

Un nouvel outil pour la sélection génétique de deux espèces d'esturgeons polyploïdes (*Acipenser baerii* et *Acipenser gueldenstaedtii*) : un panel de marqueurs SNPs pour la reconstitution du pedigree

8^{èmes} Journées de la Recherche Filière Piscicole
Rennes – 03/07/2024



Contexte de l'étude

Les programmes de sélection génétique nécessitent la connaissance de la généalogie des individus



Mais il n'est pas possible de les tracer individuellement dès l'éclosion

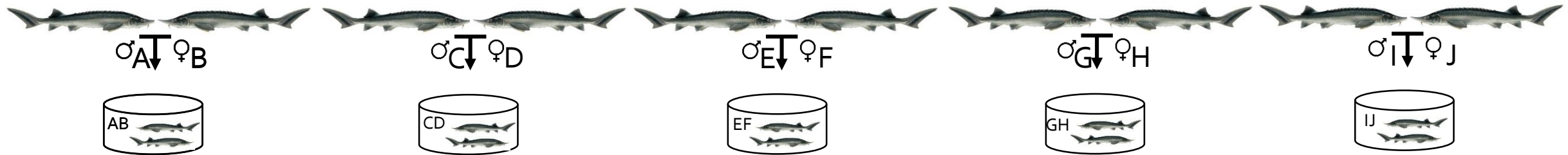


Larve d'esturgeon sibérien 2 jour après l'éclosion ≈ 1 cm

Contexte de l'étude

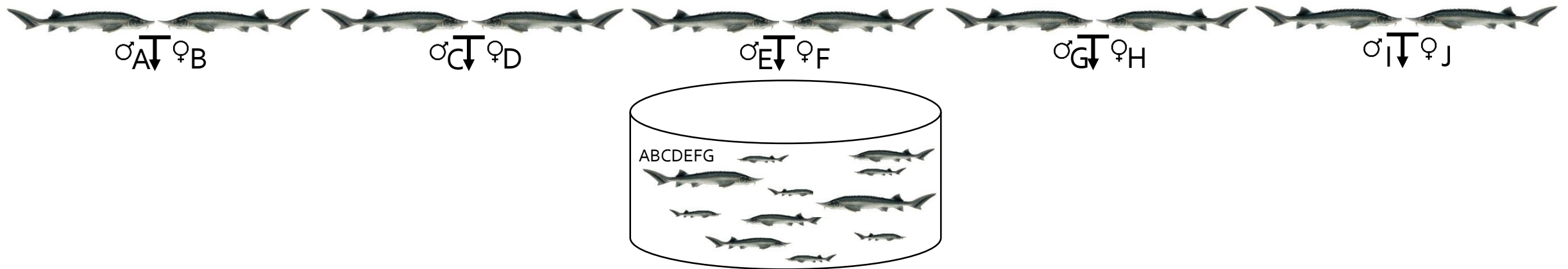
2 grandes options pour contourner cette difficulté :

Fécondation artificielle et élevage en FAMILLES SEPARÉES :



IL FAUT DES BASSINS

Fécondation artificielle et élevage en FAMILLES MÉLANGÉES :



IL FAUT DE L'ADN

Contexte de l'étude

L'ADN (à partir d'un bout de nageoire) permet d'identifier les parents des individus



Bureau des Ressources
Génétiques

APACHE (2009-2010)
Kviar (2013-2015)



EVOLUTION DES TECHNIQUES DE GENOTYPAGE

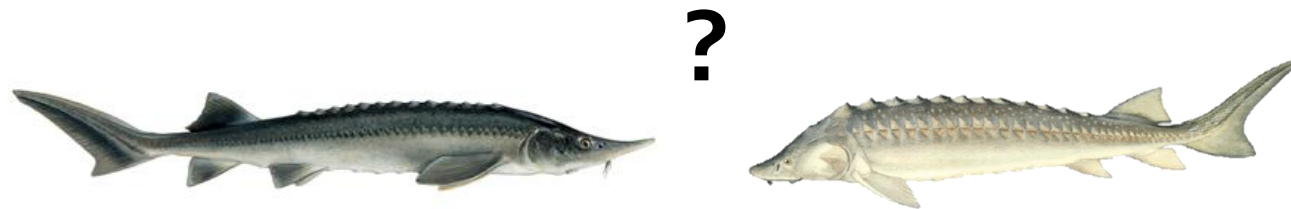
Marqueurs SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*)

Complètement automatisé

Moins onéreux

Marqueurs microsatellites pour assignation à parenté

Les marqueurs SNP



Développer les ressources génomiques

Séquencer et reséquencer
des génomes



Cartographier les
séquences sur des génomes
de référence

Identifier des marqueurs
SNP

Projet FEAMP S'STURGEON
(2018-2023)



Localiser les SNP diploïdes
Identifier les SNP respectant
les contraintes de fabrication
de la puce

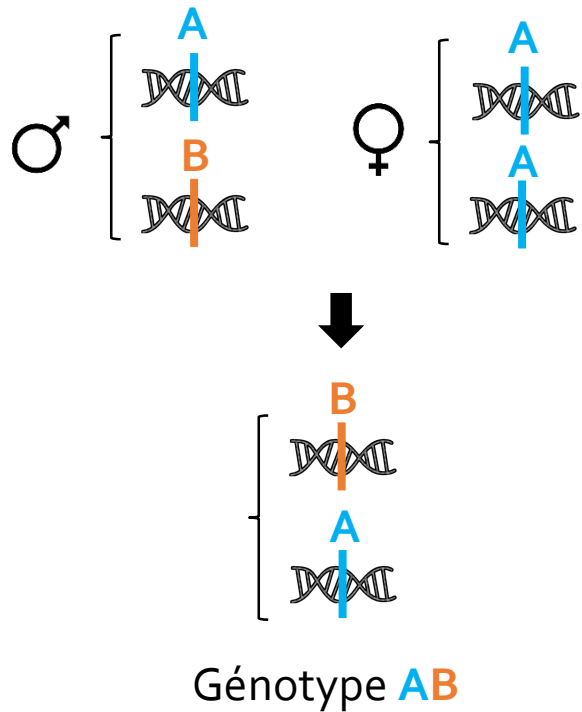
Evaluer l'efficacité de
la puce

Vérifier que les SNP
permettent
l'assignation à parenté

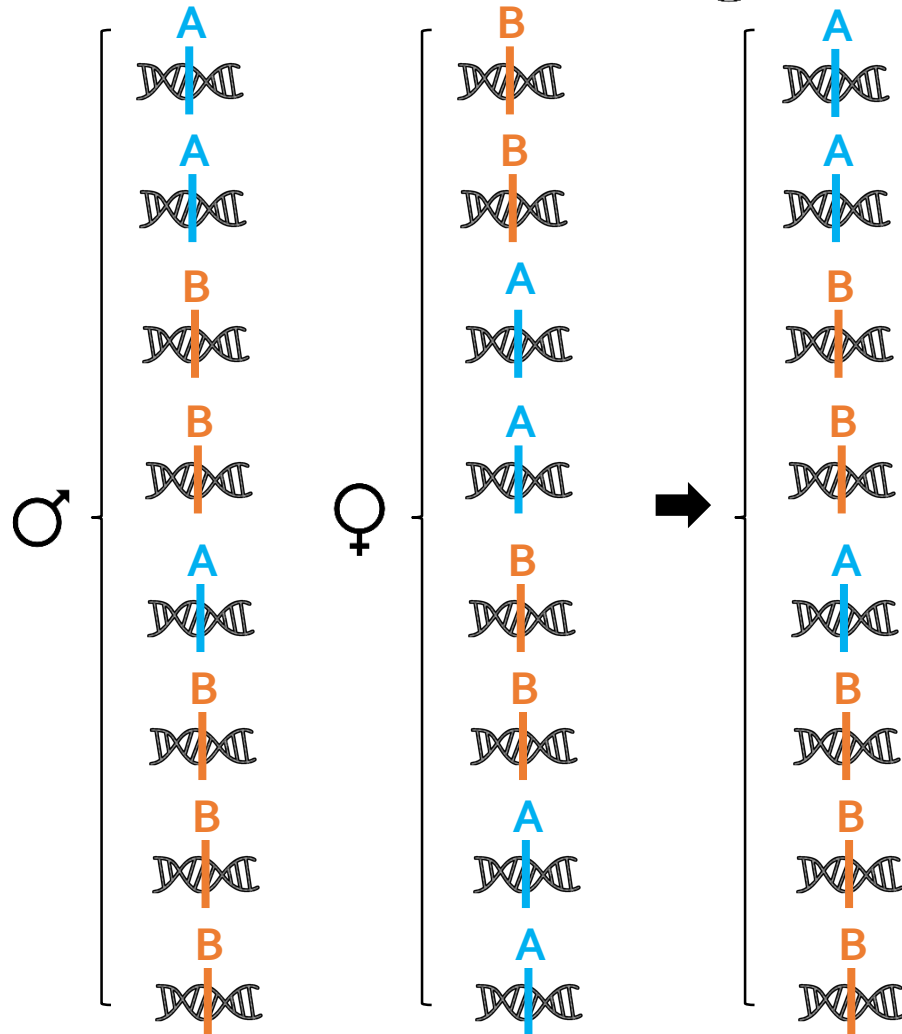
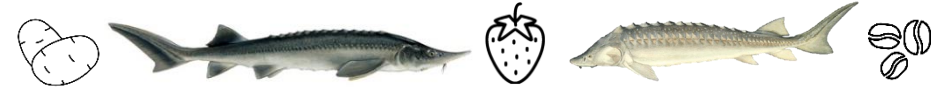
C'est une 1^{ère} chez un animal octoploïde et à l'échelle mondiale !

L'obstacle de la polyploïdie

Pour les organismes diploïdes



Pour les organismes octoploïdes



Génotype **AAABBBBB**

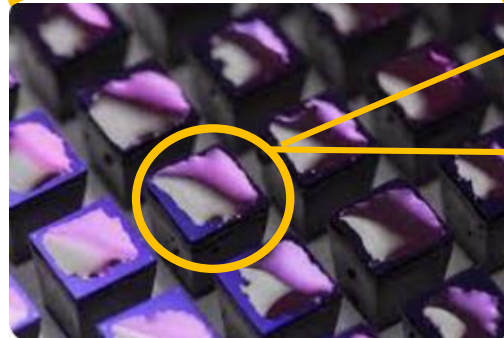
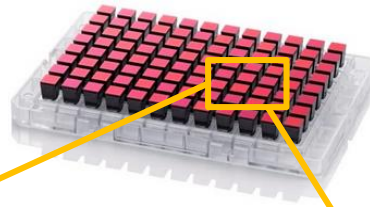
Écueil technologique

Génotype **AB**

*on recherche des marqueurs à
comportement diploïde*

Développement d'un outil de génotypage

S'STURGEON



600 000 SNPs (puce 600K)

313 751 SNPs



301 699 SNPs



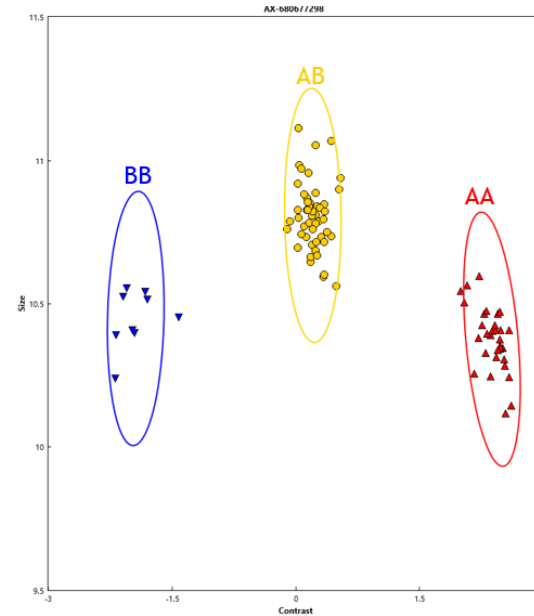
GENTYANE
PLATE-FORME de
GÉNOTYPAGE et SÉQUENÇAGE en AUVERGNE


STURGEON

Des données de puce au panel d'assignation

OBJECTIF :

Disposer de marqueurs SNP qui ressemblent à ça →



Génotypage sur
puce 600 K
(parents et descendants)



3 familles *baerii* (élevage séparé)
4 familles *gueldenstaedtii* (élevage séparé)
280 *gueldenstaedtii* (élevage mélangé des familles)

480
individus



- ✓ 93,5% d'individus conservés
- ✓ 84,2% d'individus conservés

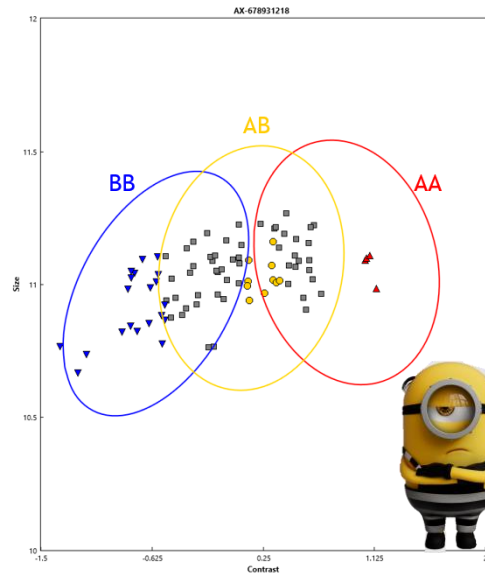


La couverture de génotypage était insuffisante
pour les individus éliminés

Des données de puce au panel d'assignation

ON ELIMINE

25-28% de SNP mal génotypés



ON GARDE

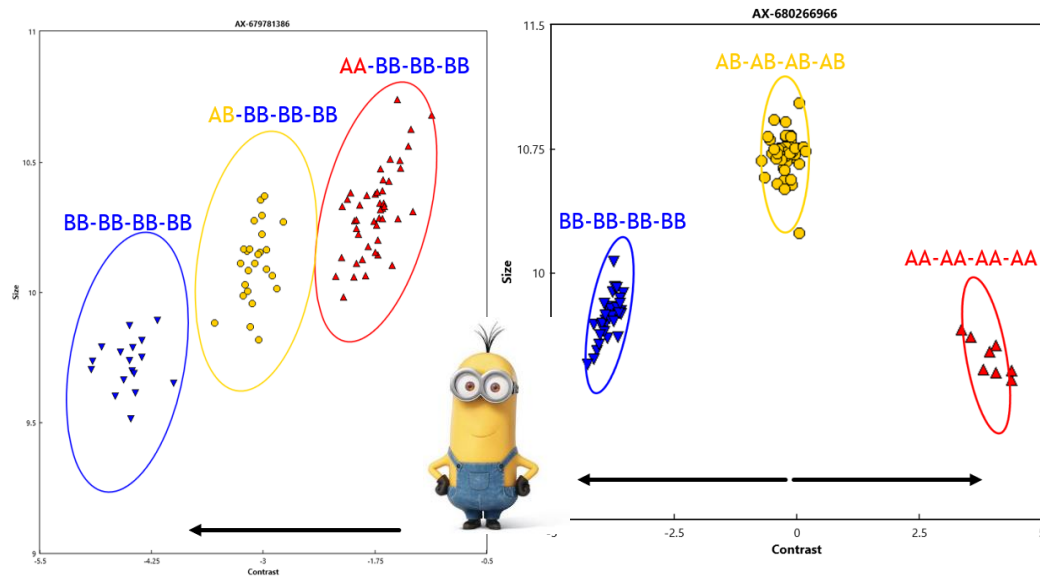
- ✓ 22,4% de SNPs (« *PolyHighResolution* »)
- ✓ 20,1% de SNPs (« *PolyHighResolution* »)



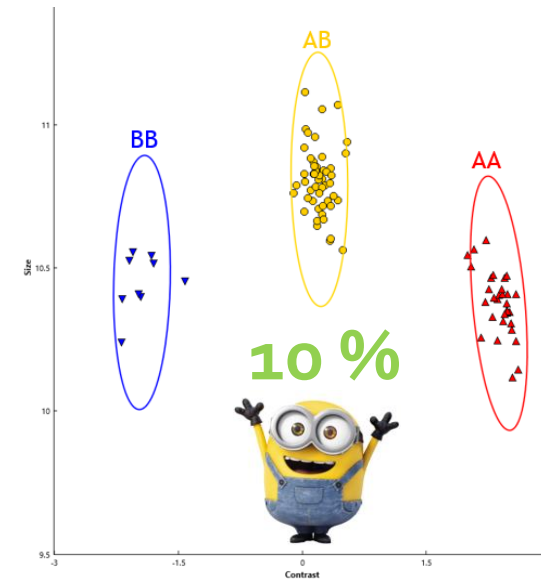
Des données de puce au panel d'assignation

PARMI LES SNPs CONSERVES

SNP au comportement tétraploïde



SNP à comportement diploïde



Sélection des SNP pour assignation à parenté

Filtres manuels

- ✓ 1736 SNPs conservés
- ✓ 1095 SNPs conservés
comportement diploïde



Filtre des erreurs mendéliennes sur familles connues

- ✓ 1674 SNPs conservés
- ✓ 561 SNPs conservés
pour l'assignation



100% d'assignation ← Validation avec les familles
séparées



Validation avec les familles mélangées → 73,6% d'assignation



Hypothèses :

Nombre de marqueurs insuffisants pour distinguer des familles plus nombreuses et « connectées (cf. demi-frères) ?
Problème de traçabilité terrain ?

Conclusions - Perspectives

ASSIGNATION A PARENTE

- ✓ 1538 SNPs
- ✓ 975 SNPs



Panel AgriSeq bi-espèces



SELECTION GENOMIQUE

- ✓ **Sélest'** accepté (appel à projet FEAMPA National)
- ré-analyses des séquences et des génotypes 600K
 - identification de 140K SNPs utilisables pour la sélection génomique
 - puce de génotypage en moyenne densité ($\approx 70K$)
- Phénotypage et génotypage de nouvelles cohortes de *baerii* et *guelden*
- Contrôles qualité sur les génotypes
- Assignment à parenté, estimation des paramètres génétiques
- Comparaison des évaluations génétiques et génomiques ➡

Rendez-vous aux prochaines JRFP pour les résultats !

7,2 milliards de paires de bases

600 000 SNPs

24 000 SNPs diploïdes

2 500 SNPs pour
l'assignation « en routine »



INRAE

STURGEON



MERCI pour votre attention

Des questions ?



" HONESTLY, ANNE, I FELL FOR
YOU BEFORE I'D EVER EVEN HEARD ABOUT CAVIAR. "