

La notion QTL et la sélection assisté par marqueur

Introduction :

Les QTL, ou Quantitative Trait Loci, constituent une composante essentielle de la génétique des traits quantitatifs. Les traits quantitatifs sont des caractéristiques influencées par de multiples gènes et des facteurs environnementaux, en contraste avec les traits qualitatifs, qui sont généralement déterminés par un seul gène. Les QTL jouent un rôle crucial dans la compréhension des mécanismes génétiques sous-jacents à la variabilité des caractères complexes chez les organismes.

Définition des QTL :

Les QTL sont des régions du génome associées à la variation quantitative d'un trait particulier. En d'autres termes, ce sont des segments d'ADN qui sont liés à des variations dans des caractéristiques telles que la taille, la couleur, la résistance aux maladies, etc. Ces variations sont souvent mesurées de manière continue et dépendent de l'accumulation d'effets génétiques multiples.

Identification des QTL :

L'identification des QTL implique généralement des études de cartographie génétique. Ces études utilisent des populations d'individus génétiquement variés pour analyser les corrélations entre les marqueurs génétiques connus et les variations phénotypiques observées. Les marqueurs génétiques peuvent inclure des SNP (Single Nucleotide Polymorphisms) ou des microsatellites. Les analyses statistiques sophistiquées sont alors employées pour détecter les régions du génome associées à la variation du trait.

Fonctionnement des QTL :

Les QTL agissent en influençant la variation phénotypique par l'intermédiaire de gènes candidats qui se trouvent à proximité de ces régions. Les gènes candidats peuvent être impliqués dans la régulation de processus biologiques liés au trait en question. Les variations dans ces gènes peuvent entraîner des différences observables dans le phénotype, contribuant ainsi à la diversité des caractéristiques quantitatives.

Applications des QTL :

1. **Amélioration des Cultures :** Les QTL sont largement utilisés dans l'agriculture pour sélectionner des caractéristiques agronomiques souhaitables, telles que la productivité, la résistance aux maladies et la qualité des cultures.
2. **Élevage Sélectif :** Dans le domaine de l'élevage, les QTL sont utilisés pour améliorer les traits économiquement importants chez les animaux d'élevage, comme la croissance, la qualité de la viande et la résistance aux maladies.
3. **Médecine Génétique :** Les QTL jouent un rôle crucial dans la recherche médicale, en particulier pour comprendre les bases génétiques des maladies complexes telles que le diabète, l'hypertension et certaines maladies mentales.

Conclusion :

En résumé, les QTL sont des outils puissants permettant de comprendre la complexité des caractéristiques quantitatives héritées. Leur identification et leur utilisation dans des domaines tels que l'agriculture, l'élevage et la médecine ont des implications significatives pour l'amélioration de la productivité, de la santé et de la qualité de vie. La recherche continue dans ce domaine contribuera à une meilleure exploitation des ressources génétiques pour répondre aux défis actuels et futurs.

La Sélection Assistée par Marqueurs (SAM):

Introduction :

L'objectif de l'amélioration des plantes est de **créer de nouvelles variétés** combinant un certain nombre de caractères définis par le sélectionneur pour **répondre aux besoins des agriculteurs et des consommateurs**.

Dans les années 1950, le sélectionneur ne faisait appel qu'aux outils de la sélection « **phénotypique** » avec croisement, autofécondation et expérimentation au champ. Aujourd'hui, les **marqueurs moléculaires** et les **études de génomique** apportant une connaissance de plus en plus précise des gènes qui contrôlent des caractères physiologiques, **la sélection se fait majoritairement sur le génotype**. On parle alors de « **Sélection Assistée par Marqueurs** » (SAM).

La sélection assistée par marqueurs génétiques (SAMG) représente une avancée majeure dans le domaine de l'amélioration génétique des organismes. Cette approche novatrice combine les principes de la génétique moléculaire avec les techniques traditionnelles de sélection pour accélérer le processus d'obtention de caractéristiques souhaitables chez les plantes, les animaux et même les humains. L'application de la SAMG a des implications considérables dans divers domaines tels que l'agriculture, l'élevage et la médecine.

Définition de la Sélection Assistée par Marqueurs Génétiques :

La SAMG consiste à utiliser des marqueurs moléculaires, tels que les SNP (Single Nucleotide Polymorphisms) ou les microsatellites, pour identifier et sélectionner des individus portant des gènes spécifiques liés à des caractéristiques désirées. Contrairement aux méthodes de sélection traditionnelles basées uniquement sur l'observation des phénotypes, la SAMG permet une sélection plus précise en se concentrant directement sur les informations génétiques.

La SAM présente également un intérêt important dans les programmes d'**introgression** d'un gène d'intérêt dans une variété élite par **retrocroisements** (ou back-cross,). Les marqueurs sont dans ce cas utilisés pour suivre l'introgression des allèles favorables au gène d'intérêt et accélérer le retour au fonds génétique élite souhaité (en utilisant des marqueurs moléculaires neutres répartis sur tout le génome).

Méthodes de la SAMG :

1. **Cartographie Génétique :** La première étape de la SAMG implique la création d'une carte génétique détaillée de l'organisme d'intérêt, mettant en évidence l'emplacement des marqueurs génétiques associés aux traits souhaités.
2. **Sélection :** Une fois que les marqueurs sont identifiés, les individus portant ces marqueurs peuvent être sélectionnés pour la reproduction, accélérant ainsi la fréquence des gènes désirés dans la population.
3. **Évaluation et Validation :** Les progrès de la sélection sont évalués régulièrement pour confirmer l'efficacité des marqueurs choisis dans l'amélioration des caractéristiques cibles.

Applications de la SAMG :

1. **Agriculture :** Dans le domaine agricole, la SAMG est utilisée pour améliorer les cultures en ciblant des traits tels que la résistance aux maladies, la tolérance au stress environnemental et la qualité des récoltes.
2. **Élevage :** Dans l'élevage, la SAMG est appliquée pour accélérer la sélection d'animaux présentant des caractéristiques souhaitables telles que la croissance rapide, la qualité de la viande, la résistance aux maladies, etc.
3. **Médecine Génétique :** En médecine, la SAMG est utilisée pour la détection précoce de prédispositions génétiques à certaines maladies et pour la sélection d'embryons présentant des caractéristiques spécifiques, contribuant ainsi aux progrès de la médecine personnalisée.

Avantages et Défis de la SAMG :

1. Avantages :

- Plus **rapide** (quelques jours d'analyses au laboratoire suffisent pour établir un diagnostic de la présence ou de l'absence des gènes d'intérêt dans les plants en cours de sélection) ;

- Plus **précise** (détection fiable de la présence ou de l'absence du gène recherché) ;
- **Non destructive** car l'analyse des plants est réalisée sur une très faible quantité de matériel végétal
- **Non influencée par des facteurs environnementaux.**

Défis :

- Elle n'est **pas compétitive en termes de coût et de temps** par rapport aux méthodes de sélection traditionnelles, **lorsque le phénotype peut être déterminé facilement** (hauteurs des plantes, précocité, résistance à certaines maladies dont l'observation est facile...) ;
- Elle est souvent **inefficace** pour la sélection de **caractères agronomiques à déterminisme génétique complexe** (comme le rendement, par exemple), gouvernés par un grand nombre de gènes ou de QTL (Quantitative Trait Loci) qui interagissent et dont la plupart sont encore inconnus.

Conversion assistée par marqueurs

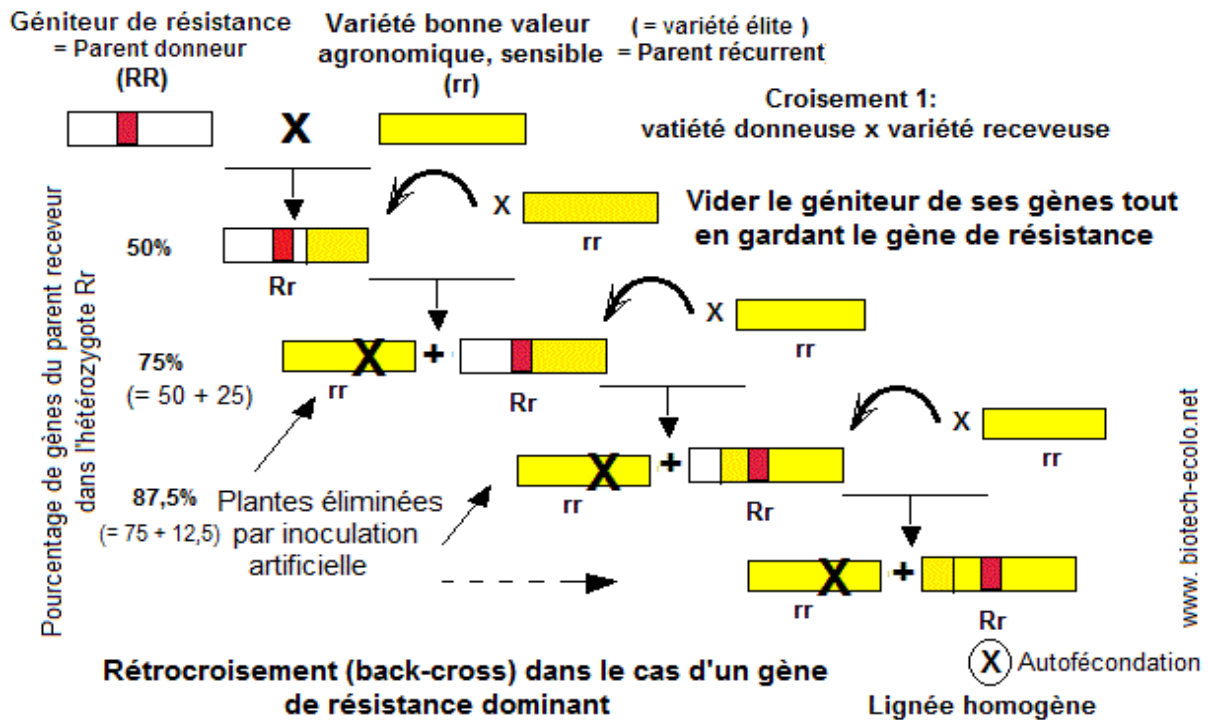
Les rétrocroisements sont utilisés pour réaliser l'introgression d'un gène dans une variété élite. Cette opération est appelée également conversion. Mais en dépit d'un grand nombre de rétrocroisements, il reste toujours dans la lignée receveuse un plus ou moins grand segment du parent donneur autour du gène d'intérêt. Les marqueurs moléculaires sont souvent utilisés pour conduire la conversion car ils permettent de réduire les temps de sélection. En effet, par sélection classique, un minimum de 7 back-cross est nécessaire afin d'obtenir un retour vers le parent récurrent de 97 %. Avec l'aide des marqueurs moléculaires, quatre rétrocroisements suffisent pour arriver au même résultat car on peut à chaque génération choisir les plantes ayant recombinaison le plus petit segment chromosomique.

Les marqueurs moléculaires sont ainsi beaucoup utilisés pour les conversions de lignées pour un transgène. A chaque génération, les plantes ayant récupéré le transgène sont sélectionnées sur la base de caractérisation à l'aide de marqueurs moléculaires.

La technique du SAM

Son principe est d'éliminer (vider) progressivement tous les gènes d'un géniteur donné comme un **géniteur de résistance (parent donneur)**, sauf celui qui confère la résistance à une maladie

déterminée. Ceci est réalisé par des recroisements successifs de celui-ci avec une **variété de bonne valeur agronomique** (= **parent récurrent** = **parent receveur**). Au cours des recroisements, les gènes du parent récurrent 'remplissent' le géniteur où leur proportion augmente de 50% (première hybridation) à 75% (= $50 + 50/2$) (premier recroisement), 87,5% (= $50 + 75/2$) (deuxième), 93,75% (troisième), 96,875% (quatrième recroisement).



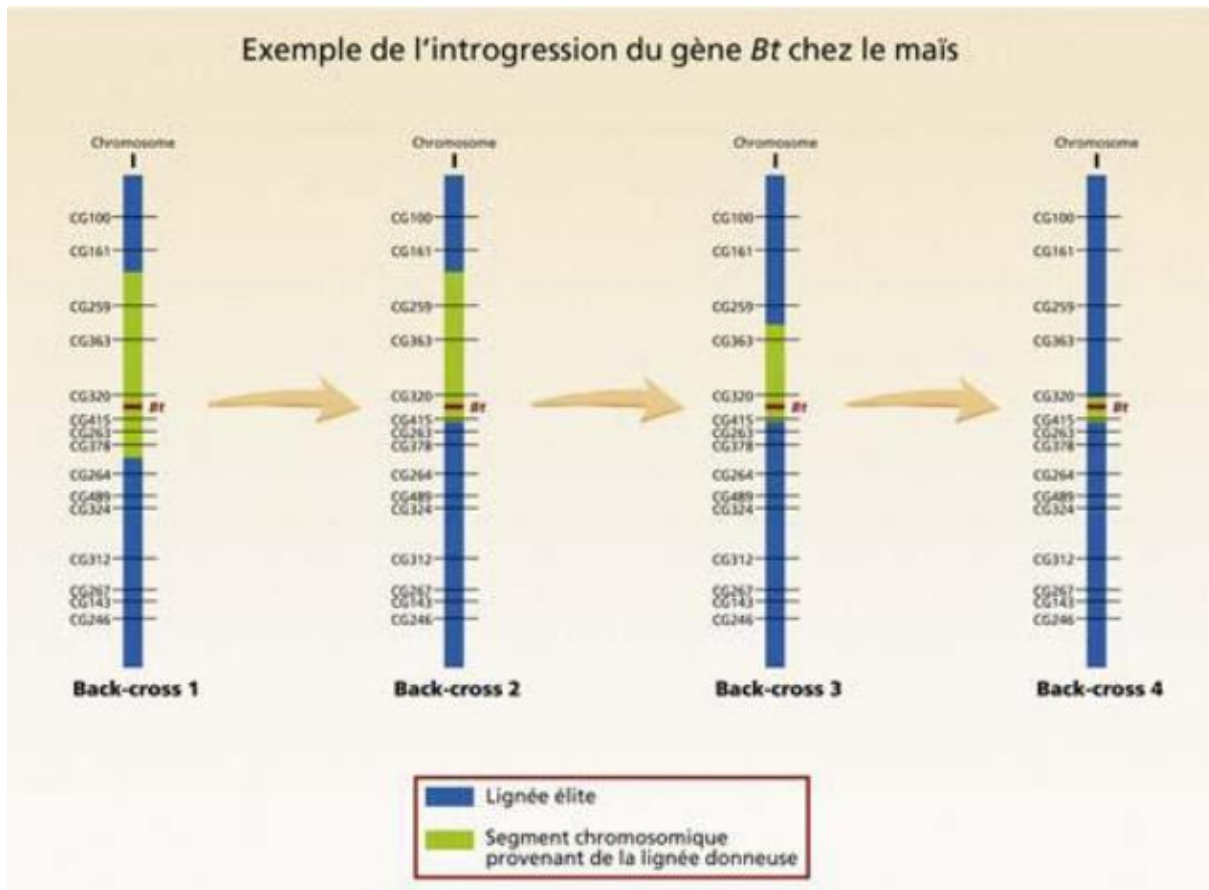
Exemple de l'introgession du gène Bt chez le maïs

On réalise une série de back-cross entre la lignée élite et la lignée transformée génétiquement. Cette dernière est caractérisée par une insertion unique du gène Bt (transgène de résistance à la pyrale) sur le chromosome 1.

Au cours des rétrocroisements, on peut sélectionner les individus porteurs du gène Bt, et ayant recombinaison le plus petit fragment de la lignée donneuse autour du gène Bt. En effet, grâce aux marqueurs moléculaires, on sélectionne les individus ayant pour les marqueurs proches du gène, le génotype de la lignée élite.

De plus, il est également possible d'accélérer le retour vers le parent élite grâce aux marqueurs moléculaires répartis sur l'ensemble du génome. A chaque rétrocroisement, seront choisis les individus ayant le plus de fragments issus du parent élite récurrent.

A la quatrième génération, on obtient une lignée quasi isogénique de la lignée élite, c'est-à-dire identique à la lignée élite de départ, mais ayant intégré le gène *Bt*. Il y a donc bien gain de temps, donc d'efficacité.



Conclusion :

La sélection assistée par marqueurs génétiques représente un changement de paradigme dans l'amélioration génétique, ouvrant la voie à des avancées significatives dans des domaines cruciaux tels que l'agriculture, l'élevage et la médecine. Bien que des défis subsistent, les avantages de cette approche révolutionnaire promettent un avenir où la manipulation génétique ciblée contribuera à répondre aux défis complexes auxquels notre société est confrontée.