

Atelier de prédiction et sélection génomique

J. David & T. Flutre

10/02/2017

Abstract

Ce document présente les objectifs, les pré-requis et le programme de l'atelier de prédiction et sélection génomique. Cet atelier est destiné aux étudiants en spécialisation APIMET de Montpellier SupAgro et PIST d'AgroParisTech.

Contents

1	Date, lieu et contacts	1
2	Objectifs de l'atelier	1
3	Pré-requis	2
4	Equipement et configuration	2
5	Ressources en ligne	2

1 Date, lieu et contacts

- Du lundi 13 au vendredi 17 février 2017.
- Montpellier SupAgro, [bâtiment 18](#) (annexe de Mandon).
- [Jacques David](#) ([Montpellier SupAgro](#), [UMR AGAP](#), équipe [GE2POP](#)) et [Timothée Flutre](#) ([INRA](#), [UMR AGAP](#), équipe [DAAV](#)), avec l'aide de Gwendal Restoux et Philippe Brabant d'[AgroParisTech](#), et Friedrich Longin de l'[université d'Hohenheim](#).

2 Objectifs de l'atelier

Il vise à familiariser les étudiants avec la prédiction génomique de caractères quantitatifs et son utilisation dans les programmes de sélection. Il se déroule en trois étapes.

1. "Optimization of breeding schemes with genomic selection in R" par Friedrich Longin (Univ. Hohenheim)
 - Présentation (en anglais) de la théorie
 - Mise en pratique via des simulations de schémas de sélection
2. Les bases de la prédiction génomique
 - Simulation de données phénotypiques selon différentes architectures génétiques
 - Présentation des principales méthodes d'inférence des effets génétiques
 - Exploration de la qualité des prédictions en fonction de paramètres tels que la structure du matériel végétal, la densité de génotypage, etc.
3. "Jouez au sélectionneur !"
 - Constitution d'équipes de sélection
 - Elaboration d'une stratégie de sélection mêlant essais au champ, génotypage et prédiction

- Réalisation du schéma de sélection sur une succession de plusieurs années simulant la temporalité d'un véritable programme de sélection
- Mise en commun, examen des résultats et comparaison des stratégies

3 Pré-requis

Les étudiants doivent avoir révisé assez sérieusement les notions suivantes.

1. Les bases de la génétique quantitative
 - 1.1. Notion d'héritabilité
 - 1.2. Décomposition de la variance
 - 1.3. Effets additifs d'un allèle, modèle bi-allélique de Fisher
 - 1.4. Prédiction de l'effet additif par la régression du nombre d'allèles favorables
 - 1.5. Covariance entre apparentés et construction d'une matrice de simple apparentement
2. Les outils statistiques suivants
 - 2.1 Modèle linéaire mixte (à effets fixes et aléatoires)
 - 2.2 Estimation des composantes de la variance par le modèle mixte
 - 2.3 Utilisation des matrices d'apparentement dans le modèle mixte
3. Avoir revu les TPs
 - 3.1 Estimation des composantes de la variance
 - 3.2 Génétique d'association
 - 3.3 Prédiction génomique
4. Logiciel R
 - 4.1 Bases de la programmation en R
 - 4.2 Boucles et stockage de valeurs dans un objet
 - 4.3 Ecriture d'une fonction
 - 4.4 Ecriture de rapports au format Rmd

4 Equipement et configuration

Les étudiants doivent venir chacun avec leur ordinateur portable avec la configuration suivante:

1. système d'exploitation Windows, Mac ou Linux;
2. logiciels R (version ≥ 3) et RStudio (version ≥ 1), et au moins les paquets suivants:
 - [selection](#): pour la prédiction du gain génétique;
 - [knitr](#), [rmarkdown](#): pour les rapports dynamiques;
 - [MASS](#): pour les simulations multivariées;
 - [QTLRel](#), [qqman](#): pour la génétique d'association;
 - [rrBLUP](#), [BGLR](#): pour la prédiction génomique.

5 Ressources en ligne

Ce document, ainsi que les autres nécessaires à la réalisation de l'atelier, se trouve à l'adresse suivante: <https://github.com/timflutre/atelier-prediction-genomique>. Le copyright appartient à Montpellier SupAgro et à l'Institut National de la Recherche Agronomique. Le contenu du répertoire est sous license [Creative](#)

[Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International](#). Veuillez en prendre connaissance et vous y conformer (contactez les auteurs en cas de doute).