

Phénotypage : élargissons le spectre !

Martin Ecarnot, Pierre Roumet, Vincent Segura

Umr Agap Montpellier



INRAE

Coll:



R. Bendoula, N. Gorretta, G. Rabatel



E. Ballini

Plant Health
Institute
Montpellier



J. Enjalbert, T. Flutre

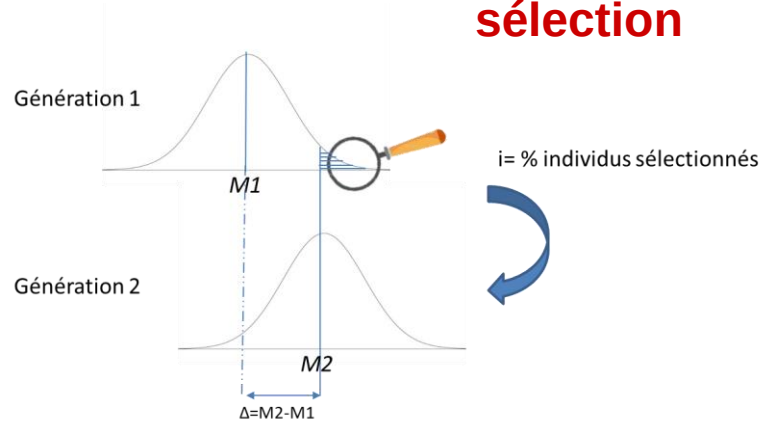


R. Rincint



Geno  Vigne

Observer un grand nombre d'individus : une des clés de réussite des programmes de sélection

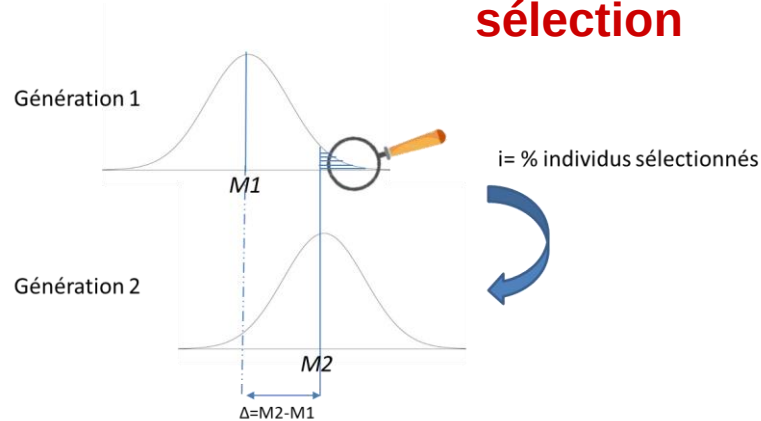


1 caractère

Δ = Réponse à la sélection

{ Génétique du caractère
i : taux de sélection Intensité de la sélection

Observer un grand nombre d'individus : une des clés de réussite des programmes de sélection



1 caractère

Δ = Réponse à la sélection

{ Génétique du caractère
i : taux de sélection Intensité de la sélection

>> caractères

Gain génétique/Unité temps

{ Capacité de faire bcp de mesures sur bcp d'individus
Durée d'un cycle de sélection

Méthodes rapides , non destructives, bon marché → Intérêt pour le Vis-Nirs

Phénotypage : Quels traits ?

Interactions

- ✓ Biotique : plante / pathogènes
- ✓ Abiotique (ressources)

Architecture

- ✓ tiges, feuilles
- ✓ Racines



Fonctions métaboliques:

- ✓ Photosynthèse (Carbone)
- ✓ Assimilation minérale (N, P...)
- ✓ Alimentation hydrique

Production

- ✓ Quantité (poids, nombre, taille)
- ✓ Qualité (technologique, nutritionnelle, sanitaire)

Traits cibles :

- ✓ Composants biochimiques
- ✓ Caractéristiques physiques
- ✓ Ponctuels/ Processus (Phénologie, croissance, sénescence, acquisitions de ressources).

Bcp de génotypes

- ✓ $10^4/10^5$ (<F5)
- ✓ 10^2 (F5-F8)

Elargissons le spectre : le plan

Traits

Traits physico chimiques 'simples'

Traits complexes résultant de plusieurs processus

Documentation temporelle d'un processus

Elargissons le spectre : le plan

Traits

Traits physico chimiques 'simples'

Traits complexes résultant de plusieurs processus

Documentation temporelle d'un processus

Documentation temporelle d'un processus complexe

Classification (mélanges variétaux)

Elargissons le spectre : le plan

Traits

Traits physico chimiques 'simples'

Traits complexes résultant de plusieurs processus

Documentation temporelle d'un processus

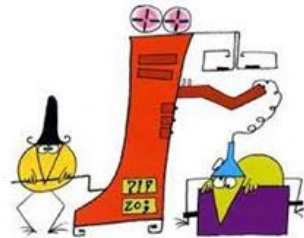
Documentation temporelle d'un processus complexe

Classification (mélanges variétaux)

Prédiction phénomique

Perspectives.....

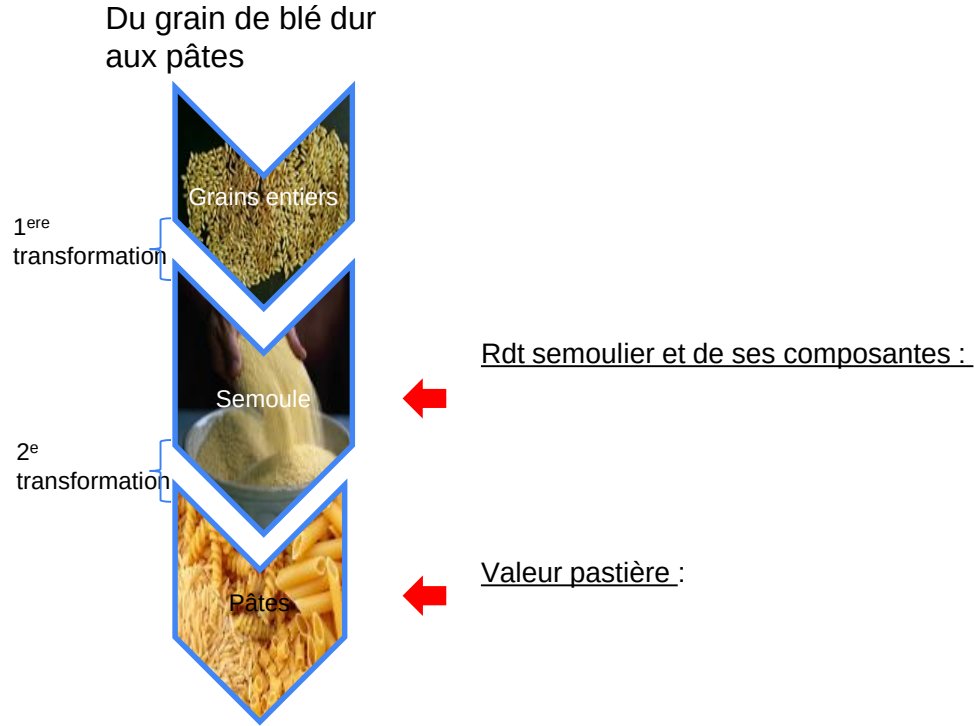
Traits physico chimiques 'simples' & un exemple de trait complexe



Labo, Apprentissage supervisé

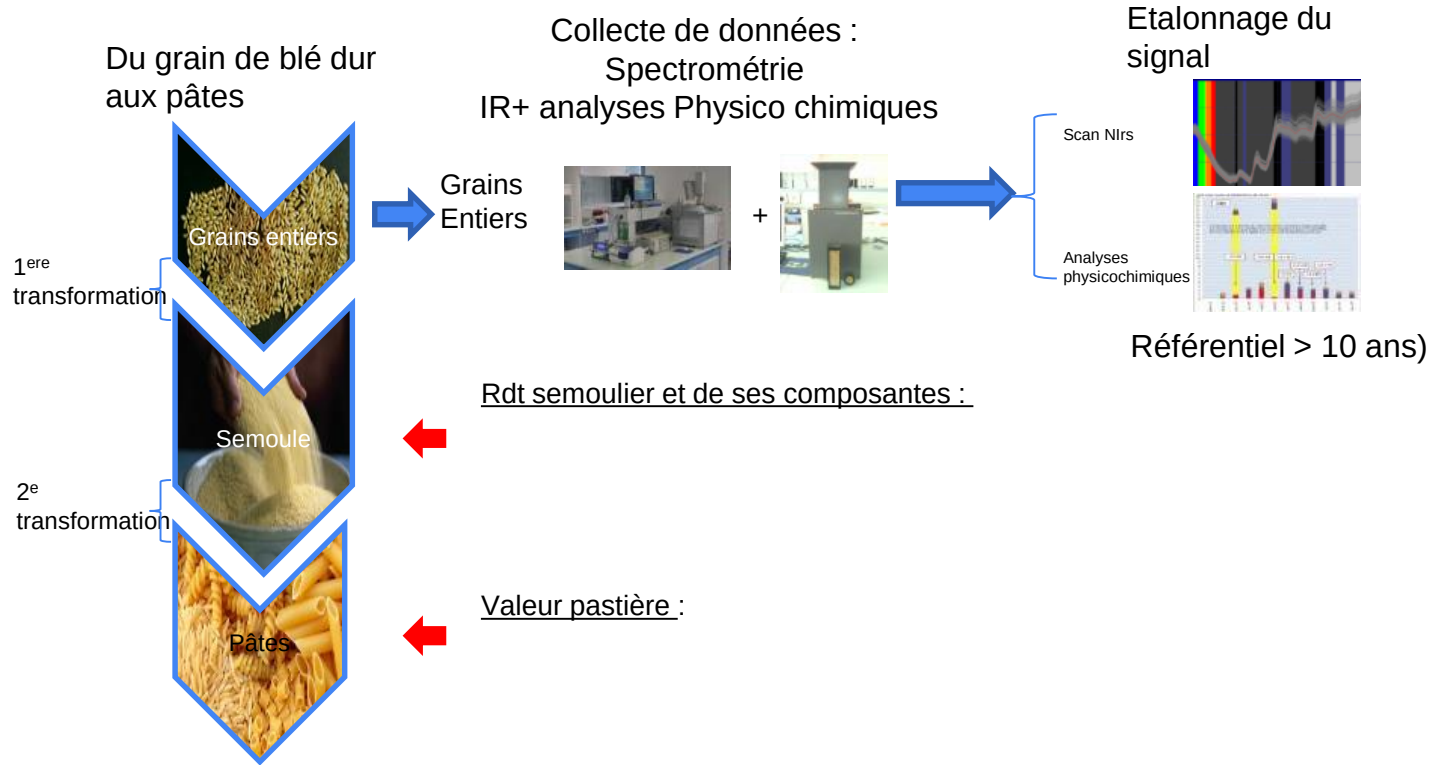
Traits physico chimiques simples

Laboratoire : Phénotypage post récolte (grains blé dur)



Traits physico chimiques simples

Laboratoire : Phénotypage post récolte (grains blé dur)

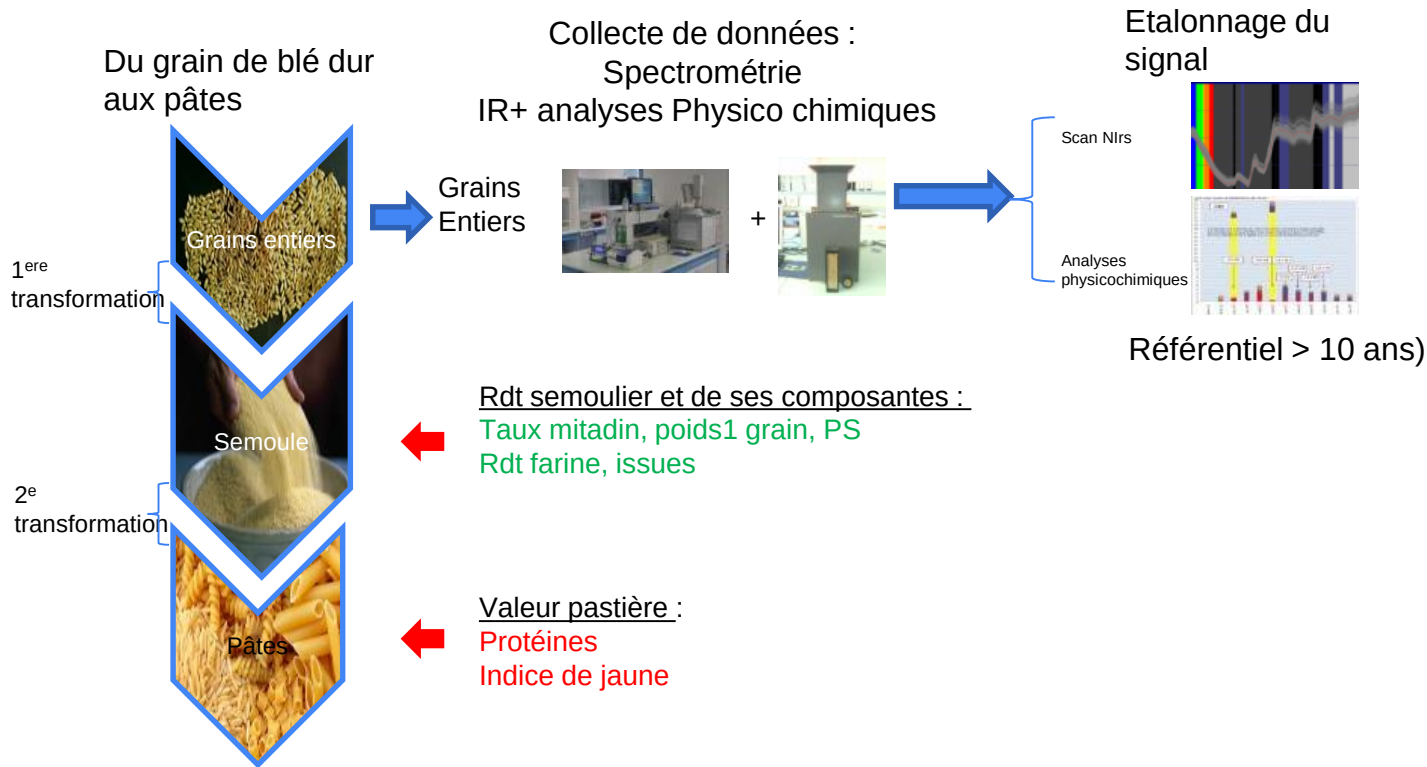


(Compan et al., 2013)

(Jallais et al., 2015)

Traits physico chimiques simples

Laboratoire : Phénotypage post récolte (grains blé dur)

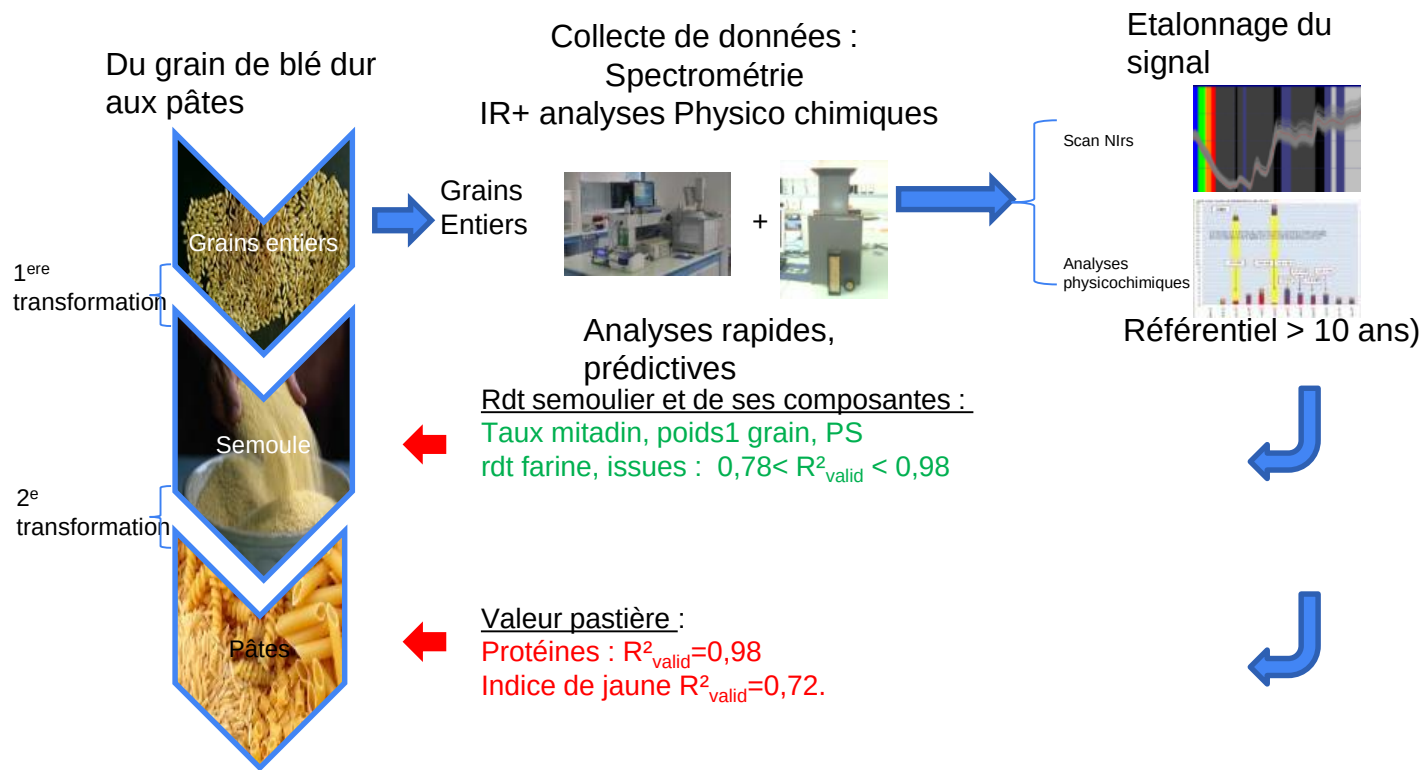


(Compan et al., 2013)

(Jallais et al., 2015)

Traits physico chimiques simples

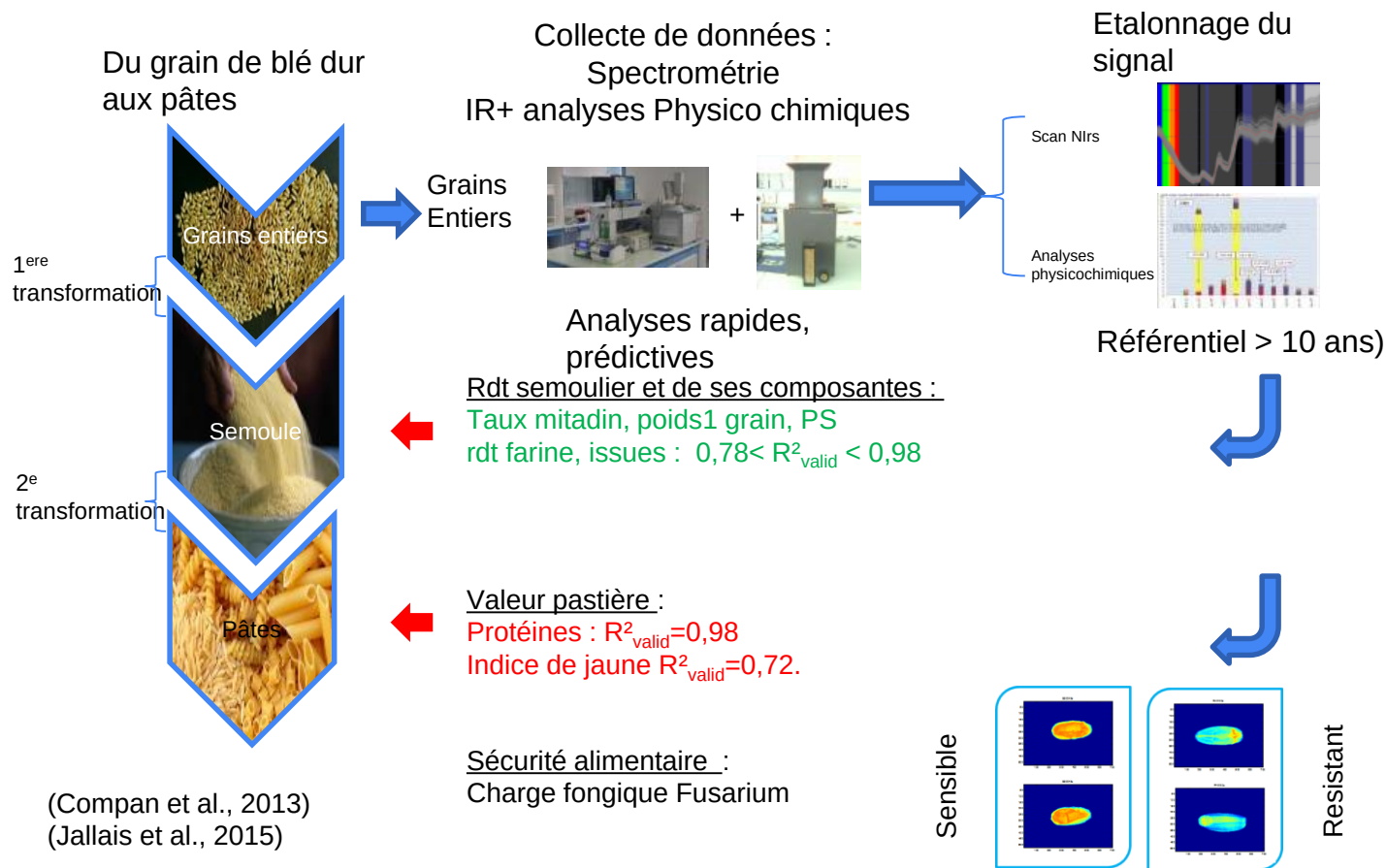
Laboratoire : Phénotypage post récolte (grains blé dur)



(Compan et al., 2013)

Traits physico chimiques simples

Laboratoire : Phénotypage post récolte (grains blé dur)



Traits complexes

- Rendement semoulier

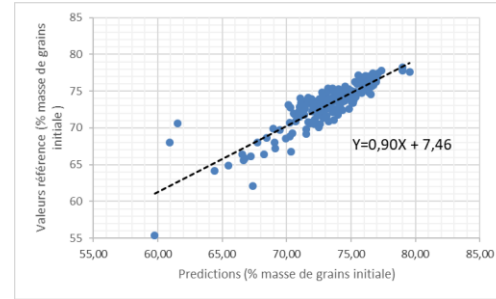
= % semoule/grain

Analyse de référence :

- ✓ Complexe
- ✓ Coûteuse
- ✓ Exigeante: 150 kg grains



n=178, > 10 campagnes



En conclusion ...

- Phénotypage multi-caractères compatibles avec les larges effectifs
- Possibilité d'accéder à des nouveaux traits
- Prédictions de qualité pour différents traits
- Technologie non destructive = Possibilité de ressemer les grains scannés
- Durée d'un cycle de sélection réduit de 18 à 12 mois

Engouement des sélectionneurs et généticiens pour cette technologie et intégration (2000 – 2010)

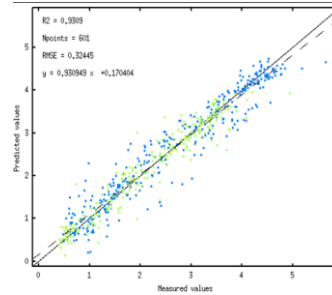
Documentation temporelle d'un processus



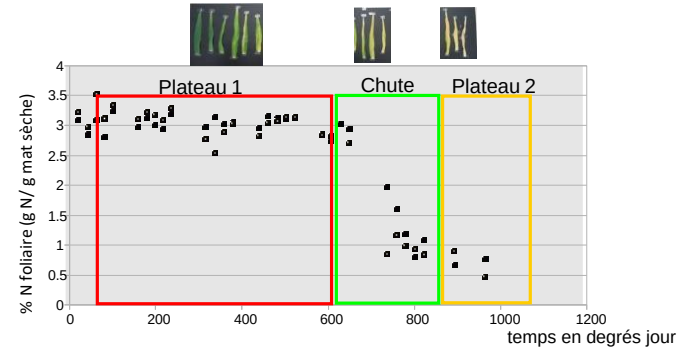
Extérieur, Apprentissage supervisé

Teneur en azote foliaire

- Etalonnage : inférer la teneur en N (scans sur feuilles non détachées)

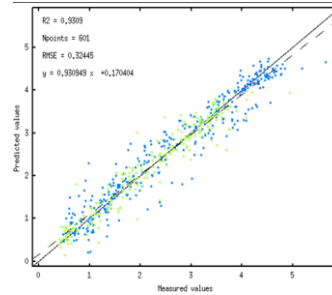


- Prises de mesures au cours de la vie de la feuille

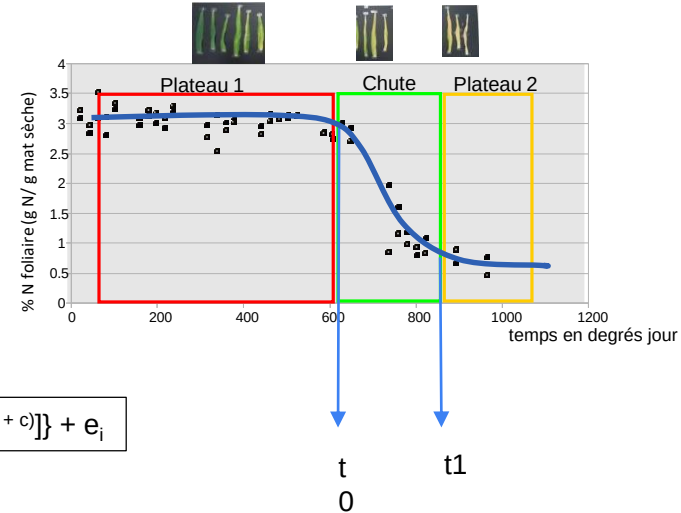


Teneur en azote foliaire

- Etalonnage : inférer la teneur en N (scans sur feuilles non détachées)



- Prises de mesures au cours de la vie de la feuille (*Rapide + non destructif*)



1 courbe temporelle / génotype

Modélisation : logistique 4 paramètres a, b, c, d

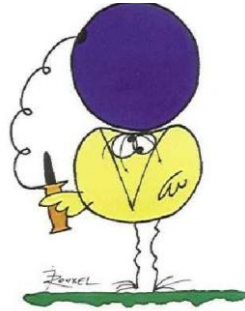
$$Y_i = d + \{a/[1 + e^{(b+c)}]\} + e_i$$

Comparaison génotypique sur la base :

- ✓ 4 paramètres a, b, c & d
- ✓ Points remarquables de la courbe, ex: t_0 , t_1 = points de passage entre les 2 plateaux

Phénotypage de l'ensemble du processus

Documentation temporelle d'un processus



Extérieur / Labo, Apprentissage non supervisé

Approche non supervisée

Précédemment : **Analyses supervisées**: Mise en relation des données spectrales avec des classes / une variation quantitative

1. Classification (ex composantes des mélanges)
2. Prédictions quantitatives (*ex: comp. bioch; prop. physique*)



Calibrations

Une alternative : **l'approche non supervisée**

Hypothèse : les données spectrales donnent une image globale de l'état de la matrice ; Tout changement (contenu biochimique, propriétés physiques) va modifier le signal spectral

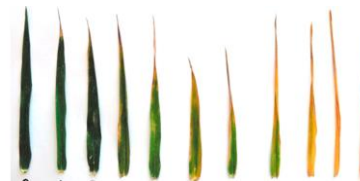
1. Recherche les modifications spectrales sans passer par une calibration
2. Ces modifications spectrales = des alertes pour le phénomène étudié

Quelles cibles ? *Phénomènes biologiques complexes liés à des modifications multiples*

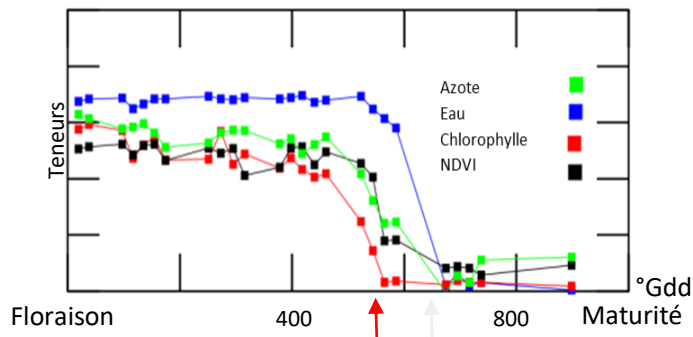
Un exemple : la senescence foliaire

Approche non supervisée

Application : Senescence foliaire



Plusieurs traits foliaires impliqués



- Un même patron pour les dynamiques temporelles de ces traits
- Modélisation avec une courbe logistique
- Cinétiques décalées dans le temps (Ex : teneurs en **chlorophylle** / eau)

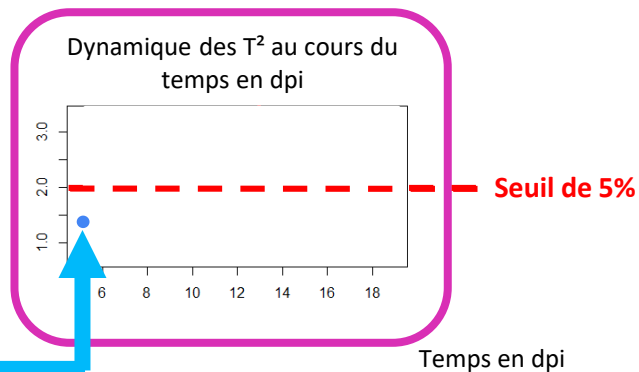
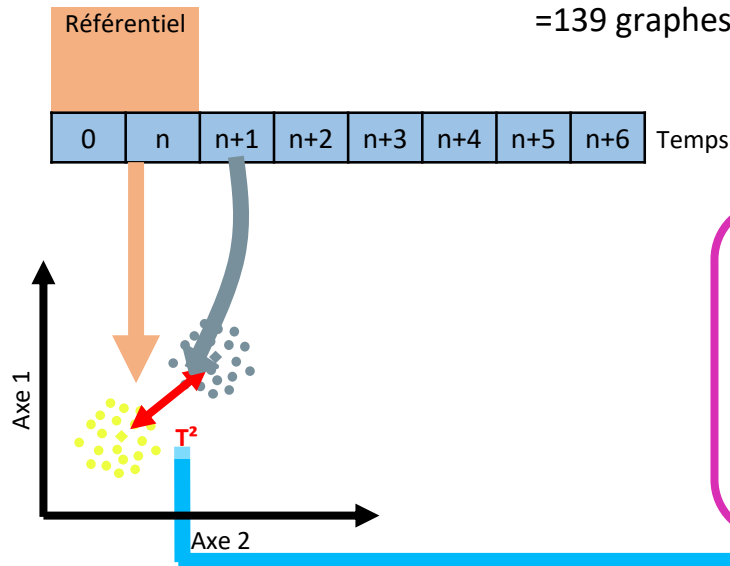
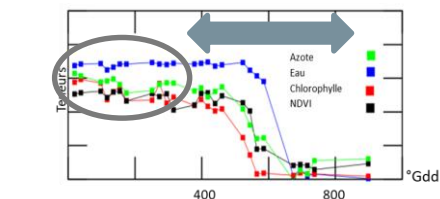
Analyse des données spectrales acquises entre floraison et maturité (feuille drapeau, Blé dur):
Moving Window Principal Component Analysis (MWPCA) (Schmitt et al., 2016)

139 plantes de blé dur avec une forte variation pour la senescence (génotypes, traitements)

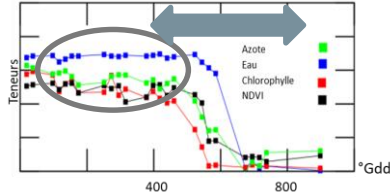
Approche non supervisée

Principe de la MWPCA

Analyse appliquée à chaque feuille :
=139 graphes (1/feuille) de ce type

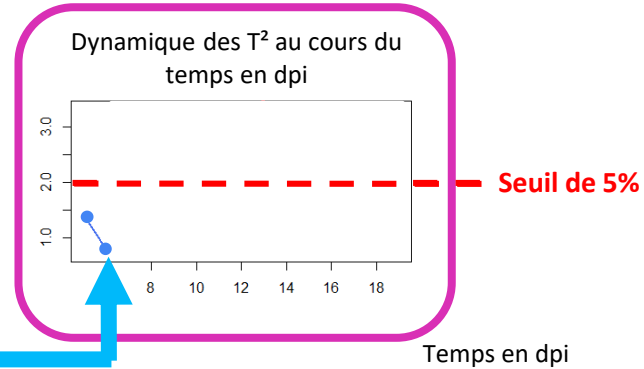
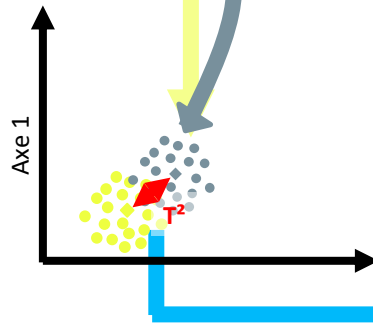
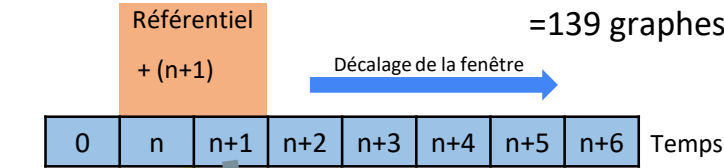


Approche non supervisée



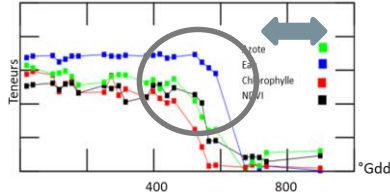
Principe de la MWPCA

Analyse appliquée à chaque feuille :
=139 graphes (1/feuille) de ce type

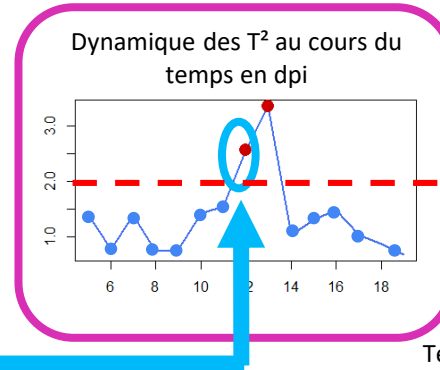
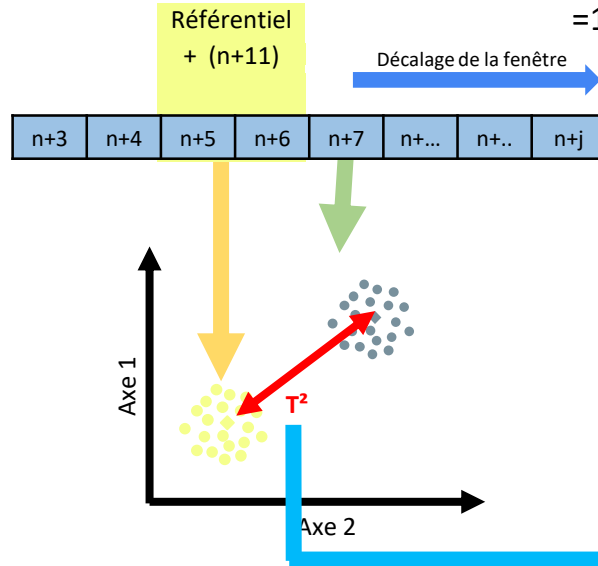


Approche non supervisée

Principe de la MWPCA



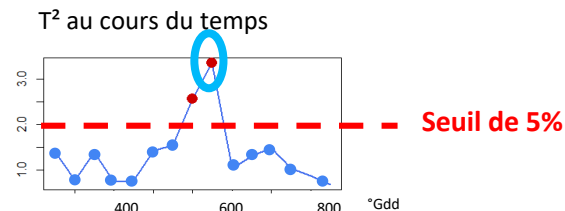
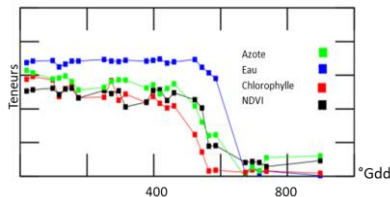
Analyse appliquée à chaque feuille :
=139 graphes (1/feuille) de ce type



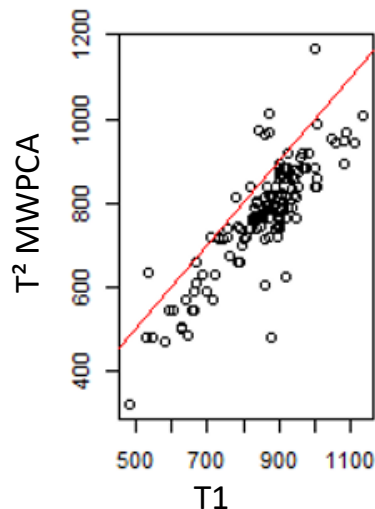
Seuil de 5%

Temps en dpi

Approche non supervisée



T1 : fin de vie de la feuille // dernière valeur forte de T^2 (changement spectral majeur)



Signal T^2 cohérent avec T1

- Corrélation $r=0,84^{***}$ ($n=139$)
- T^2 plus précoce (- 70 GDD)

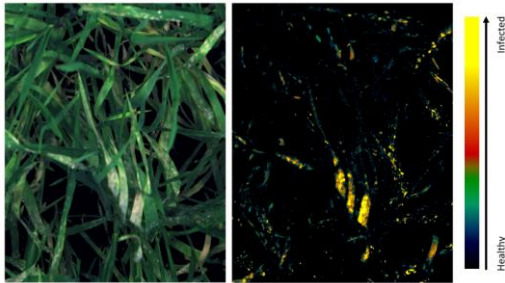
Modèle non supervisé = alternative intéressante pour caractériser la senescence de la feuille

Approche non supervisée

Modèle non supervisé = alternative intéressante pour caractériser la senescence de la feuille

Utilisation de cette méthode pour estimer un changement d'**état sanitaire d'une feuille**

Thèse H Villessèche (2019-2022; *in prep*)

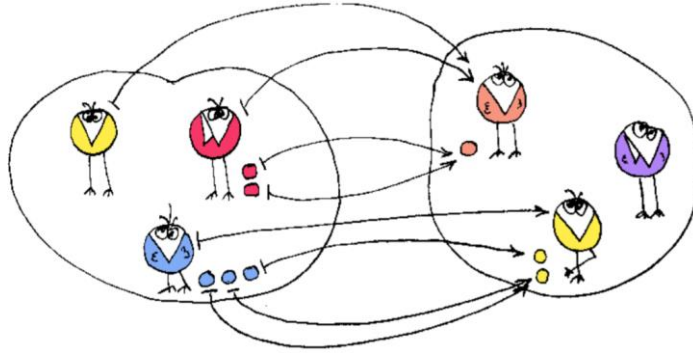


Thomas et al, 2017



Classification

Identification des composants au sein des mélanges variétaux



Extérieur / Labo, Apprentissage supervisé

Identification des composantes au sein des mélanges variétaux



1 parcelle=1 génotype
Optimisation des performances
Fragilité



1 parcelle=plusieurs génotypes
Stabilité des performances
Résilience

Choix des composantes du mélanges : les reconnaître au sein des parcelles

Identification des composantes au sein des mélanges variétaux

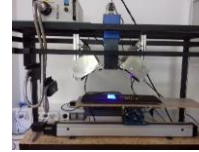
28 mélanges variétaux binaires (X 5 rep.) Pour chaque mélange : 2 types d'apprentissage

Spectres grain à grain



Nir + Trieur

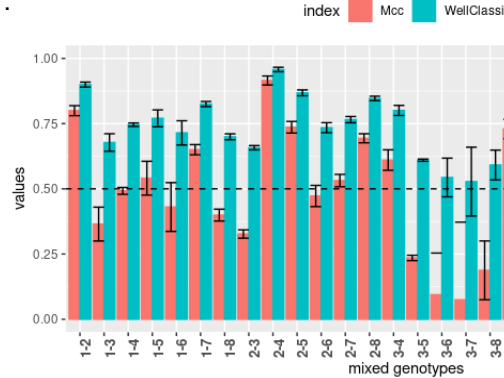
Spectres + Morphométrie



IHS

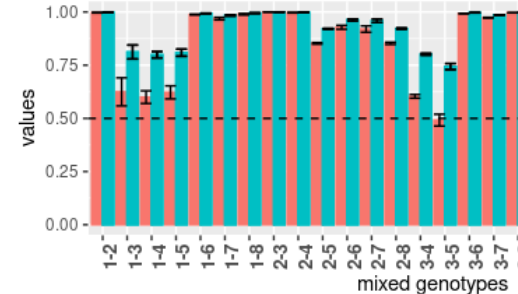
Evaluation des performances de cet apprentissage à partir d'un mélange Var1/Var2 = 50% /50%

Méthode :
PLSDA



Mélange 2-4 → > 90 %

Mélange 3-5 → < 60 %



Mélange 2-4 → > 99 %

Mélange 3-5 → 75 %

Identification des composantes au sein des mélanges variétaux

IHS : Combinaison de l'information spatiale et spectrale

Spectres + Morphométrie

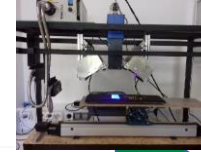
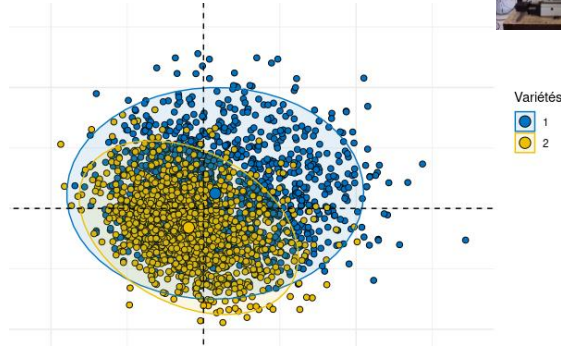
Camera Hyperspectrale

Spectres

- Variance intra-grain
- Moyenne grain



Morphométrie
+
Texture



Variétés
1
2

	area	bbox_area	convex_area	eccentricity	equivalent_diameter
r0103c3410	6752	8978	6986	0.8731081	92.7195
r0128c1629	8405	13225	8620	0.9369271	103.4484
r0106c3825	4715	6206	4823	0.8612840	77.4811
r0161c3922	9483	13677	9685	0.8264335	109.8823
r0145c3289	8393	12644	8539	0.8410634	103.3745
r0162c4082	8745	11644	8933	0.8229756	105.5200
r0172c0682	9513	12814	9740	0.8318244	110.0560
r0160c0507	7546	12792	7735	0.8925481	98.0195
r0176c1982	7515	11900	7723	0.8455373	97.8181
r0191c0605	7149	9770	7345	0.8398645	95.6005

Identification des composantes au sein des mélanges variétaux

IHS : Combinaison de l'information spatiale et spectrale

Spectres + Morphométrie

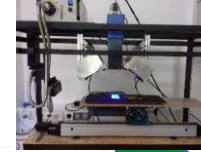
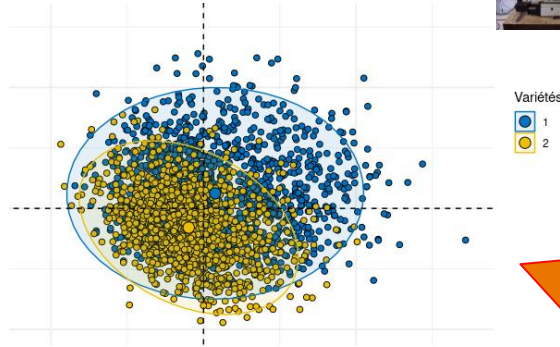
Camera Hyperspectrale

Spectres

- Variance intra-grain
- Moyenne grain



Morphométrie
+
Texture

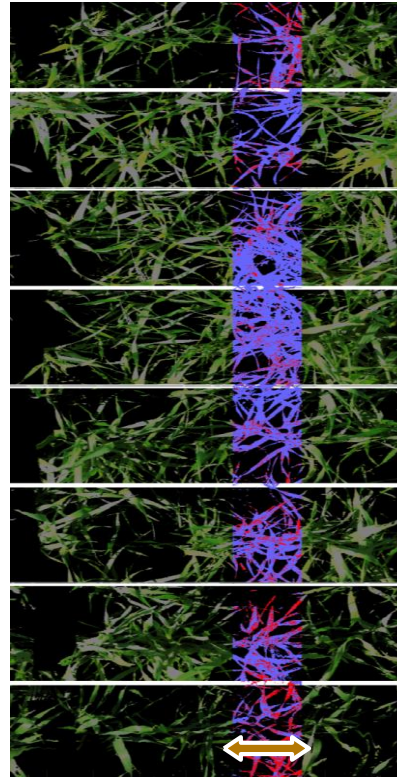
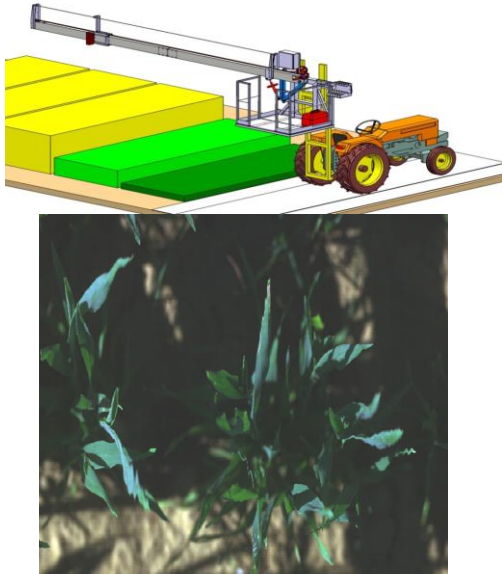


Variétés
1
2

Combinaison de l'info
Spatiale + Spectrale

	area	bbox_area	convex_area	eccentricity	equivalent_diameter
r0103c3410	6752	8978	6986	0.8731081	92.7195
r0128c1629	8405	13225	8620	0.9369271	103.4484
r0106c3825	4715	6206	4823	0.8612840	77.4811
r0161c3922	9483	13677	9685	0.8264335	109.8823
r0145c3289	8393	12644	8539	0.8410634	103.3745
r0162c4082	8745	11644	8933	0.8229756	105.5200
r0172c0682	9513	12814	9740	0.8318244	110.0560
r0160c0507	7546	12792	7735	0.8925481	98.0195
r0176c1982	7515	11900	7723	0.8455373	97.8181
r0191c0605	7149	9770	7345	0.8398645	95.6008

Identification des composantes au sein des mélanges variétaux



Blé dur

2 variétés CapHorn/Hysun

Méthode : PLS+SVM

■ Pixel bien classé (76-89%)

■ Pixel mal classé

Validation

Calibration

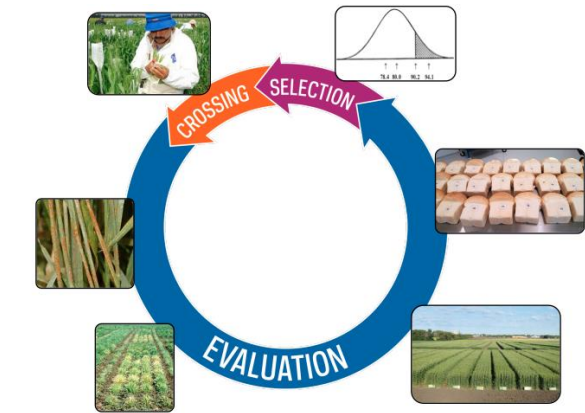
Calibration

Prédiction phénomique



Extérieur / Labo, Apprentissage supervisé

Sélection Phénotypique vs. Sélection Génomique



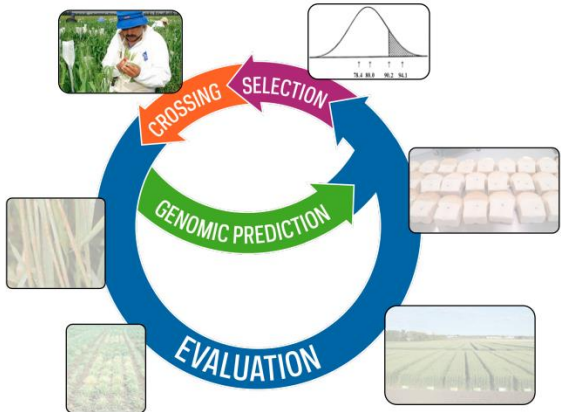
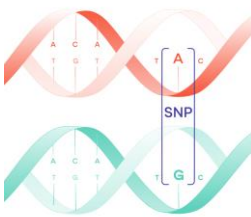
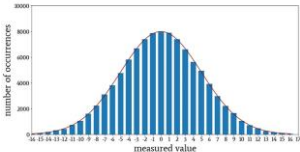
(adapted from J. Poland)



$$y = X\beta + \epsilon$$

Phénotype

Polymorphismes de séquence (SNP)

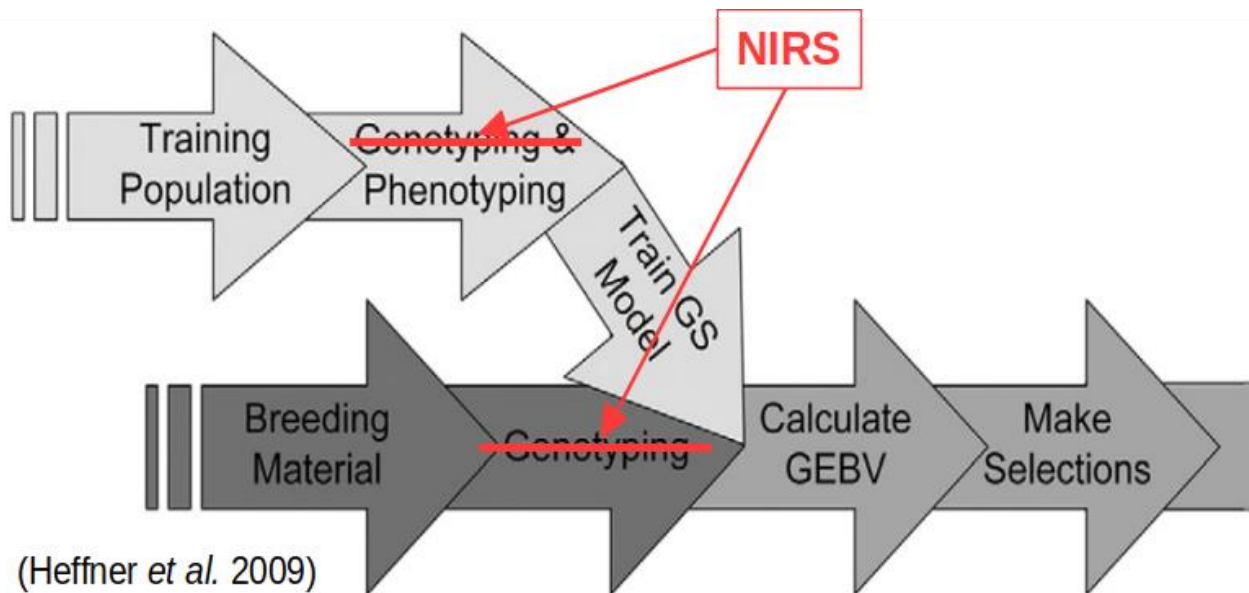


Phenomic Selection Is a Low-Cost and High-Throughput Method Based on Indirect Predictions: Proof of Concept on Wheat and Poplar

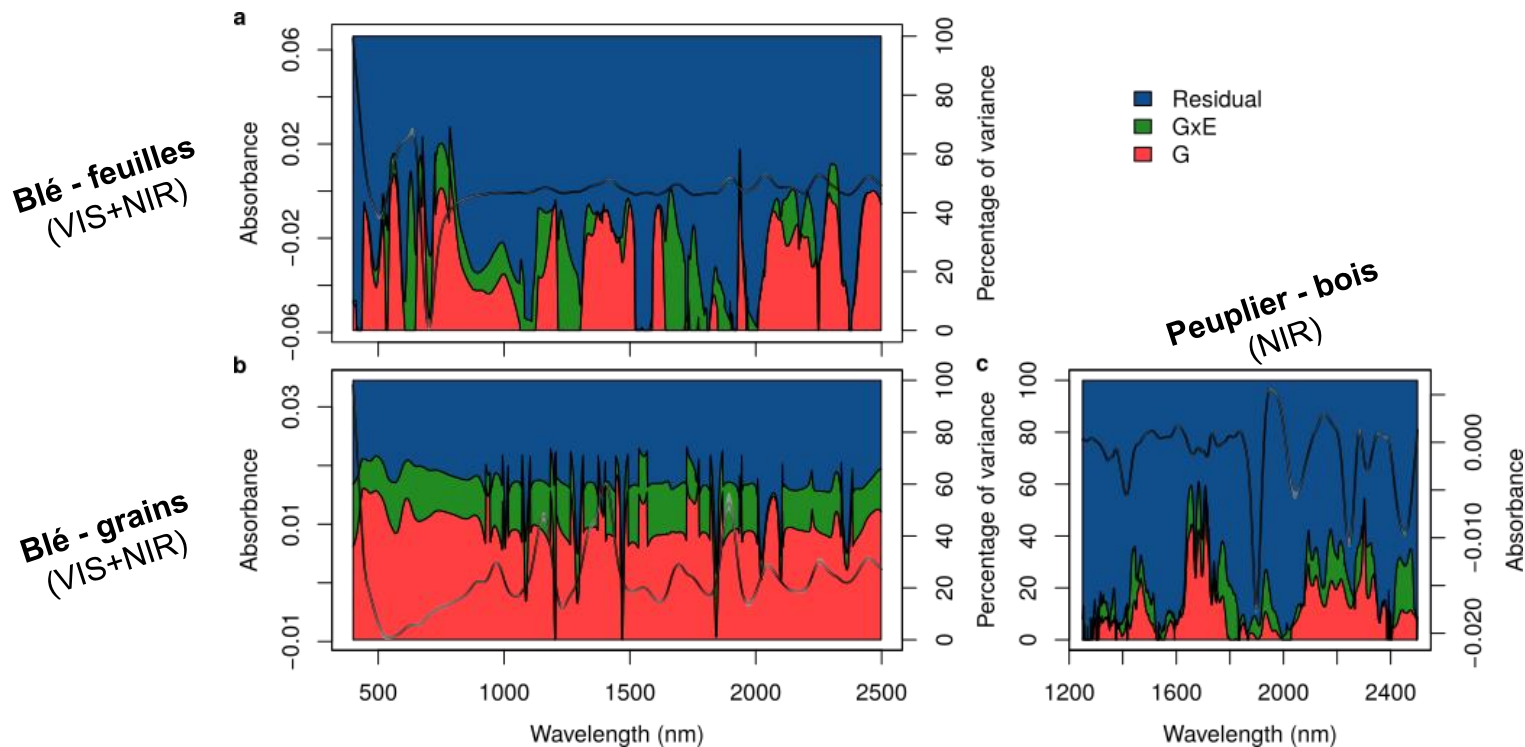
Renaud Rincent,^{*} Jean-Paul Charpentier,^{†,‡} Patricia Faivre-Rampant,[§] Etienne Paux,^{*}

Jacques Le Gouis,^{*} Catherine Bastien,[†] and Vincent Segura^{†,1}

^{*}GDEC, INRA, UCA, 63000 Clermont-Ferrand, France, [†]BioForA, INRA, ONF, 45075 Orléans, France, [‡]GenoBois analytical platform, INRA, 45075 Orléans, France, and [§]EPGV, INRA, CEA-IG/CNG, 91057 Evry, France

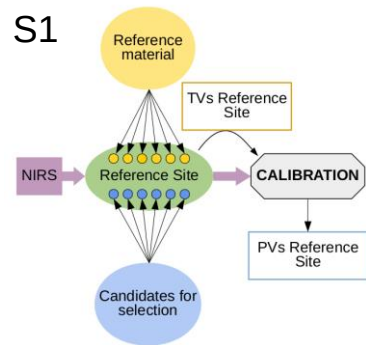


Le spectre capture de la variabilité génétique !



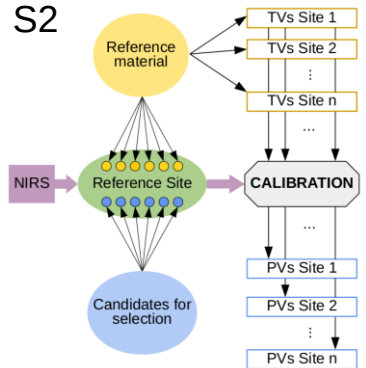
Capacité prédictive de la phénomique par rapport à la génomique

S1

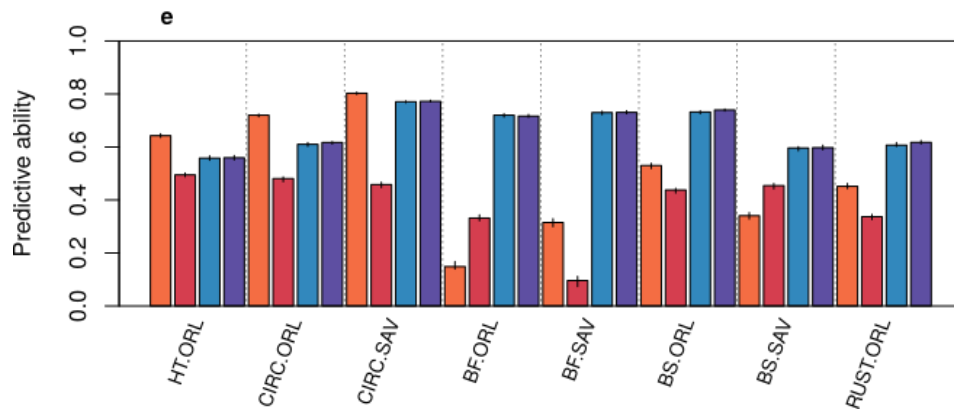
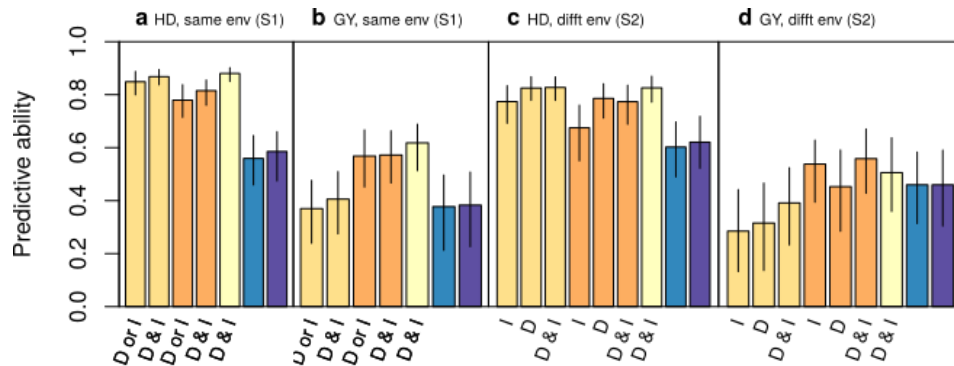


Blé
(80k SNP)

S2



Peuplier
(10k SNP)

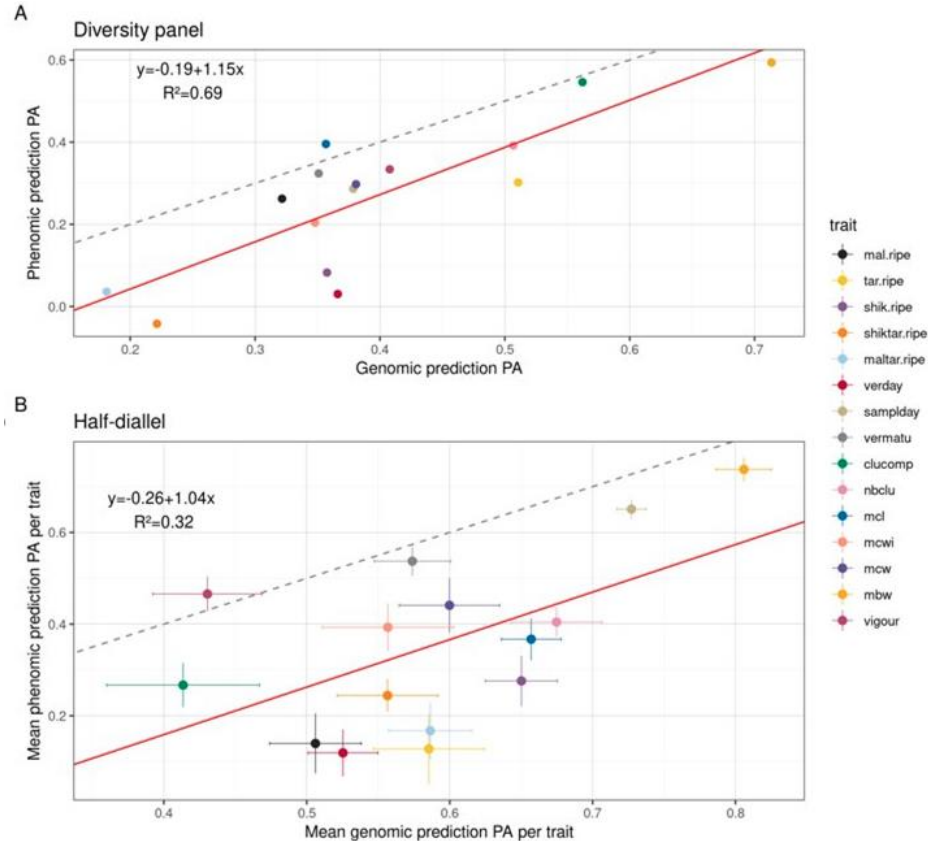


Les précisions de prédiction phénomique et génomique sont corrélées

Vigne

VIS+NIR - bois + feuilles
SNPs - 50k

(thèse C. Brault)



Quelles perspectives ?

1) Nouvelles méthodes d'analyse

Modèles non supervisés

Traitement du signal : Modèles non linéaires (Deep learning)

Bcp de travail sur les spectres mais peu sur l'image (IHS)

2) Adaptations à des scènes complexes (champ)

Couplage données hétérogènes : IHS, NIRS, omiques (transcriptome)

3) Dynamique technologique forte

Miniaturisation et portabilité

Vecteurs

Prix à la baisse

Perspective : évolution des vecteurs pour le phénotypage

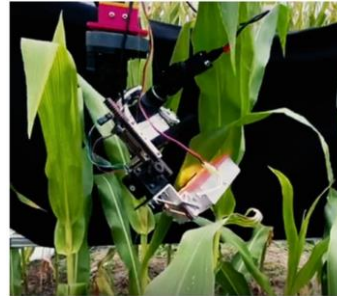


Phénomobile,
Arvalis/INRAe



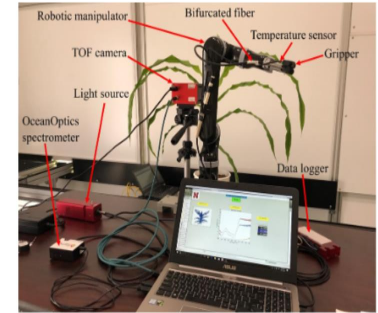
Chaine de phénotypage robotisée

Robot déplaçant le capteur en
face d'une feuille



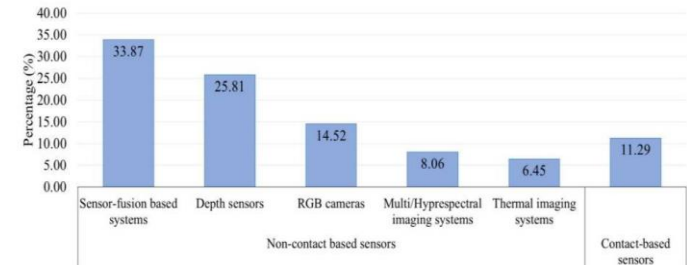
Chen et al, 2021

Robots
équipés
d'une
pince à
feuille



Atefi et al, 2019

Large utilisation de la **fusion de capteur** (ex: IHS+Photogrammetrie)



Atefi et al, 2021

Merçi pour votre attention

Merçi pour votre attention

Perspective : évolution des vecteurs pour le phénotypage

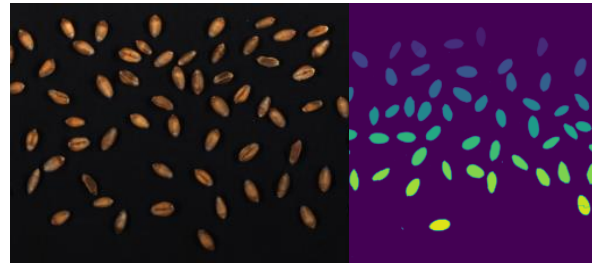
Grains

Lots de grains



INRAe / AGAP

Imagerie Hyperspectrale

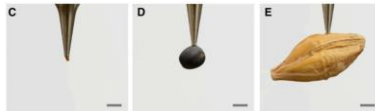


INRAe / AGAP

Spectrométrie
Grain à grain



INRAe / AGAP



Jahnke et al, 2016



Chaine de phénotypage robotisée

INRAe / Diascope

Perspectives : évolution des vecteurs pour le phénotypage

Feuilles/Plantes en milieu contrôlés

Robots permettant d'amener un capteur
au plus près d'une feuille

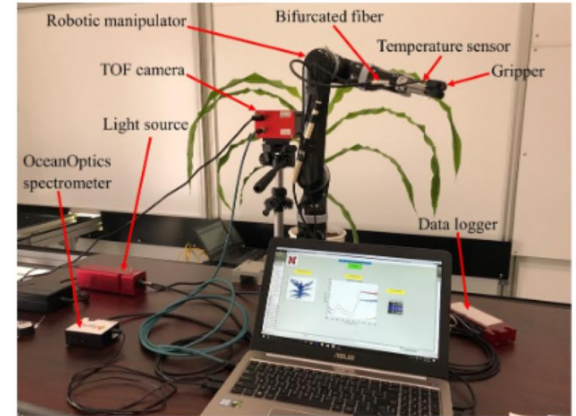


Alenyá et al., 2014



Bao et al, 2019

Robots équipés d'une pince à feuille



Atefi et al, 2019