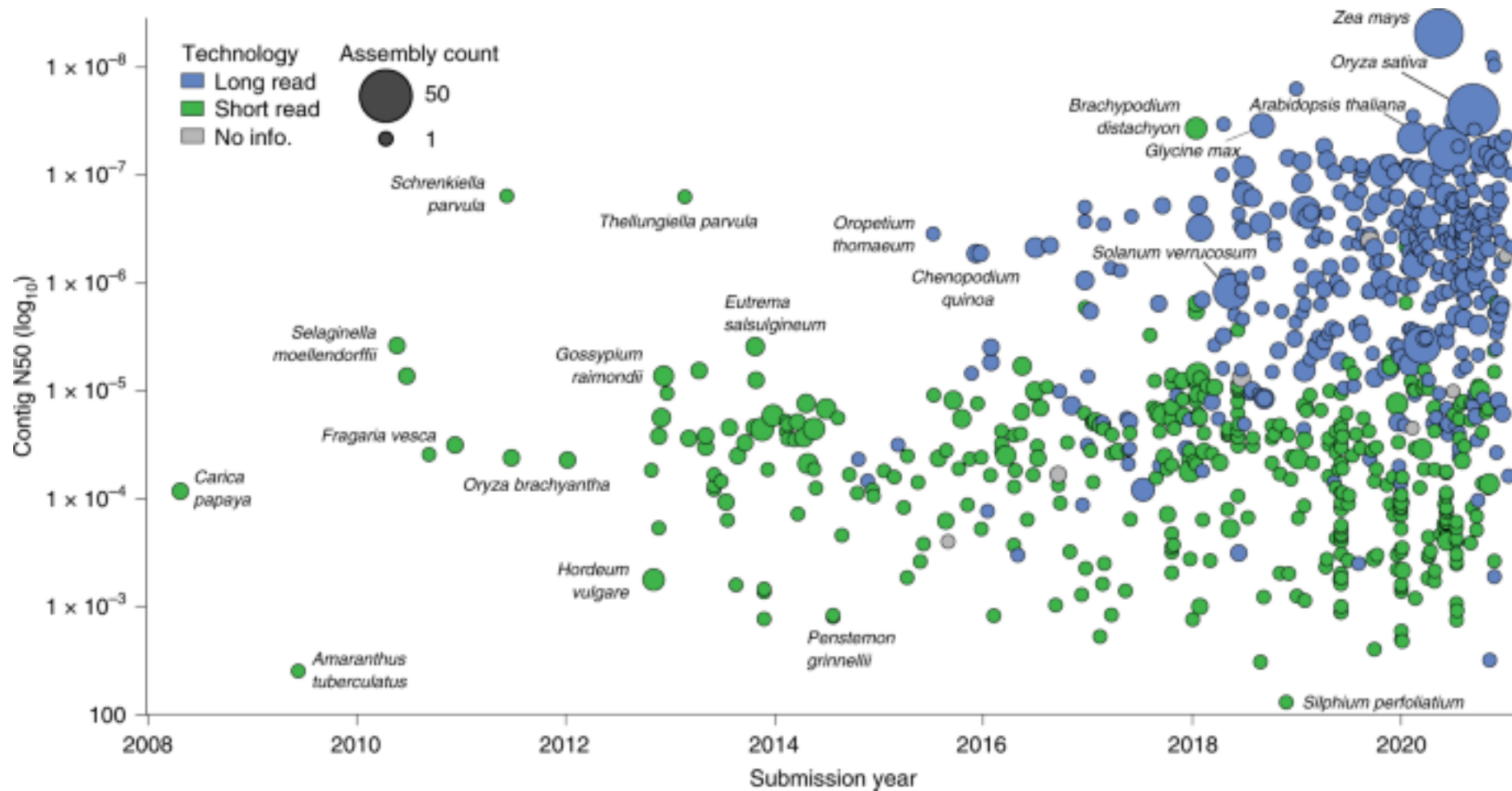


Les génomes végétaux séquencés



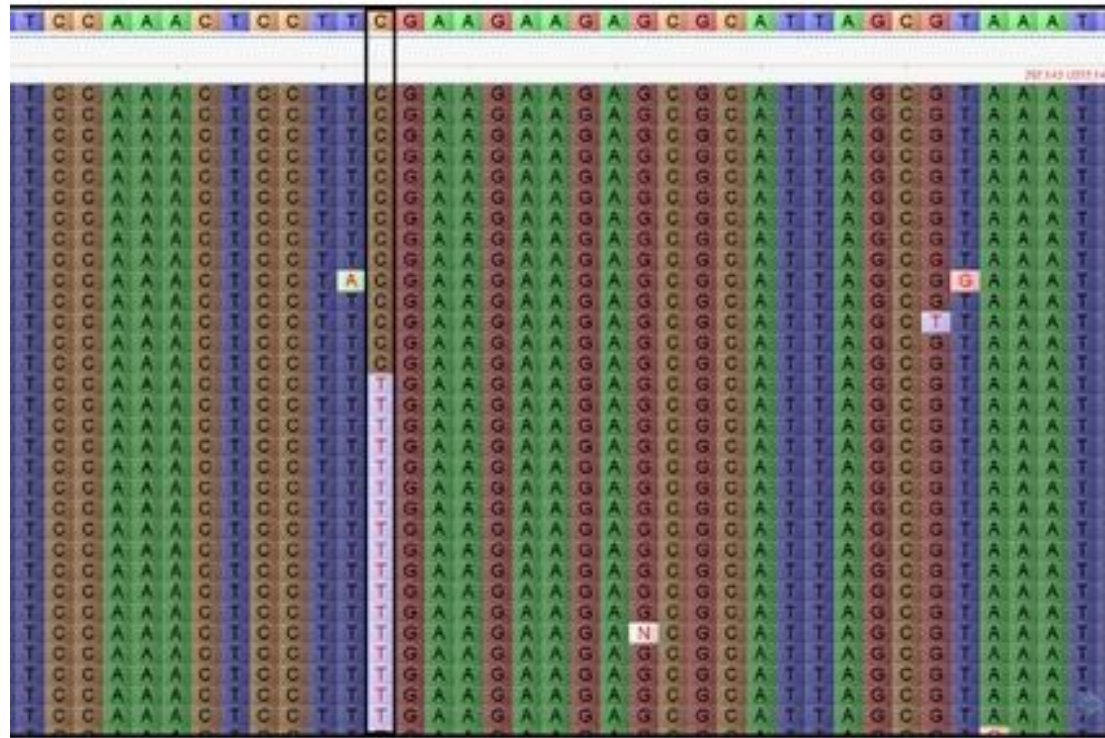
Purugganan et al, 2021

Les génomes végétaux séquencés



Marks et al; Nature Plants 2021

Le reséquençage pour la découverte de SNP



↑
SNP

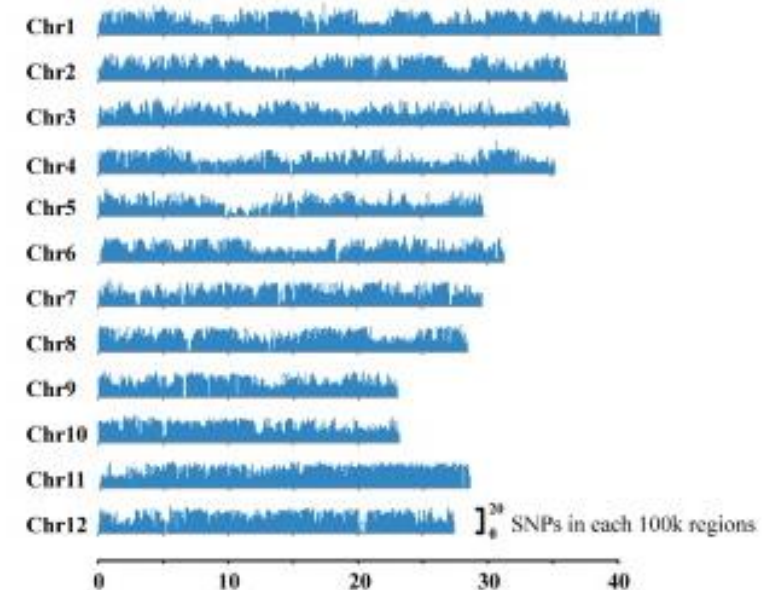
Densité de SNP variable suivant espèces et échantillons

Exemple tomate :

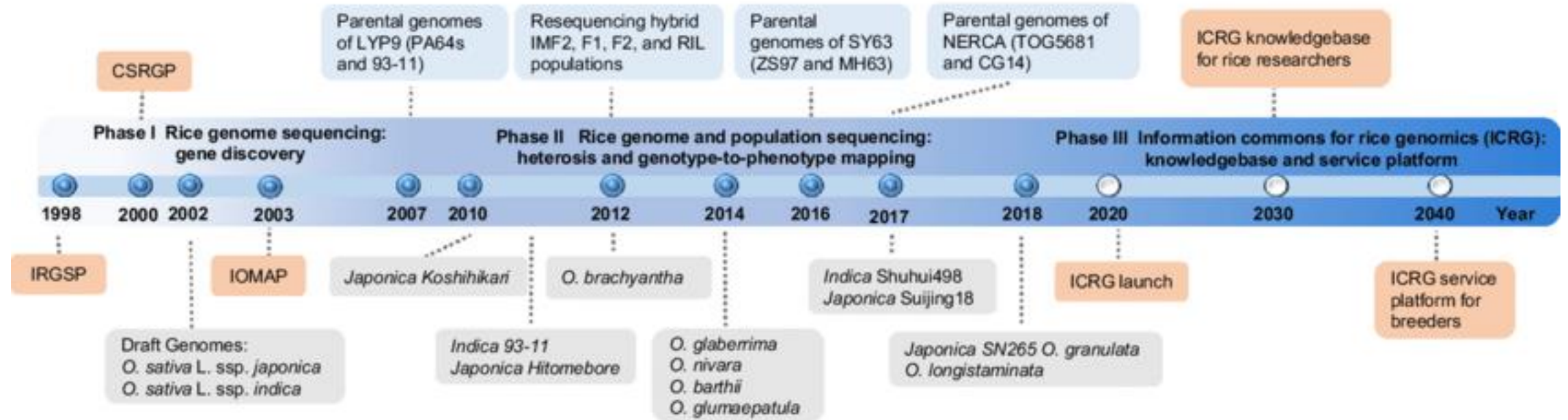
reséquençage 8 accessions : 4 M SNP

Puces de marqueurs :

quelques milliers à 500.000 SNP



A Timeline of rice genome sequencing



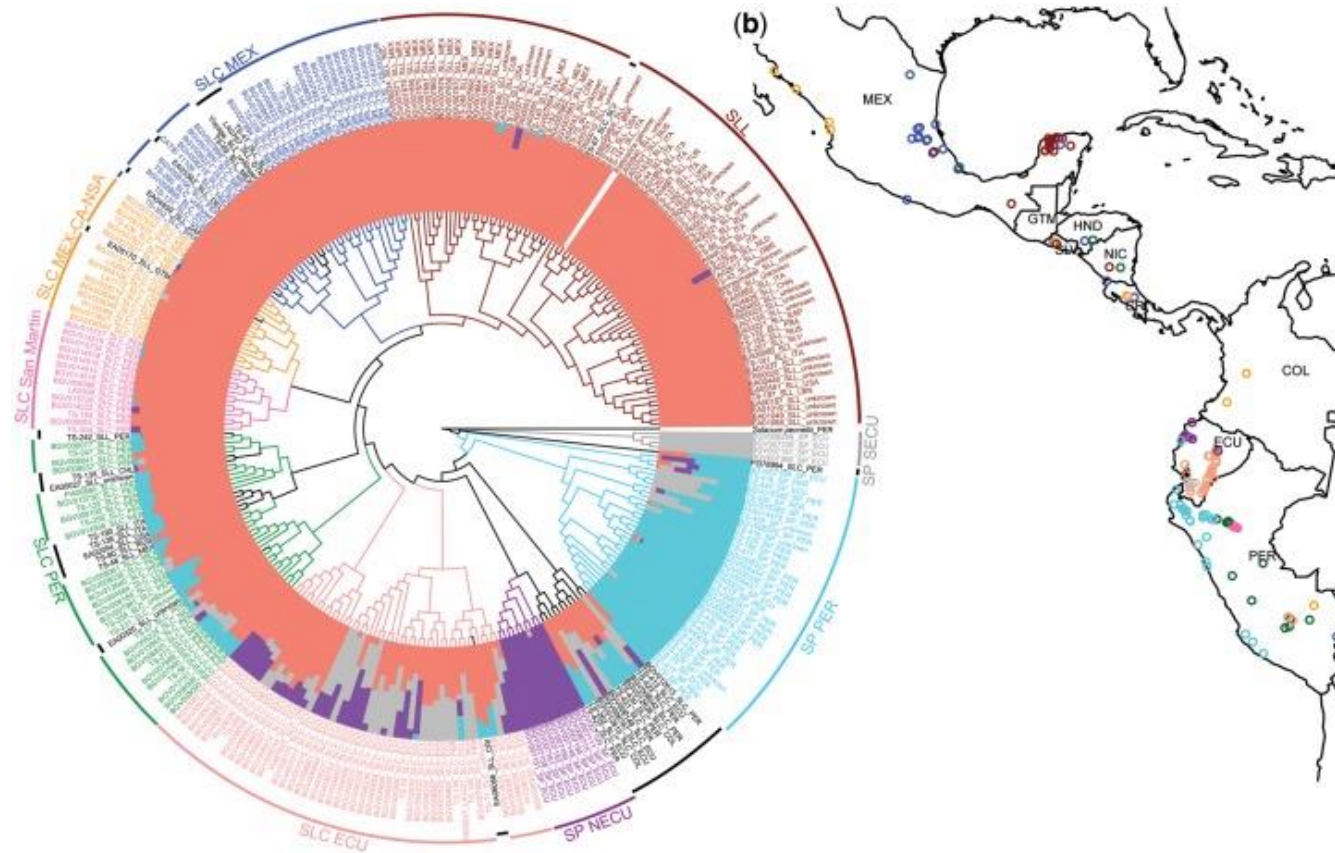
B Geographical distribution of sequenced rice genomes



<i>O. sativa</i>	6340
<i>O. rufipogon</i>	505
<i>O. glaberrima</i>	94
<i>O. meridionalis</i>	30
<i>O. longistaminata</i>	23
<i>O. barthii</i>	22
<i>O. glumaepatula</i>	21
<i>O. brachyantha</i>	16
<i>O. australiensis</i>	8
<i>O. nivara</i>	5
<i>O. longiglumis</i>	5
<i>O. meyeriana</i>	5
<i>O. officinalis</i>	1

+7000 accessions

Application : structure de la diversité



Rafizard et al. 2000

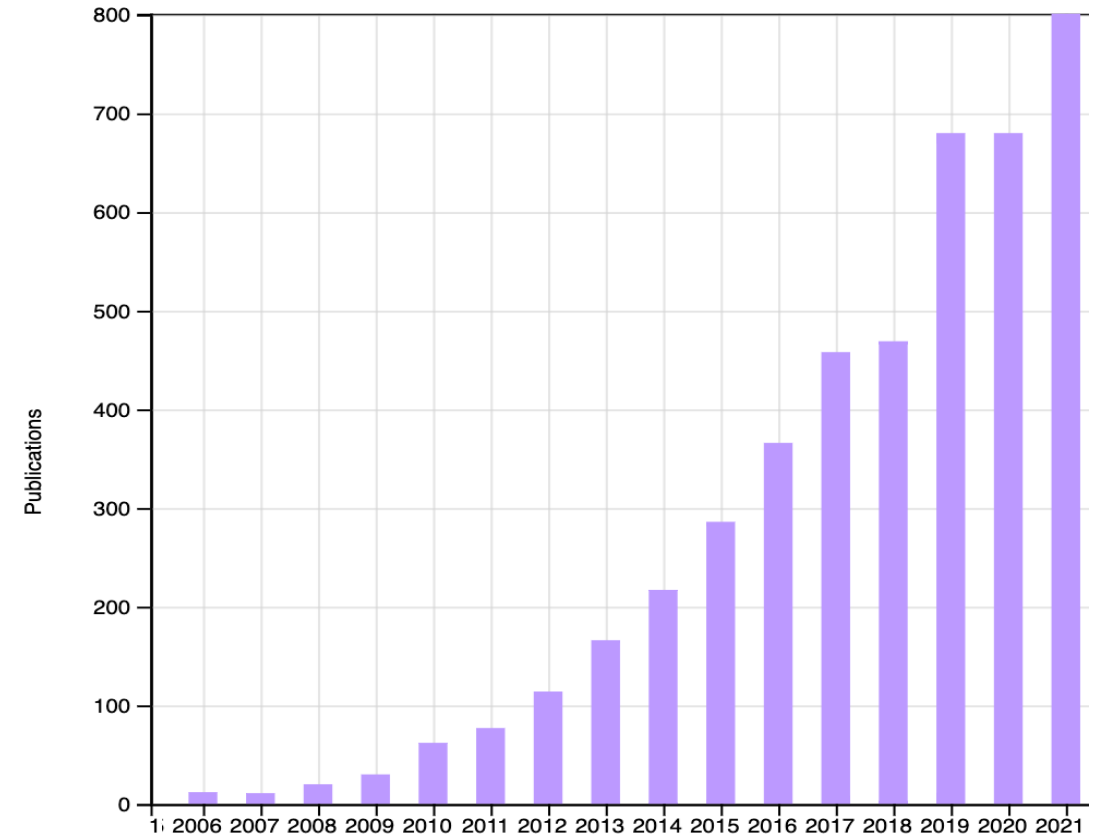
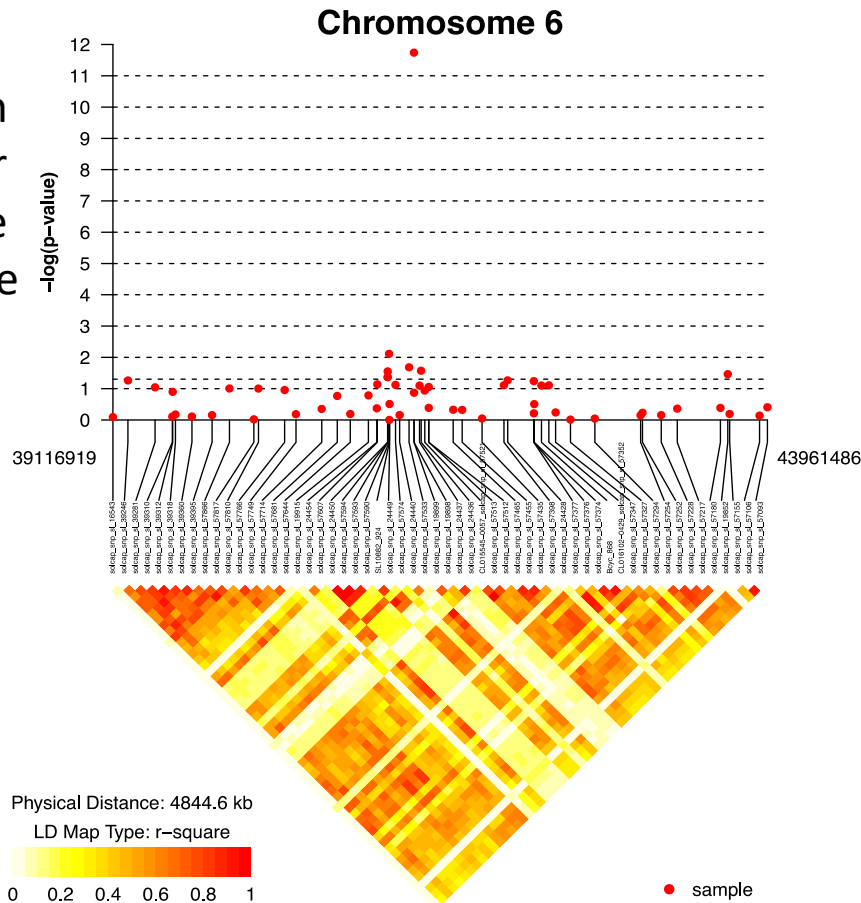
Exemple : domestication de la tomate (à partir de 700 génomes reséquencés)

Applications : comparaison des génomes entre espèces (exposé J Salse)

construction de pangénomes : séance AAF le 13 avril

Application : Genome Wide Association Study

Association
Pour la teneur
en acide malique
chez la tomate



Web of Science : GWAS & plant

Sauvage et al, 2014

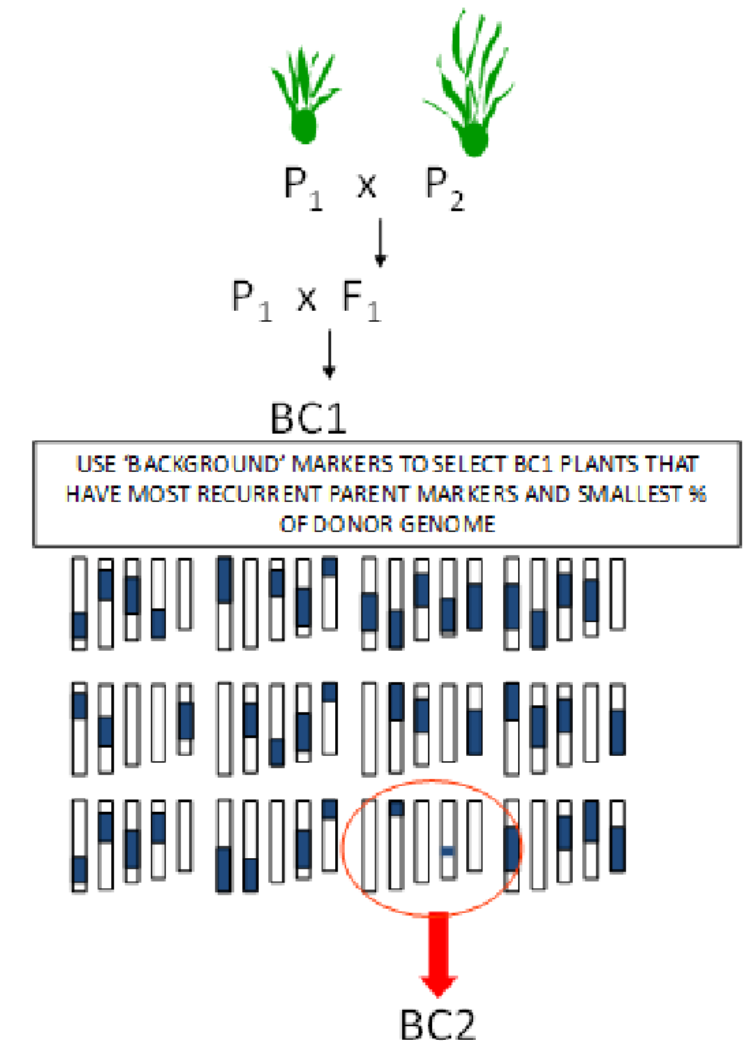
Application : Sélection Assistée par Marqueurs

Si un gène majeur, application directe
Backcross assisté par marqueurs

Si plusieurs QTL → Plus complexe

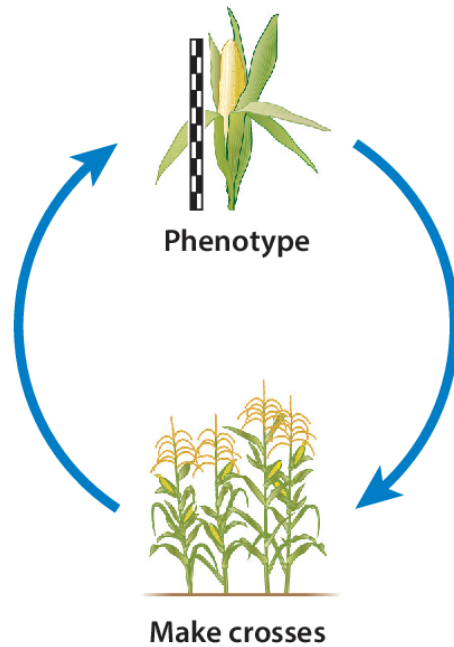
- localisation imprécise
- Effet du fond génétique
- Effectifs à génotyper +++

MARKER-ASSISTED BACKCROSSING

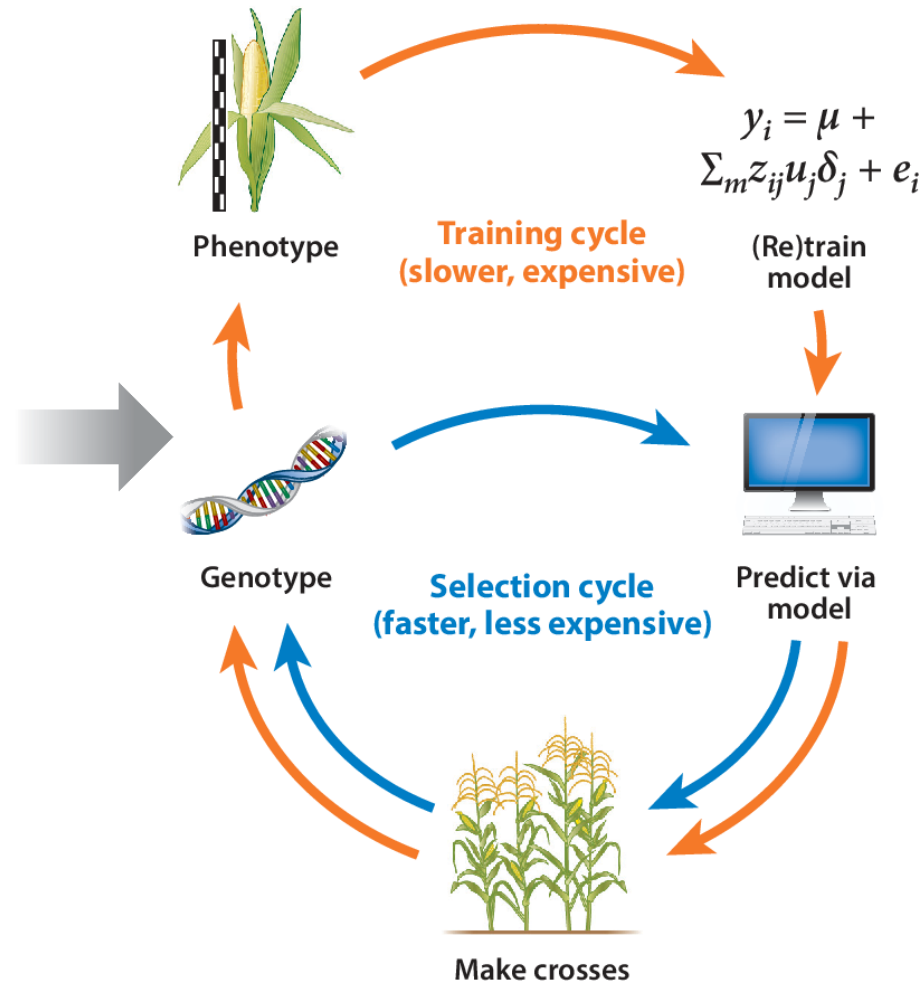


La sélection génomique

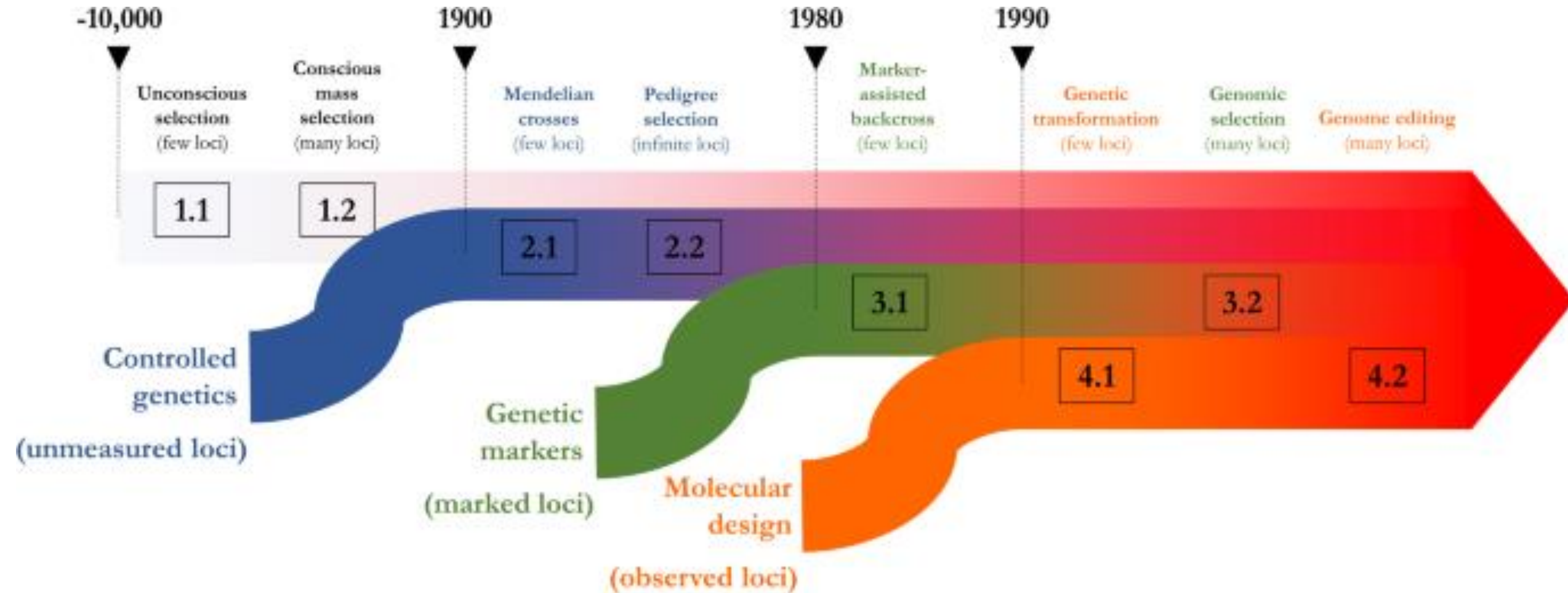
a Traditional selection



b Genomic selection



Evolution de la sélection



Ramstein et al, 2019

Programme

La sélection génomique chez le maïs

Laurence MOREAU, UMR GQE Le Moulon

Les progrès en sélection génomique chez les arbres forestiers

Leopoldo SANCHEZ-RODRIGUEZ, , UR BioForA Orléans

La génomique translationnelle pour l'amélioration du blé

Jérôme SALSE , UMR GDEC Clermont

Conclusion

Catherine Bastien