



HAL
open science

Nouveaux outils bio-moléculaires en création variétale. Perspectives

Bernadette Julier

► **To cite this version:**

Bernadette Julier. Nouveaux outils bio-moléculaires en création variétale. Perspectives. Rendez-vous d'Herbalia, Institut Technique Interprofessionnel des Plantes à Parfum Médicinales et Aromatiques (ITEIPMAI). FRA.; Association Nationale de Structures d'Expérimentation et de Démonstration en Horticulture (ASTREDHOR). FRA., Jan 2014, Angers, France. 26 diapos. hal-02791852

HAL Id: hal-02791852

<https://hal.inrae.fr/hal-02791852>

Submitted on 5 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Nouveaux outils bio- moléculaires en création variétale : Perspectives

Bernadette Julier, INRA (Lusignan)



Création variétale

Au niveau de l'espèce

Déjà bien connue (lavande, rose...)

Nouvellement ciblée

Processus visant à créer des variétés améliorées

Selon des critères établis d'après les besoins des utilisateurs:

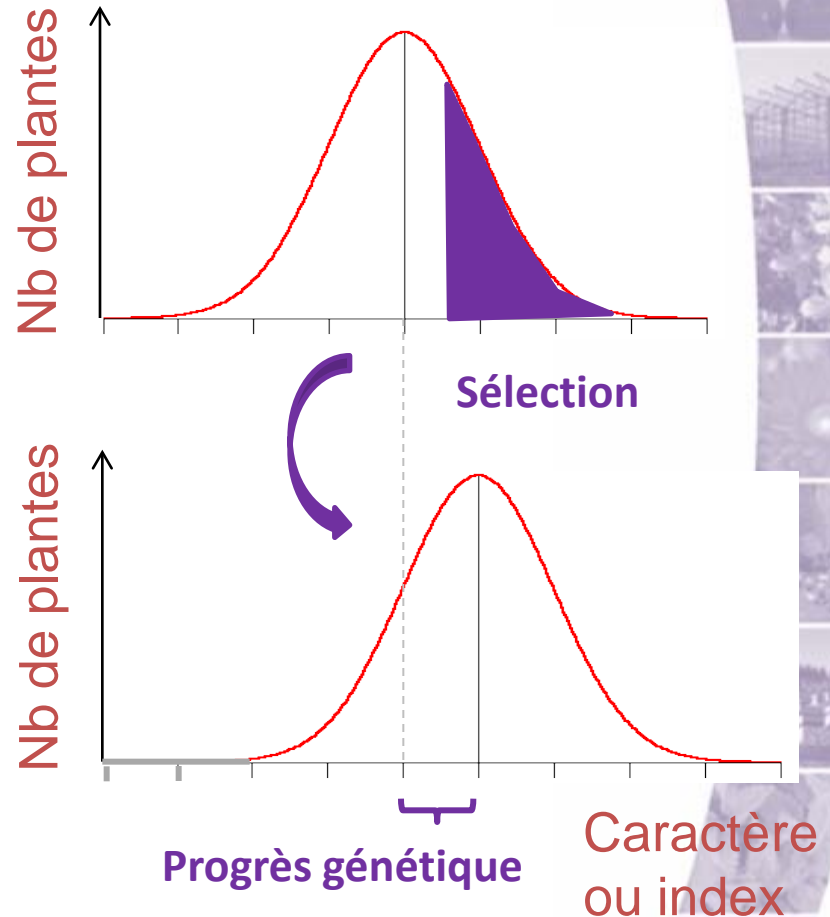
Productivité

Qualité

Adaptation aux contraintes
biotiques ou abiotiques

Respect de l'environnement

-- multicaractère --



Création variétale

Le principe de la création variétale

Diversité génétique
(variétés, populations sauvages...)



Intercroisements



Evaluation des descendances



Nouvelle variété

Aucune de ces populations ne combine au mieux l'ensemble des caractères d'intérêt

Intercroisements +/- aisés à réalisés selon l'espèce

Systeme de test approprié à l'espèce et aux objectifs de sélection

Sortie variétale et Sélection récurrente



Création variétale

Accroître le progrès génétique (ΔG) d'un cycle de sélection

$$\Delta G = i \cdot h^2 \cdot \sigma_p / t$$

i : intensité de sélection

h^2 : héritabilité du caractère

σ_p : racine carrée de la variance phénotypique

t : temps

Disposer de critères de sélection et de méthodes d'évaluation efficaces (i, h^2)

Disposer de variabilité génétique (σ_p)

Accélérer certaines étapes



Création variétale

Implicitement, on sélectionne des allèles favorables à des gènes impliqués dans des caractères

Meilleure connaissance du génome permettrait d'accélérer le progrès génétique



Outils bio-moléculaires

Tous les outils qui permettent de mieux connaître le génome

Marqueurs

Données de séquence

Outils à associer à des méthodes

Analyse de la diversité génétique

Suivi de l'introggression d'un caractère

Suivi de l'intercroisement

Déterminisme génétique de caractères simples ou complexes

Mise en évidence de liens entre marqueurs et caractères

→ Sélection assistée par marqueurs



Outils bio-moléculaires

Marqueurs

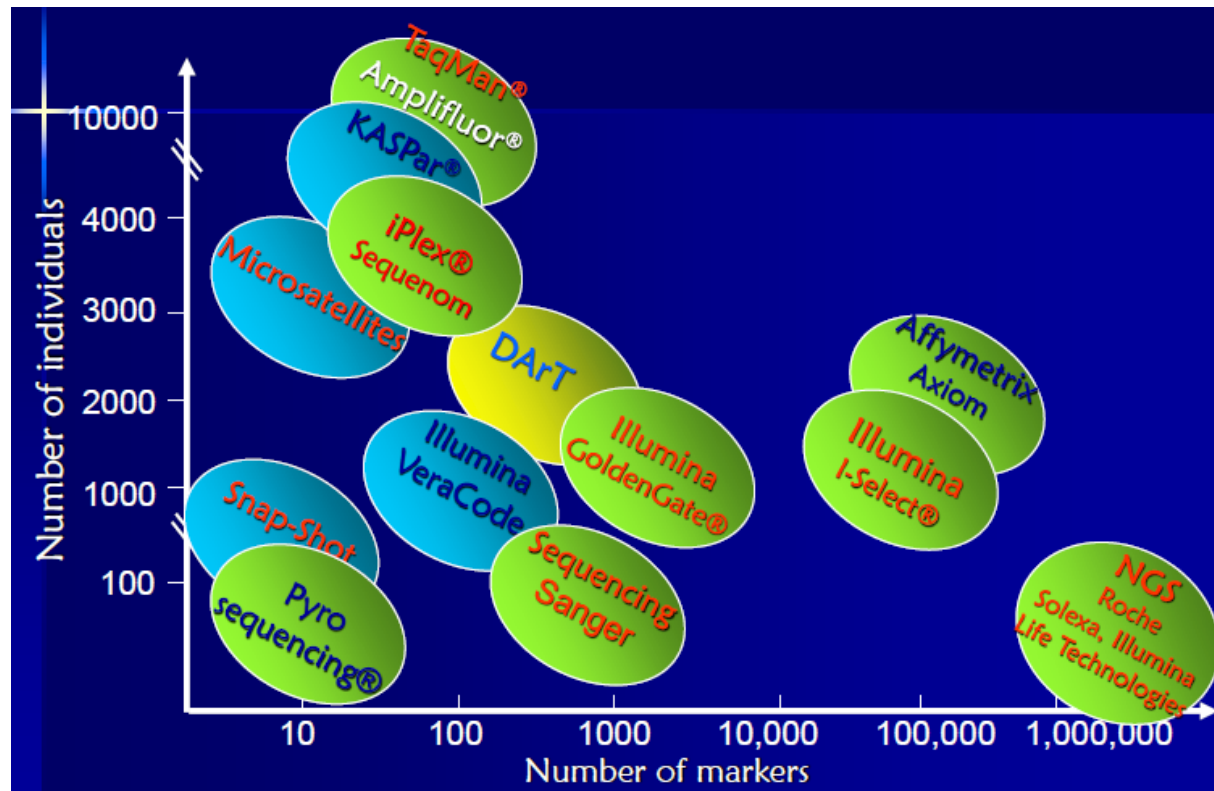
- Dominants / codominants: [A] vs [0] / AA vs AB vs BB
- Révélés individuellement ou en masse: SSR / SNP
- Coût par point
- Disponibles sur l'espèce ou pas

- Au total, une question de moyens disponibles pour la mise au point de marqueurs sur une espèce donnée
- Parfois, manque de diversité



Outils bio-moléculaires

Marqueurs : des techniques en ébullition !

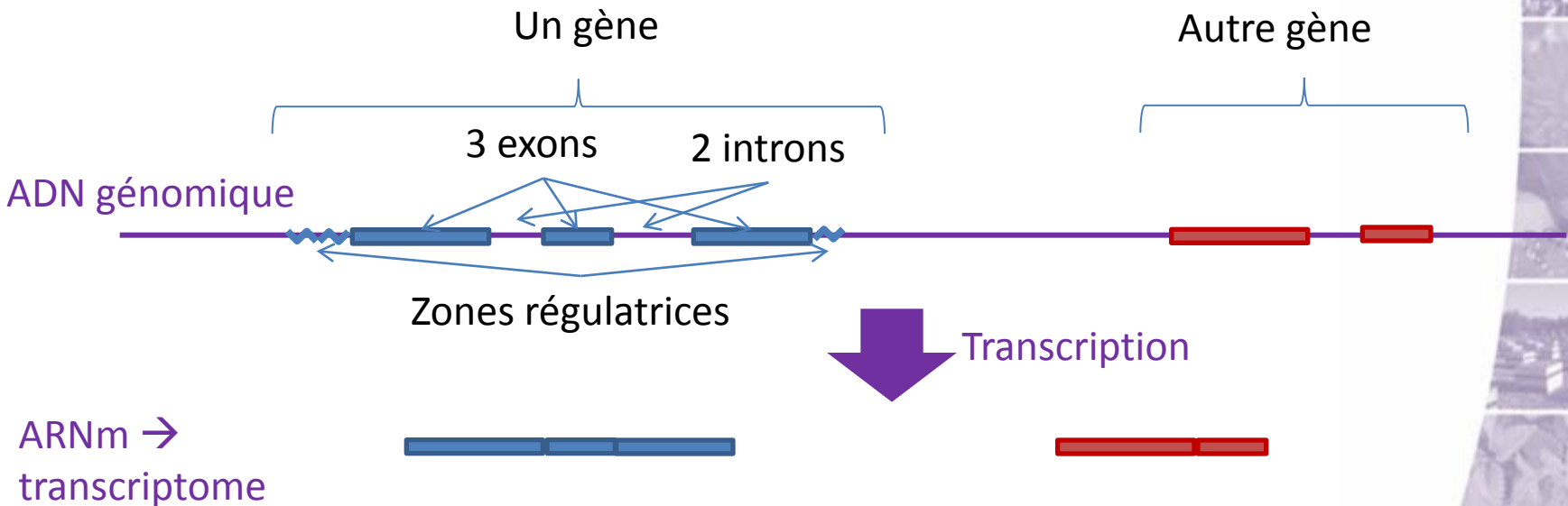


Outils bio-moléculaires

Données de séquence

Sur génome: ADN transcrit et non transcrit (séquences régulatrices...)

Sur transcriptome: l'ADN qui est transcrit (gènes exprimés)



Outils bio-moléculaires

Données de séquence

Séquencer un génotype, si possible homozygote

Structure du génome (taille, duplications, nb de gènes ...)

Comparaison au génome d'espèces modèles

Développement de marqueurs dont il faudra tester le polymorphisme

Séquencer plusieurs génotypes (ou tous)

Développement de marqueurs sur tout le génome



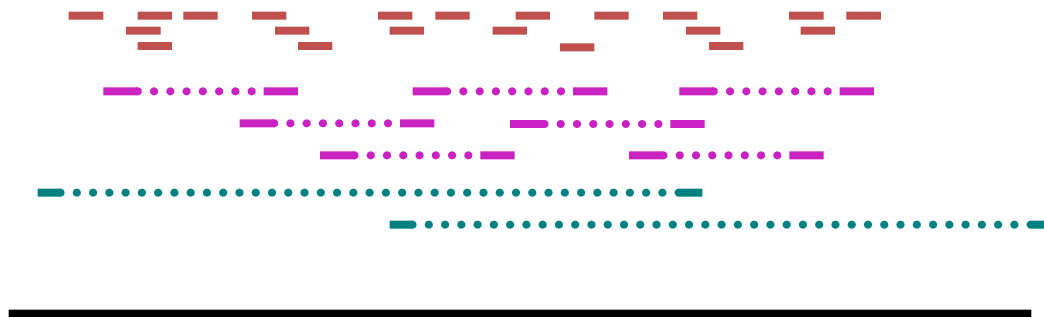
Outils bio-moléculaires

Données de séquence

Développement d'outils et de méthodes de séquençage à haut débit « Next Generation Sequencing »

Le séquençage de tout ou partie d'une espèce est désormais possible sous réserve de moyens

Y associer des outils de bioinformatique pour l'assemblage des données de séquence



Création variétale et outils moléculaires

Outils à associer à des méthodes

Analyse de la diversité génétique

Suivi de l'introggression d'un caractère

Suivi de l'intercroisement

Déterminisme génétique de caractères simples ou complexes

Mise en évidence de liens entre marqueurs et caractères

→ Sélection assistée par marqueurs



Création variétale et outils moléculaires

Analyse de la diversité génétique

Dans une collection de ressources génétiques

Avec quelques marqueurs (<100)

Quelle diversité neutre est disponible ?

intra et inter-population

Quelle structuration de la diversité ?

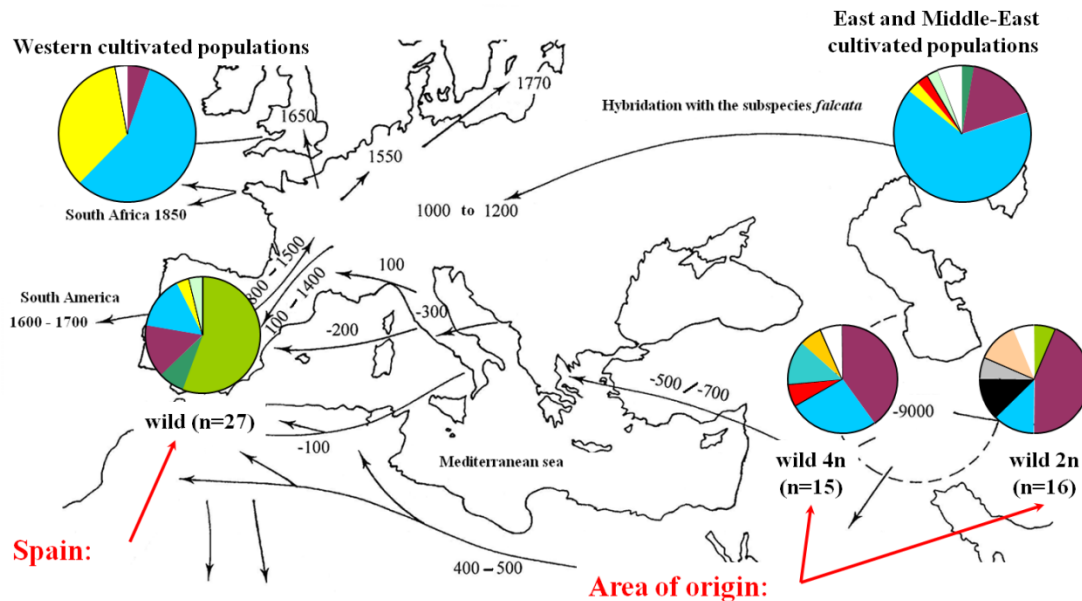
cohérence avec la structuration obtenue avec des caractères phénotypiques ?

cohérence avec l'origine géographique ?



Création variétale et outils moléculaires

Analyse de la diversité génétique : exemple



Dans matériel européen :

Effet	% variance totale
Entre populations	0.3
Intra - population	99.7



Création variétale et outils moléculaires

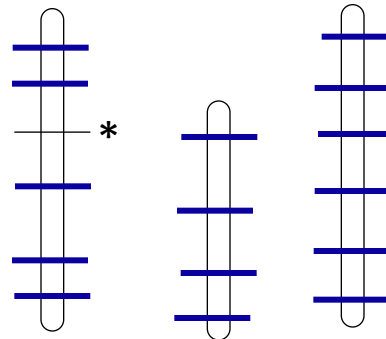
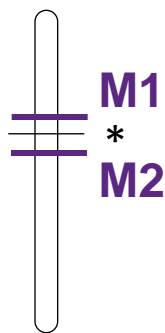
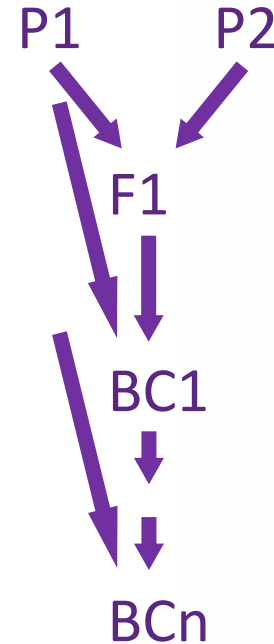
Introgression d'un caractère par backcross
porté par P2 dans un fonds génétique P1,

Marqueurs liés au caractère chez P2

sélection les plantes portant ces marqueurs

Marqueurs du fonds génétique de P1

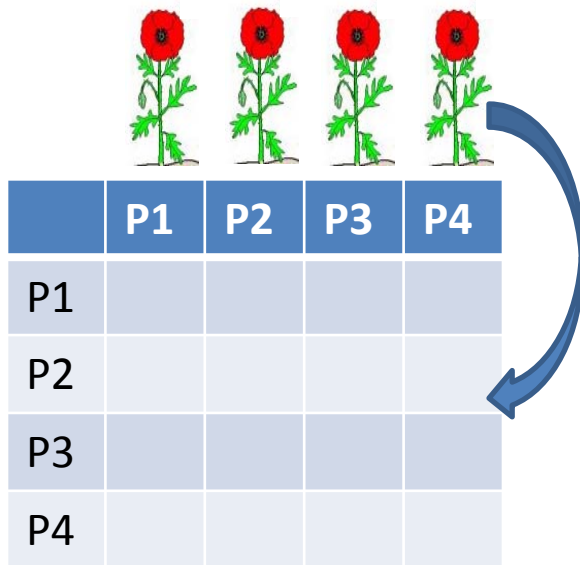
sélection des individus ayant un fonds
génétique proche de P1 et porteurs du
caractère issu de P2



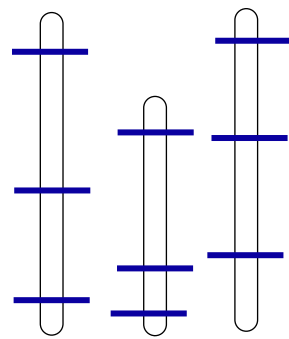
Création variétale et outils moléculaires

Suivi de l'intercroisement ou des autofécondations

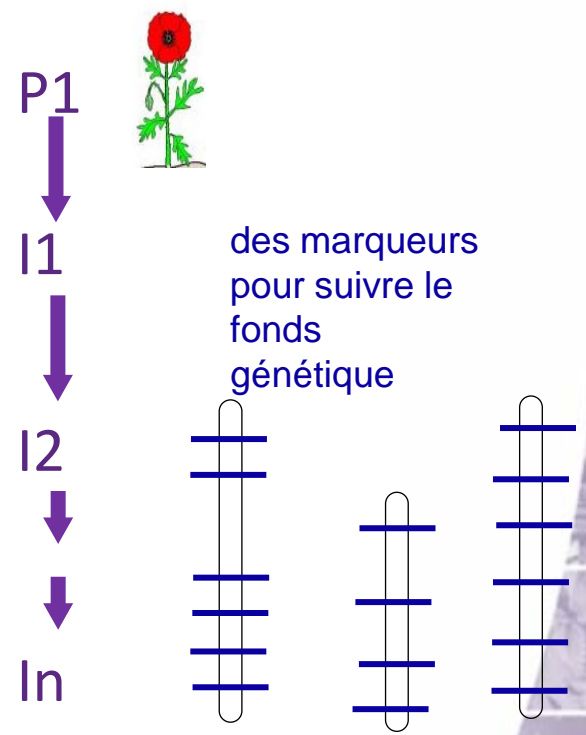
Descendance de polycross



qq marqueurs qui distinguent les parents

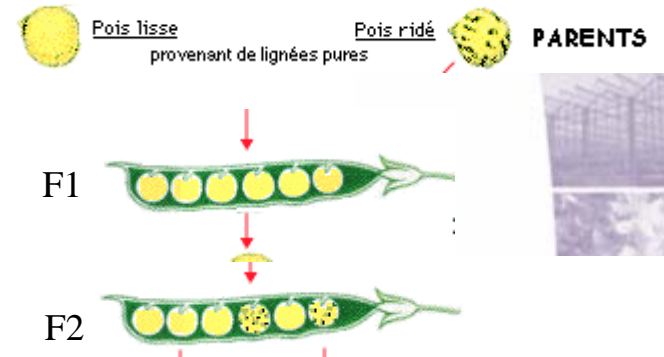


Autofécondations



Création variétale et outils moléculaires

Caractères simples, qualitatifs :
mono ou oligogéniques



Caractères complexes, quantitatifs :
multigéniques
influencés par le milieu



Création variétale et outils moléculaires

Déterminisme génétique

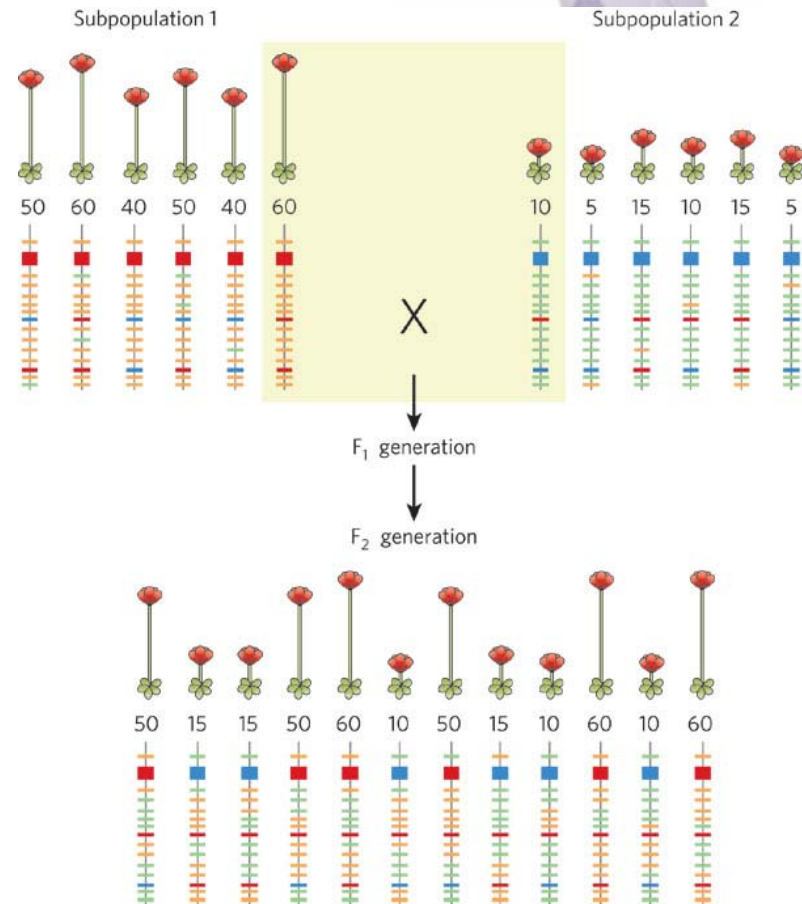
Détection de QTL (quantitative trait locus):
zone du génome à effet quantitatif

Dans une population en ségrégation issue
du croisement de 2 parents

Génotypage + phénotypage

↓
Carte génétique

↓
QTL



Création variétale et outils moléculaires

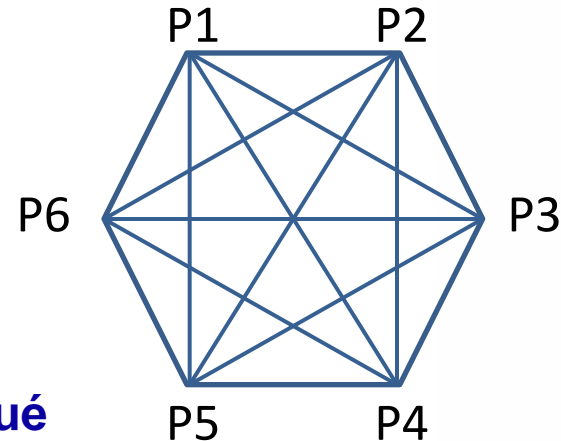
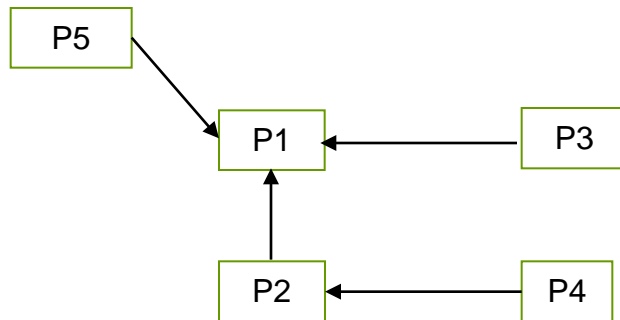
Déterminisme génétique

Détection de QTL :

Utilisation en sélection uniquement dans la population utilisée

- sortie en lignée pure ou en clone

Travailler sur plusieurs populations connectées



Ou aller jusqu'à la détection du gène impliqué



Création variétale et outils moléculaires

Déterminisme génétique

Génétique d'association : lien statistique entre des marqueurs et un caractère dans une population

Si déséquilibre de liaison court (espèces allogames):

- beaucoup de marqueurs couvrant le génome
- approche gène candidat

Si déséquilibre de liaison long (espèces autogames)

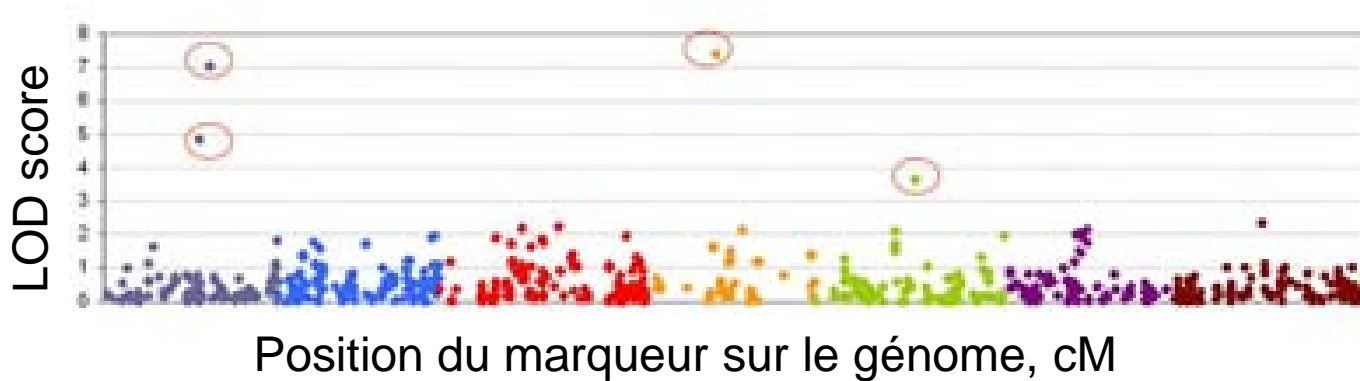
- nombre limité de marqueurs couvrant le génome



Création variétale et outils moléculaires

Déterminisme génétique

Génétique d'association

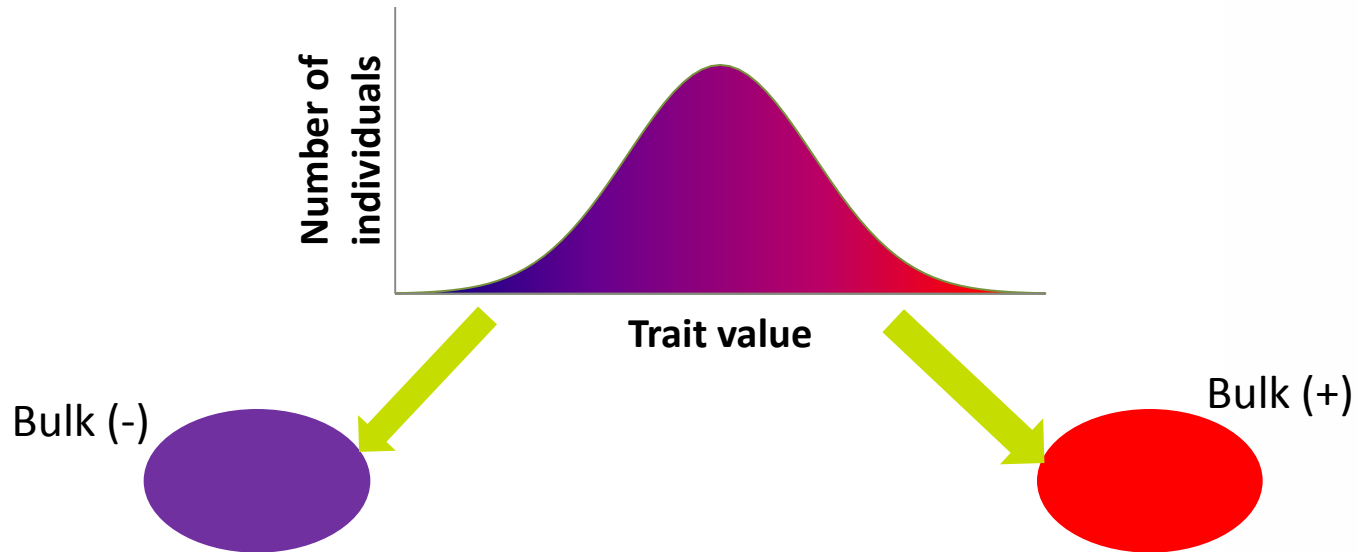


Les marqueurs peuvent être utilisés en sélection dans la population étudiée

Création variétale et outils moléculaires

Déterminisme génétique

Bulk segregant analysis:

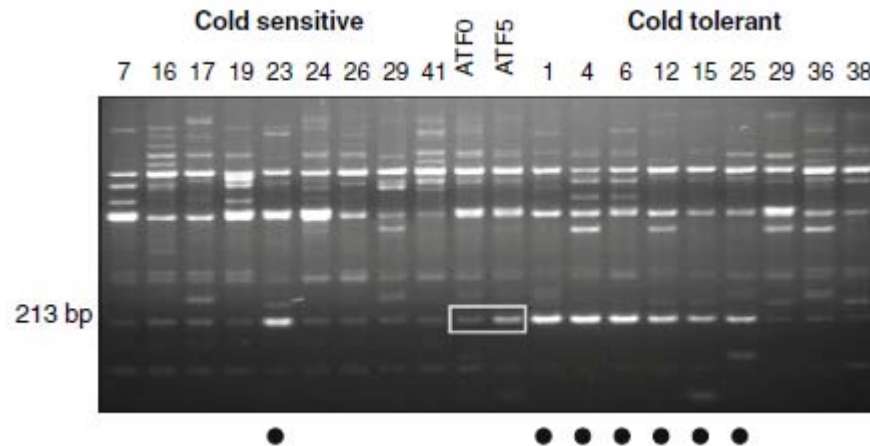


Création variétale et outils moléculaires

Déterminisme génétique

Bulk segregant analysis:

Chercher et trouver des marqueurs qui distinguent les 2 populations



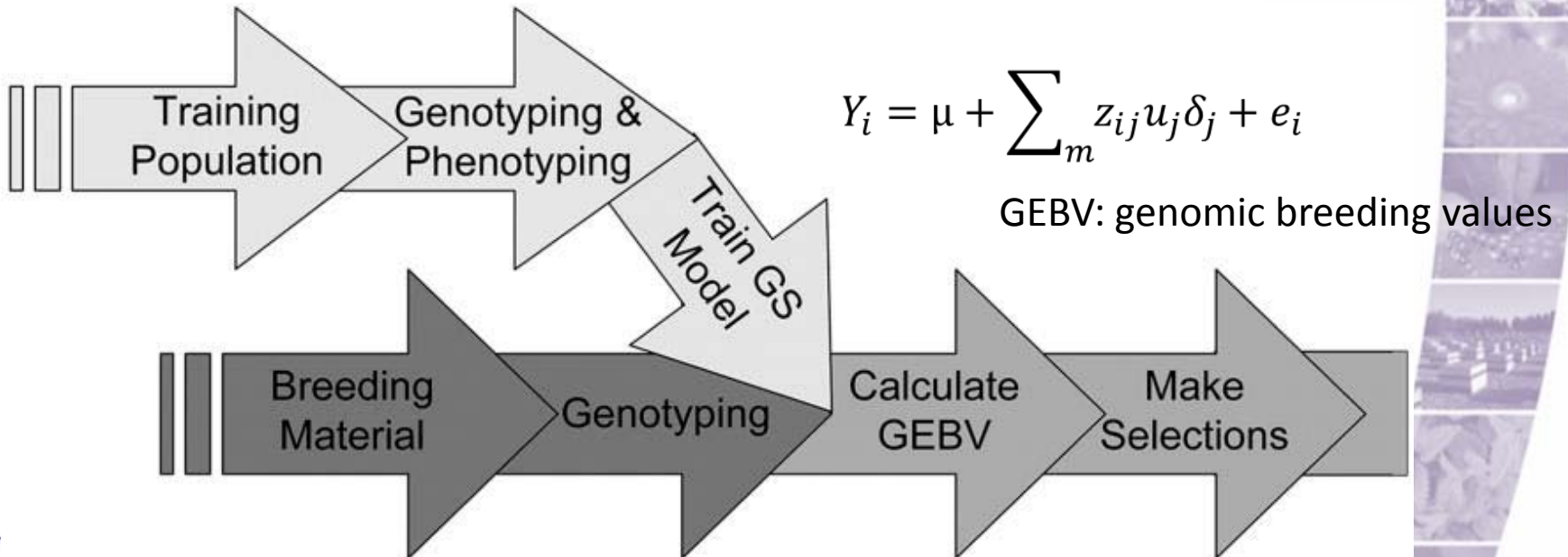
Marqueurs utilisables dans la population initiale



Création variétale et outils moléculaires

Sélection génomique

Sélection d'individus sur la base de leur phénotype (GEBV) qui est prédit par une équation de calibration entre phénotypes et marqueurs établie sur une population d'entraînement :



Création variétale et outils moléculaires

Sélection génomique

Méthode « boîte noire » qui fait rêver :

- Pas besoin de connaissance préalable du génome
- Mais mise au point de nombreux marqueurs et de méthodes de génotypage à très haut débit
- Des succès en amélioration génétique animale



Conclusion

De nouvelles méthodes à mettre en œuvre sur des espèces diverses

Coût du génotypage en réduction

Acquisition de compétences en biologie moléculaire, bioinformatique, statistiques

Mais l'amélioration des plantes est toujours de la génétique quantitative

Connaissance de l'espèce étudiée, des caractères

Diversité génétique

Le phénotypage reste crucial : aucune aide de la biologie moléculaire si le phénotypage est imprécis

