DE LA DÉTECTION DE QTL À LA SÉLECTION GÉNOMIQUE

par Laurence **Moreau**[1]

Le développement des outils de marquage moléculaire à la fin des années 80 à très rapidement eu de nombreuses applications en amélioration des plantes et ils sont désormais utilisés en routine dans la plupart des entreprises de sélection. En permettant de suivre la transmission de fragments chromosomiques au sein d'une descendance en ségrégation (résultant par exemple du croisement entre deux lignées), les marqueurs moléculaires permettent de construire des cartes génétiques et de positionner sur ces cartes les gènes impliqués dans la variation de caractères d'intérêt. Ces approches de cartographie ont ainsi permis de localiser un grand nombre de gènes à effet majeur (comme des gènes de résistance..) mais aussi de mieux comprendre les bases génétiques de caractères à variation quantitative (comme le rendement ou la précocité) dont le déterminisme plus complexe fait intervenir un grand nombre de gènes (appelés QTL) à effet individuel faible. Outre cet intérêt fondamental, la cartographie de gènes ou de QTL peut être valorisée directement en sélection. En effet, connaissant le génotype des plantes pour des marqueurs proches des gènes ou QTL, il est possible d'identifier de façon indirecte celles qui portent des allèles d'intérêts sans avoir besoin de mesurer leur performance, ce qui permet une sélection plus rapide et plus efficace. Si la Sélection assistée par marqueur (SAM) est désormais très utilisée pour des gènes à effets majeurs, son utilisation pour des caractères quantitatifs est plus faible et très variable suivant les sociétés. Une des principales limites vient de l'étape de détection des QTL. Dans un croisement donné, seule une faible proportion des QTL est détectée avec souvent une très faible précision de localisation. D'autre part, les associations marqueurs-QTL sont spécifiques du croisement étudié ce qui nécessite de refaire une détection de QTL pour chaque nouveau départ de sélection.

Au cours des dernières années, les travaux de séquençage des génomes d'espèces cultivées ont permis de découvrir un très grand nombre de variations ponctuelles de séquences de l'ADN (appelées SNP pour *Single Nucleotide Polymorphism*). De nouvelles technologies permettent de caractériser les génotypes pour plusieurs dizaines de milliers de SNPs simultanément, avec des coûts sans cesse décroissants. Ces outils ouvrent de nouvelles perspectives en permettant notamment de rechercher avec une plus grande précision des associations marqueurs-QTL dans des dispositifs à base génétique large. Une nouvelle approche de SAM dite « sélection génomique » a été proposée. Cette approche consiste à utiliser globalement l'ensemble de l'information de marquage disponible sur le génome pour prédire la valeur génétique de candidats sans rechercher de façon explicite les positions des QTL. De ce fait, elle est particulièrement adaptée aux caractères complexes impliquant un grand nombre de QTL à effets faibles, difficiles à détecter individuellement. Même si son intérêt reste encore à valider expérimentalement chez les plantes, cette approche est d'ores et déjà mise en place avec succès notamment dans les schémas de sélection des bovins laitiers. Considérée comme une innovation de rupture dans le domaine animal, la sélection génomique est très certainement appelée à être largement utilisée en amélioration des plantes.

[1] Chargée de recherche à l'INRA, UMR de génétique végétale, Ferme du Moulon, 91190 Gif-sur-Yvette.

Copyright – Académie d'Agriculture de France – 2011. Séance du 19 octobre 2011.