

Atelier de prédiction et sélection génomique

J. David & T. Flutre

15/01/2016

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. Il accueille en 2016 des étudiants de la spécialisation PIST d'Agro Paris Tech.

Contents

1	Date, lieu et contacts	1
2	Objectifs de l'atelier	1
3	Pré-requis	2
4	Equipement et configuration	3
5	Ressources en ligne	3
6	Programme de la semaine	3
7	Fin de l'atelier	4

1 Date, lieu et contacts

- Du 15 au 19 février 2016.
- Montpellier SupAgro, bâtiment 18, annexe de Mandon
- [Jacques David](#) (Montpellier SupAgro, UMR AGAP) et [Timothée Flutre](#) (INRA, UMR AGAP)

2 Objectifs de l'atelier

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

1. Les bases de la prédiction génomique

- 1.1. Simulation de données génétiques et phénotypiques selon différentes architectures de traits
- 1.2. Présentation des principales méthodes d'inférence des effets génétiques
- 1.3. Exploration de la qualité des prédictions en fonction de paramètres tels que la structure du matériel, la densité du marquage, la qualité des jeux de données, etc..

2. Un Journal Club

- 2.1. Des articles sont distribués en début d'atelier
- 2.2. Lecture personnelle & préparation des présentations
- 2.3. Présentation & discussions partagées

3. Simulation d'un cycle de sélection

- 3.1. Constitution d'équipes de sélection
- 3.2. Elaboration d'une stratégie de sélection mêlant essais et génotypage
- 3.3. Réalisation du schéma de sélection sur une succession de 8 périodes simulant la temporalité d'un véritable programme de sélection
- 3.4. Mise en commun et examen des résultats. Comparaison des stratégies

3 Pré-requis

Les étudiants doivent avoir révisé assez sérieusement.

1. Les bases de la génétique quantitative

- 1.1. Notions 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 favorable
- 1.5. Covariances entre apparentés et construction d'une matrice de simple apparentement

2. Les outils statistiques suivants

- 2.1 Le modèle à effet aléatoire
- 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. R

- 4.1 Bases de la programmation en R
- 4.2 Ecriture d'une fonction
- 4.3 Boucles & stockage de valeurs dans un objet
- 4.4 Ecriture de Rmd

Afin de vérifier que ces pré-requis ont été révisés, un petit QCM sera distribué en début d'atelier. Il servira pour une partie de la note de l'atelier.

4 Equipement et configuration

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

1. système d'exploitation Windows, Mac ou Linux
2. R

A détailler

5 Ressources en ligne

Ce document ainsi que les autres documents nécessaires à la réalisation des travaux se trouve à l'adresse suivante : <https://github.com/timflutre/atelier-prediction-genomique>.

6 Programme de la semaine

6.1 Lundi

6.1.1 9h00 - 12h00

6.1.2 14h00 - 17h00

6.2 Mardi

6.2.1 9h00 - 12h00

6.2.2 14h00 - 17h00

6.3 Mercredi

6.3.1 9h00 - 12h00

Lecture libre individuel ou par groupe. Les articles sont les suivants

1. Visscher et al, Commentary.
2. Un article sur la manière d'optimiser la répartition des ressources pour un progrès maximal par unité de temps
 - Riedelsheimer C & Melchinger AE (2013) Optimizing the allocation of resources for genomic selection in one breeding cycle. TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik 126(11):2835-2848.

Des références pouvant être utile dans les réflexions stratégiques pour l'élaboration du schéma de sélection

4. Une présentation des différentes méthodes d'inférence des paramètres

- Heslot N, Yang H-P, Sorrells ME, & Jannink J-L (2012) Genomic Selection in Plant Breeding: A Comparison of Models. Crop Science 52(1).

5. Une revue

- Xu Y, et al. (2012) Whole-genome strategies for marker-assisted plant breeding. Molecular Breeding 29(4):833-854.

6. Les bonnes pratiques et les bons paramètres à suivre dans un programme de GS

- Daetwyler HD, Calus MP, Pong-Wong R, de Los Campos G, & Hickey JM (2013) Genomic prediction in animals and plants: simulation of data, validation, reporting, and benchmarking. Genetics 193(2):347-365. <http://www.genetics.org/lens/genetics/193/2/347#toc>

Il est encouragé que tous les étudiants aient lu au moins le résumé des deux articles qu'ils n'ont pas à étudier

6.3.2 14h00 - 17h00

Discussion des articles après présentation de chacun des groupes

6.4 Jeudi

6.4.1 9h00 - 12h00

1. Présentation de l'exercice de sélection
2. Constitution des équipes : 3 étudiants par groupe
3. Réflexions stratégiques intra groupe

6.4.2 14h00 - 17h00

- Lancement de l'exercice
- Toutes les heures les équipes viennent soumettre leur propositions aux animateurs et reçoivent une heure plus tard leur nouveaux génotypes & les données demandées

6.5 Vendredi

6.5.1 9h00 - 12h00

Le processus de sélection continue avec un pas horaire

6.5.2 13h30 - 16h00

- Les animateurs délivrent les résultats : meilleure variété & meilleur matériel
- Discussions croisées sur les différentes stratégies suivies

7 Fin de l'atelier

Discussion sur les acquis réalisés durant l'atelier et sur les améliorations à apporter.