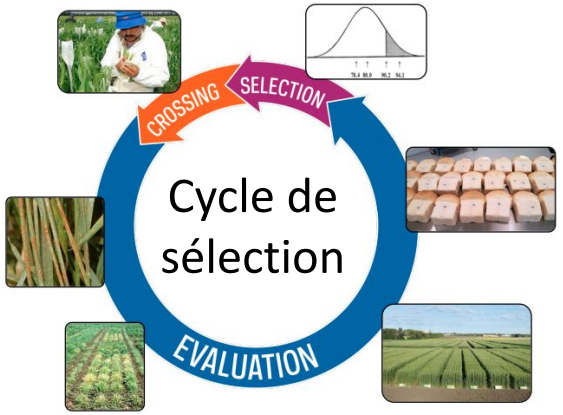
La sélection phénomique chez les plantes : retour sur le séminaire de l'association des sélectionneurs français et questionnements

Vincent Segura[1,2], Christelle Broquet[3], Céline Hamon[3], Charlotte Roby[3], Martin Ecarnot[1], Renaud Rincent[4], Hugues De Verdal[1,5], David Pot[1,5], Nathalie Pivot[1,5], Pauline Robert[6], Christopher Sauvage[7]

[1] AGAP Institut, Univ Montpellier, CIRAD, INRAE, Institut Agro, Montpellier, France
[2] Geno-Vigne®, IFV-INRAE-Institut Agro, F-34398, Montpellier, France
[3] Vegenov, 29250, Saint-Pol-de-Léon, France
[4] GQE-Le Moulon, Université Paris-Saclay, INRAE, CNRS, AgroParisTech, GQE-Le Moulon, 91190, Gif-Sur-Yvette, France
[5] CIRAD, UMR AGAP Institut, Montpellier, F-34398, France
[6] SECOBRA Recherches, 78580, Maule, France
[7] Syngenta SA France, 1228 Chemin de l'Hobit, 31790 Saint Sauveur, France

25èmes Rencontres HélioSPIR, Montpellier, 11-12 Juin 2024

Sélection phénomique



(adapted from J. Poland)

Sélection phénomique

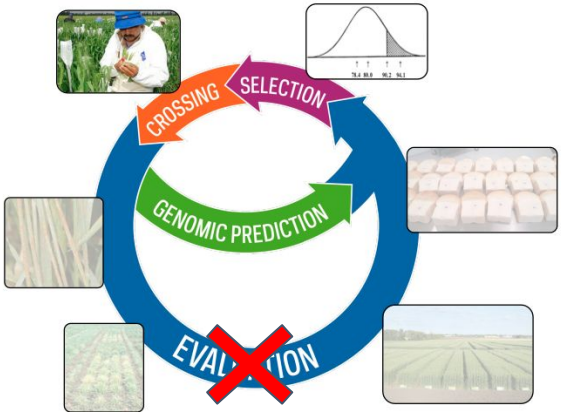
- Analogie avec la **sélection génomique** (basée sur des prédictions génomiques)

- Méthode de sélection basée sur des **prédictions phénomiques**

- **Phénome** (Spectres) => **empreinte** génétique

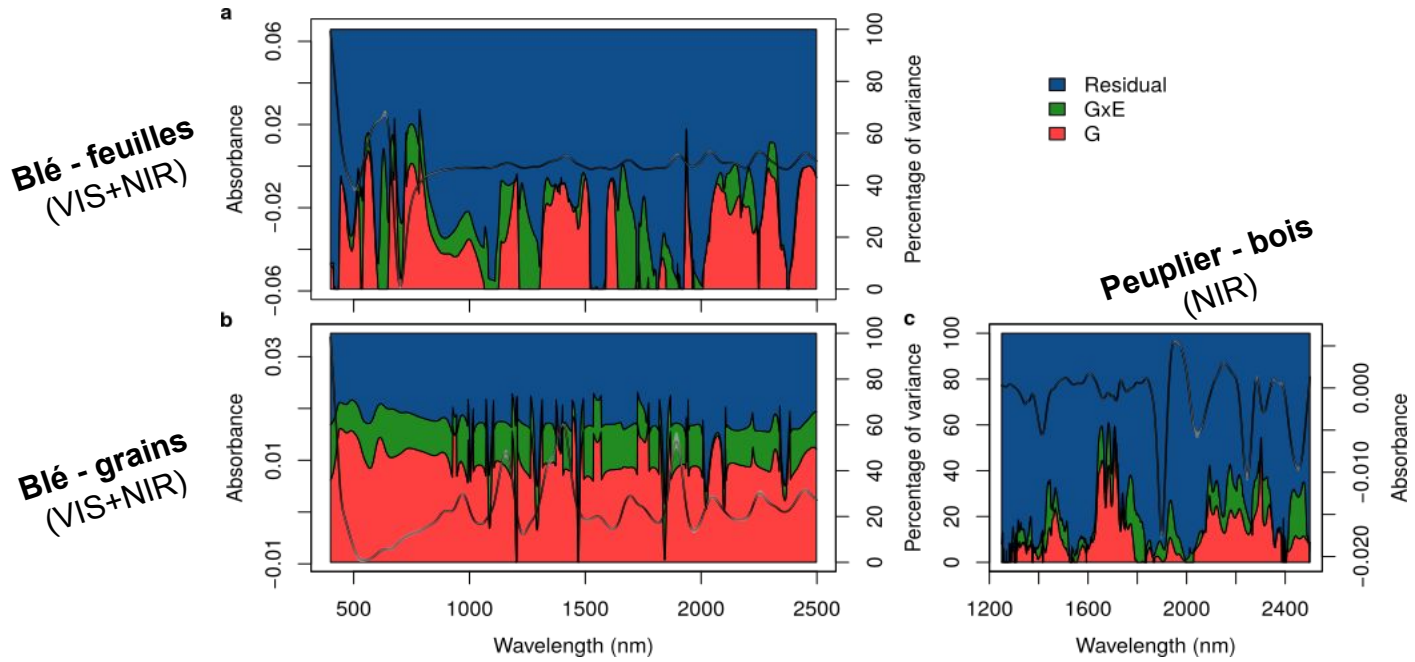
- Modèle de calibration **à l'échelle de la variété**

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\beta + \epsilon$$



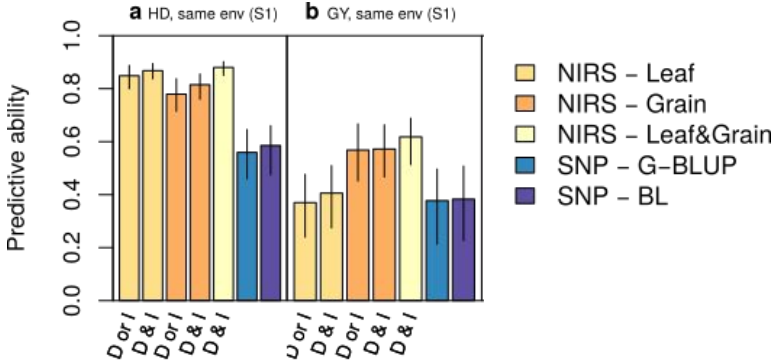
Preuve de concept (Rincent *et al.* 2018)

- Les spectres capturent de l'**information génétique** (**G** & **G×E**)



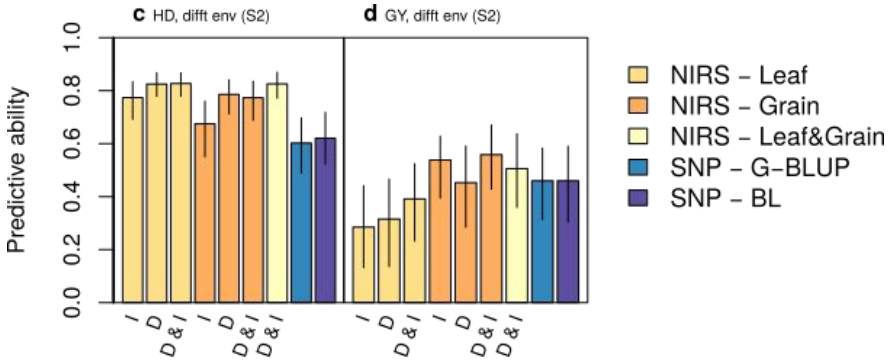
Preuve de concept (Rincent *et al.* 2018)

- Les spectres capturent de l'**information génétique** (**G** & **G×E**)
- Les spectres permettent de **prédire** des **caractères d'intérêt** avec une bonne précision (*/ prédiction génomique*)



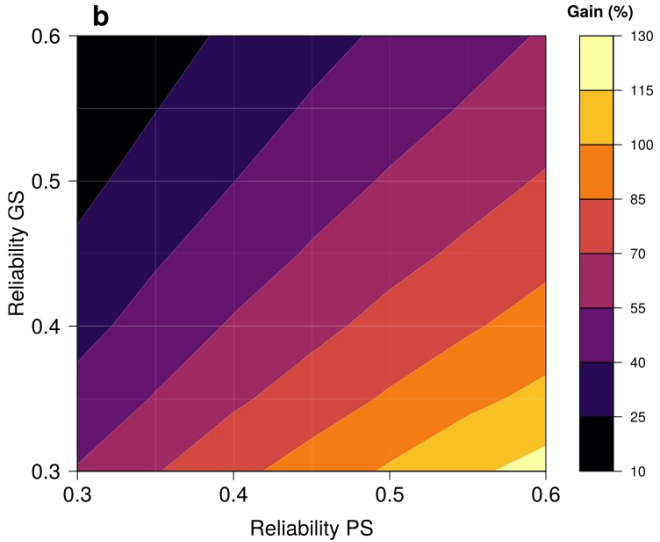
Preuve de concept (Rincent *et al.* 2018)

- Les spectres capturent de l'**information génétique** (**G** & **G×E**)
- Les spectres permettent de **prédire** des **caractères d'intérêt** avec une bonne précision (*/ prédiction génomique*)
- Il est possible de travailler à l'**échelle** de la **variété** => en entraînant un modèle avec des **spectres** d'**un environnement** et des **caractères** d'**un autre environnement**



Preuve de concept (Rincent *et al.* 2018)

- Même quand la **précision** de **prédiction phénomique** est **inférieure** à la **précision** de **prédiction génomique**, la **sélection phénomique** présente un **intérêt** car ça coûte **moins cher** !



Positionnement de la SP / applications de la NIRS dans un contexte breeding (autre que chimie)

(Robert *et al.* 2022)

Le spectre est un proxy du rendement

Le spectre est un trait secondaire

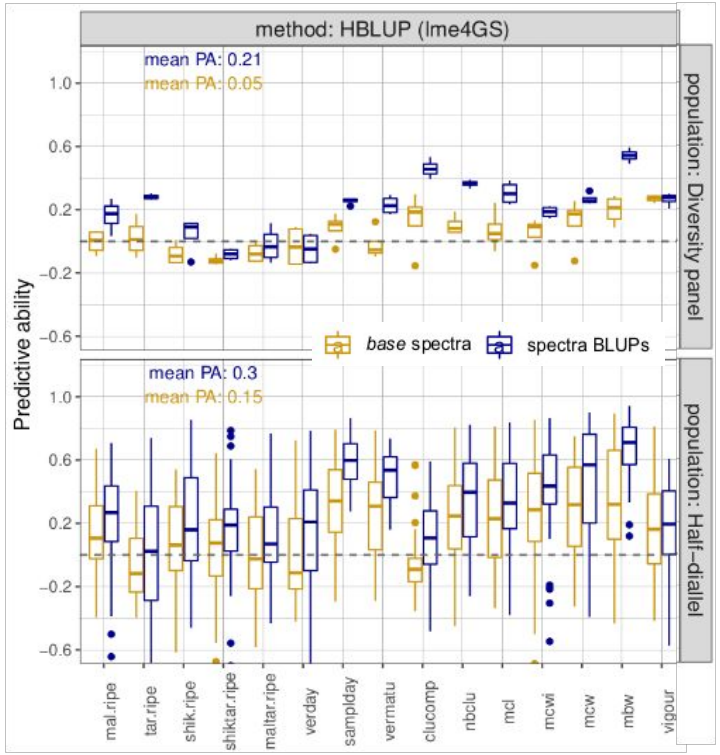
Sélection phénomique (S1) ***GxE***

GLOB (Genomic Like Omic Based) (S2) ~~***GxE***~~

Echelle de l'individu, du "plot"

Echelle de la variété, du génotype

Facteurs affectant la précision de prédiction phénomique
(1) Prétraitement des spectres



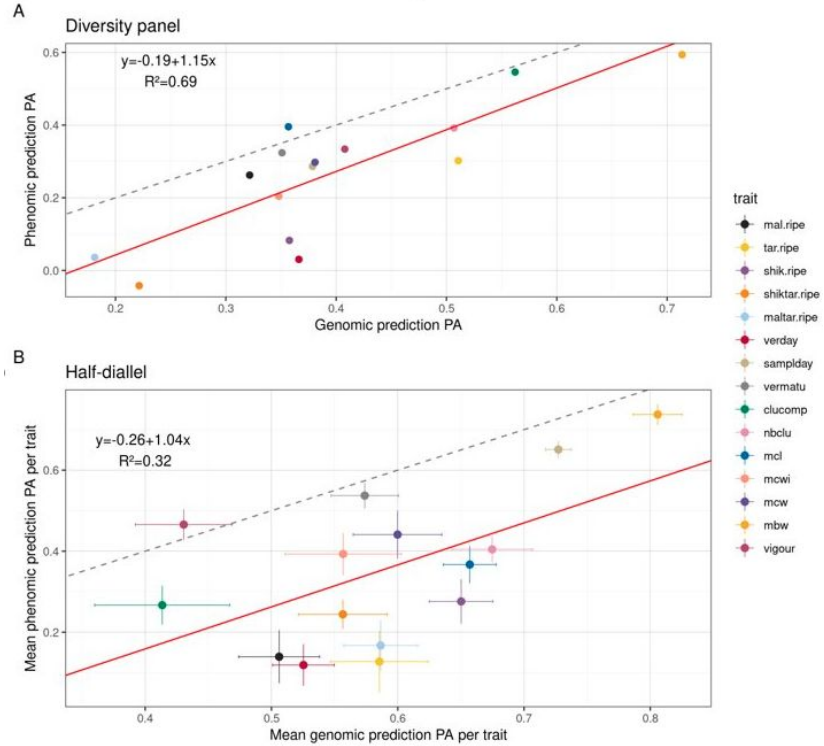
RESEARCH Open Access

Interest of phenomic prediction as an alternative to genomic prediction in grapevine

Charlotte Brault[1,2,3], Juliette Lazerges[1,2], Agnès Doligez[1,2], Miguel Thomas[1,2], Martin Ecarnot[1], Pierre Roumet[1], Yves Bertrand[1,2], Gilles Berger[1,2], Thierry Pons[1,2], Pierre François[1,2], Loïc Le Cunff[1,2,3], Patrice This[1,2] and Vincent Segura[1,2*]

- Ajustement d'un **modèle linéaire mixte** à chaque longueur d'onde
  - **Correction** d'**effets (micro-)environnementaux**
  - Estimation de **valeurs génotypiques** (BLUPs)

Facteurs affectant la précision de prédiction phénomique
(2) Corrélation entre précisions de prédiction



RESEARCH Open Access

Interest of phenomic prediction as an alternative to genomic prediction in grapevine

Charlotte Brault[1,2,3], Juliette Lazerges[1,2], Agnès Doligez[1,2], Miguel Thomas[1,2], Martin Ecarnot[1], Pierre Roumet[1], Yves Bertrand[1,2], Gilles Berger[1,2], Thierry Pons[1,2], Pierre François[1,2], Loïc Le Cunff[1,2,3], Patrice This[1,2] and Vincent Segura[1,2*]

- Les **précisions** de **prédiction** phénomique et génomique sont **corrélées**
- Il semble **pertinent** d'étudier les facteurs influençant la précision de prédiction génomique pour optimiser la précision de prédiction phénomique.

Facteurs affectant la précision de prédiction phénomique
(3) Architecture génétique des caractères

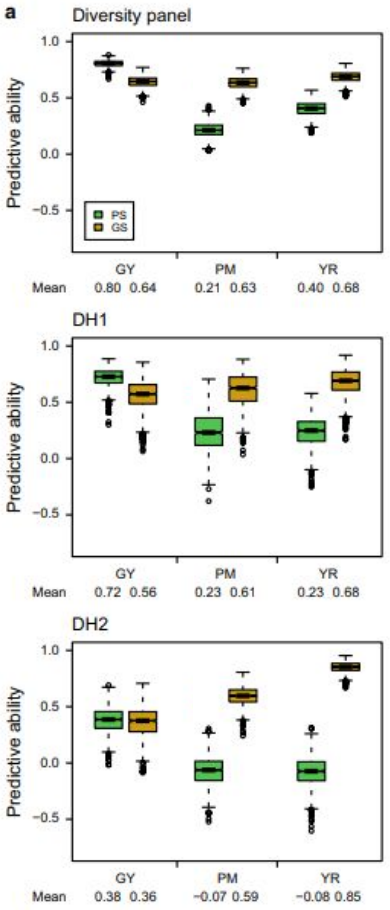
Theoretical and Applied Genetics (2022) 135:653–665
https://doi.org/10.1007/s00122-021-03997-7

The performance of phenomic selection depends on the genetic architecture of the target trait

Xintian Zhu[1,2] · Hans Peter Maurer[2] · Mario Jenz[2,3] · Volker Hahn[2] · Arno Ruckelshausen[3] · Willmar L. Leiser[2] · Tobias Würschum[1]

"We found that for traits with a **complex genetic architecture**, like grain yield, **phenomic prediction** … achieved **high predictive abilities** and **performed better than genomic prediction**."

"By contrast, for **mono- or oligogenic traits**, for example, yellow rust, **marker-based approaches achieved high predictive abilities**, while those of **phenomic prediction** were **very low**."



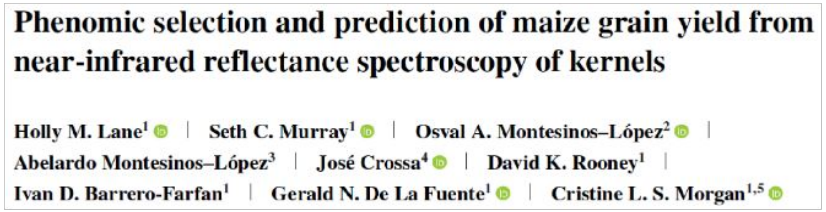
Facteurs affectant la précision de prédiction phénomique
(4) Distance génétique entre pop d'entraînement et de validation

OXFORD G3 Genes | Genomes | Genetics

G3, 2022, 12(3), jkab445
https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab445
Advance Access Publication Date: 17 January 2022
Investigation

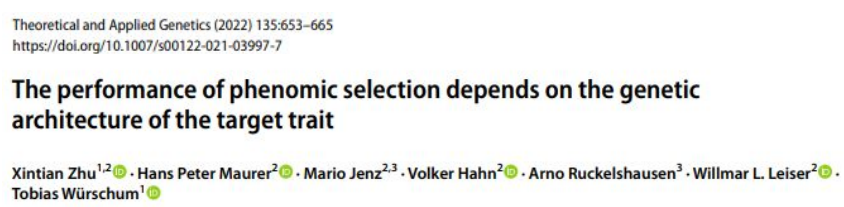
Unraveling the potential of phenomic selection within and among diverse breeding material of maize (*Zea mays* L.)

Thea Mi Weiß [1,2], Xintian Zhu [1,2], Willmar L. Leiser [1], Dongdong Li [3], Wenxin Liu [3], Wolfgang Schipprack [2], Albrecht E. Melchinger [2], Volker Hahn [1], and Tobias Würschum [2,*]



Phenomic selection and prediction of maize grain yield from near-infrared reflectance spectroscopy of kernels

Holly M. Lane[1] | Seth C. Murray[1] | Osval A. Montesinos–López[2] | Abelardo Montesinos–López[3] | José Crossa[4] | David K. Rooney[1] | Ivan D. Barrero-Farfan[1] | Gerald N. De La Fuente[1] | Cristine L. S. Morgan[1,5]



Theoretical and Applied Genetics (2022) 135:653–665
https://doi.org/10.1007/s00122-021-03997-7

The performance of phenomic selection depends on the genetic architecture of the target trait

Xintian Zhu[1,2] · Hans Peter Maurer[2] · Mario Jenz[2,3] · Volker Hahn[2] · Arno Ruckelshausen[3] · Willmar L. Leiser[2] · Tobias Würschum[1]

"phenomic selection was **less affected by population structure** and performed better than its genomic counterpart for predictions among **diverse groups of breeding material**"

"Our results found that NIRS data were a useful tool to predict maize grain yield and showed promising results for **evaluating genetically independent breeding populations**."

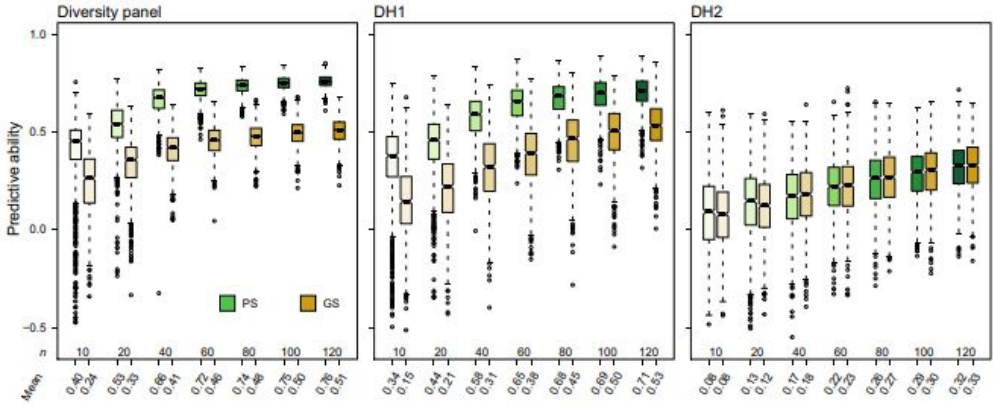
"Compared with molecular markers, the **predictive ability** obtained using **NIRS** data was **more robust to varying degrees of genetic relatedness** between the training and prediction set"

Facteurs affectant la précision de prédiction phénomique
(5) Taille de la population d'entraînement

Theoretical and Applied Genetics (2022) 135:653–665
https://doi.org/10.1007/s00122-021-03997-7

The performance of phenomic selection depends on the genetic architecture of the target trait

Xintian Zhu[1,2] · Hans Peter Maurer[2] · Mario Jenz[2,3] · Volker Hahn[2] · Arno Ruckelshausen[3] · Willmar L. Leiser[2] · Tobias Würschum[1]



"Moreover, for grain yield, **smaller training sets** were **required** to achieve a similar predictive ability **for phenomic prediction** than for genomic prediction."

Séminaire ASF

- 18-19 mars 2024, CIRAD, Monpellier
- 93 participants

Programme du séminaire

- ***Vincent Segura*** (INRAE) - Introduction au séminaire et à la sélection phénomique
- ***Pauline Robert*** (Secobra) - Application de la sélection phénomique à l'***orge*** d'hiver brassicole
- ***Marianne Laurençon*** (INRAE, IGEPP) - Prédictions génomiques et phénomiques pour améliorer la germination chez le ***colza***
- ***Virgilio Freitas*** (INRAE, GQE) - Prédiction Phénomique chez le ***pois*** de printemps, preuve de concept
- ***Christopher Sauvage*** (INRAE, GAFL) - Exploration du potentiel de la sélection phénomique chez l'***abricot***
- ***Renaud Rincent*** (INRAE, GQE) - La sélection phénomique pour les espèces hybrides - Preuve de concept sur le ***maïs***
- ***Hugues de Verdal*** (Cirad, AGAP) - Performance de la sélection phénomique chez le ***riz*** et le ***sorgho***. Effets de la structure, de la taille des populations et des interactions génétique – environnement sur les précisions de prédiction
- ***Christopher Sauvage*** (Syngenta) - Apport du machine learning et place potentielle de la sélection phénomique dans un schéma d'amélioration variétale. Exemple chez le ***colza*** d'hiver
- ***Joss Gillet*** (Hiphen) - Phénotypage digital au champ - De l'analyse haut-débit à la prédiction phénomique

Cahier des résumés & vidéos :

Visites : ARCAD, Serre Abiophen, PHIV, PPB

Questionnements / Discussions

- Acquisition des spectres : quel **tissus**, quel **spectro** ? ***in situ*** / au **labo** ? **Imagerie** hyperspectrale ?

- Intérêt de découper le spectre en **VIS** / **NIR** ? Intérêt d'utiliser le **MIR** ?

Questionnements / Discussions

- Acquisition des spectres : quel **tissus**, quel **spectro** ? ***in situ*** / au **labo** ? **Imagerie** hyperspectrale ?
- Intérêt de découper le spectre en **VIS** / **NIR** ? Intérêt d'utiliser le **MIR** ?
- **Pré-traitements** : lesquels ?

Questionnements / Discussions

- Acquisition des spectres : quel **tissus**, quel **spectro** ? ***in situ*** / au **labo** ? **Imagerie** hyperspectrale ?
- Intérêt de découper le spectre en **VIS** / **NIR** ? Intérêt d'utiliser le **MIR** ?
- **Pré-traitements** : lesquels ?
- **Modèles** : G-BLUP, Ridge-Regression, LASSO, PLS-R, machine learning ?
- Comment on combine **plusieurs informations**, e.g. phénomique + génomique ? (<=> **multi-block**)

Questionnements / Discussions

- Acquisition des spectres : quel **tissus**, quel **spectro** ? ***in situ*** / au **labo** ? **Imagerie** hyperspectrale ?
- Intérêt de découper le spectre en **VIS** / **NIR** ? Intérêt d'utiliser le **MIR** ?
- **Pré-traitements** : lesquels ?
- **Modèles** : G-BLUP, Ridge-Regression, LASSO, PLS-R, machine learning ?
- Comment on combine **plusieurs informations**, e.g. phénomique + génomique ? (<=> **multi-block**)
- Comment mieux **interpréter** les **spectres** et **prédictions** phénomiques ? Vers une utilisation des **loadings** / **coefs**. ?

Questionnements / Discussions

- Acquisition des spectres : quel **tissus**, quel **spectro** ? ***in situ*** / au **labo** ? **Imagerie** hyperspectrale ?
- Intérêt de découper le spectre en **VIS** / **NIR** ? Intérêt d'utiliser le **MIR** ?
- **Pré-traitements** : lesquels ?
- **Modèles** : G-BLUP, Ridge-Regression, LASSO, PLS-R, machine learning ?
- Comment on combine **plusieurs informations**, e.g. phénomique + génomique ? (<=> **multi-block**)
- Comment mieux **interpréter** les **spectres** et **prédictions** phénomiques ? Vers une utilisation des **loadings** / **coefs**. ?
- Comment distinguer **proxy** / **génétique** / **G×E** ?

Merci pour votre attention !