Des milliers de marqueurs pour la sélection des variétés de demain

Les programmes de sélection de nouvelles variétés assistés par marqueurs nécessitent l'utilisation d'un grand nombre de marqueurs moléculaires. Les 17 et 18 novembre 2016, un séminaire de la section « Outils moléculaires en appui à la création variétale » de [l'Association des Sélectionneurs Français](#), animée par [Vegenov](#), a été organisé à l'INRA de Toulouse. Deux demi-journées ont permis de faire un point sur les techniques de GBS et leur utilisation concrète dans le cadre de projets de sélection végétale.

Génotypage par séquençage (GBS) ou Génotypage Nouvelle Génération (NGG)

Cet outil en plein essor est basé sur l'utilisation de nouvelles technologies de séquençage (NGS). Il permet de générer des dizaines de milliers de SNP notamment chez des espèces végétales à gros génomes ou chez celles pour lesquelles il n'existe pas de génome de référence séquencé.

Ces nouvelles techniques seront développées lors d'un prochain billet.

Les points forts du séminaire

Cette rencontre a rassemblé une cinquantaine de personnes, de la recherche académique et de laboratoires de marquage moléculaire au sein d'entreprises de sélection.

Lors de la première demi-journée, trois intervenants nous ont présenté différentes approches de génotypage nouvelle génération et leur utilisation chez des espèces végétales cultivées :

- Pierre Mournet ([Cirad, UMR AGAP, plateforme de séquençage](#)) a présenté le principe du GBS par réduction enzymatique et son application chez des espèces annuelles et pérennes (sorgho et citrus) ;
- Ensuite Gilles Boutet ([INRA, IGEPP, équipe Résistance et Adaptation](#)) a présenté une stratégie originale de génotypage par séquençage faible couverture d'ADN génomique total chez le pois pour le développement, le génotypage et la cartographie génétique de dizaines de milliers de SNP ;
- Enfin, Olivier Garsmeur ([Cirad, UMR AGAP, équipe Structure et Evolution des Génomes](#)) nous a présenté une approche de GBS sur canne à sucre, une espèce végétale polyploïde et à fort niveau d'hétérozygotie.

Au cours de la 2nde demi-journée, nous avons pu visiter le [CNRGV \(Centre National de Ressources Génomiques Végétales\)](#) avec Hélène Bergès et Arnaud Bellec, ainsi que la [plateforme GeT-PlaGe](#) (Génome et Transcriptome) avec Clémence Genthon et découvrir notamment le PacBio RSII, un séquenceur 3^{ème} génération !

Ce séminaire a été l'occasion d'échanges et de discussions très intéressantes, notamment de partage d'expériences quant à l'utilisation de ces approches de séquençage pour le développement de marqueurs chez des espèces végétales à gros génomes ou orphelines. Des collaborations public-privé devraient également voir le jour à l'issue de ces échanges.

Il fait suite au [1er organisé en 2014](#) à l'INRA de Clermont Ferrand.

Crédits photos :

Fond d'ADN © Ssilver - 123rf.com

Séminaire ASF © Vegenov