Eléments de compréhension de la génétique et génomique dans le contexte de la sélection animale

Sandrine Lagarrigue

▶ **To cite this version:**

Sandrine Lagarrigue. Eléments de compréhension de la génétique et génomique dans le contexte de la sélection animale. Séminaire génomique Bioporc, Nov 2008, Rennes, France. hal-02813147

HAL Id: hal-02813147
https://hal.inrae.fr/hal-02813147

Submitted on 6 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.

Eléments de compréhension de la génomique et de ses applications en sélection

Sandrine Lagarrigue :
sandrine.lagarrigue@agrocampus-ouest.fr
Professeure de génétique animale à Agrocampus-Ouest Traduction : protéomique
UMR598, Génétique Animale, INRA - Agrocampus Ouest

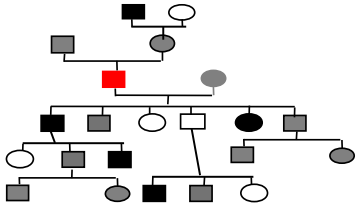
AGRO CAMPUS OUEST

SEMINAIRE GENOMIQUE BIOPORC
Vendredi 7 novembre 2008 – 45 min

Sélection classique

2 types *d'information*

- *Pedigree*



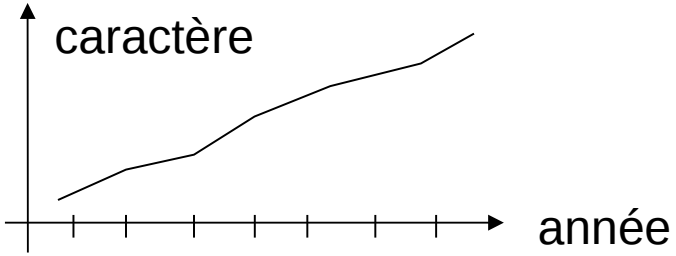
- *Mesure du caractère d'intérêt*

BLUP

Estimation de la valeur génétique d'un reproducteur

Sélection des meilleurs

Progrès génétique annuel ΔG régulier



Précision de l'évaluation

Intensité de sélection (coût de la mesure)

$$\Delta G = \frac{i \; r \; h \; \sigma_p}{t}$$

Variabilité génétique

Temps pour obtenir l'évaluation

Que peut apporter la génomique par rapport à la sélection classique ?

Augmenter le progrès génétique annuel ΔG

Intensité de sélection (coût de la mesure)

Précision de l'évaluation

Variabilité génétique

$$\Delta G = \frac{i + r + h\,\sigma_p}{t}$$

t : *Temps pour obtenir l'évaluation*

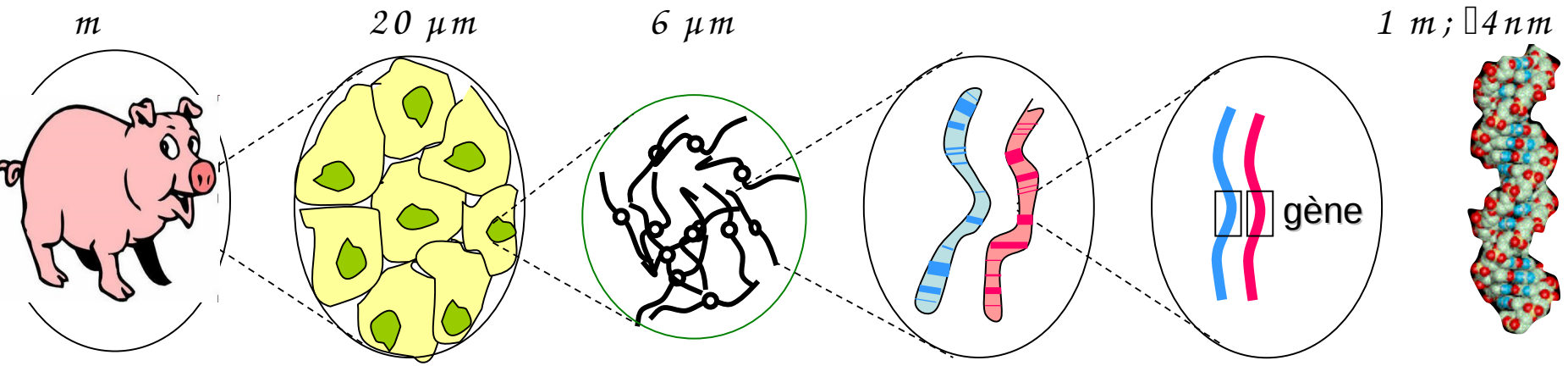
Q1 : Comment ?

Q2 : Pourquoi les applications en sélection ont été limitées ces années 1990s-2000s?

Q3 : Pourquoi elles devraient être plus fréquentes dans les années 2010 s?

Notions de génétique et de génomique

Génétique au niveau de l'individu



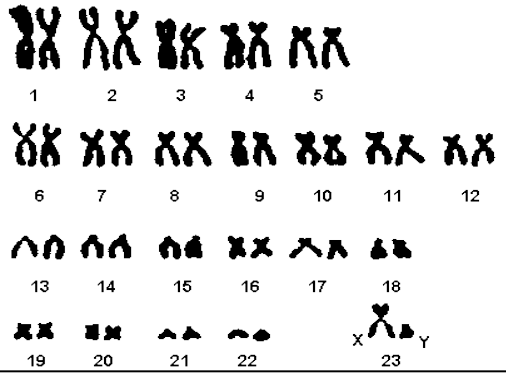
• 200 types cellulaires

• Le noyau de ces cellules possède un **génome Identique pour toutes les cellules**

ADN :
- 4 bases (b) ATCG
- 1 à 3 milliards de b

• Le génome est organisé en **chromosomes** qui sont **par paire**

Nombre de chromosomes variable selon l'espèce
Homme 2 x 23 - Rat 2 x 21
Porc 2 x 19 - Poulet 2 x 39



• **Un locus =** une position dans le gènome

→ 2 formes par locus (allèle) :

A1 : ATCGTGTAGTGGT…

A2 : ATCGTGTGGTGGT…

A1A1 : homozygote
A1A2 : hétérozygote

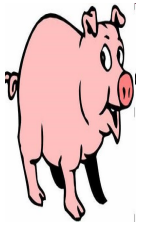
• Les locus peuvent :
- coder des protéines (gènes) : ~ 40 000 gènes
5% du génome

- être « non codant »
95 % du génome

Même position des locus chez les individus d'une espèce

Génotyper un individu à un locus ? Connaitre les 2 allèles qui le composent

Un individu a de bonne chance d'être **hétérozygote** à un locus
Si ce locus présente **différents allèles dans la population à des fréq. non négligeables**
→ Un tel locus est dit polymorphe

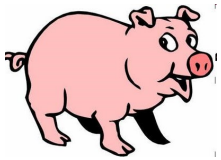


Roméo

A1 A2

C1 C1

etc…

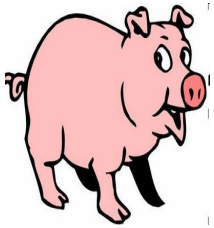


Espèce porc

Chr 1 locus « gène A »

Chr 2 locus « gène C »

etc…



Juliette

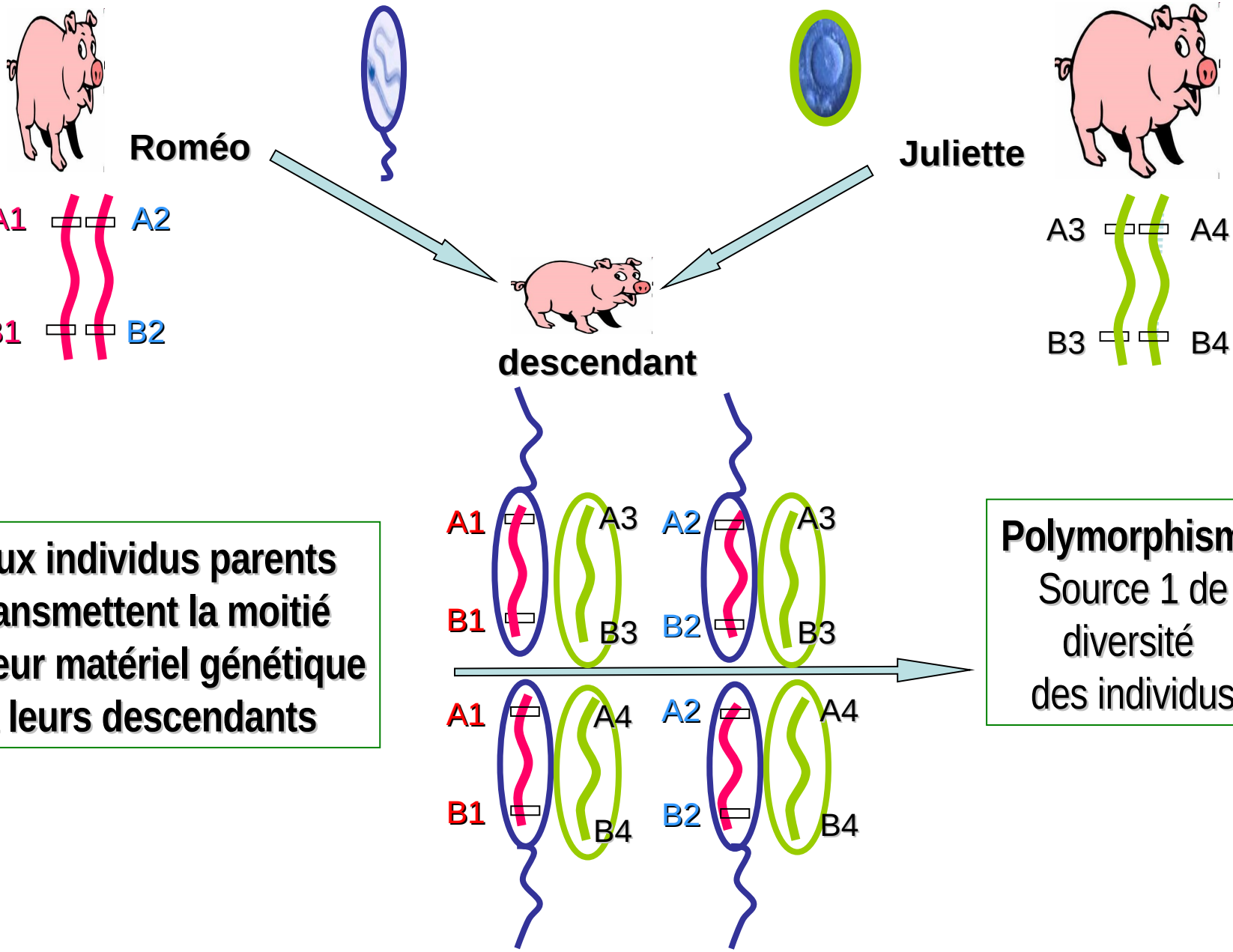
A3 A4

C1 C1

etc…

Ai Ai : génotype homozygote
Ai Aj (i # j) : génotype hétérozygote

Transmission du matériel génétique à la descendance



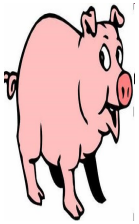
Deux individus parents transmettent la moitié de leur matériel génétique à leurs descendants

Polymorphisme
Source 1 de diversité des individus

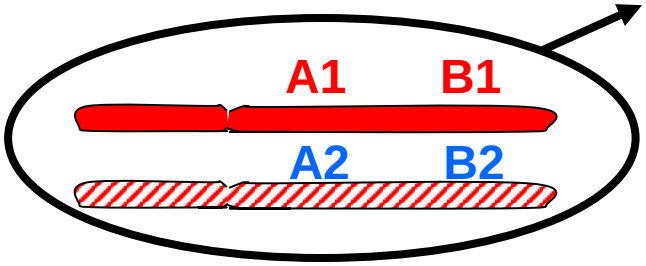
Haplotypes parentaux
A1B1 **A2B2**

haplotype : combinaison d'allèles portés par différents locus sur un chromosome

La recombinaison : autre source de diversité génétique



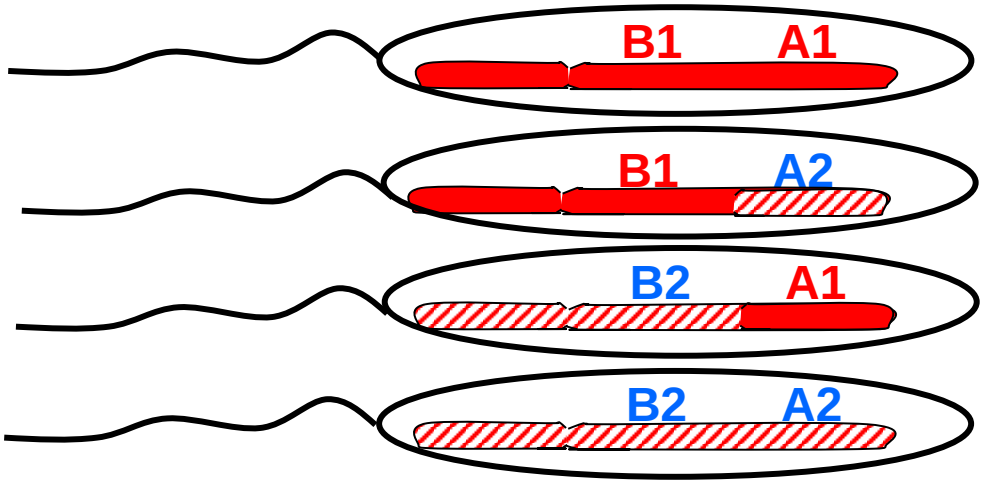
Roméo



Individu à 2N chromosomes

2 haplotypes

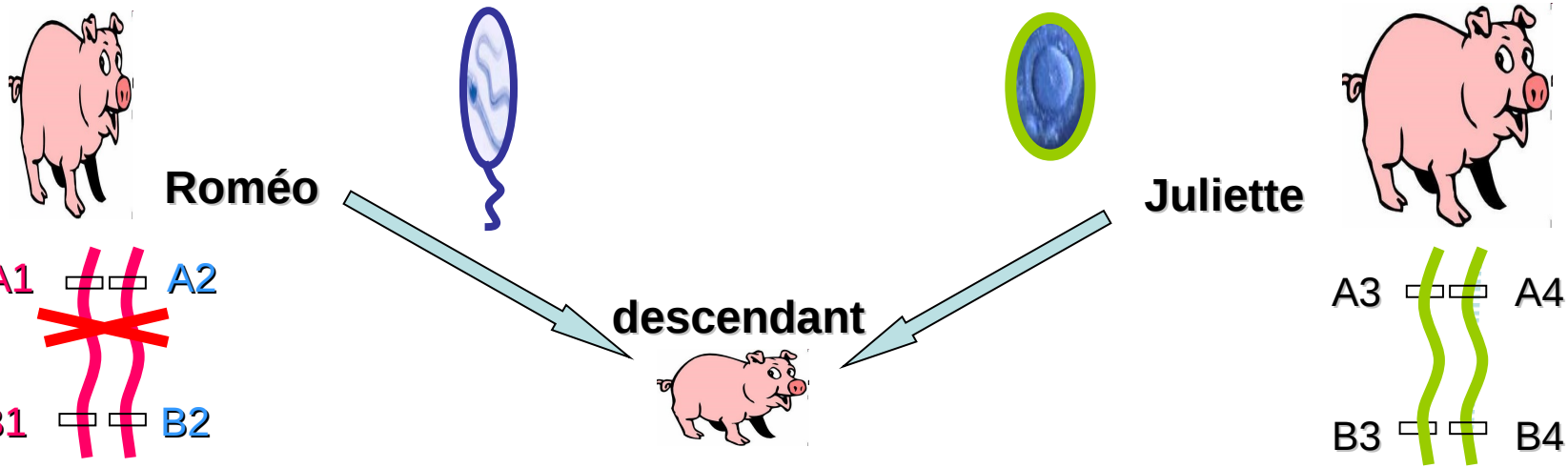
Méiose :
Réplication
Et recombinaison
(crossing-over)

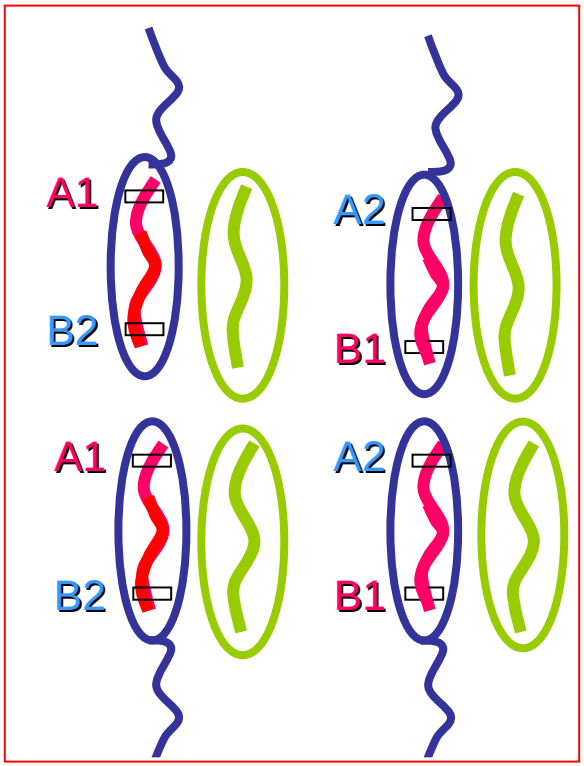


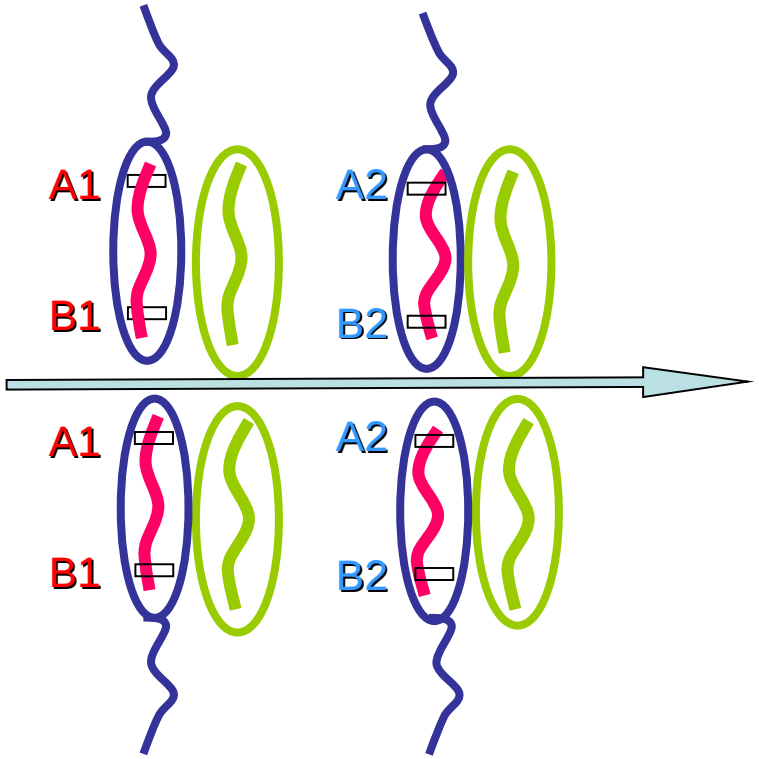
Gamètes à N chromosomes

- 2 haplotypes parentaux
- 2 haplotypes recombinés

- **Le nombre (ou taux) de recombinaison (r) entre deux locus dépend de la distance qui sépare ces locus**







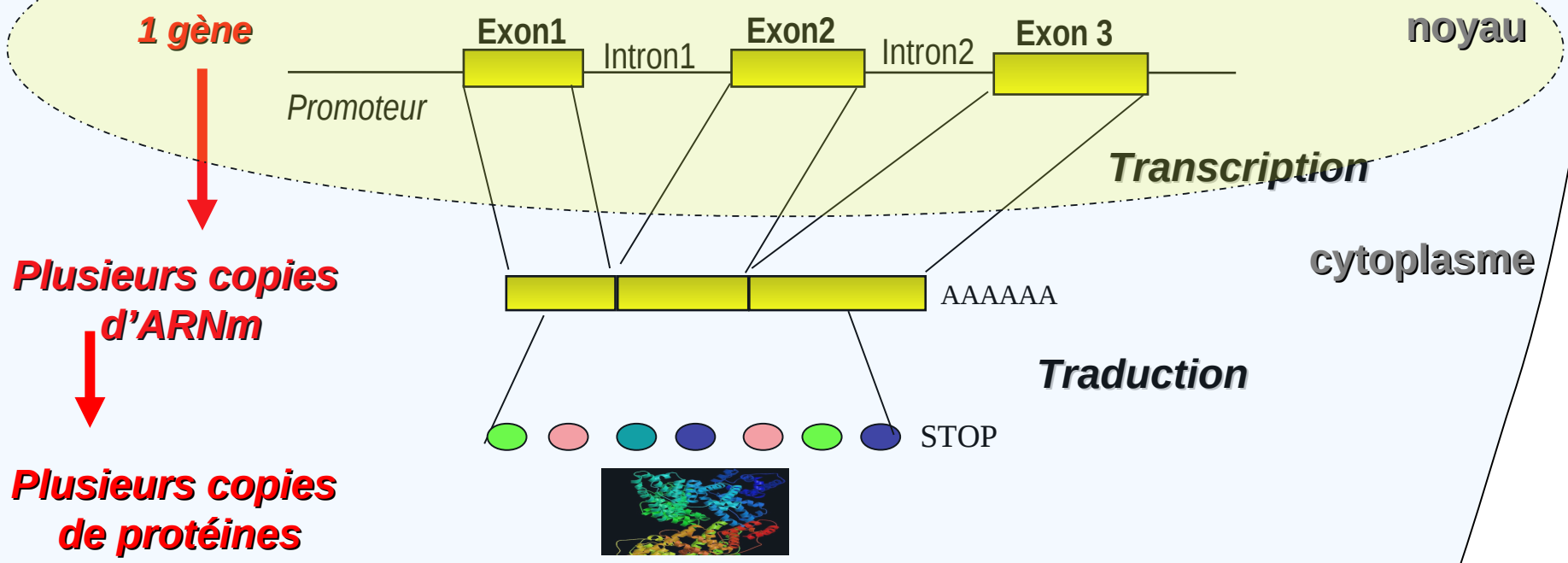
Recombinaison :
Source 2 de
Diversité
des individus

Haplotypes recombinés
A1B2 **A2B1**

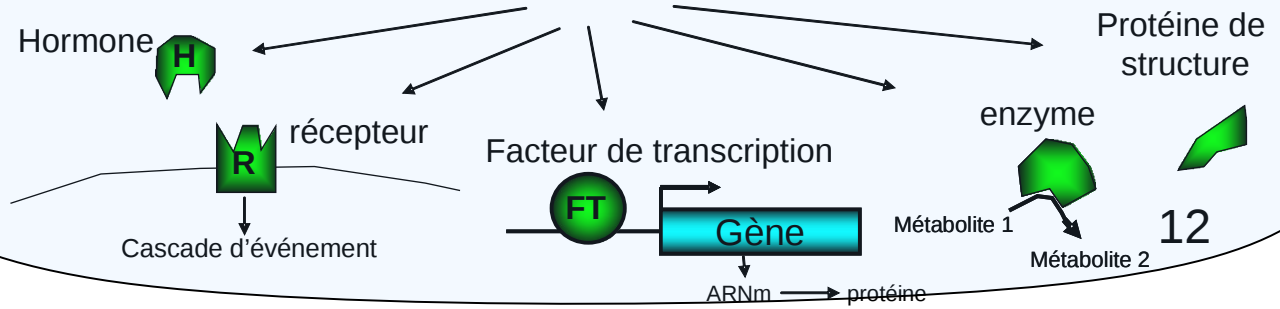
Haplotypes parentaux
A1B1 **A2B2**

Quelques mots sur les locus « codant »
i.e.
les gènes

Un gène = séquence du génome qui est exprimée dans au moins un type cellulaire (transcrite en ARNm)

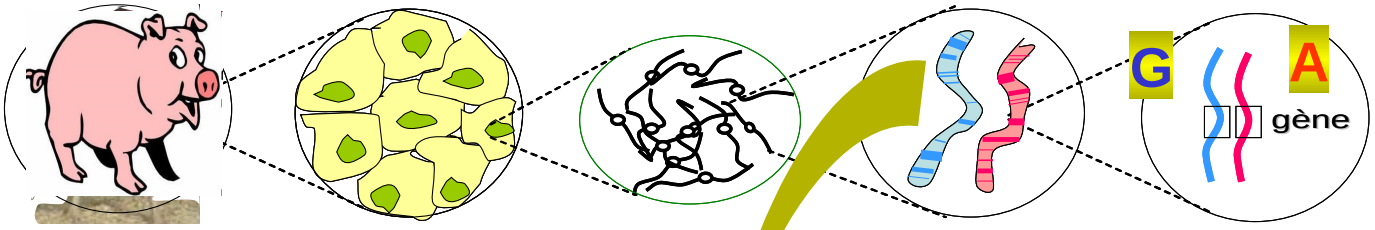


Les protéines ont des activités variées



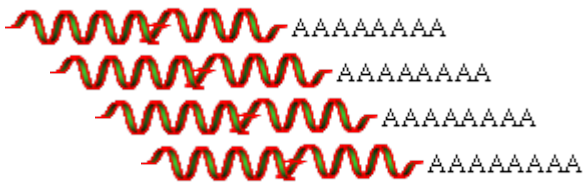
1 cellule

Gène & variation



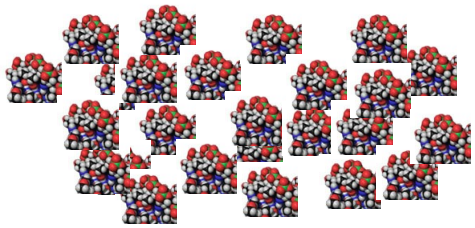
ADN

Transcription

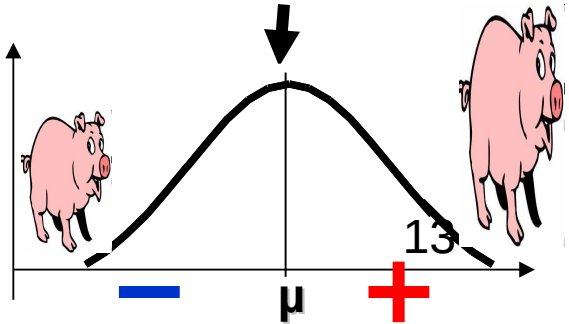


ARNm

Traduction



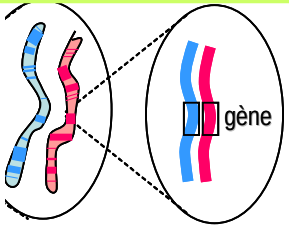
Protéines



Caractère

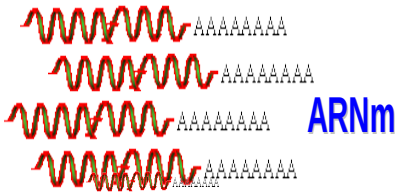
Voyons au travers de 2 exemples les conséquences des variations au niveau d'un gène sur la variation d'un caractère

Gène & variation



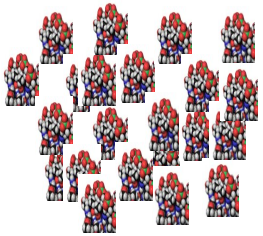
ADN

Transcription



ARNm

Traduction



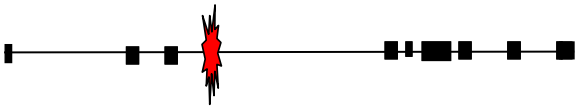
Protéines

Processus biologiques

Caractère

Porc : Gène ***Igf2***

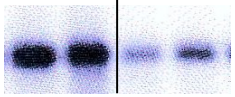
masse musculaire



G → A

Mutation	:	G	A
Qtité muscle	:	++	- -

ARNm IGF2

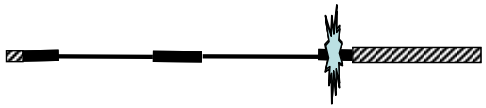


muscle de porcelets de 3 sem.

Nezer et al., Genetics 2003

Gène ***myostatine***

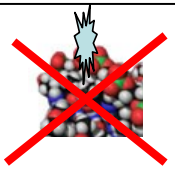
phénotype CULARD



G → A (Piedmontese)

GTGATGAACATCCACAGA (BBB

Protéine Myostatine

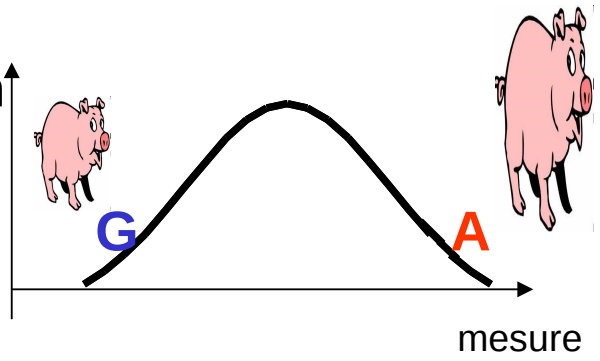


Variation de la Masse musculaire

Mc Pherron and Lee, PNAS 1997

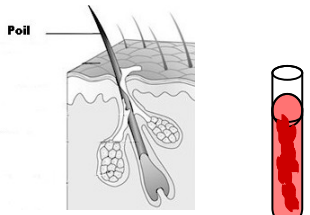
Q1 : Comment la génomique peut améliorer l'efficacité de la sélection classique?

En permettant la localisation et l'identification des mutations responsables d'une partie de la variation d'un caractère
= QTL *(Quantitative Trait Locus)*

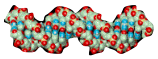


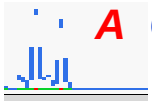
=> information sur le caractère disponible très tôt dans la vie de l'animal

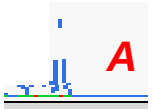
Ech. biologique (sang, poils) → *Génotypage au QTL* → *décision*



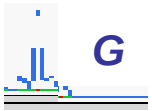
ADN







sélectionné



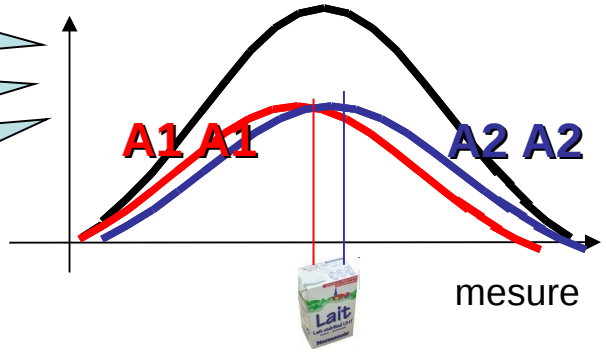
éliminé

Génétique des caractères complexes :
Modèle polygénique, QTL et gène majeur

Chr 1

Chr 2

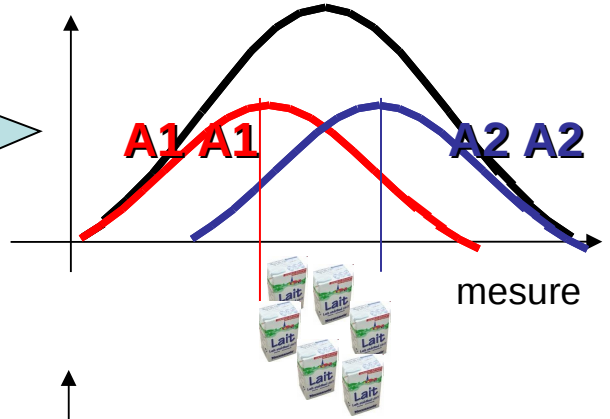
Milliers de locus avec petits effets sur le caractère



Chr 3

Quelques locus avec moyens effets sur le caractère (observables)

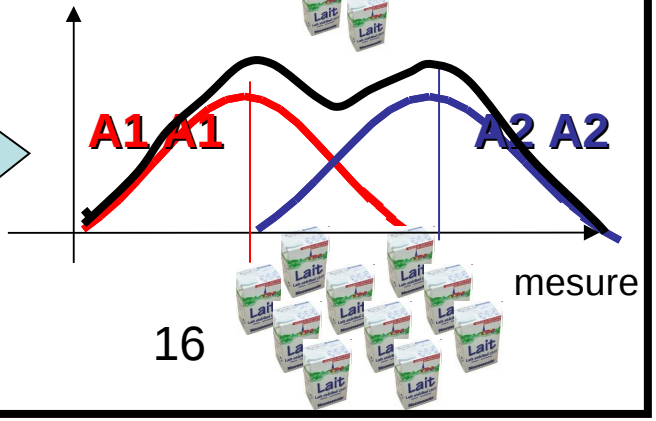
=> QTL



Chr i

un locus à effets très fort sur le caractère

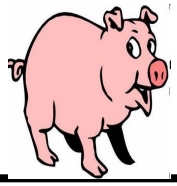
=> Gène majeur



Q1 : Comment la génomique peut améliorer l'efficacité de la sélection classique?

Ces informations moléculaires

Progrès génétique



$$\Delta G = \frac{i^{+} \; r^{+} \; h \, \sigma_p}{t^{-}}$$

Intensité de sélection (coût de la mesure) — *Précision de l'évaluation* — *Variabilité génétique* — *Temps pour obtenir l'évaluation*

- **Caractères dont l'évaluation classique est coûteuse**
  - **Nécessitant l'abattage** de l'animal *(qualité des carcasses, des viandes, …)*
  - **Difficilement mesurable**, par ex. mesure en cage individuelle *(efficacité alimentaire, …)*
  - **Caractères dépendant du sexe -** évaluation des mâles par les apparentés femelles *(taille de portée)*
- **Caractères mesurés tardivement** *(longévité, caractères de reproduction,)*
- **Caractères peu héritables -** évaluation classique est peu précise -

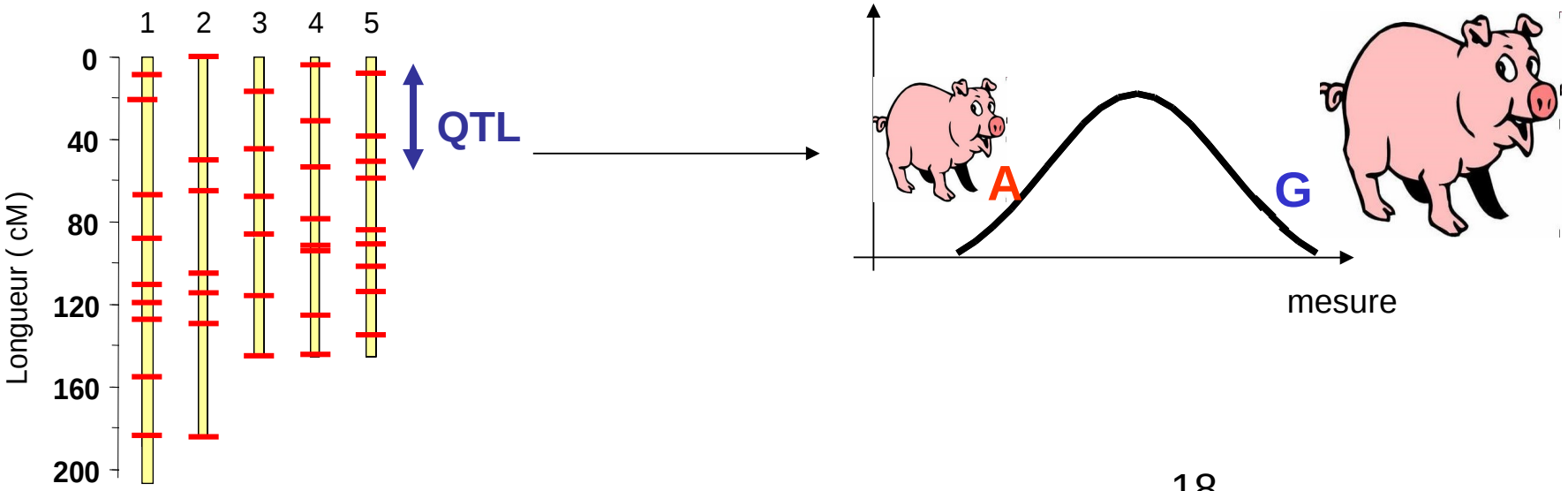
(Caractères de reproduction, Résistance à des maladies)

↗ i

↘ t

↗ r

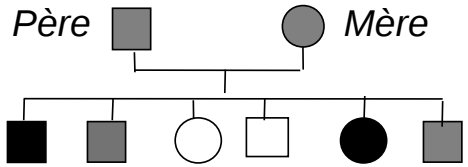
Comment Identifier dans le **génome**
des **QTL *(Quantitative Trait Locus)***
cad
des régions et sous jacent des mutations responsables de la variation d'un caractère



Quelques mots sur les locus « NON codant »
i.e.
Locus « anonymes »
Locus « marqueurs »
Locus « balise du génome »

Recherche de QTL - Outils et principe

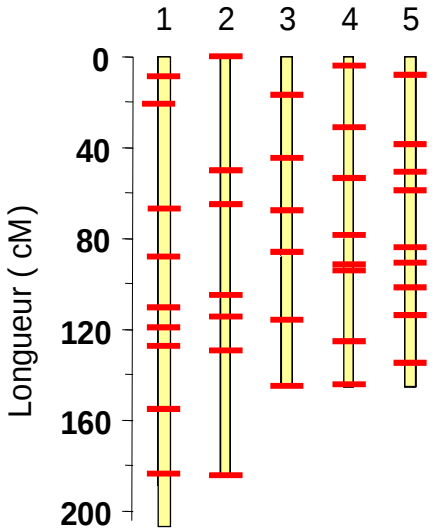
Familles



Nombreux descendants

variable pour le caractère d'intérêt
=> Phénotyper les desc. pour le caractère d'intérêt

Carte génétique de l'espèce



= Ensemble de marqueurs positionnés dans le génome :
(Marqueur : locus polymorphe (A1, A2, A3,…))

Objectif : avoir des balises couvrant le génome à pas régulier

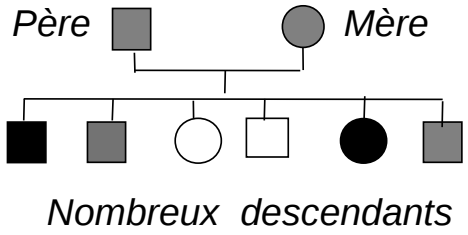
Microsatellites: répétition d'un motif de 1 à 4 nt ; multiallélique

```
A1 : AGGGCATATATATATATAGCAGCATCT                    (TA)6
A2 : AGGGCATATATATATATATATATAGCAGCATCT               (TA)9
A3 : AGGGCATATATATATATATATATATATATAGCAGCATCT         (TA)11
A4 : AGGGCATATATATATAGCAGCATCT                       (TA)5
```

Année fin 90s : Recherche de QTL - Principe

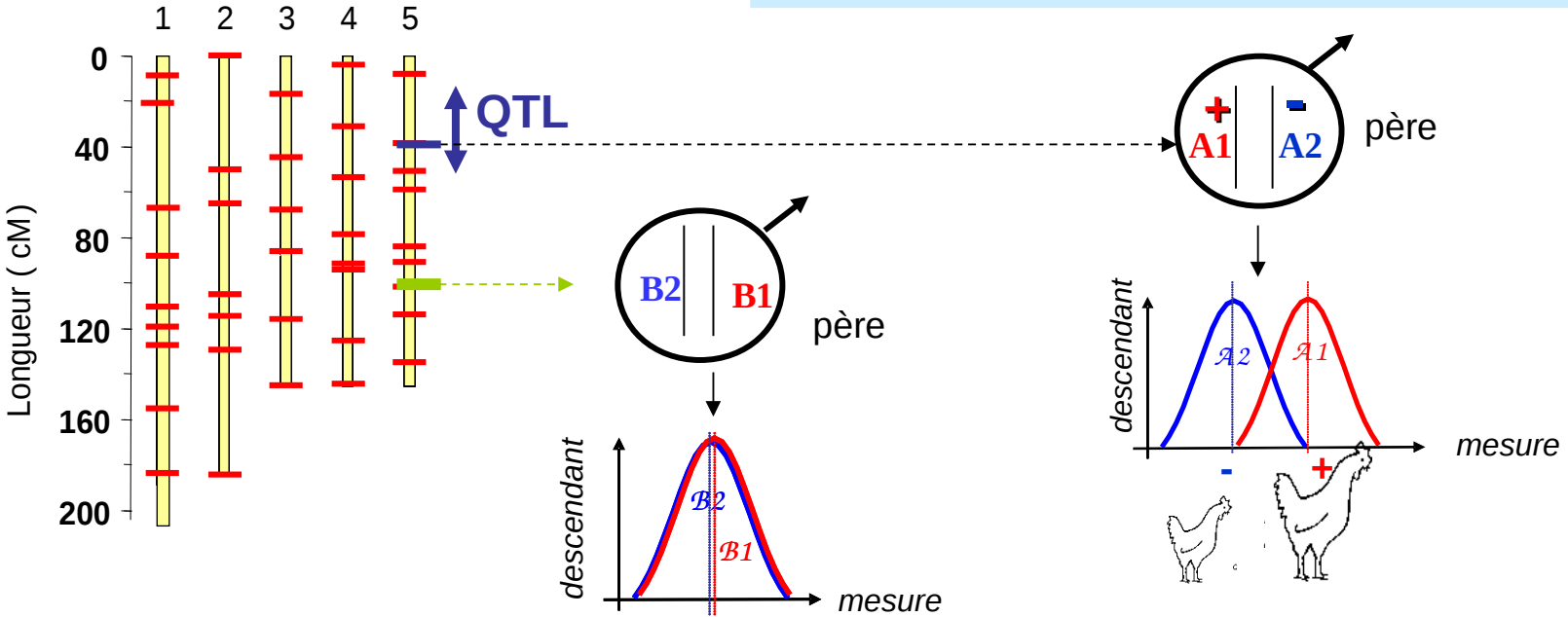
variable pour le caractère d'intérêt
=> Phénotypage pour le caractère d'intérêt

Familles



⇒Génotyper le père et tous les desc. pour ~150 marqueurs tous les 20 Mb (couvrir le génome)

Carte génétique de l'espèce

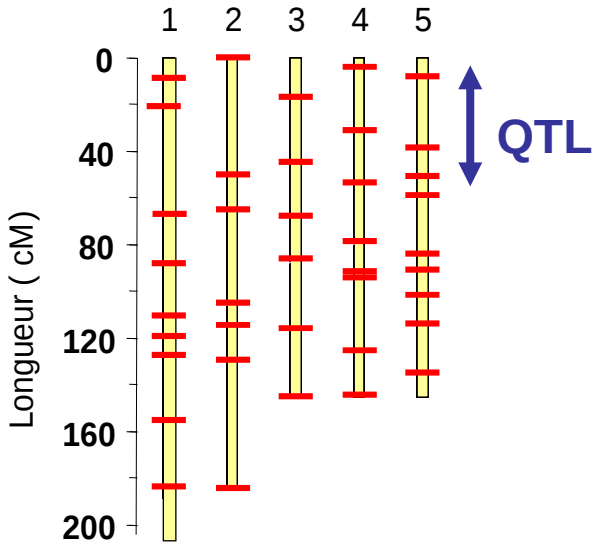


Année fin 90s : Recherche de QTL - Réalisations

Réalisations 1995-2005

100aines de QTL localisés
- tout caractère
- toute espèce

(bovin, porc, volaille, …)



Applications

SAM (1)
Sélection assistée par marqueurs

Q2 : Pourquoi les applications en sélection sont encore limitées ?

Année fin 90s : Recherche de QTL - Réalisations

Réalisations 1995-2005

100aines de QTL localisés
- tout caractère
- toute espèce

(bovin, porc, volaille, …)

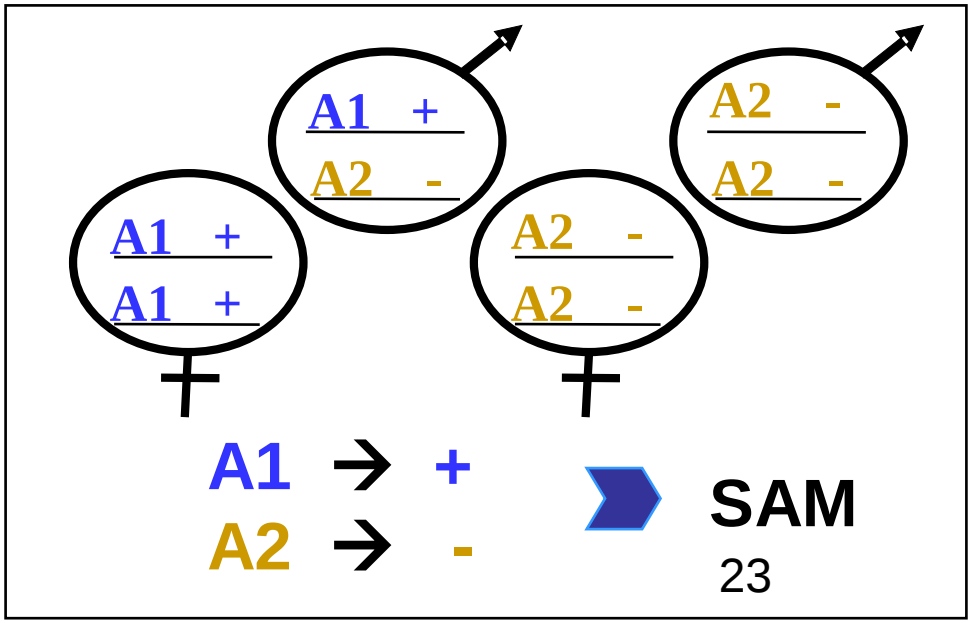
Applications

SAM (1)
Sélection assistée par marqueurs

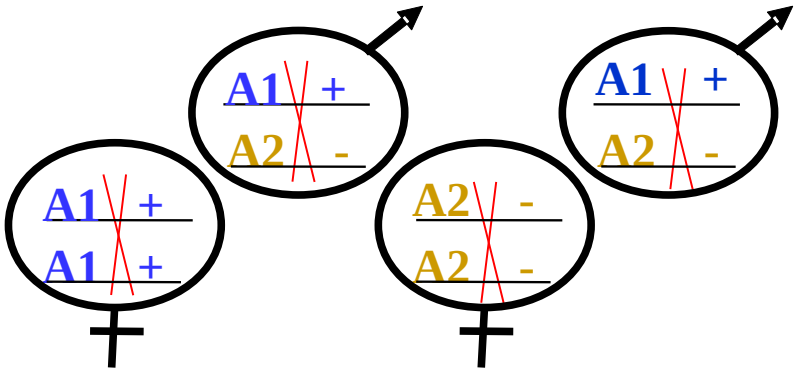
Association préférentielle
entre allèles au marqueur et allèles au QTL

(Déséquilibre de liaison = DL)

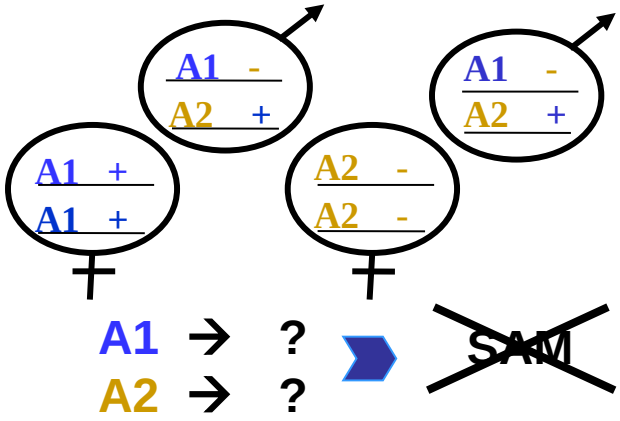
Sous condition



DL total dans la population



DL dans la population



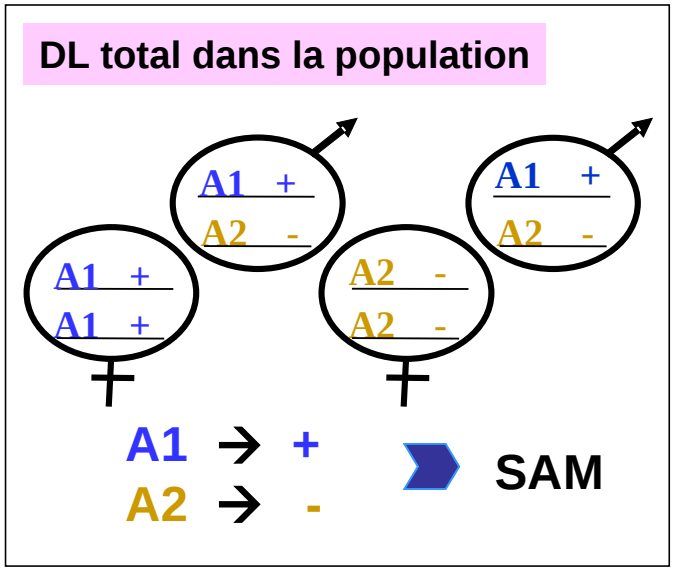
Cependant situation RARE ! !

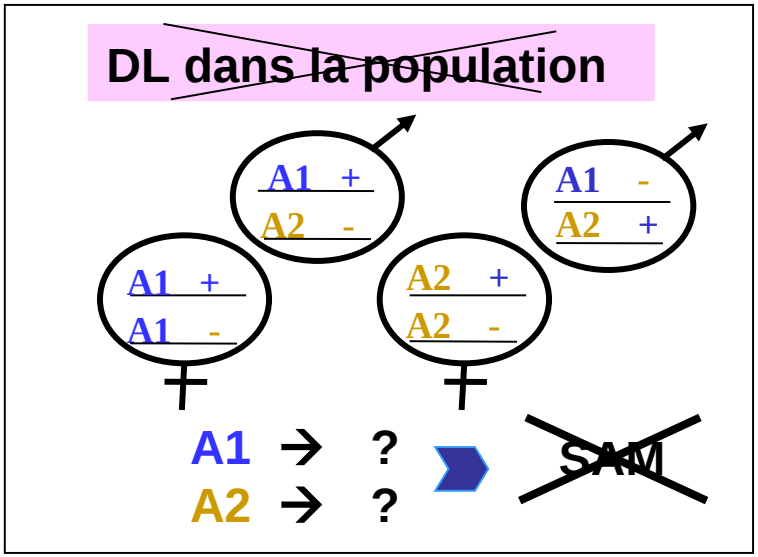
Au cours des générations

lors de la fabrication des gamètes

il y a recombinaison entre les locus marqueur et QTL

et ce d'autant plus que les deux locus sont éloignés





SAM possible intra- famille

Réalisable

- ***si peu de familles dans la pop. d'intérêt***
- ***si le prix du reproducteur est suffisamment élevé pour absorber les coûts de génotypages aux mq***

=> 1ère applications en bovins laitiers

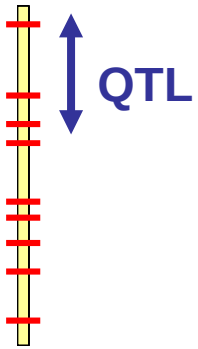
d'où l'intérêt que
les marqueurs soient le plus proche possible de la mutation causale

Les solutions

Réalisations 1995-2005

100aines de QTL localisés
- tout caractère
- toute espèce

(bovin, porc, volaille, …)



Applications

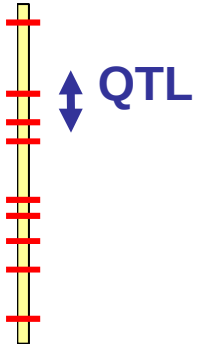
SAM
Sélection assistée par marqueurs

Sous condition

Nécessité d'un DL dans la population d'intérêt

Années 90s-2000s
Passage long
2 à 7 ans

Localisation plus fine

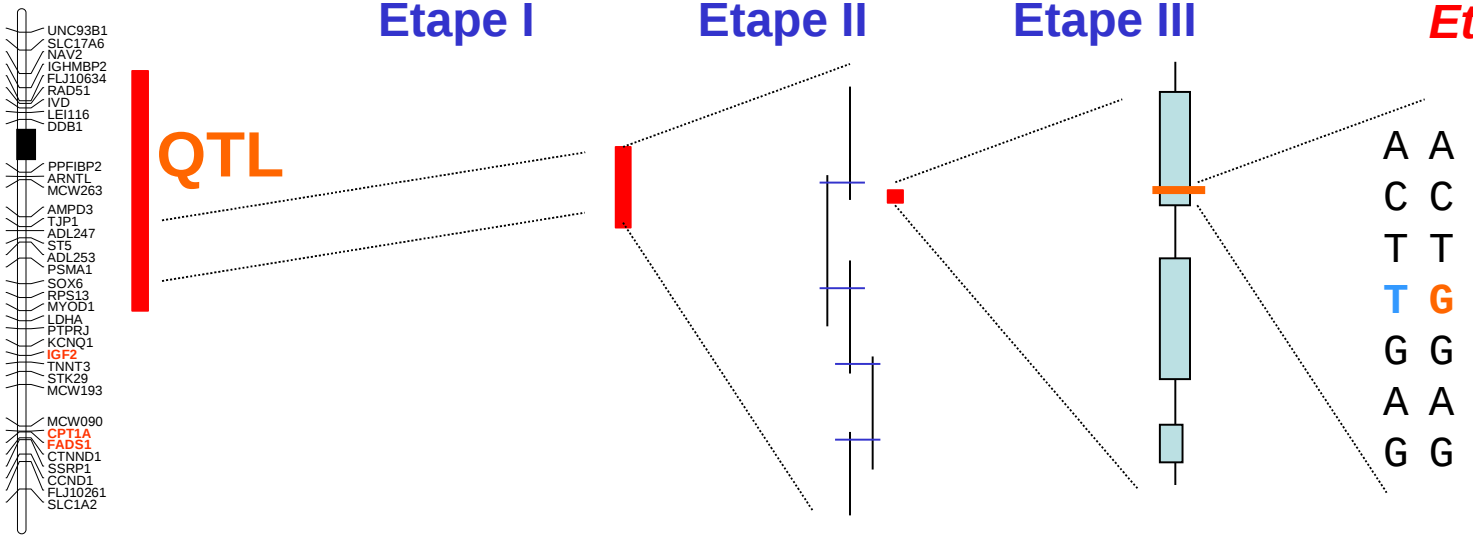


SAM 2nde génération

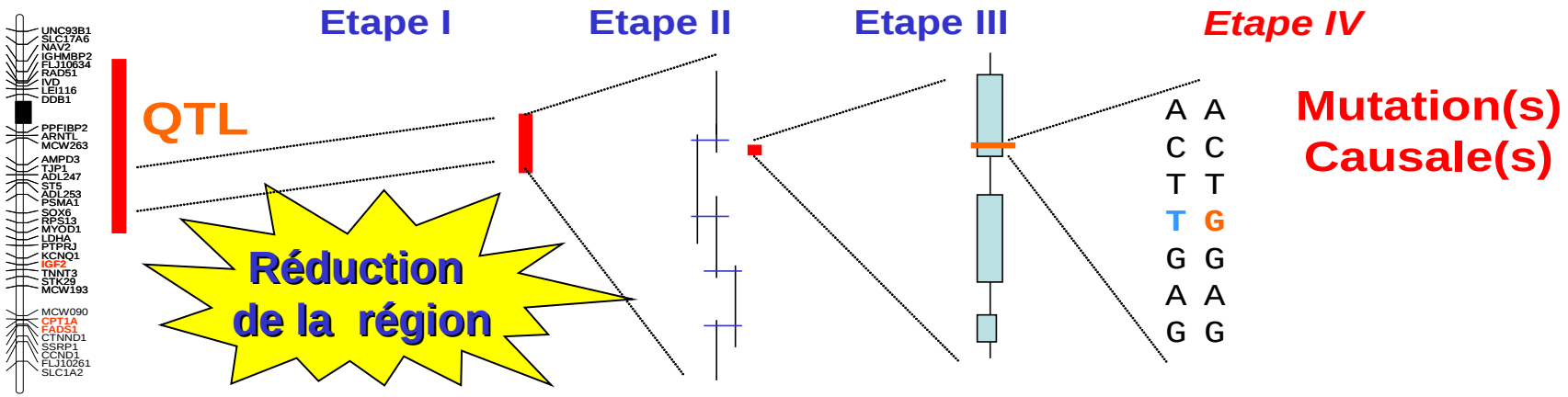
Identification de la mutation

Sélection sur gène
Sélection directe sur la mutation

Q3 . Peut-on faire mieux dans un avenir proche grâce à la génomique ?



(cf. conférence de Juliette Riquet)



Avancées attendues fin des années 2000 :

Densifier les cartes génétiques par l'ajout de nouveaux marqueurs : les SNP

SNP (*single nucleotide polymorphism*) **= mutation au niveau d'une base**

```
A1 : ATCGTGCTATGACGCTGATGACATTAT
A2 : ATCGTGCTATGATGCTGATGTCATTAT
```

Marqueurs bi-alléliques
Mais bcp plus nombreux dans les génomes que les microsatellites : 1 SNP / 1000 nt

⇒**Identification devenue possible grâce aux évolutions des tech. de séquençage qui ont permis une baisse drastique des prix**

~1 milliard de nucléotides

2000 — 2007
Méthode « Sanger »
- Plusieurs mois
- Qq millions de $

2008-2009
Méthode « pyroséquençage »
- en qq jours,
- Qq dizaines de milliers $

• Programme d'identification de ~50 000 SNP
dans différentes espèces animales (bovin, porc, poule)
Par reséquençage de fragments du génome
chez différents individus de populations différentes de l'espèce

• ***Développement de technologies permettant de génotyper rapidement et à faible coût des individus sur des milliers de SNPs***

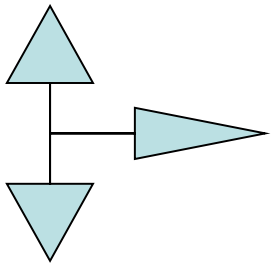
Evolution permanente des prix de génotypage à haut débit

•Jusqu'à maintenant :

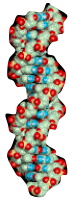
Microsatellites : 150 E / animal pour 110 microsatellites

• Fin des années 2000 :

SNP Goldengate :	~180 Euros / animal	pour 4500 SNP	(x 40)
SNP infinium :	~170 Euros / animal	pour 7600 SNP	(x 70)
puce à ADN «SNP»:	~ 200 Euros / animal	pour ~ 50 000 SNP	(x 500)

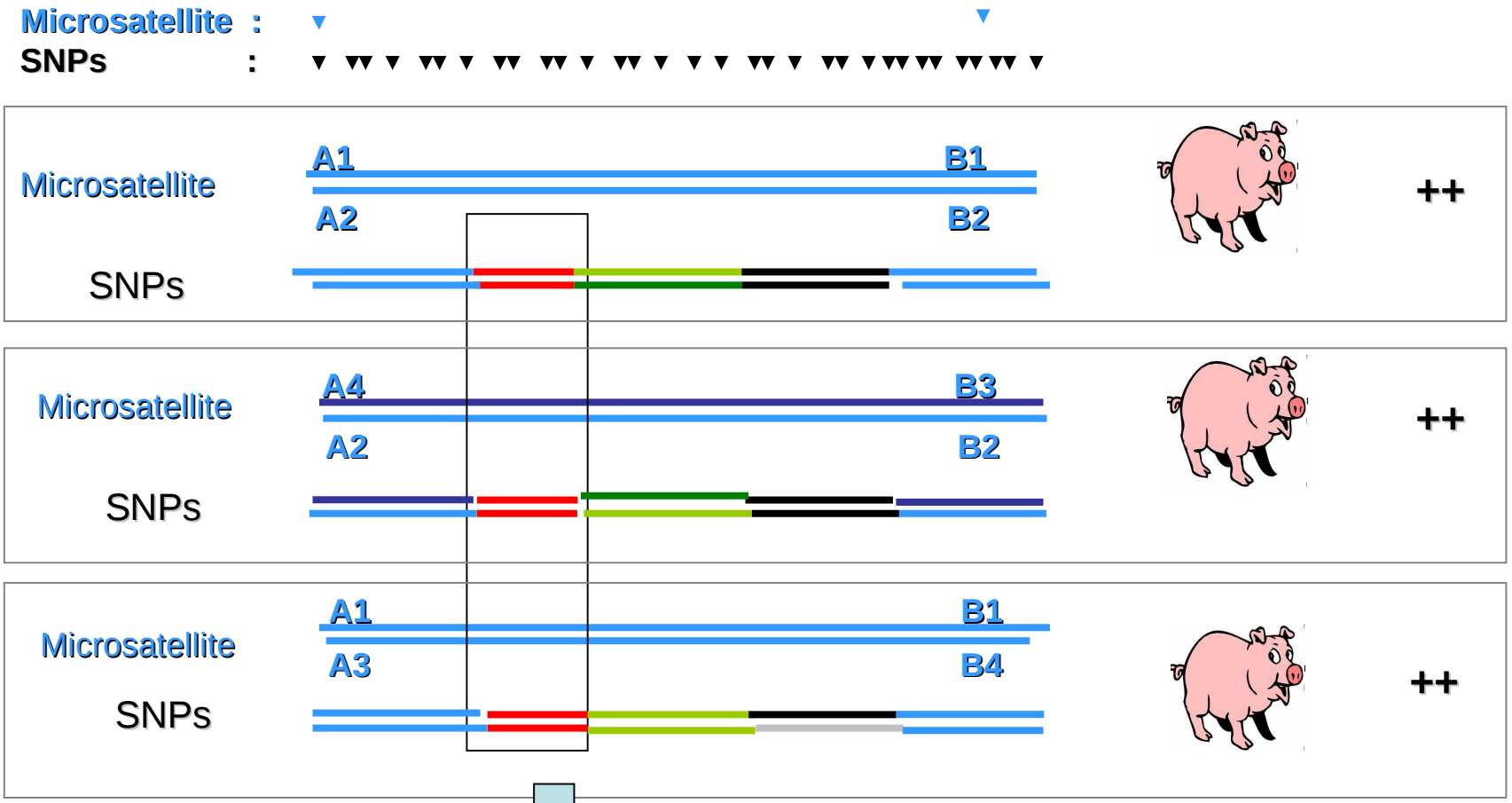


ADN génomique de l'individu



Pour un individu donné,
Lecture simultanée des 2 allèles qu'il possède à des milliers locus

Le génotypage de très nombreux marqueurs permet de connaitre précisément les fragments chromosomiques partagés entre individus de caractéristiques similaires

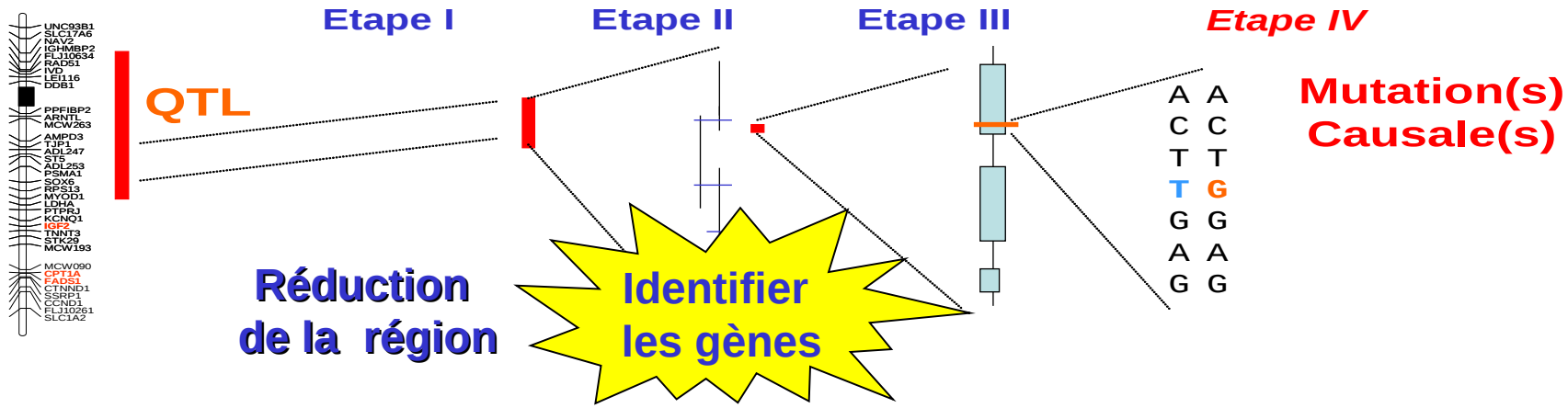


→ Affiner la localisation de régions QTL

Conférence de Juliette Riquet

→ ouvrir de nouvelles perspectives en génétique quantitative avec la sélection génomique

Conférence de Didier Boichard



Les avancées de ces dernières années

1- De plus en plus d'espèces à génome séquencé

- Poulet (2004)
  Bovin
  Cheval …

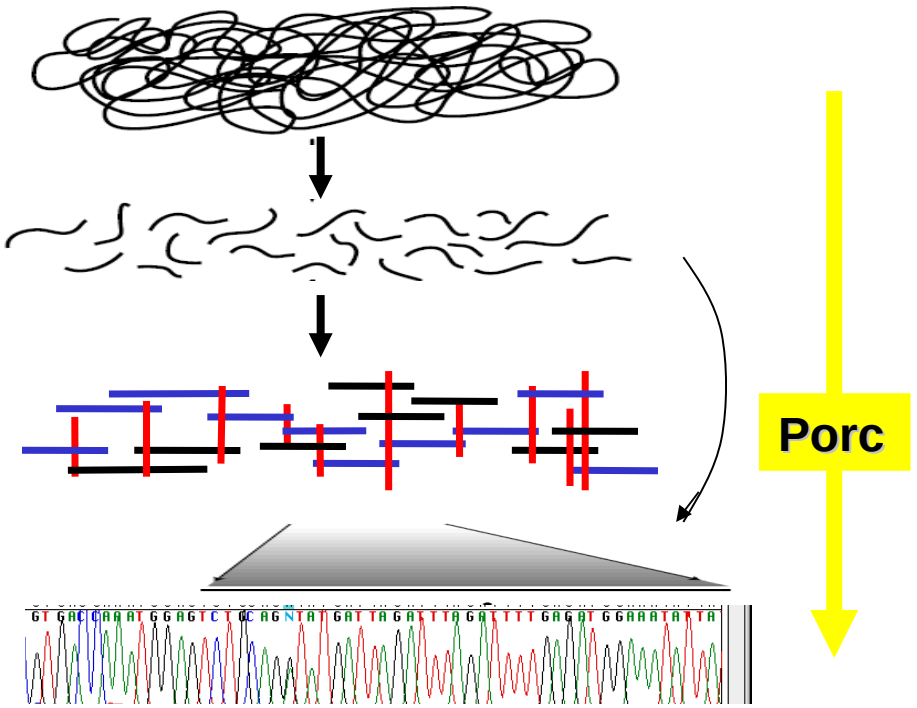
accès à la séquence
=> prédiction des gènes

Étapes de séquençage de génomes complets

1 – Construction de banque de grands fragments
(=> banque de BAC)

((2 –contig de BAC))
Identification des BAC qui se Chevauchent grâce à la présence de marqueurs communs))

3 – Séquençage

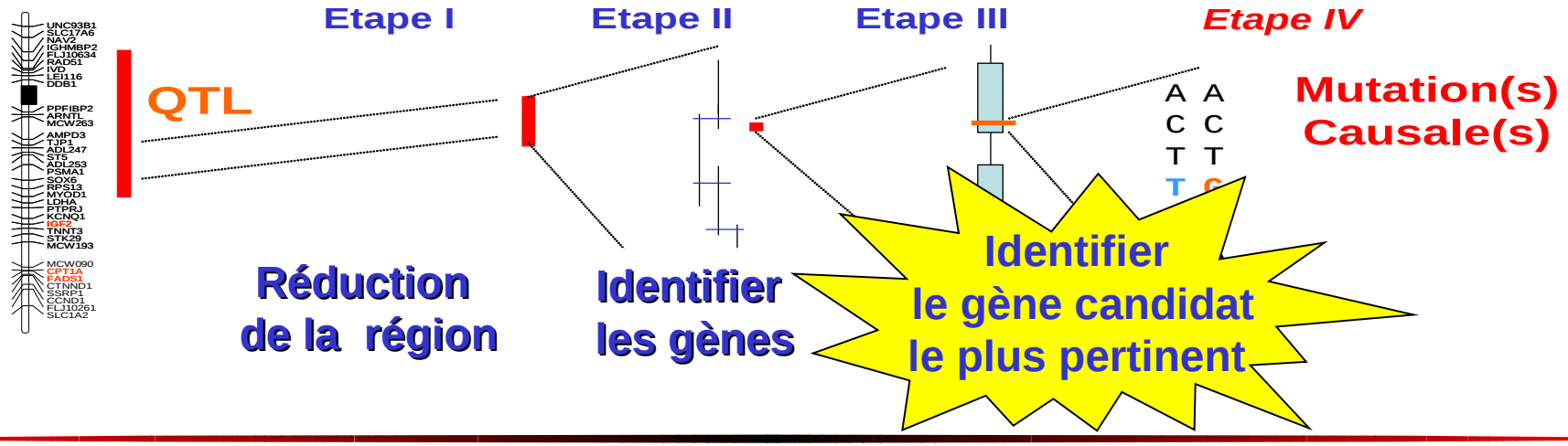


4 – Assemblage (bioinformatique)

séq 1 …TAAGTCTGATCGGGATCCNGCCAC
seq 2 TGTAGTAGATATTGTCATCGCA…
seq 3 ATCCNGCCACTGCAGTGTGATGTAGTAGATATT
Assemblage …TAAGTCTGATCGGGATCCNGCCACTGCAGTGTGATGTAGTAGATATTGTCATCGCATCGCA…

5 – prédiction de gènes (bioinformatique)

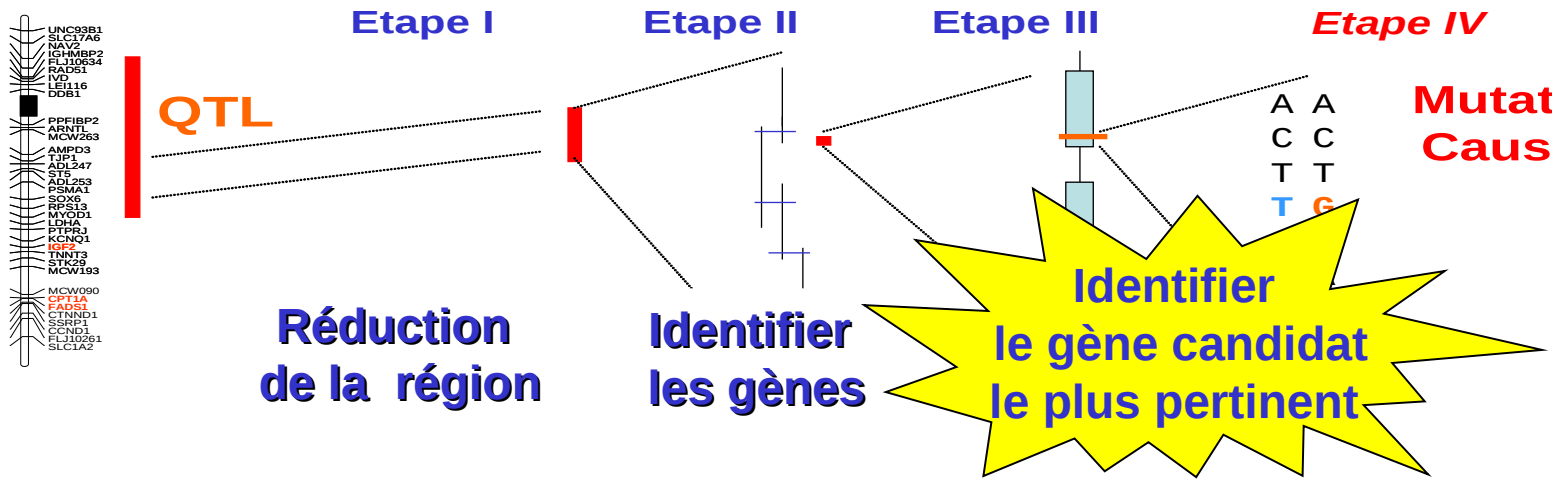
Bovin
Poule
Cheval



Les difficultés, aujourd'hui

1- Nombreux gènes à fonction inconnue !

=> 2/3 des gènes prédits

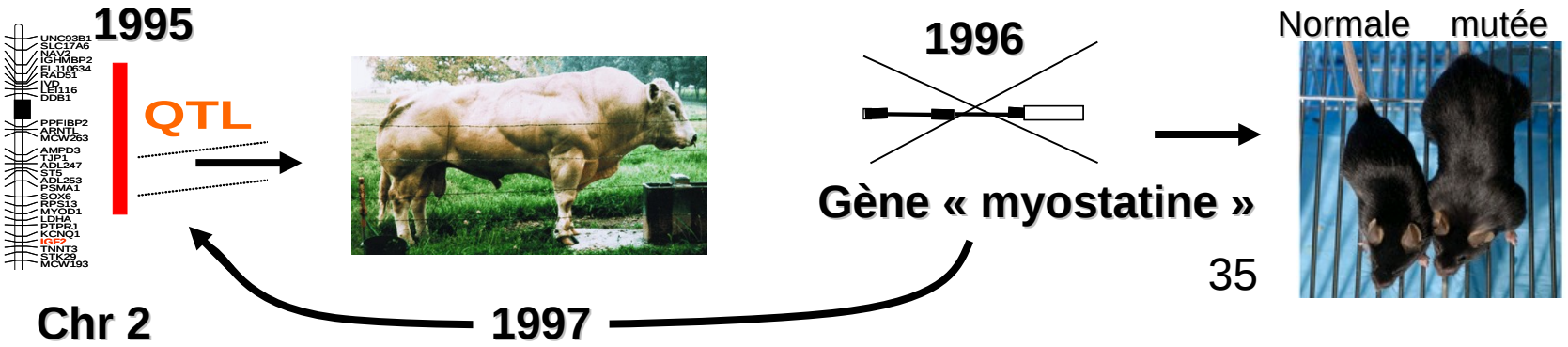


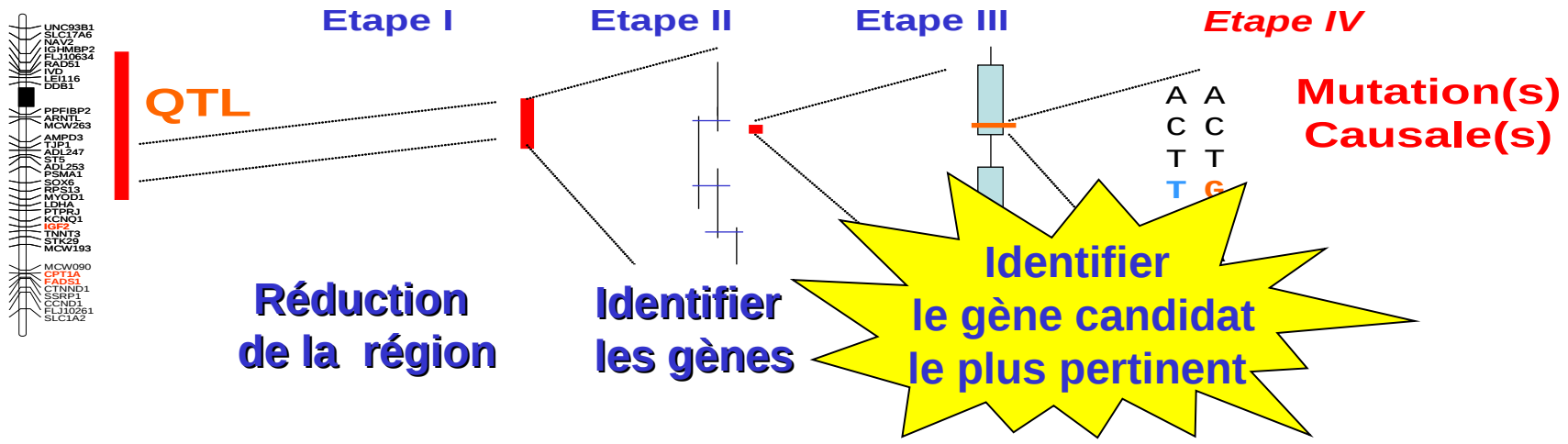
Les difficultés, aujourd'hui

1- Nombreux gènes à fonction inconnue !

Les avancées attendues

Collection de mutants artificiels chez la souris (Clinique de la souris)
Invalider chacun des 40 000 gènes prédits => observer les phénotypes résultant





Les difficultés, aujourd'hui

1- Nombreux gènes à fonction inconnue !

2- Lien entre le gène recherché et le caractère reste « vague » !

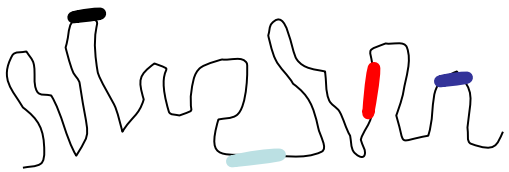
Caractères d'intérêt sont dits ''complexes'' : il peut exister différents chemins biologiques pour un phénotype donné

Les avancées attendues

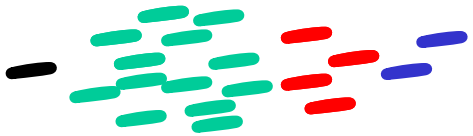
Observer les événements biologiques intermédiaires entre les variations du génome et les variations du caractère

Devenue possible grâce à la Génomique fonctionnelle

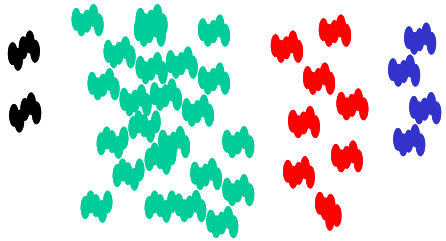
Qu'est ce que la génomique fonctionnelle ?



Genome

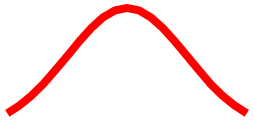


ARNm



Protéines

Processus biologiques (métabolites, activités enzymatiques, …)



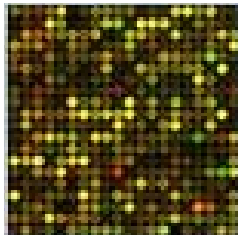
Phénotype

Génomique structurale :

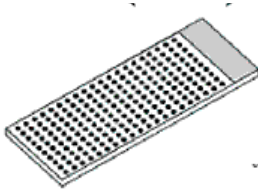
Recherche de QTL

Génomique Fonctionnelle

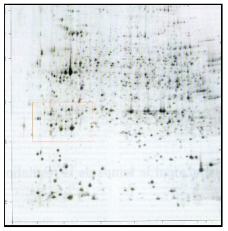
Etude simultanée de l'expression de milliers de gènes,
Differents niveaux d'observation possibles :



Transcriptome ***40 000 gènes***



Puce à ADN ou 'Microarray' ou 'DNAchips'



Protéome ***1 000 protéines***

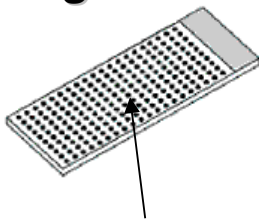
Technique de dosage haut débit

Métabolome ***1 00 métabolites***

Transcriptome - Principe

OUTIL

Puce à ADN
« gène »



Fragment d'ADN spécifique d'un gène i

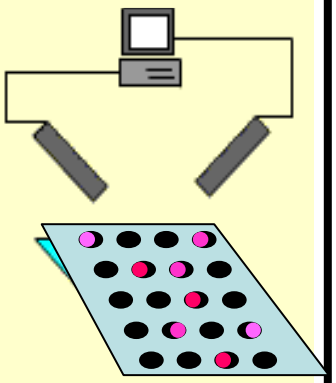
HYBRIDATION

Tissu

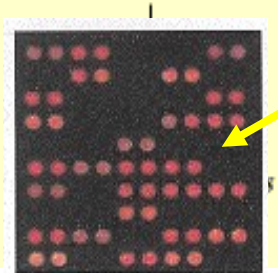
ARN

ADNc Marqué en rouge

RESULTAT



lecture des résultats

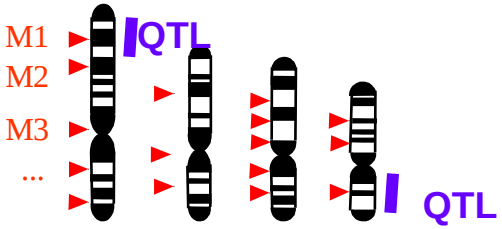


L'intensité d'un spot est proportionnelle au niveau d'expression d'un gène précis pour un tissu d'un animal donné

Photo de l'expression des gènes (au niveau ARNm) d'un tissu d'un individu à un stade physiologique précis

Illustration d'une application possible

Approche QTL



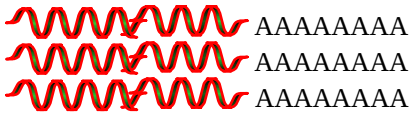
QTL identifiés pour un caractère (couleur de la viande)

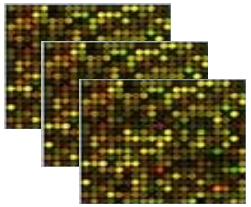
gene

comparaison de **l'expression des gènes** entre **muscles** de 2 groupes d'animaux

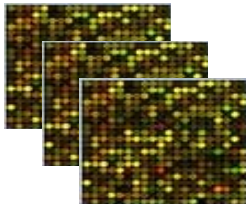
Viande pâle et **viande colorée**

ARNm

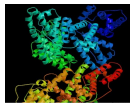


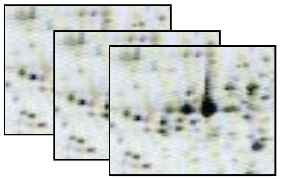


ARNm : Transcriptome

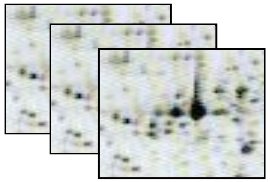


proteine

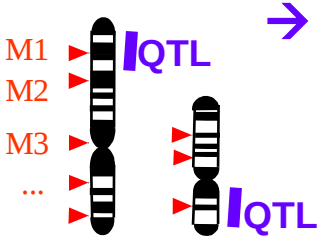




Protéines : Proteome

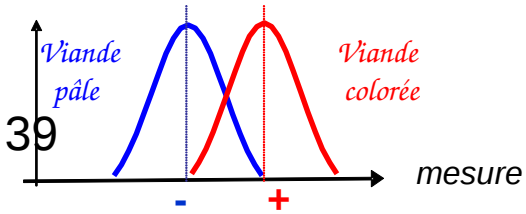


→ **Identification de gènes différentiels en expression**



- +

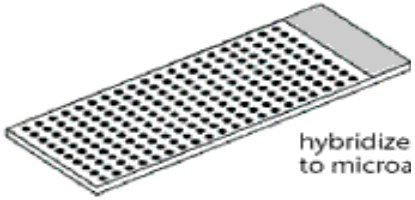
+ -

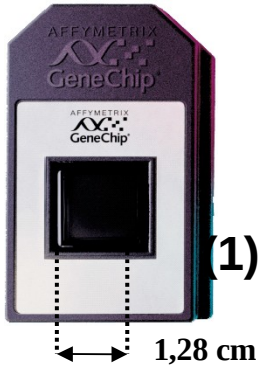


Transcriptome - Outils disponibles

Puces à ADN pan-génomique :

- **puce académique à 20 000 gènes : 50 E**
- **puce commerciale (Affymetrix) à 40 000 gènes : 300 E (1)**

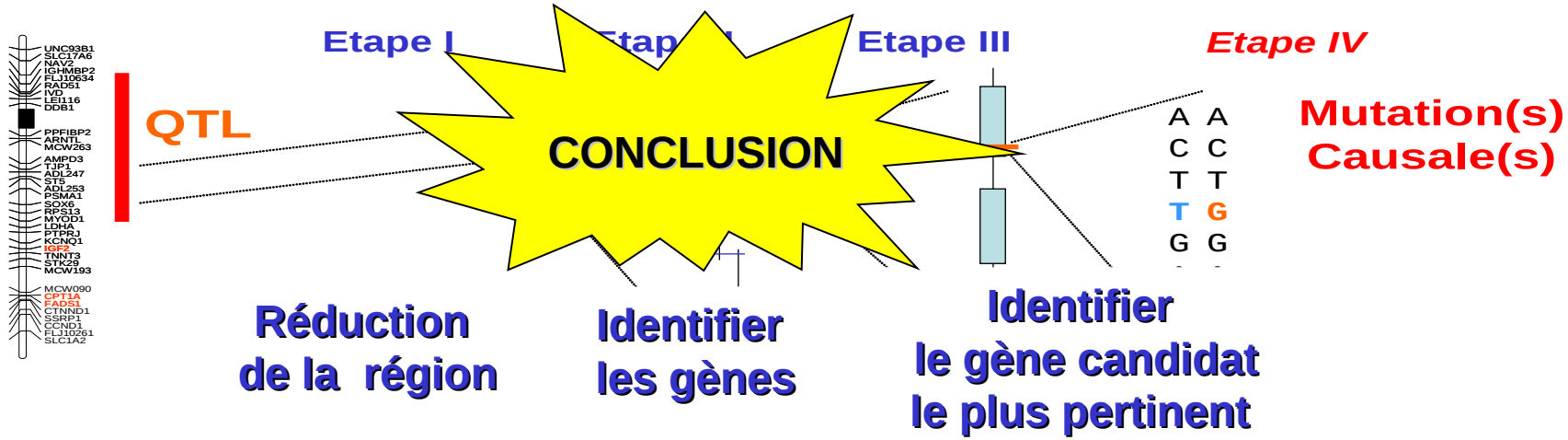




(1)

- **Alternative à venir : séquençage à haut débit d'ARNm tout venant**

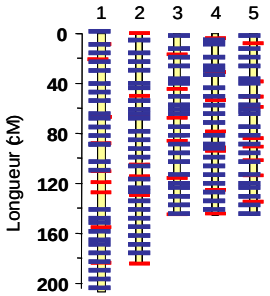
=> permet de quantifier les niveaux d'expression des gènes assez exprimés
=> permet de s'affranchir de l'outil « puce à ADN »



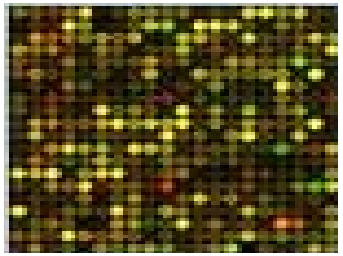
Les difficultés, début des années 2000,
sont donc peu à peu levées cette fin des années 2000

=> Nouveaux outils disponibles

Puce à ADN pour
génotyper des milliers de SNP



Puce à ADN pour
phénotyper l'expression de milliers de gènes



Perspectives

- **Acquisition d'outils et de savoir-faire en génomique structurale & fonctionnelle + Travaux sur les organismes modèles**
  fournissant de nouvelles sources d'information (fonction des gènes)

=> devraient accélérer l'identification de mutations causales & donc les applications de la sélection sur gène

Il existera toujours des cas difficiles :
la complexité des mécanismes de régulation étant bien supérieure à ce que l'on pouvait imaginer il y a qq années encore !

Importance des collaborations avec les professionnels des filières

=> pour cibler les caractères les plus stratégiques pour les filières
=> pour travailler directement sur les populations commerciales
=> pour mesurer un maximum de caractères (caractères classiques, caractères plus élémentaires comme des mesures de métabolites, hormones…)

Autres applications possibles

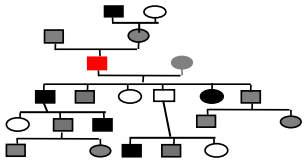
Améliorer de plus en plus de caractères qui visent des objectifs de plus en plus variés :

Voie génétique
(sélection ou croisement)

Conditions d'élevage
(alimentation, santé, bâtiments, …)

2 types d'information

- *Pedigree*



- *Mesure du caractère d'intérêt*

Retour au génome d'intérêt (introgression)

Contrôle de filiation

génomique

Meilleure connaissance des voies métaboliques responsables des caractères pouvant offrir de nouvelles voies de maîtrise des caractères (nutrition…)

Détection de QTL
+
Genome wide selection

(cf. conférence de Didier Boichard)

Aval des filières: Diagnostic des propriétés des produits pour une meilleure orientation de leur utilisation

Remerciements

Laboratoire de Génétique Cellulaire, INRA-Toulouse
Juliette Riquet
Frédérique Pitel

Unité de Recherche Avicole, INRA-Tours
Elisabeth Lebihan-Duval

UMR de génétique animale, INRA- Agrocampus Rennes
Pascale Le Roy
Olivier Demeure

Formations continues annuelles proposées par l'UMR à Agrocampus Rennes

- Analyse génétique de caractères complexes (3j) : 8-10 oct. 2008
- Analyse QTL (4j) : 13 - 16 oct. 2008
- Analyse statistique de données transcriptomiques (5j) : 19-23 janv. 2009

Merci de votre attention

Institut National de la Recherche Agronomique

Annexes

Nécessité d'outils lourds à développer (long et coûteux)
Engagement fort de l 'INRA en lien avec les professionnels

A.G.E.N.A.E — **A**nalyse des **GEN**omes des **A**nimaux d '**E**levage
(Moyens financiers, humain et Infrastructures)

Génomique structurale
(connaissance des génomes)
→ Recherche de rég. QTLs

Génomique fonctionnelle
(Transcriptome)

Bovin

Porc

poulet

truite

Années 90s
Développement des
cartes génétiques
(marqueurs microsatellites)

Se poursuit avec le
Développement de SNPs

Travaux de **cartes comparée**
entre espèces 'phares'
et autres espèces

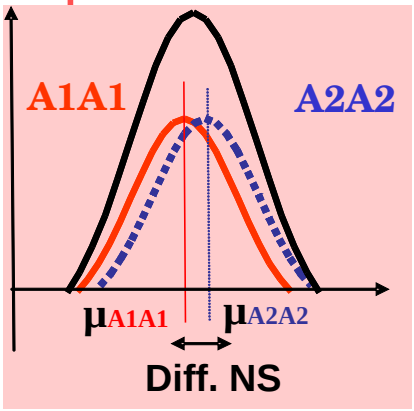
Méthodologie
« recherche de QTL et eQTL »
(Généticiens quantitatifs)

début 2000s
Développement de Puces à ADN
ou *micro-array*

début 2000s
Développement d'outils
pour la localisation des gènes :

Développement
de cartes d 'hybrides irradiés

Modèle polygénique

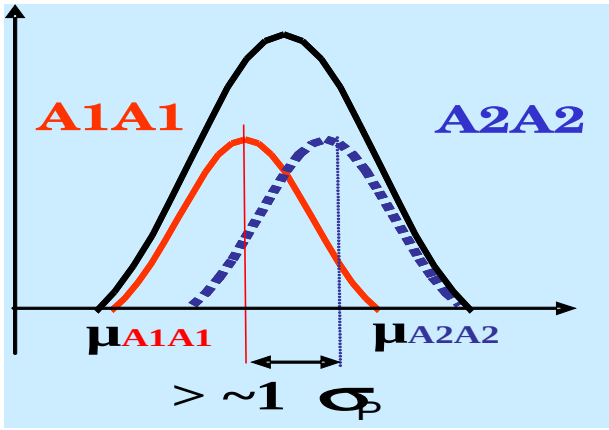


Majorité des caractères complexes répondent à un modèle génétique « Mixte », mélange de polygénique et de QTL à moyen ou fort effet (gène majeur)

Nombre de locus

Polygène

Gène à effet individualisable



QTL

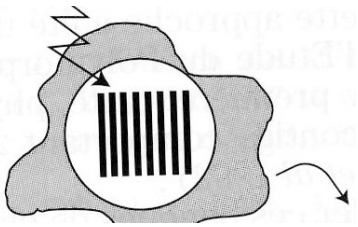
Gène majeur

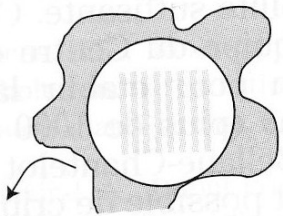
Modèle monogénique

Effet

Panel d'hybrides irradiés

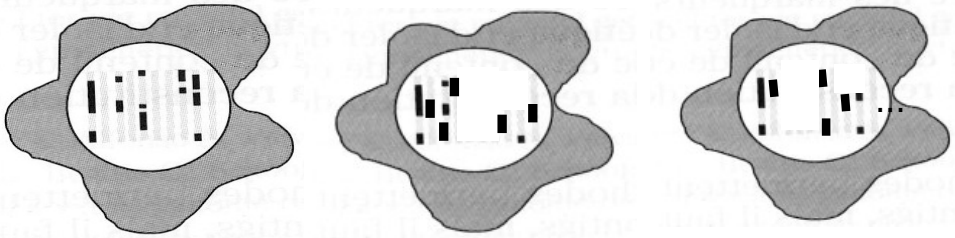
Fragmentation des chromosomes de l'espèce d'intérêt par irradiation





lignée receveuse (fibroblastes hamster)

Fusion



Carte d'hybrides irradiés

Principe :

Plus les loci sont proches, plus ils ont de chance de ne pas avoir été séparés lors de l'irradiation

En amplifiant ce loci par PCR dans l'ensemble des clones du panel on obtient des profils qui permettent d'ordonner les loci entre eux

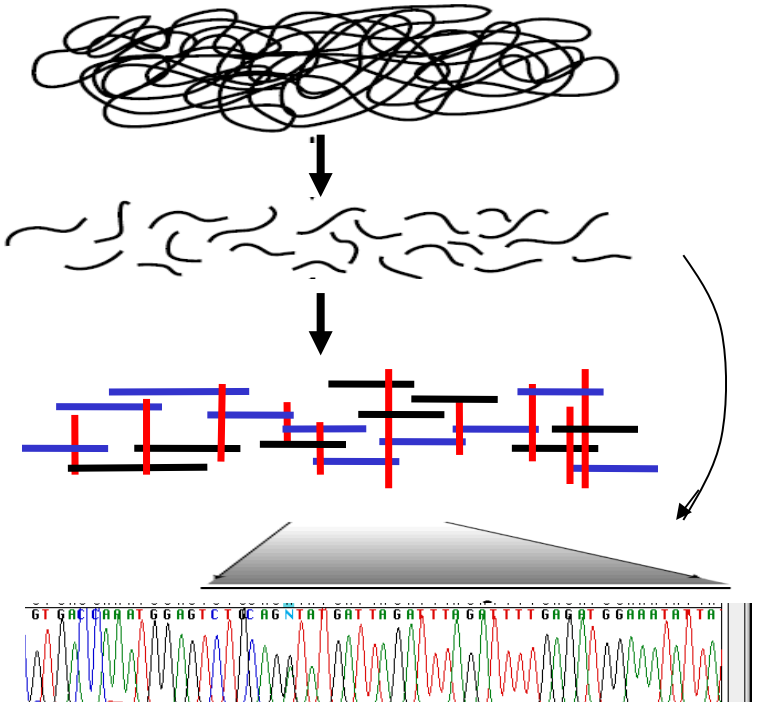
Clones :	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	….	90	91	92
Gène 1:	_	_	_			_		_		_		_		_	_			_	
Géne 2:	_	_	_			_		_		_		_		_	_			_	
Gène 3:	_	_	_					_		_		_		_	_			_	
Gène 4:					_				_		_		_	_			_		_

Les distances sont exprimées en centi Rays (cR)

⇒**plus besoin d'être polymorphe pour être localisé, mais besoin d'information de séquence**

Étapes de séquençage de génomes complets

1 – Construction de banque de grands fragments
(=> banque de BAC)



((2 –contig de BAC))
Identification des BAC qui se Chevauchent grâce à la présence de marqueurs communs))

3 – Séquençage

4 – Assemblage (bioinformatique)

séq 1 …TAAGTCTGATCGGGATCCNGCCAC
seq 2 TGTAGTAGATATTGTCATCGCA…
seq 3 ATCCNGCCACTGCAGTGTGATGTAGTAGATATT
Assemblage …TAAGTCTGATCGGGATCCNGCCACTGCAGTGTGATGTAGTAGATATTGTCATCGCATCGCA…

5 – prédiction de gènes (bioinformatique)

LOC728979 LOC645261 LOC644285 50 CCNH
RASA1

Evolution rapide des connaissances des génomes

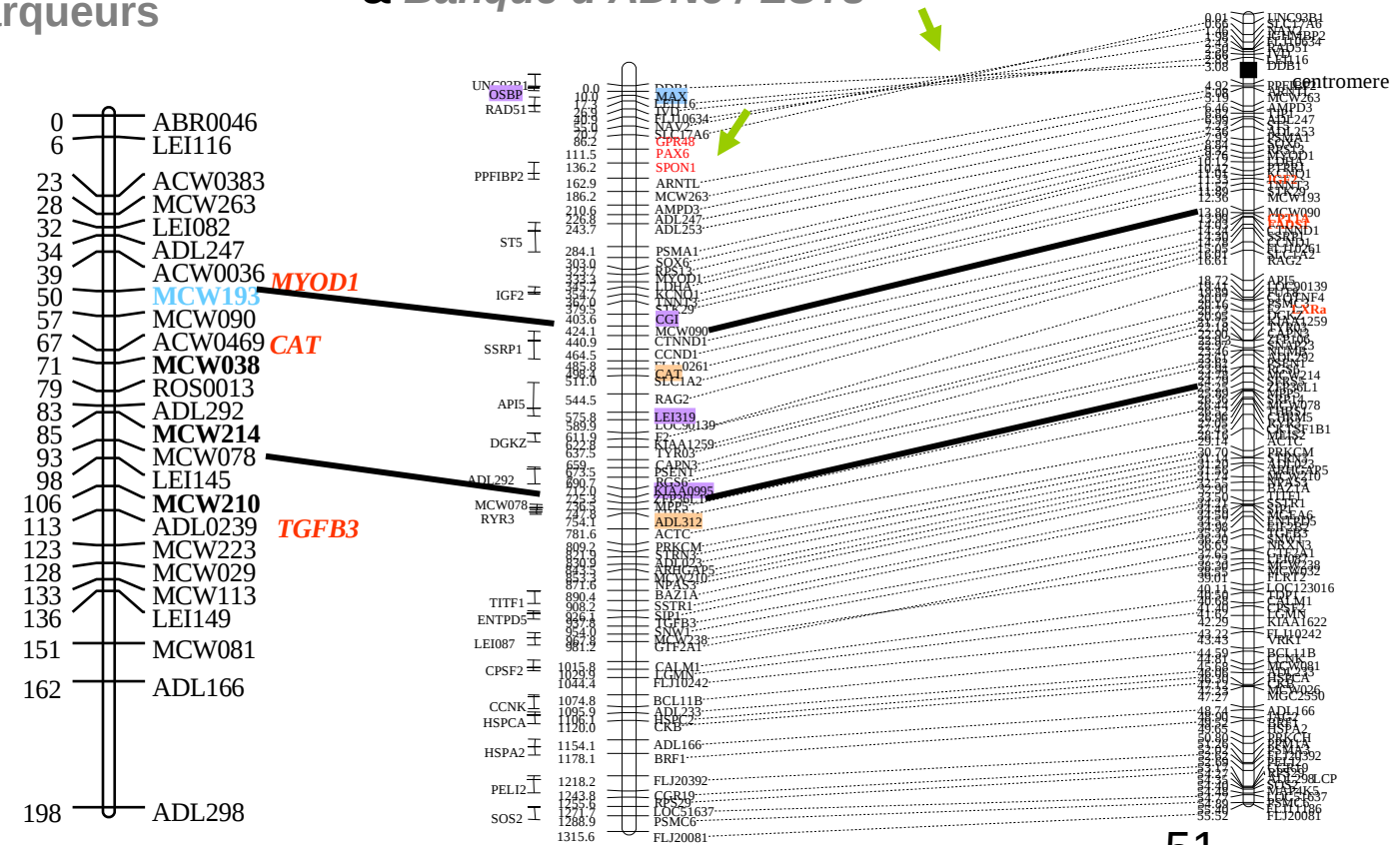
Complémentarité des approches

Exemple de la poule

Carte Génétique (cM)
& Marqueurs

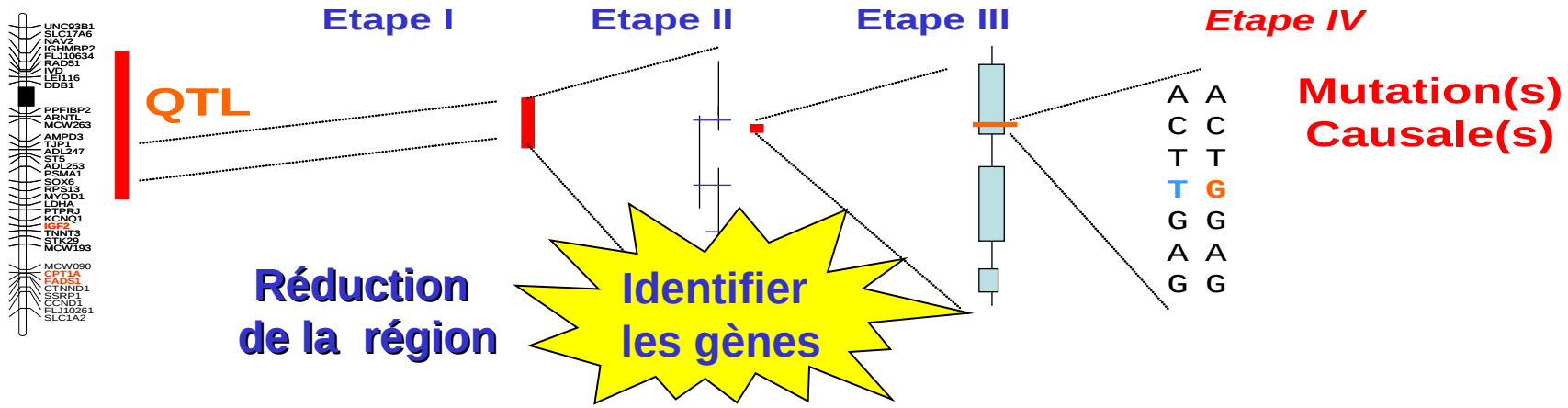
Carte d'Hybrides irradiés (cR)
& *Banque d'ADNc / ESTs*

Séquencage complet d'un génome (Mb)
& banque de BAC



51

Années 90 **2003-2004** **juin 2004**



Les avancées de ces dernières années

1- De plus en plus d'espèces à génome séquencé

Génomique comparative (cartes comparées)

- **Transposer les connaissances des espèces modèles aux espèces d'intérêt**

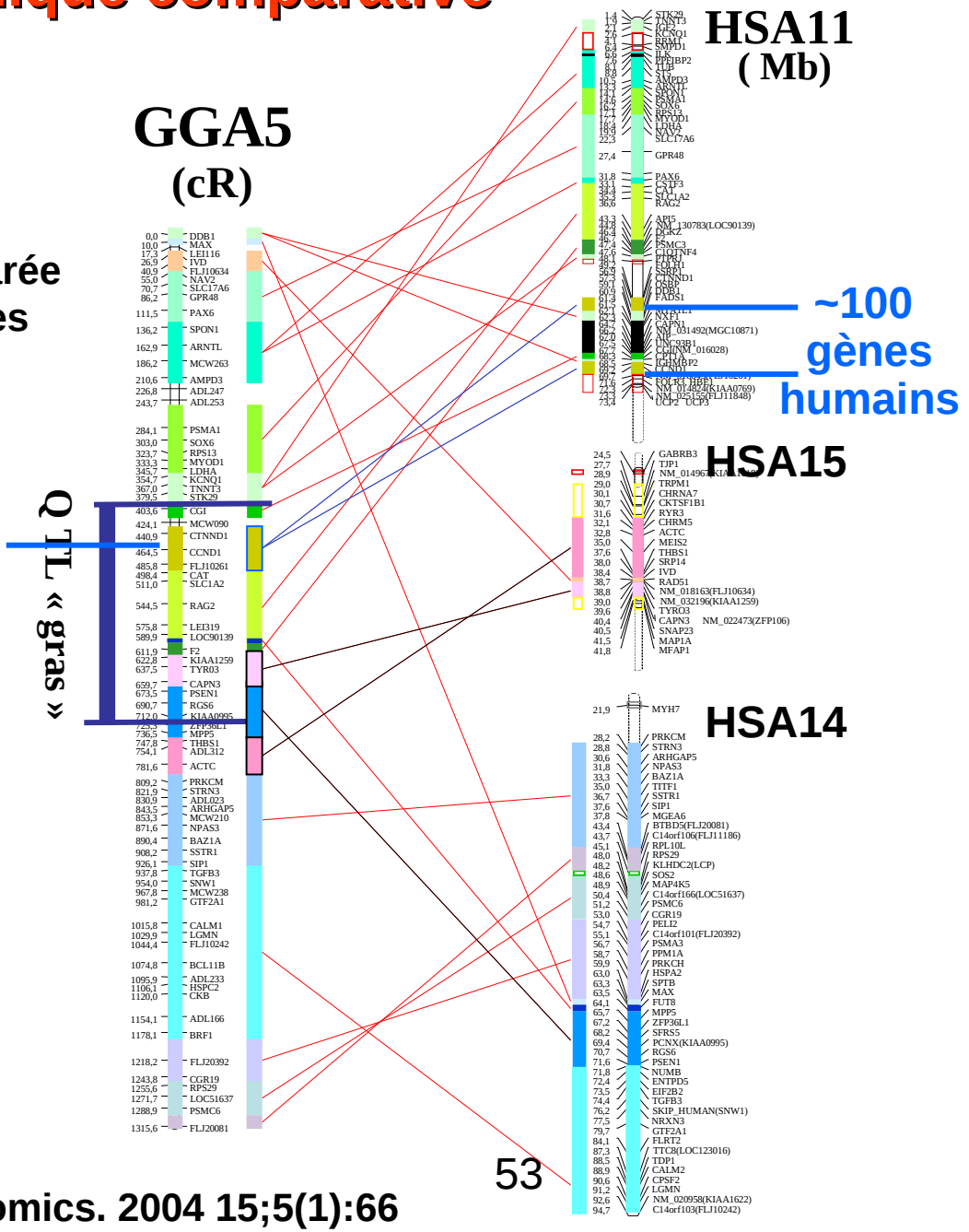
Similarité de l'organisation des génomes et donc de l'ordre des gènes entre espèces.

- **Nécessité de points d'ancrage**

2- Espèces à génome non séquencé

Génomique comparative

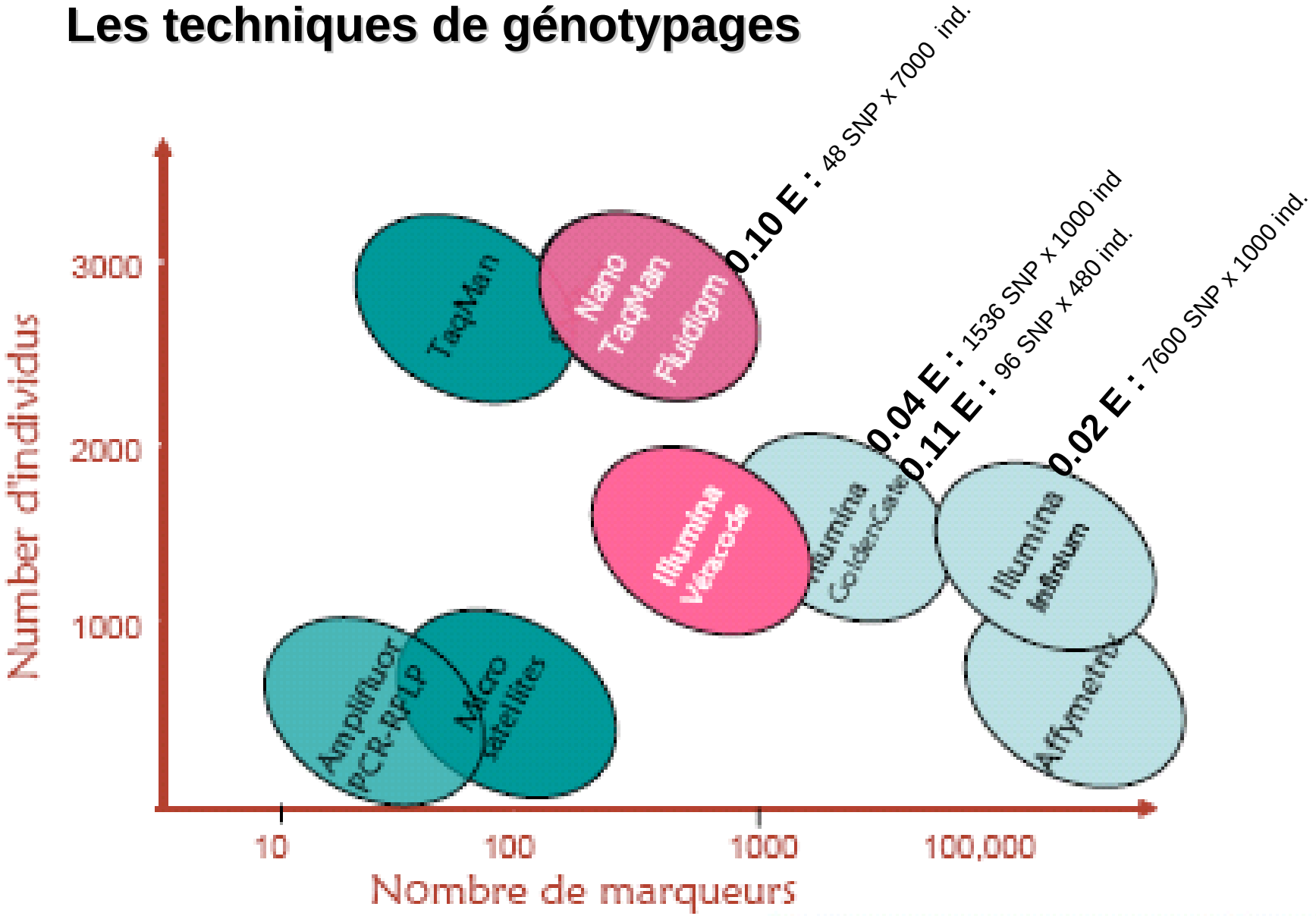
À partir de peu de gènes localisés dans l'espèce d'intérêt, la carte comparée permet d'émettre des hypothèses fortes sur la localisation de nombreux gènes



L'utilité de la génomique comparative est directement dépendante du nombre de points d'ancrage localisés

BMC Genomics. 2004 15;5(1):66

Les techniques de génotypages



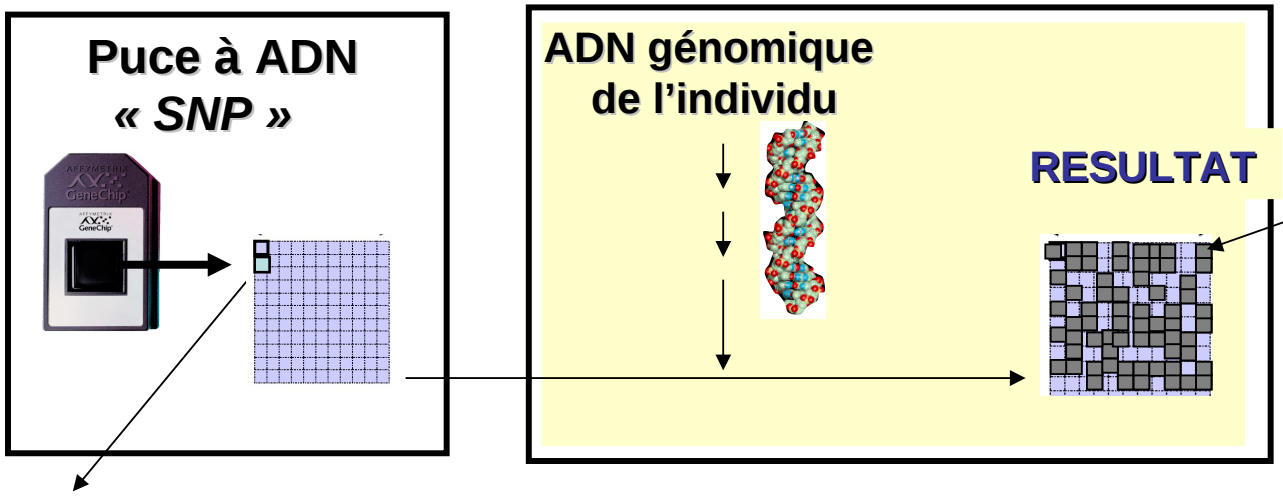
Dia fournie pas D. Milan

Et dans quelques temps ...

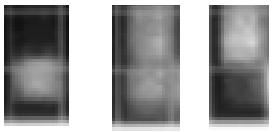
- Cela dépendra des **évolutions de prix**
- Microsatellites : **150 € / animal** pour 110 marqueurs
- SNP Goldengate : **180 € / animal** pour 4500 SNP
- SNP Infinium : **165 € / animal** pour 7600 SNP
- A terme **200 € pour 1 million de SNP**
- Les choix dépendront :
  - de la baisse des prix pour les plus petites échelles (Véracode : 17 € pour 384 SNP)
  - De la mise en place de solutions commerciales abordables et génériques

Dia fournie pas D. Milan

Génotypage à haut débit



Fragments d'ADN correspondant
aux 2 allèles observés dans la pop.
d'un locus i



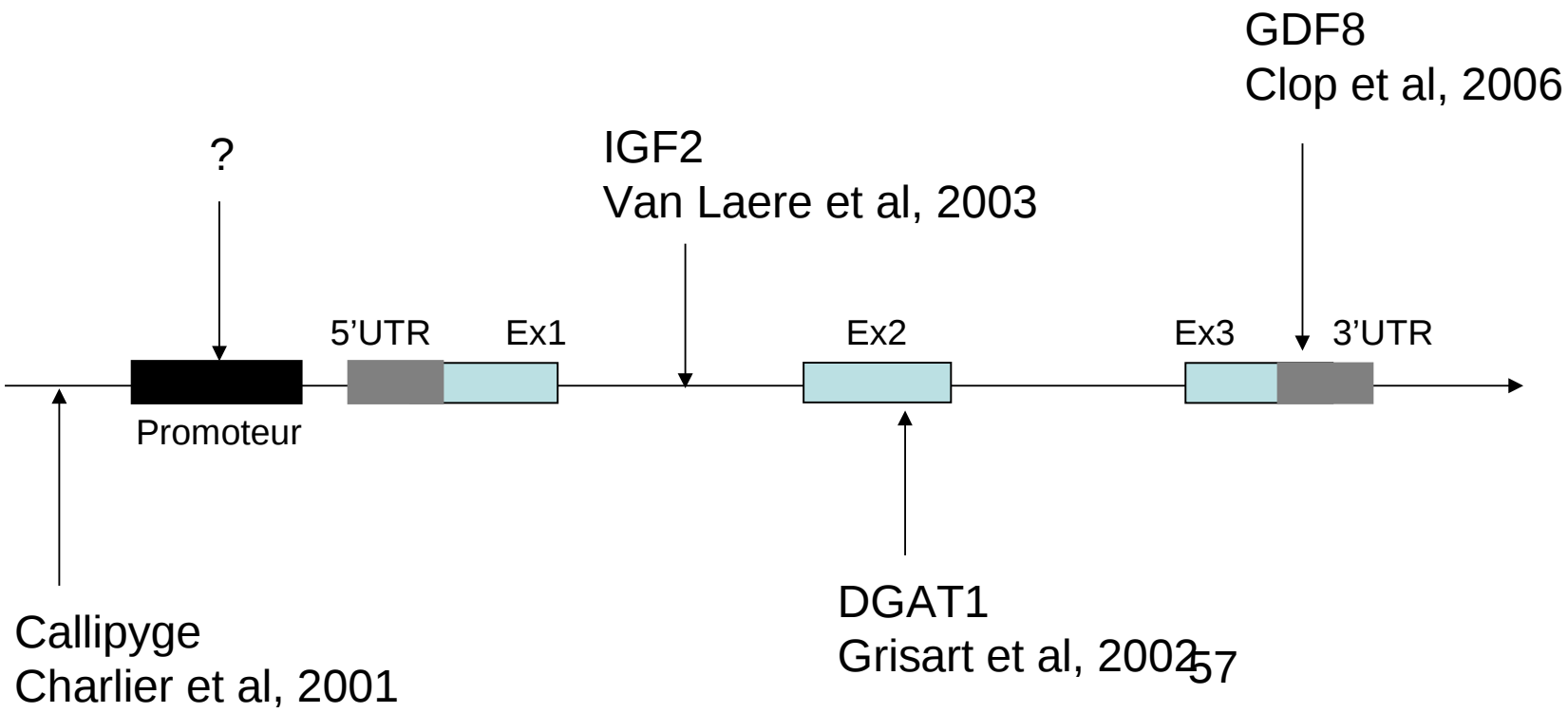
Génotype d'un individu
pour des dizaines de milliers de locus

Techniques lecture 60000 locus

Mutations causales : quelques références

Complexité bien supérieure à ce que l'on pouvait imaginer il y a quelques années encore

- miRNA
- Epigénétique (structure 3D du génome, imprinting…)
- Epistasie
- …



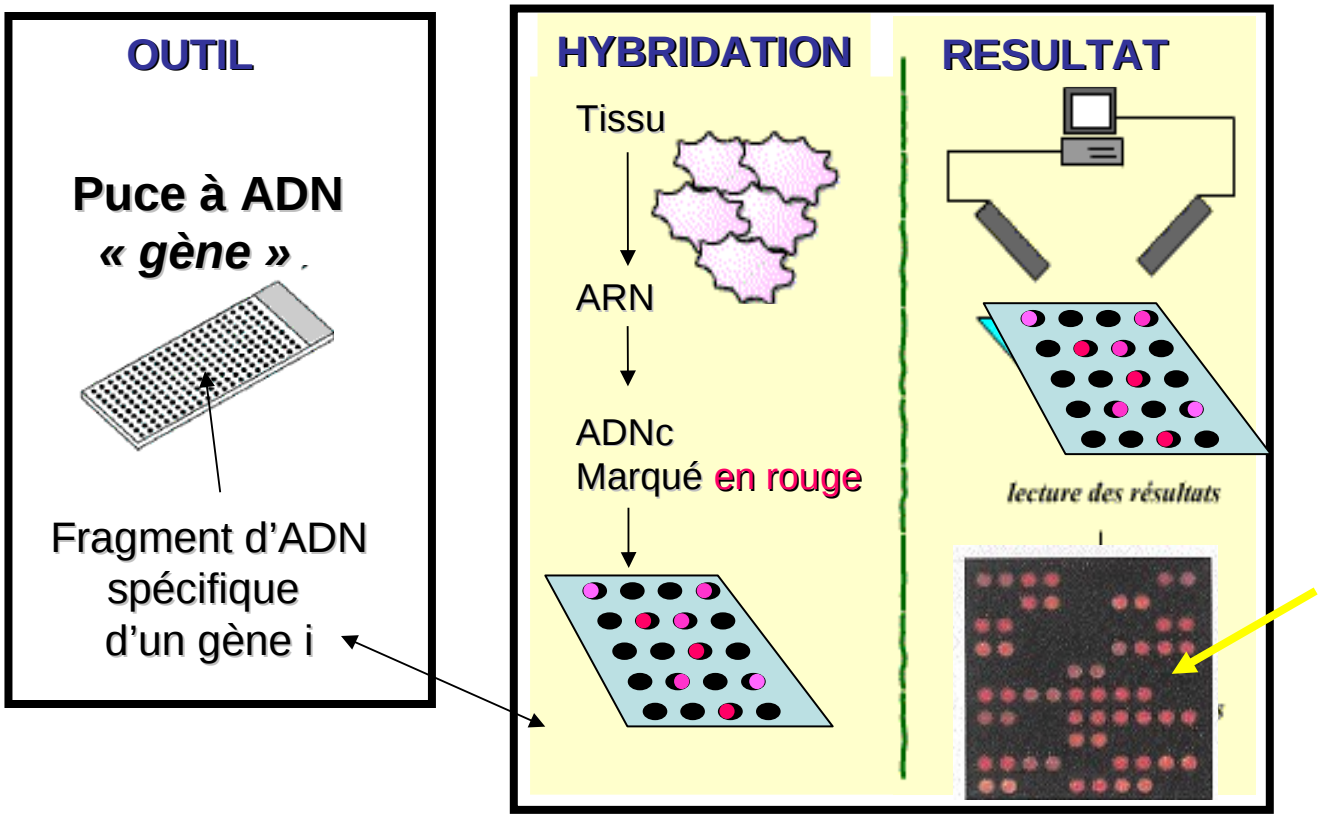
Mutations causales : quelques références

Actuellement, les qq mutations identifiées l'ont été dans des cas assez simples :

La complexité des mécanismes de régulation est bien supérieure à ce que l'on pouvait imaginer il y a qq années encore !

- → ***Rôle des miRNA (Texel chez la brebis)***
- → ***Mécanisme d'épigénétique (Callipyge chez la brebis à empreinte parentale)***
- → ***Quid des régions non codantes (95% du génome) ?***
- → ***Quid des interactions entre gènes (épistasie) ?***
- → ***Quid des interactions « gène - environnement »?***

Transcriptome - Principe



L'intensité d'un spot est proportionnelle au niveau d'expression d'un gène précis pour un tissu d'un animal donné

Photo de l'expression des gènes (au niveau ARNm) d'un tissu d'un individu à un stade physiologique précis

Accélération de la découverte du gène causal dans les régions QTL

Approche 1 : relier l'information « transcriptome » et « QTL » acquise pour un même caractère dans un même dispositif

Transcriptome

Fonction :
gènes dont les variations d'expression sont associés au caractère

Couplée aux connaissances sur le réseau de régulation de ces gènes

--> hypothèse sur le gène causal de ces variations

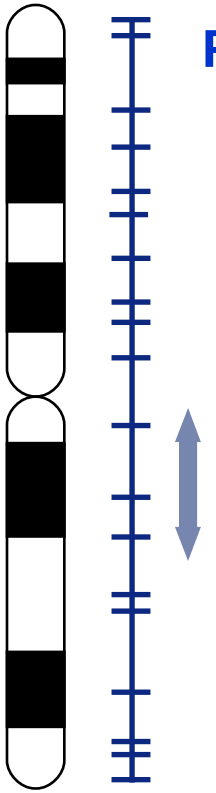
Recherche de QTL

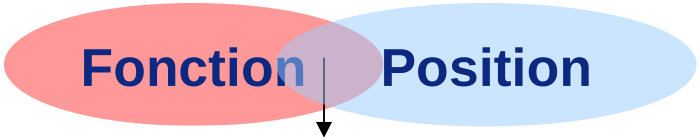
Position :
région du génome liée au caractère

100aines de gènes

QTL

Cartographie





Gènes candidats fonctionnels et positionnels sérieux

Une limite de l'approche :
 # QTL identifiés pour un caractère
→ correspondance
profil d'exp - QTL inconnue

Accélération de la découverte du gène causal dans les régions QTL

Approche 2 : utiliser les niveaux d'expression des gènes comme des caractères et faire une analyse de liaison « marqueur / caractère »

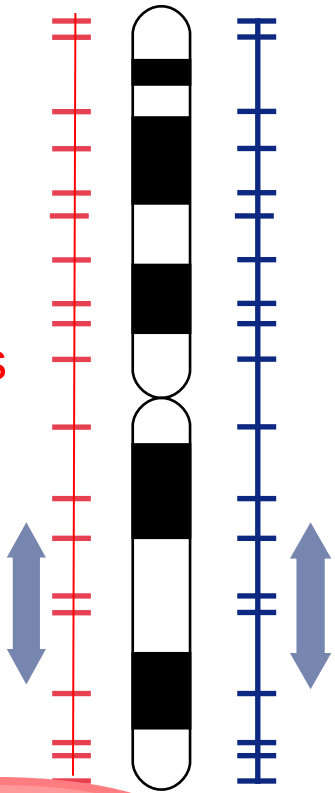
Schadt et al
Nature 2003

Recherche de eQTL

Recherche de QTL

Marqueurs liés à l'expression de gènes (transcriptome)

Marqueurs liés au caractère



eQTL

QTL

Fonction **Position**

Gènes candidats positionnels et fonctionnels TRES sérieux (gène responsable des profils d 'exp. observés)

Sélection sur tout le génome

- **La** disponibilité à très haute densité de marqueurs SNP

ouvre la voie à la ‘’sélection sur tout le génome’’ (*genome wide selection*)

=> sélectionner les individus uniquement sur l’information moléculaire de type marqueurs à l’échelle du génome entier

Question posée : ***Pourra-t-on un jour se passer de mesures phénotypiques pour l’évaluation des reproducteurs ?***

→ encore nouveau : 1ers travaux en Bovins lait

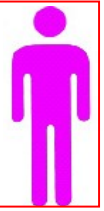
→ nouveau challenge pour les généticiens quantitatifs et les sélectionneurs

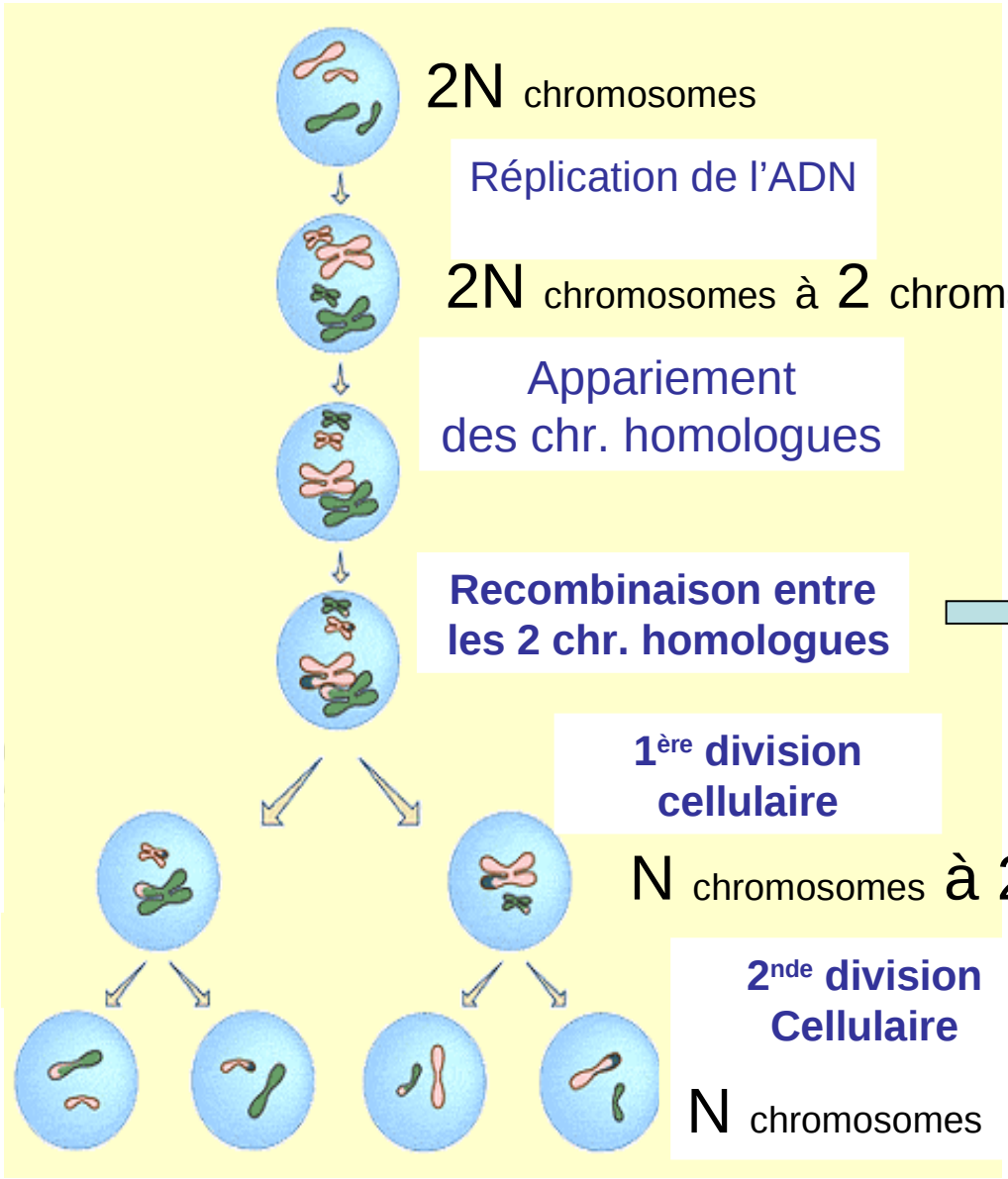
à suivre de près…(cf. conférence de Didier Boichard)

Annexes

La méiose

INDIVIDU
Cellules à 2 x N chr.





2N chromosomes

Réplication de l'ADN

2N chromosomes à 2 chromatides (4N)

Appariement
des chr. homologues

Recombinaison entre les 2 chr. homologues

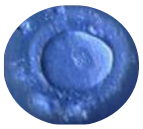
1ère division cellulaire

N chromosomes à 2 chromatides (2N)

2nde division Cellulaire

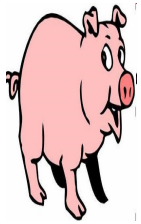
N chromosomes

4 gamètes à N chr.

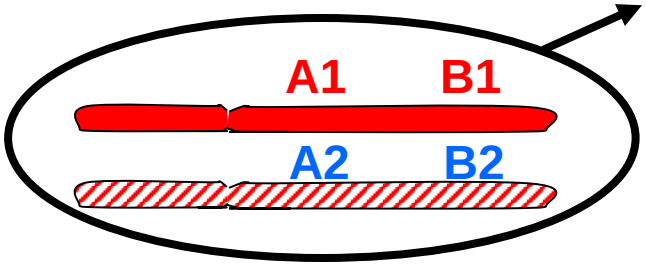


GAMETE

La recombinaison : source de brassage génétique



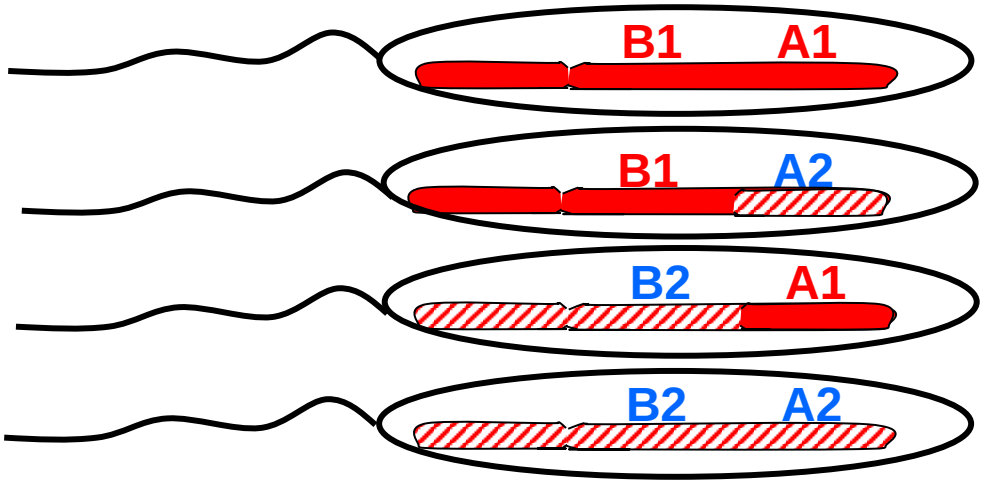
Roméo



Individu à 2N chromosomes

2 haplotypes

Méiose :
Réplication
Et recombinaison



Gamètes à N chromosomes

- 2 haplotypes parentaux
- 2 haplotypes recombinés

- **Le nombre (ou taux) de recombinaison (r) entre deux locus dépend de la distance qui sépare ces locus**