

Sujet de stage

Prédictions génomique et phéno-mique inter-population chez la vigne

Dates : mars 2020 – août 2020 (flexibles)

Encadrant principal : Vincent Segura CR INRA

Co-encadrants : Charlotte Brault doctorante IFV / INRA, Agnès Doligez IR INRA, Loïc Le Cunff Ingénieur IFV

Adresse : INRA Montpellier, UMR 1334 AGAP, équipe DAAV

Contact : charlotte.brault@inra.fr

Contexte et objectifs

Dans un contexte de changement climatique et pour diminuer les intrants en viticulture, l'amélioration génétique de la vigne s'est d'abord concentrée sur des aspects de résistance aux maladies telles que le mildiou et l'oïdium. Des gènes majeurs de résistance ont été trouvés et sont progressivement pyramidés pour créer de nouvelles variétés durablement résistantes.

En parallèle, la prédiction génomique a été développée pour étudier des caractères complexes (sans QTL à effet fort) tels que le rendement, la qualité, et la réponse aux stress abiotiques. La prédiction génomique multivariée (multi-caractères) consiste en l'analyse de plusieurs caractères conjointement pour prendre en compte les corrélations génétiques entre ces caractères.

Plusieurs méthodes de détection de QTL et de prédiction génomique uni et multivariées ont déjà été comparées sur données simulées et évaluées pour leur capacité de prédiction et de détection de QTL, dans une descendance issue du croisement Syrah x Grenache, composée de 191 individus. Ces méthodes ont été testées pour un ensemble de caractères d'intérêt : rendement, phénologie, vigueur, composition des baies, réponse au stress hydrique (première année de thèse de Charlotte Brault).

Un panel composé de 279 variétés représentant l'ensemble de la diversité de la vigne cultivée (Nicolas *et al.*, 2016) a été génotypé et phénotypé pour plusieurs des caractères ci-dessus (Flutre *et al.* en préparation). Le premier objectif du stage sera de tester les possibilités de prédire le phénotype des descendants de la population Syrah x Grenache en entraînant le modèle dans le panel.

Une alternative prometteuse à la prédiction génomique est la prédiction phéno-mique, qui permet de substituer le génotypage par des spectres dans le proche infra-rouge de différents organes. L'intérêt est de permettre une analyse plus rapide et moins coûteuse et de prendre en compte une partie de l'interaction GxE dans les spectres. Cette approche a déjà été testée chez le peuplier et le blé (Rincant *et al.*, 2018). Le deuxième objectif du stage sera de tester cette méthode en intra (descendance Syrah x Grenache) et en inter-population (panel de diversité vers descendance Syrah x Grenache) chez la vigne, dans des conditions optimales afin d'évaluer son potentiel par rapport à la prédiction génomique.

Déroulement du stage

- **Mars - avril** : Application en inter-population (du panel vers la descendance bi-parentale) des méthodes de prédiction génomique déjà codées et évaluées en intra-population afin de caractériser l'évolution de la capacité prédictive. Les deux populations sont génotypées avec des marqueurs SNP obtenus par GBS (avec la même enzyme *ApKI*) et phénotypées dans la même parcelle au domaine expérimental du Chapitre à Villeneuve-les-Maguelone pour le poids, la longueur, et la compacité des grappes, le poids des baies, la vigueur, le delta13C sur baies, et la concentration de la baie en acides organiques et en polyphénols, certains de ces caractères ayant été mesurés dans deux conditions hydriques différentes. La prédiction inter-population nécessitera de manipuler les données génomiques pour retrouver les marqueurs en communs nécessaires à la prédiction. Une simulation des phénotypes sera également réalisée à partir des scripts R déjà utilisés en intra-population pour mieux appréhender l'impact des différences de fréquences alléliques sur la prédiction inter-population.
- **Mai - juin** : Acquisition des spectres dans le proche infra-rouge : prélèvement de disques foliaires au champ, séchage à l'étuve, analyse spectrométrique (spectre large), et pré-traitement statistique des spectres avec des scripts R déjà disponibles.
- **Juillet - août** : Ajustement d'un modèle de prédiction phénotypique avec les mêmes méthodes que précédemment utilisées en contexte génomique en intra-population dans la population Syrah x Grenache puis en inter-population à partir du panel de diversité. Rédaction du mémoire de stage.

Profil recherché

Connaissances de base en génétique quantitative et en statistiques.

Bonne connaissance et utilisation du langage R : traitement de jeux de données, utilisation de boucles et fonctions.

Travail sur ordinateur, échantillonnage sur le terrain et collecte de spectres.

Rémunération : ~ 570 € / mois

Références

- Flutre, T., Fodor, A., Launay, A., Romieu, C., Berger, G., Bertrand, Y., Beccavin, I., Bouckenooghe, V., Roques, M., Cheynier, V., Bacilieri, R., Boursiquot, J.-M., Lacombe, T., Laucou, V., This, P., Le Cunff, L., Péros, J.-P., Doligez, A. Genetic diversity, linkage disequilibrium and power of a large grapevine (*Vitis vinifera* L) diversity panel newly designed for association studies.
- Nicolas, S.D., Péros, J.-P., Lacombe, T., Launay, A., Le Paslier, M.-C., Bérard, A., Mangin, B., Valière, S., Martins, F., Le Cunff, L., Laucou, V., Bacilieri, R., Dereeper, A., Chatelet, P., This, P., Doligez, A. (2016). Genetic diversity, linkage disequilibrium and power of a large grapevine (*Vitis vinifera* L) diversity panel newly designed for association studies. *BMC Plant Biol* 16, 74.
- Rincent, R., Charpentier, J.-P., Faivre-Rampant, P., Paux, E., Le Gouis, J., Bastien, C., and Segura, V. (2018). Phenomic Selection Is a Low-Cost and High-Throughput Method Based on Indirect Predictions: Proof of Concept on Wheat and Poplar. G3 g3.200760.2018.