



iteipmai



GENOPARFUM

Création de ressources moléculaires pour l'amélioration
de la lavande (*L. angustifolia*)

2015-2017



CASDAR

Berline Fopa Fomeju

La lavande, espèce orpheline

Peu d'information sur la génétique et le génome :

- Génome diploïde d'environ 1 gigabase (*Iteipmai 2014*)
- Quelques données moléculaires disponibles



Database name	Subtree links	Direct links
Nucleotide	192	1
Nucleotide EST	22	-
Protein	163	-
Popset	27	25
PubMed Central	219	219
Bio Sample	3	-
Taxonomy	41	1

La lavande, espèce orpheline

Peu d'information sur la génétique et le génome :

- Génome diploïde d'environ 1 gigabase (*Iteipmai 2014*)
- Quelques données moléculaires disponibles
- Sélection massale (variétés clonales)
- Dépérissement de la lavande



La lavande, espèce orpheline

Peu d'information sur la génétique et le génome :

- Génome diploïde d'environ 1 gigabase (*Iteipmai 2014*)
- Quelques données moléculaires disponibles
- Sélection massale (variétés clonales)
- Dépérissement => développer de nouvelles stratégies de sélection

 Sélection assistée par marqueurs

Objectifs

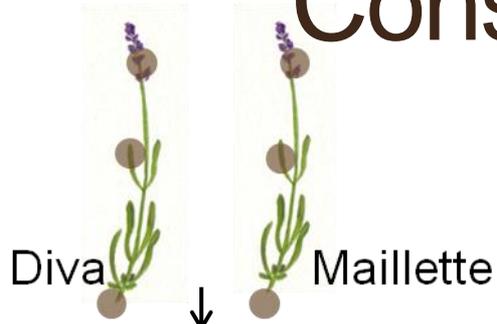
GenoParfum : développer des ressources moléculaires pour la lavande

Catalogue de séquences de gènes de lavande fine

Plusieurs milliers de marqueurs moléculaires (SNP)

Données de diversité génétique du matériel étudié

Construction séquences lavande



Extraction ARNm

Librairies + Séquençage
HiSeq2500 2*150 pb

Filtre reads séquençage
(*qualité, taille*)

Assemblage de novo RNAseq

Validation des séquences
assemblées

unigenes

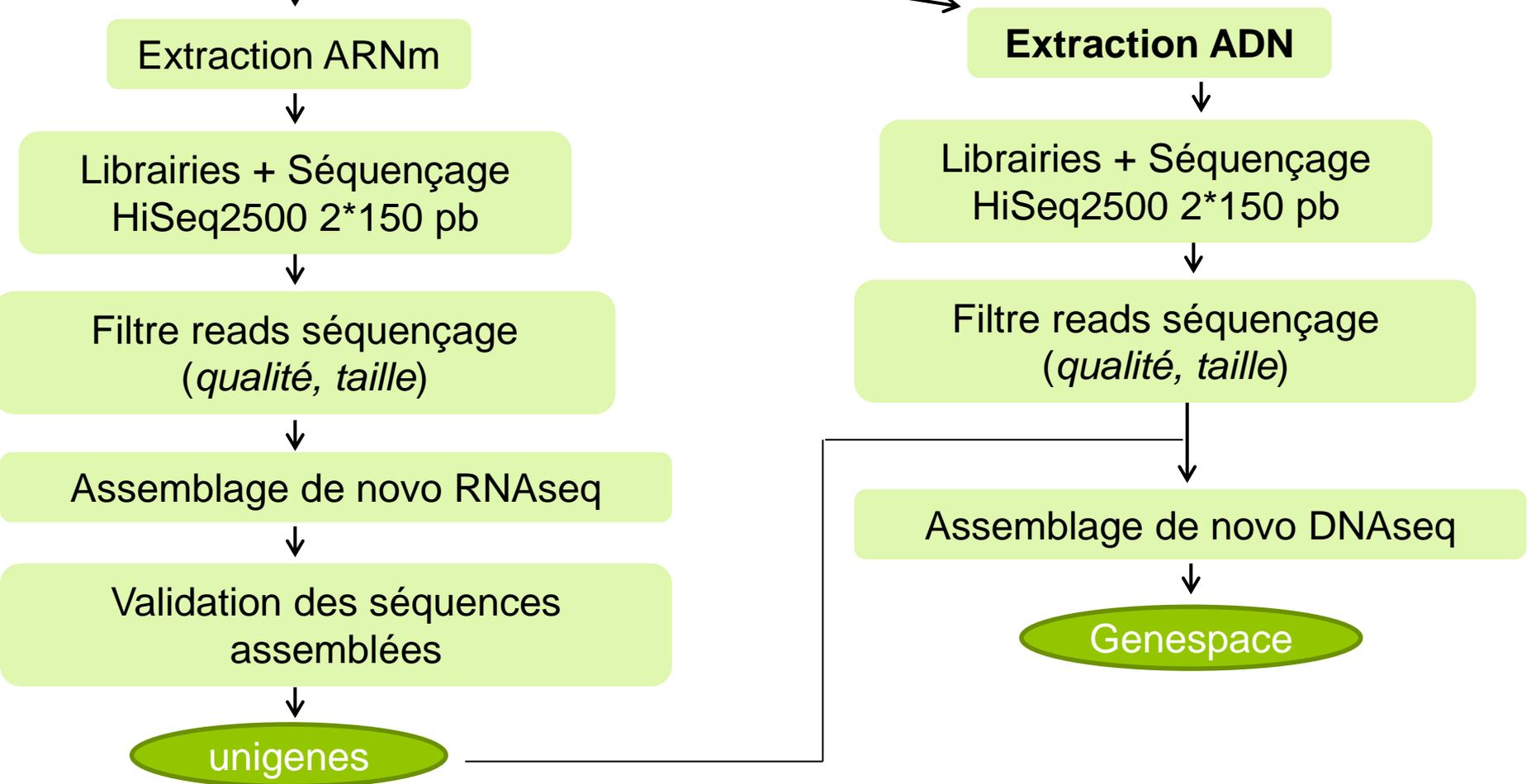
Extraction ADN

Librairies + Séquençage
HiSeq2500 2*150 pb

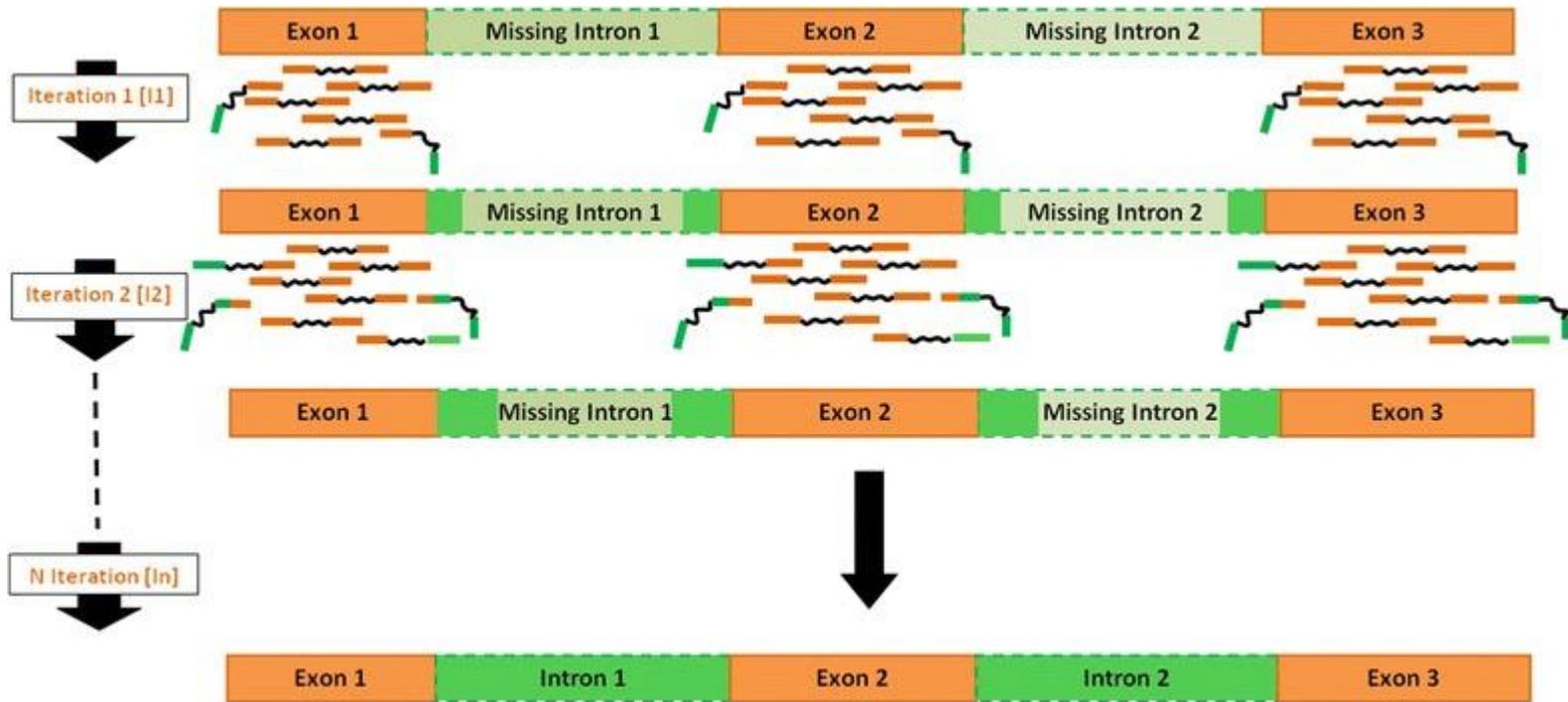
Filtre reads séquençage
(*qualité, taille*)

Assemblage de novo DNAseq

Genespace



Construction séquences lavande



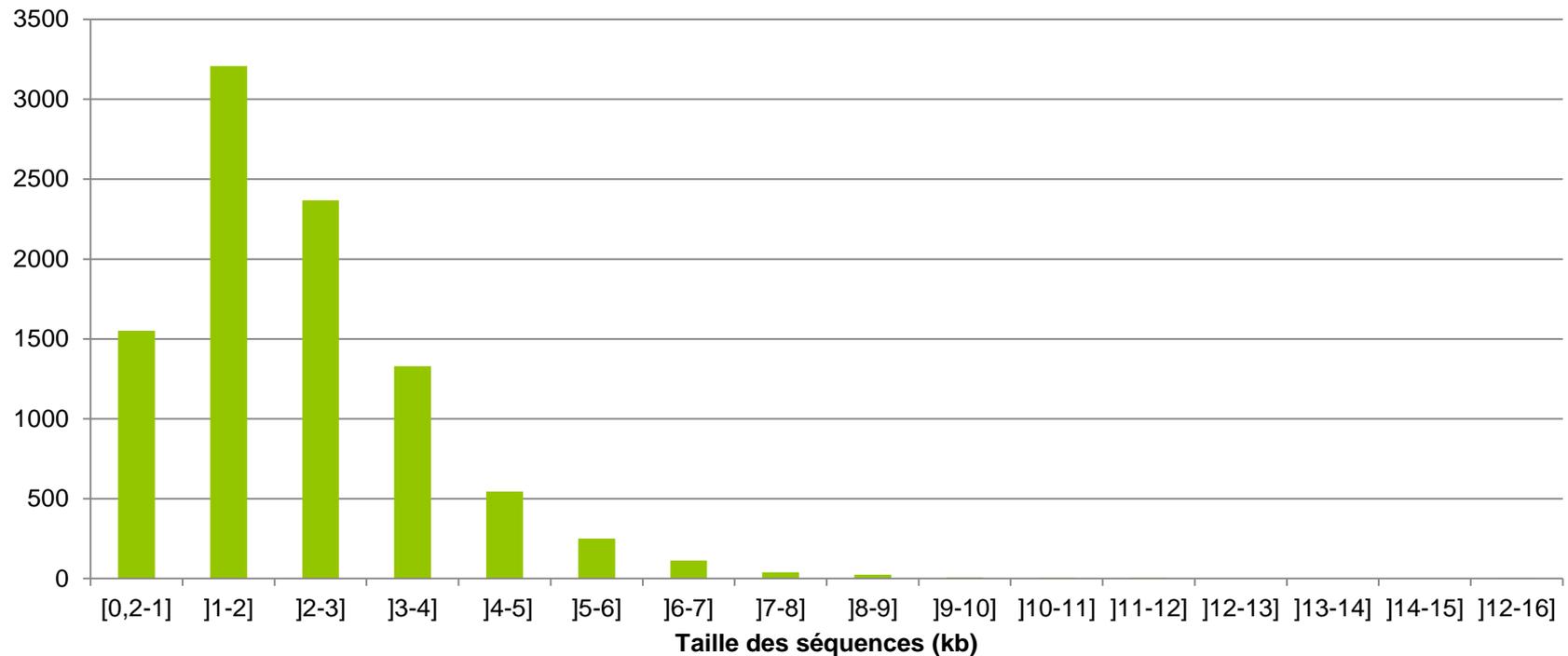
Construction séquences lavande

	Diva	Maillette
PE reads	62 430 893	66 107 230
Nb séquences assemblées	110 317	171 189
Nb de séquences homologues à des séquences connues	47 894 (42%)	65 375 (38%)
Nb séquences validées (>70%)	8 714	10 060

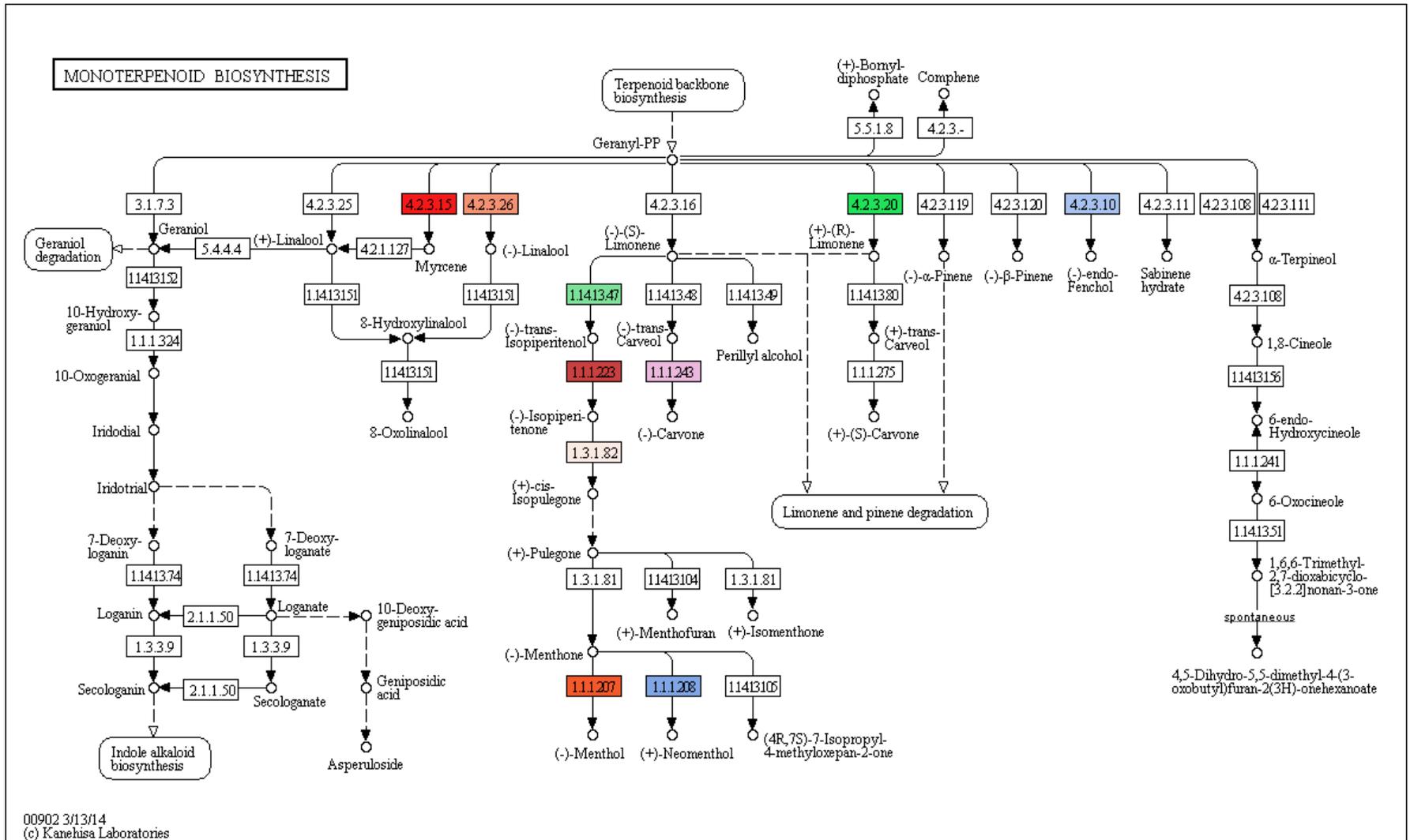
7928 séquences communes

Construction séquences lavande

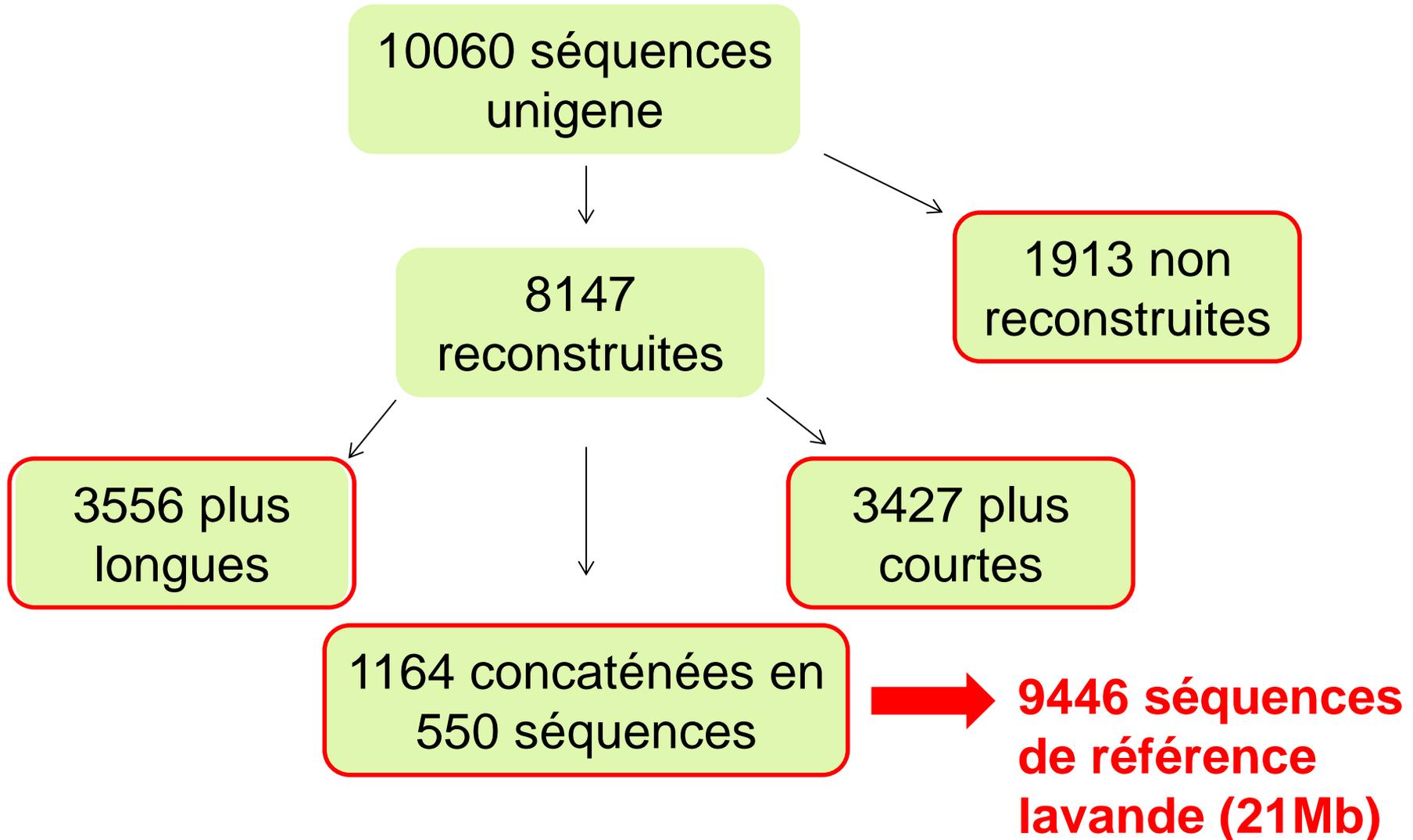
Distribution de la taille des séquences de référence



Construction séquences lavande



Construction séquences lavande



Objectifs

GenoParfum : développer des ressources moléculaires pour la lavande

Catalogue de séquences de gènes de lavande fine et lavandin

Détection de polymorphisme (SNP)

Données de diversité génétique du matériel étudié

Détection des SNP



15 cultivars lavande



Extraction ADN feuilles



Librairies + Séquençage
HiSeq2500 2*150 pb



Filtre reads séquençage
(*qualité, taille*)

C15.50

B6

5.90

Maillette

Ruffinato

Diva

Gabelle

YC77

Frisee

FC28

Barthee

77.13

B7

Matheronne

Francine

Détection des SNP

15 cultivars lavande



Extraction ADN feuilles



Librairies + Séquençage
HiSeq2500 2*150 pb



Filtre reads séquençage
(*qualité, taille*)



Mapping sur séquences référence
lavande



Détection
polymorphisme

REF

AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/

Cv. 1

AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
TATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
TCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/

Cv. 2

AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
CCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/

Cv. 3

AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
CATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
TTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
ATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/

Cv. 4

AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
ACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
CGTCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
AGTATAGACTTCATCCGTCGCCATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/
CATTATTTATATTACAATGGGTCGGATGCGGAGATTAAGATAATGAGTGTAAAGACAT/

Détection des SNP

Cultivar	Nb PE reads	Profondeur moyenne	Nb SNP détectés (filtrés)
Maillette	254 544 038	38X	139 866
C15.50	106 240 042	16X	158 498
B6	89 105 430	13X	153 870
5.90	75 616 676	11X	147 063
Ruffinato	67 452 366	10X	142 508
Diva	65 151 226	10X	130 906
YC77	63 807 640	10X	137 978
Gabelle	57 202 964	8X	98 191
Frisée	53 330 332	8X	129 373
FC28	36 269 606	5X	97 859
77.13	33 625 350	5X	89 151
Barthée	33 306 066	5X	90 492
Francine	30 954 844	5X	79 950
B7	30 768 088	5X	96 474
Matheronne	29 985 684	5X	84 030

- 80 à 160000 SNP détectés

10-20 snps/seq

110-220 pb/snps

- IPEA: 2.7 fois plus de SNP sur séquences rallongées

Objectifs

GenoParfum : développer des ressources moléculaires pour la lavande

Catalogue de séquences de gènes de lavande fine et lavandin

Détection de polymorphisme (SNP)

Données de diversité génétique du matériel étudié

Analyse de diversité génétique

Cultivar	Fraction SNP hmz Alt	Distance / Maillette
C15.50	9	51
B6	8	52
5.90	12	52
Ruffinato	8	51
Diva	3	54
YC77	8	51
Gabelle	7	50
Frisée	8	51
FC28	7	52
77.13	6	52
Barthée	6	51
Francine	6	51
B7	6	51
Matheronne	6	51

- ~90% SNPs hétérozygotes

=> Genotype calling et analyse de la structuration

Conclusion - Perspectives

- Assemblage *de novo* de RNAseq : simple et rapide pour construire des séquences de référence
- Dizaines de milliers de SNP disponibles
- ⇒ Analyse de diversité dans une collection de 24 populations de lavandes
- ⇒ Réflexion sur l'utilisation des SNP dans un programme de SAM pour la résistance au dépérissement
- ⇒ Utilisation déjà possible pour discriminer des génotypes (pépiniéristes)

Merci de votre attention



iteipmai

