



# GIS GCHP2E

Séminaire idéotypes variétaux

Intégration du contrôle génétique dans les modèles de culture: un enjeu pour la conception d'idéotypes



Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

Idéotypes

Conclusions



Un modèle (écophysiologique, de culture...) permet de simuler une variété/un cultivar dans différents scénarii cultureux et climatiques

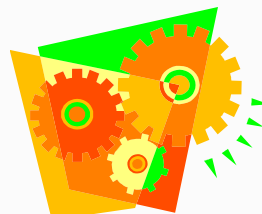
climat



contrôle génétique

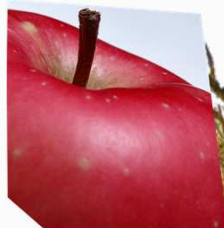


pratiques culturales



phénotypes

Il faut intégrer des informations sur le contrôle génétique pour simuler la variabilité génétique des réponses des plantes à l'environnement





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

Idéotypes

Conclusions



- Etudier les interactions Génotype x Environnement x Management
- Simuler le phénotype d'un génotype virtuel avec une combinaison d'allèles donnée dans n'importe quel scénario cultural et climatique
- Vers la sélection assistée par modèle ou 'virtual breeding'





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

Idéotypes

Conclusions



1. simulation de phénotypes contrastés
2. étude du contrôle génétique des traits/paramètres
3. intégration du contrôle génétique dans les modèles
4. conception/obtention d'idéotypes





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

Idéotypes

Conclusions



## 1. simulation de phénotypes contrastés

Les modèles permettent-ils de simuler des individus variables ?







Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

Idéotypes

Conclusions



## 6 niveaux de détail génétique dans les modèles de culture

*(d'après White and Hoogenboom, 2003)*

1. Générique: pas de considération de différences entre espèces
2. Espèce-spécifique: espèces décrites mais pas de différences entre cultivars

### 3. Paramètres cultivar-spécifiques utilisés pour décrire les différences entre cultivars

Ex: CROPGRO (Hoogenboom et al., 1992; Boote et al., 1998) \_ 15 paramètres cultivar-spécifiques au sein d'une espèce  
CERES (Godwin et al., 1989; Hoogenboom et al., 1994; Ritchie et al., 1998) - 8 paramètres, selon l'espèce de céréales

### 4. Différences entre cultivars représentées par des paramètres génotypiques (modèle linéaire)

Ex: GeneGro Version1 (White and Hoogenboom, 1996)

### 5. Différences entre cultivars décrites au travers de l'expression de gènes et des produits de gènes

Ex: partiellement représenté dans GeneGro Version 2 pour le module de phénologie (Hoogenboom & White, 2003)

### 6. Representation complète du réseau: régulateurs de gènes, protéines...

Ex: modèles d'organismes unicellulaires comme E-CELL (Tomita et al., 1999)





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

Idéotypes

Conclusions



## Paramétrer les modèles

De trop nombreux paramètres pour les estimer tous sur l'ensemble des individus

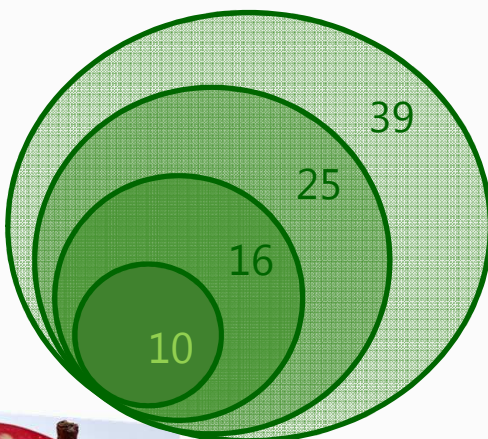
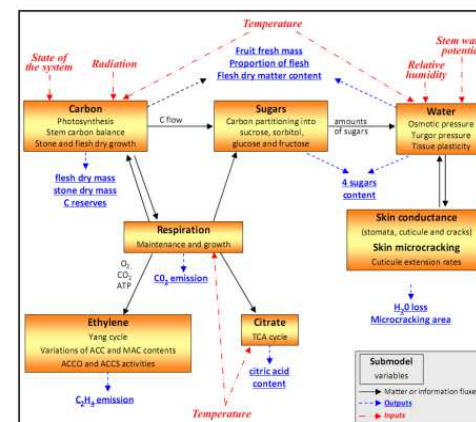
### Stratégie

- identifier les paramètres influents (ex: analyse sensibilité)
- estimables avec précision (observation, estimation, calibration)
- pour lesquels une variabilité génétique existe

#### Population interspécifique



#### Fruit Virtuel



39 paramètres

25 induisant des variations des sorties du modèle

16 mesurés sur la population

10 montrent une variabilité génétique

Quilot et al., J. Exp. Bot., 2004





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

Idéotypes

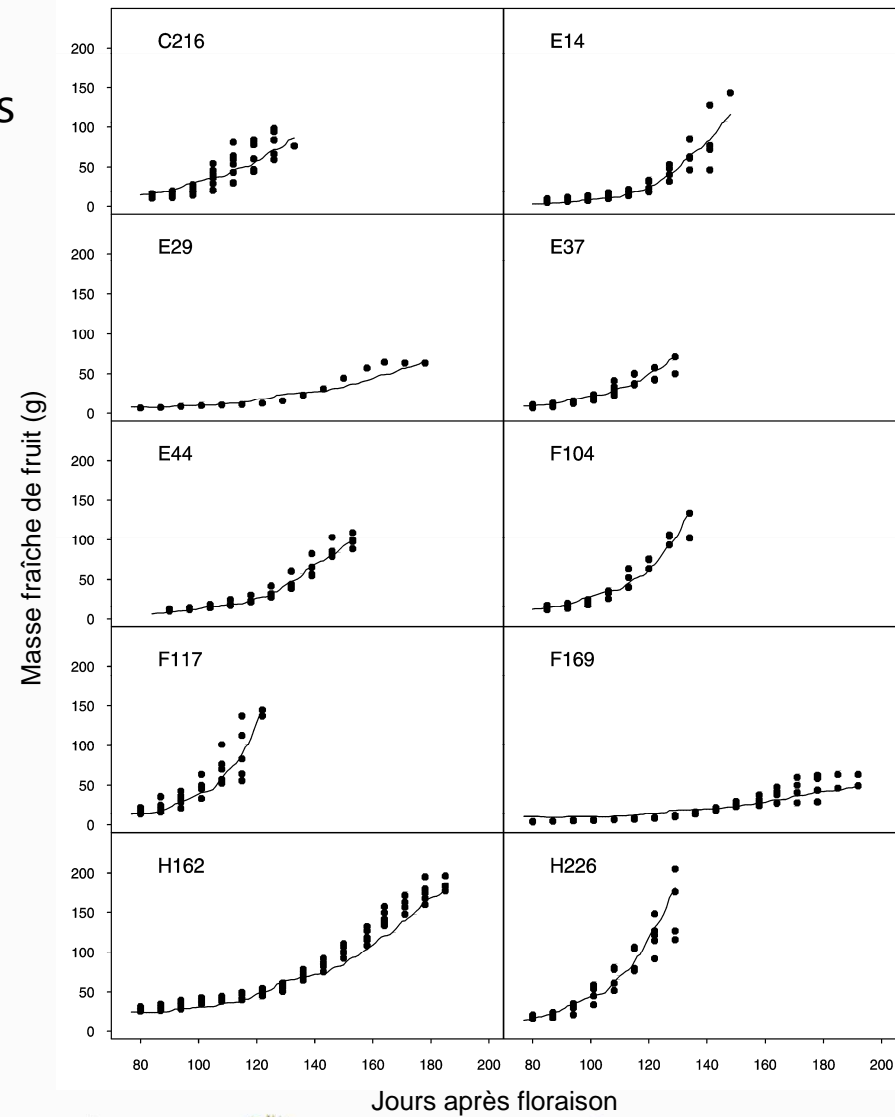
Conclusions



## Prédiction de la variabilité des traits de différents génotypes

10 génotypes d'une population  
en ségrégation

année différente de celle utilisée  
pour la paramétrisation







Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

Idéotypes

Conclusions



## 1. simulation de phénotypes contrastés

1 set de paramètres = 1 génotype

## 2. étude du contrôle génétique des traits/paramètres

- gènes, QTLs
- architecture, effets
- épistasie, pléiotropie, clusters
- Sélection

## 3. intégration du contrôle génétique dans le modèle

## 4. conception/obtention d'idéotypes





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

Idéotypes

Conclusions



A 'gene-based simulation model' : **GeneGro**

- haricot
- 7 gènes (hypothétiques)
- 39 cultivars / 14 expérimentations sur ≠ sites

Evaluation de GeneGro par comparaisons  
de données mesurées et simulées

Gene	Effet
<i>Ppd</i>	Basic photoperiod response
<i>Hr</i>	Enhance effect of PPD
<i>Fin</i>	Indeterminate vs. determinate stem
<i>Fd</i>	Early flowering and maturity
<i>Ssz-1</i>	Seed size
<i>Ssz-2</i>	Seed size
<i>Ssz-3</i>	Seed size

*White and Hoogenboom, Agron. J., 1996*

Test avec des données indépendantes, GeneGro explique

- 75% de la date de floraison
- 68% de la date de maturité
- 39% de la masse des graines
- 11% du rendement

Bonne prédiction du développement phénologique mais effet site non prédit

Information limitée à certains caractères pour certaines espèces

Trop peu de gènes/loci connus pour alimenter les modèles de simulation à base de gènes





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

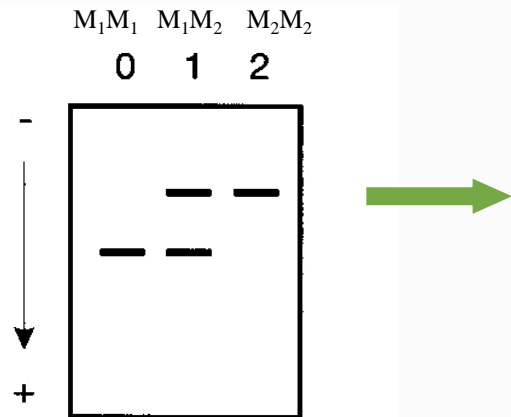
Intégration

Idéotypes

Conclusions

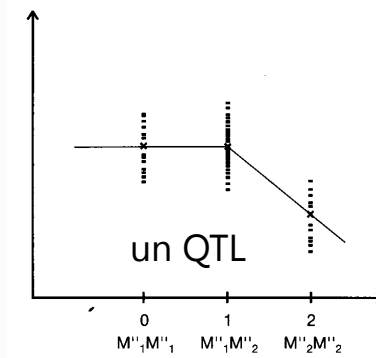
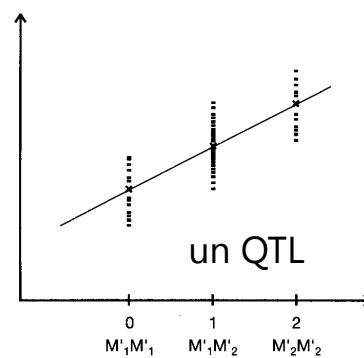
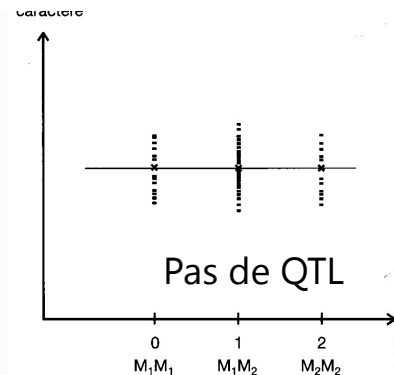


## Le principe de la détection de QTL *(d'après de Vienne 'Les marqueurs moléculaires en génétique', 1995)*



Relier le polymorphisme des marqueurs  
aux variations d'un caractère quantitatif,  
chez les descendants de parents de génotype connu

Comparaison des moyennes des génotypes



Une corrélation entre la dose d'allèles  $M_2$  et la valeur du caractère indique  
l'existence d'un QTL du caractère au voisinage du marqueur





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

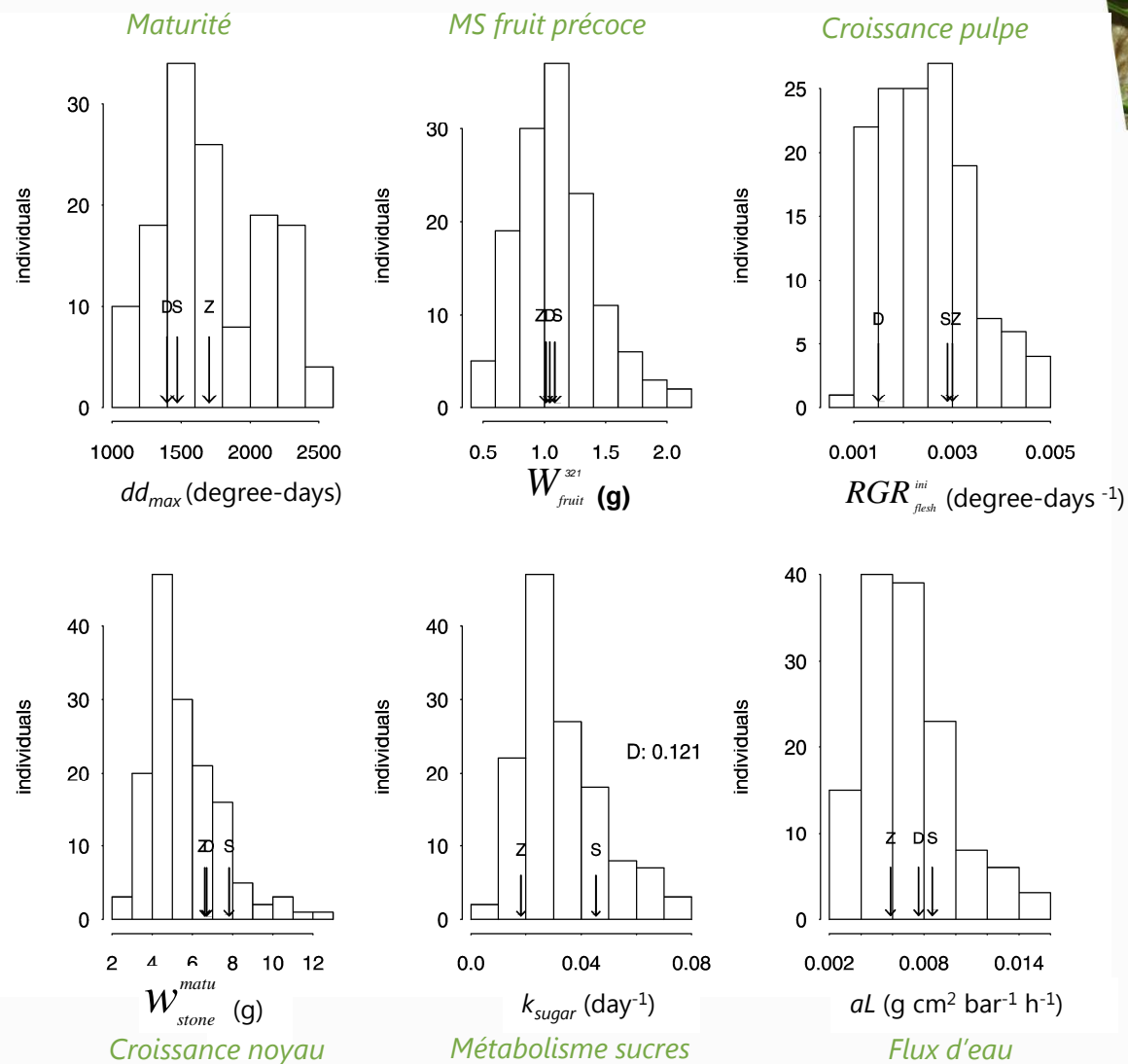
Intégration

Idéotypes

Conclusions



Distribution des valeurs de 6 paramètres génotypiques dans la population BC2



Quilot et al., J. Exp. Bot., 2004







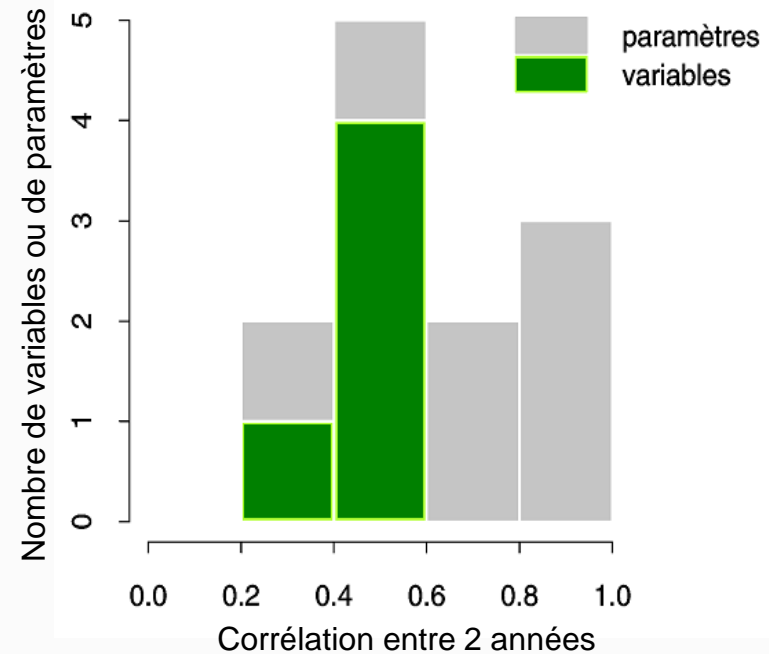
## Intérêt potentiel des paramètres génotypiques

### Dissection de caractères intégratifs en caractères plus 'simples'

- déterminisme génétique moins complexe
- explication du contrôle génétique par des co-localisations
- caractères intégratifs versus processus
- accessible aux techniques de phénotypage haut-débit

### Indépendant de l'environnement

- héritabilité plus forte
- mesurables en conditions contrôlées

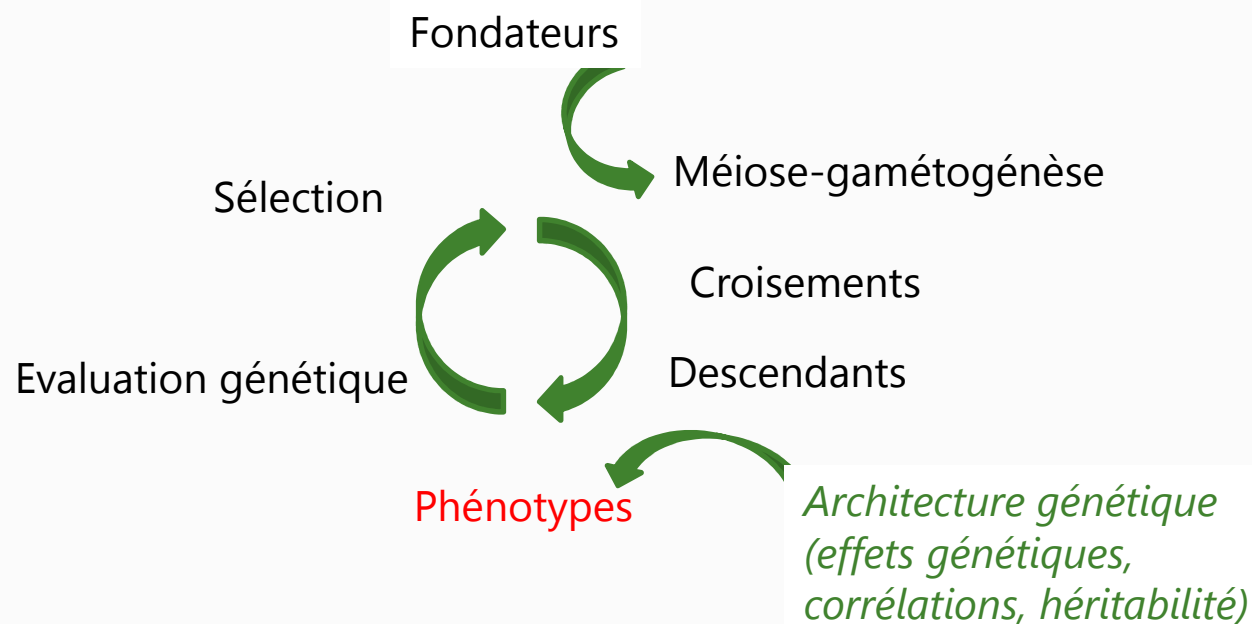




## Modèle de simulation en génétique

Définir des individus opérationnels: prêts à être sélectionnés et croisés

- construction de génomes virtuels à partir des gènes individuels  
échantillonnage aléatoire des fréquences, effets et allèles
- modélisation du devenir de chaque gène par recombinaison et ségrégation virtuelles





## Difficultés, limites et perspectives

Détection de QTL : des étapes limitantes:

- génotypage
- phénotypage
- nombre d'individus

La plupart des QTL sont identifiés dans des croisements biparentaux  
La variation génétique étudiée est prédéterminée

—> *ressources génétiques et génétique d'association*

Validation et évaluation de l'effet

- du fond génétique
- de l'environnement

sur l'action des QTL





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

Idéotypes

Conclusions



# 1. simulation de phénotypes contrastés

1 set de paramètres = 1 génotype

# 2. étude du contrôle génétique des traits/paramètres

- gènes majeurs (1 gène = 1 paramètre)
- QTLs de paramètres

# 3. intégration du contrôle génétique dans les modèles

# 4. conception/ obtention d'idéotypes









Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

Idéotypes

Conclusions



## Les premiers travaux

Référence	Espèce	Matériel génétique	Information génétique	Observations
White & Hoogenboom (1996) Hoogenboom et al (2004)	haricot	cultivars	Allelic information at given loci	Prédictions de cultivars
Yin et al (2000)	orge	RIL	QTL	Validation dans la population de RIL
Tardieu (2003) Reymond et al (2003)	maïs	RIL	QTL	Prédiction de nouvelles combinaisons d'allèles dans la population de RIL
Welch et al (2003)	A. thaliana	mutants	Gene mutation	Non transférable à d'autres espèces
Messina (2003) Messina et al (2004)	soja	NIL	Allelic information at selected loci	Prédiction dans un fond génétique indépendant
Quilot et al. (2005)	pêche	BC2	QTL	Prédiction de nouvelles combinaisons d'allèles dans la population BC2
...				

### Limites à l'utilisation dans la sélection:

- phénotypage: estimation des paramètres génotypiques des modèles
- processus: description des mécanismes physiologiques
- lien insuffisant entre les gènes et paramètres/caractères
- représentation inadéquate des effets épistatiques, pléiotropiques





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

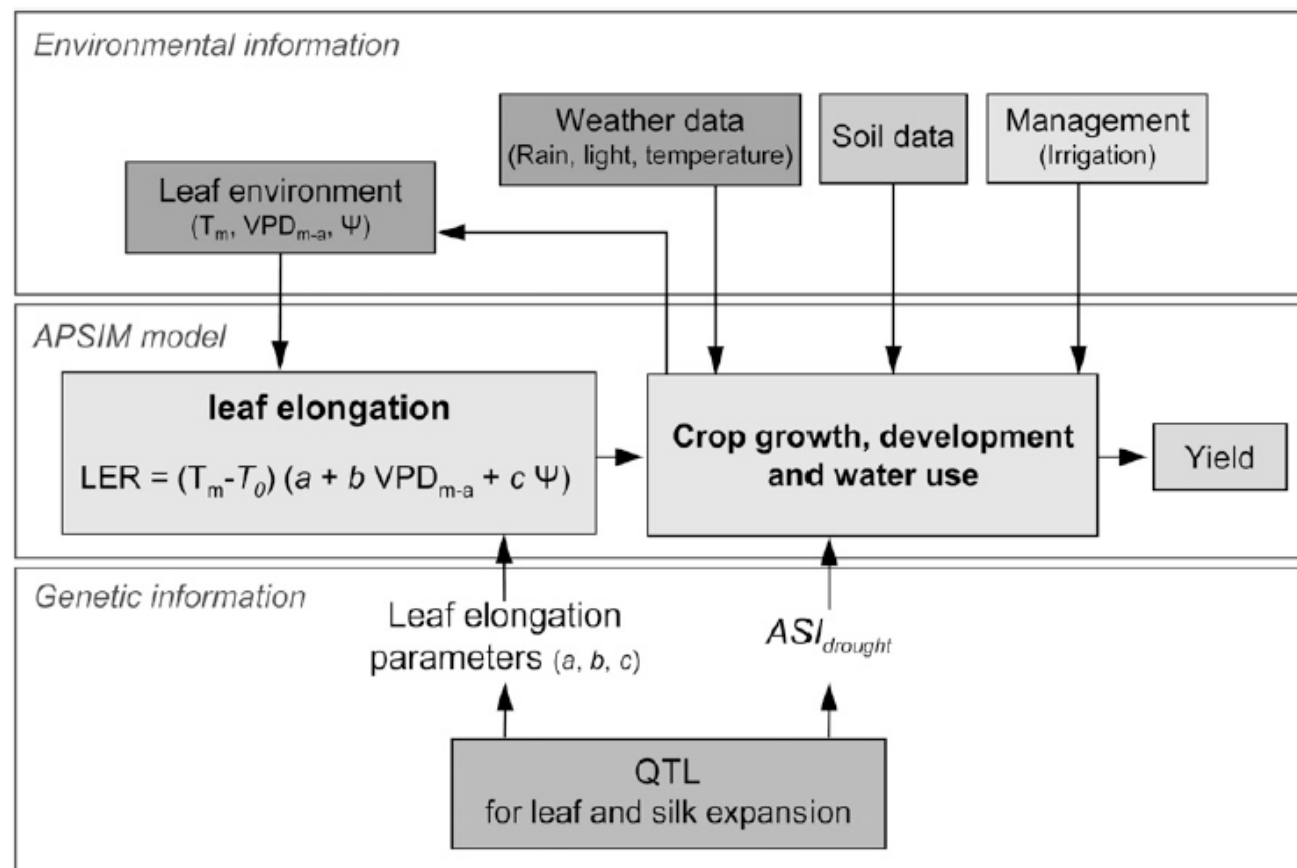
Idéotypes

Conclusions



Simulation de l'impact sur le rendement de QTL à l'échelle de l'organe associés avec la résistance au stress hydrique chez le maïs: une approche de modélisation 'du gène au phénotype'

- 2 caractères
- 11 QTLs



Chenu et al, Genetics, 2009





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

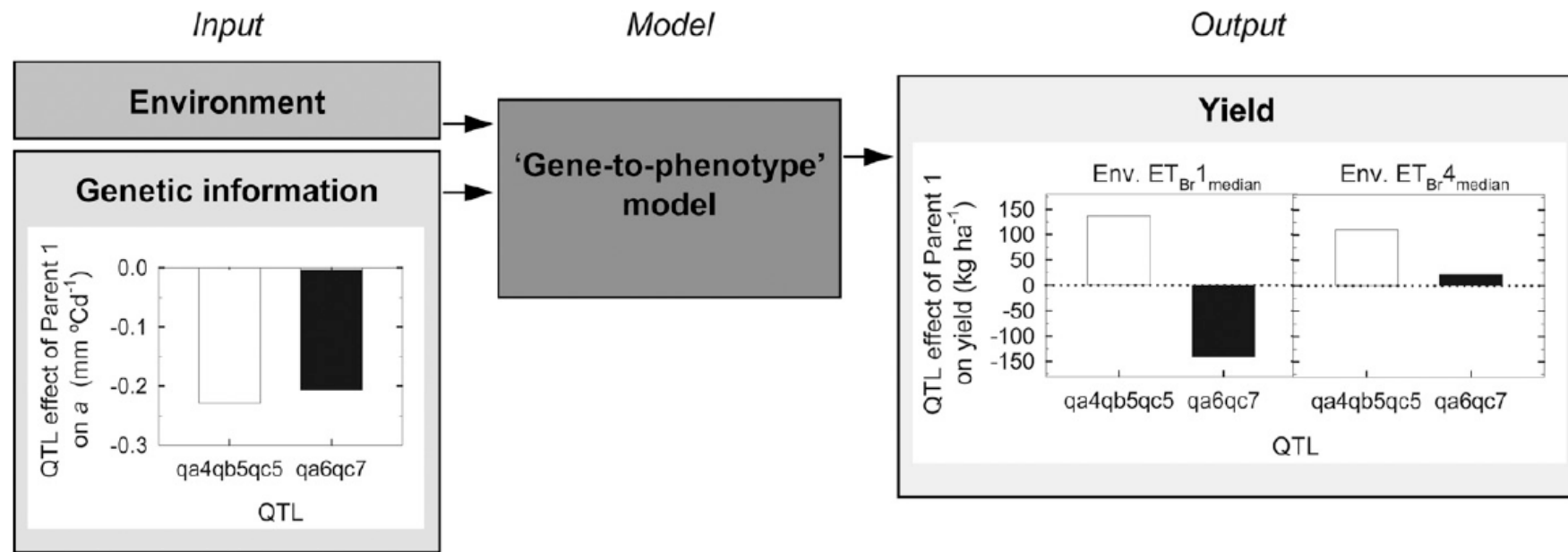
Intégration

Idéotypes

Conclusions



## 2 QTL avec des effets pléiotropiques



Chenu et al, Genetics, 2009

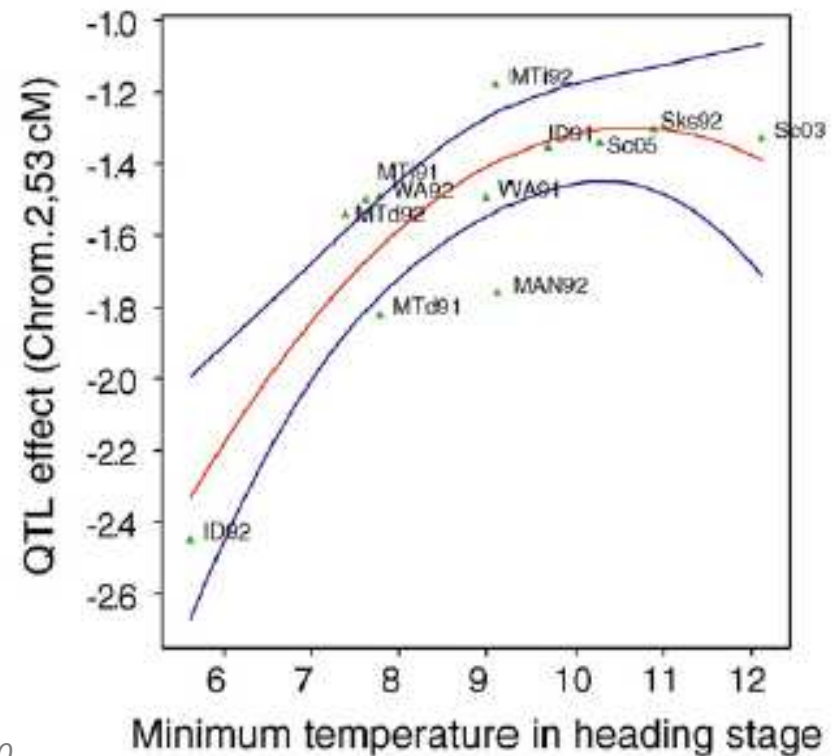






## Contraintes

- processus décrits dans les modèles écophysologiques
- définition de courbes de réponse aux facteurs climatiques
- définition de l'architecture génétique des traits
- prise en compte de la complexité du contrôle génétique
- effet de l'environnement sur le contrôle génétique



Van Eeuwijk et al, Curr. Op. Plant Biol., 2010





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

**Idéotypes**

Conclusions



1. simulation de phénotypes contrastés  
1 set de paramètres = 1 génotype
2. étude du contrôle génétique des traits/paramètres
  - gènes majeurs (1 gène = 1 paramètre)
  - QTLs de paramètres
3. intégration du contrôle génétique dans le modèle
  - effets des loci
  - architecture génétique (épistasie, pléiotropie, clusters)
4. conception/ obtention d'idéotypes
  - optimisation des combinaisons de paramètres
  - optimisation des combinaisons alléliques
  - optimisation des croisements virtuels





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

**Idéotypes**

Conclusions



## 1. Optimisation des combinaisons de paramètres

### Cas du couple pêche/moniliose

cultivars

sensibilité aux  $\mu$ cracks  
caractéristiques de croissance

éclaircissage

irrigation

humidité  
température  
rayonnement

#### 3 critères

Masse fruit (g)      maximiser

Sweetness (%)      maximiser

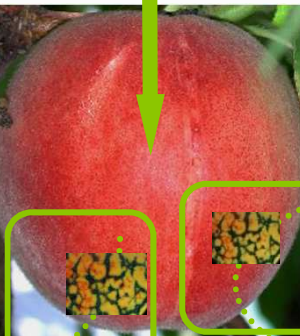
Densité cracks (%)      minimiser

#### 6 paramètres génétiques

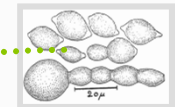
croissance  
du fruit

teneur  
en  
sucres

transpiration



infection



microfissures

'Fruit Virtuel'





Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

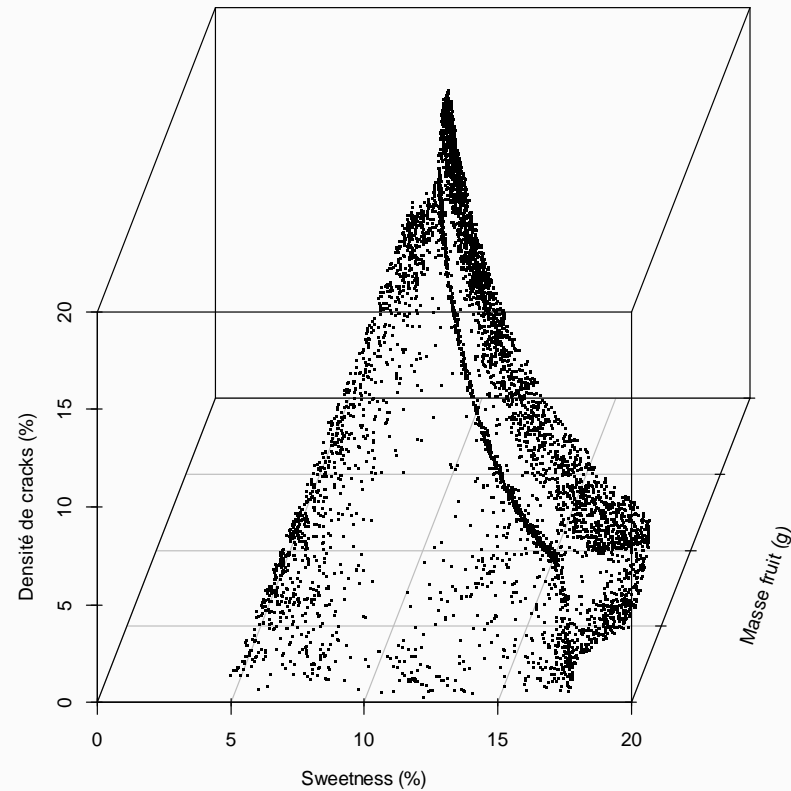
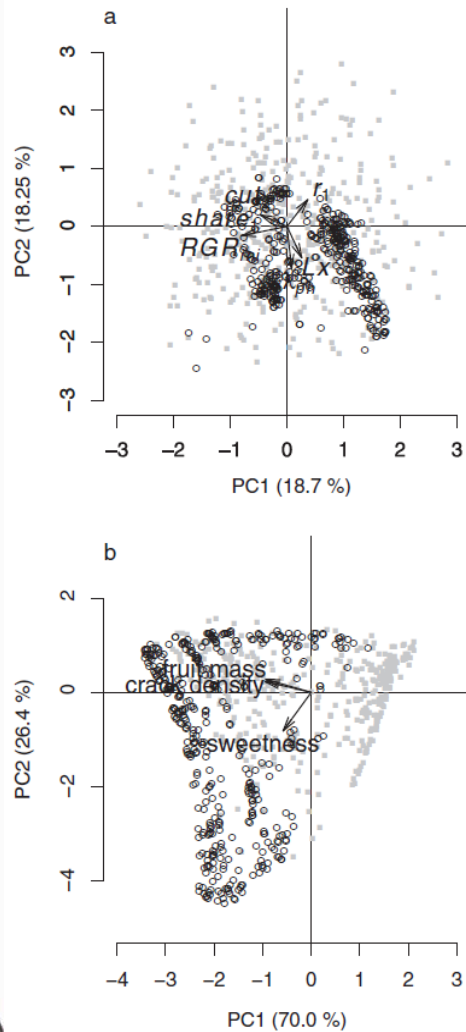
Intégration

**Idéotypes**

Conclusions



Optimiser le compromis entre les caractères dans un scénario donné (climat + pratiques)



Quilot et al, Eur. J. Agron., 2012

Kadrani et al, Int J. Swarm Int. R., 2012







Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

**Idéotypes**

Conclusions



## Optimisation des combinaisons de paramètres

### Permet:

d'explorer l'espace des phénotypes

d'optimiser les compromis entre caractères  
en tenant compte des contraintes physiques/physiologiques, des pratiques et du climat  
contenus dans le modèle écophysologique

### Limites:

Ne prend pas en compte les contraintes génétiques  
(architecture, épistasie, pléiotropie, clusters)

Résulte sur des combinaisons de paramètres impossibles

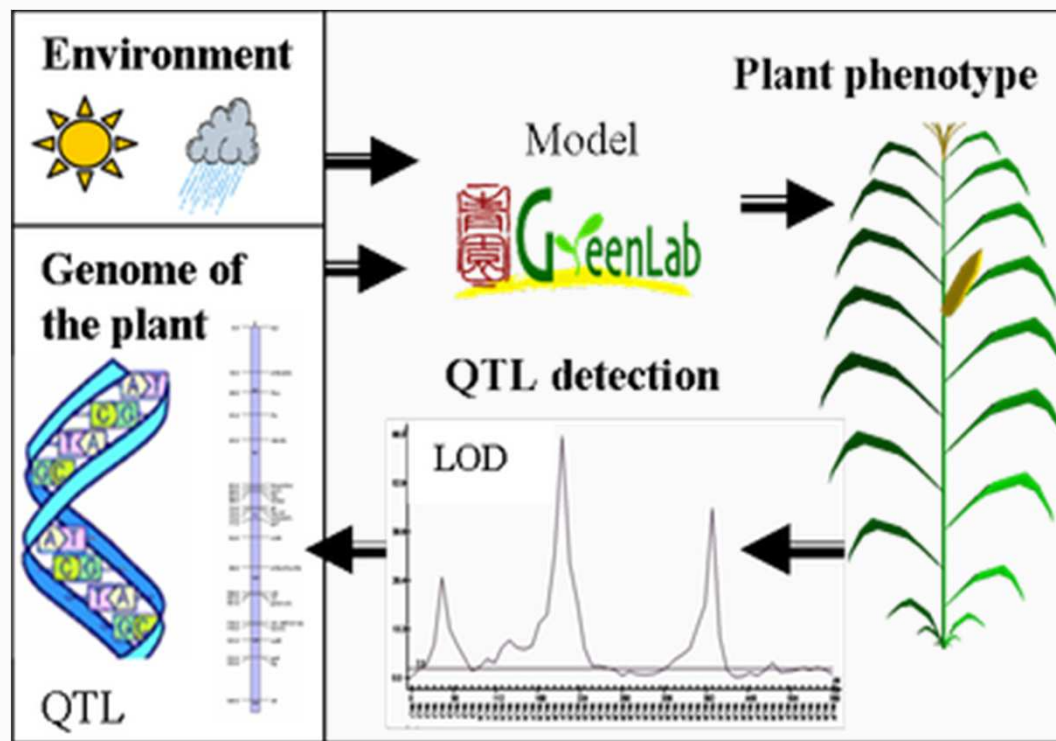
Comparaison *à posteriori* des idéotypes obtenus aux géotypes possibles





## 2. Optimisation des combinaisons d'allèles

Simulation de QTL de paramètres de modèles et application à l'optimisation du rendement potentiel



*Letort et al., Annals Bot., 2008*





Modèle de croissance structure-fonction : GREENLAB maïs

### Exemple théorique (1 seul chromosome)

1 critère

12 paramètres

- centrés sur une valeur de ref issue de calibration
- gamme de variations entre 5 et 30%

	Pool of genes (alleles) <b>G</b>					Additivity / dominance $f(C_1, C_2) = C_3$		
Gene 1	1.1	0.9	1	0.95	0	0.9	1	0.95
Gene 2	1	1.05	0.9	0	0	1	1	1
Gene 3	1.3	0.3	1	0	0	1.3	0.3	1.3
Gene 4	0.8	1.2	1.1	1	0	1.1	0.8	0.8
...	...	...	...	...	...	...	...	...

$$A = \begin{pmatrix} 001000010000000 \\ 003000020000010 \\ 001000000011000 \\ 010103000031100 \\ 100111010110111 \\ 0010101111000100 \\ 030101000001010 \\ 001000100010000 \\ 110000010000100 \\ 001101021010000 \\ 130001000100000 \\ 010101011110100 \end{pmatrix}$$

matrice d'architecture génétique

optimisation des combinaisons d'allèles

Letort et al., Annals Bot., 2008





### 3. optimisation des croisements virtuels

- choix des environnements (TPE) / management
- choix de la population de départ
- ajustement des stratégies de sélection
- exploration de l'espace génétique

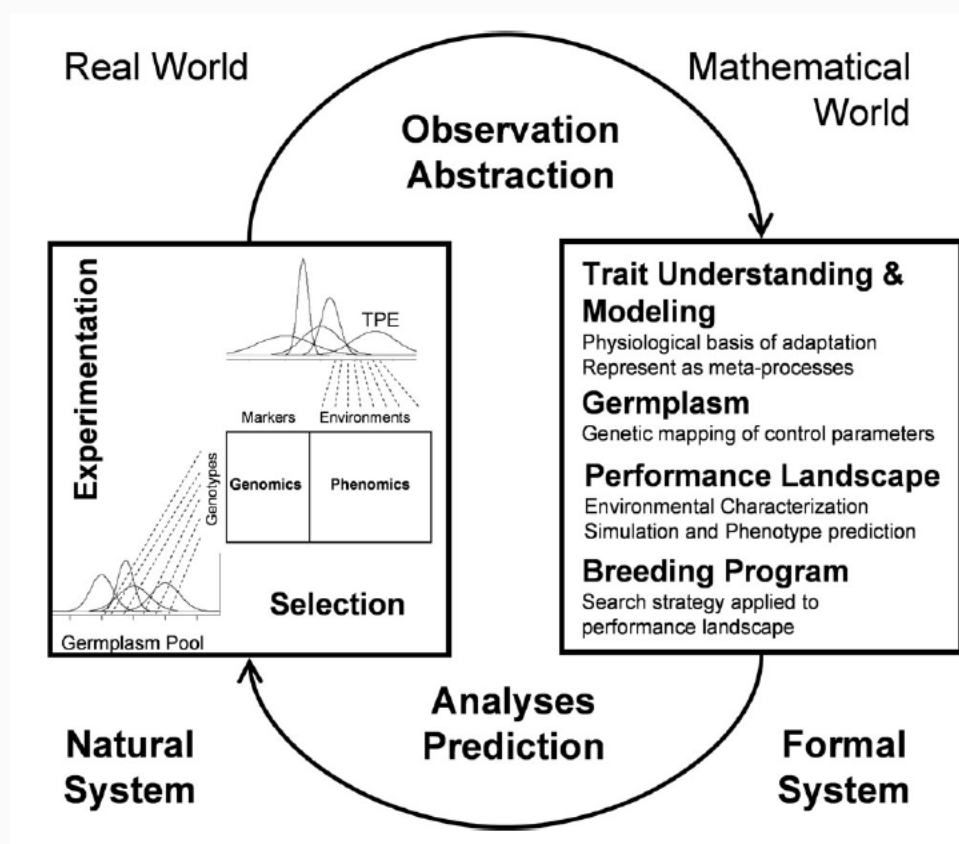
- 350 DH lines, 5 traits

- modèle additif (NK):  
3 QTLs, 2 allèles,  $3^{15} = 1.4 \times 10^7$   
 $1.6 \times 10^4$  génotypes possibles testés

- 59 années, modalités stress, caractéristiques de sol

- modalités: fréquence des allèles dans la population de départ

- nombre de cycles de sélection



Messina et al., J.Exp.Bot., 2011







Contexte

Objectifs

Stratégie

Modèles

Génétique

Intégration

Idéotypes

Conclusions



## Problème multi-objectifs

Environnement  
TPE

Génotype

Pratiques  
culturales

Modèle  
écophysiologique /  
de culture

Modèle  
génétique  
quantitative

Modèle  
épidémiologique

optimisation

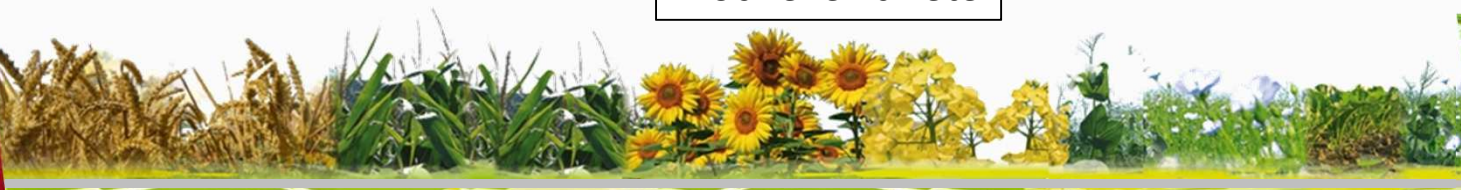
- génotype
- pratiques culturales

Idéotype adapté à un environnement  
répondant aux objectifs

Matériel  
génétique

Optimisation des schémas de sélection

Nouvelle variété





Merci pour votre attention

