



Amélioration de la canne à sucre et état de l'art des recherches en génétique d'association pour le rendement

M. GOUY



Sommaire

- I) Historique de la sélection et progrès enregistré
- II) Génétique quantitative du rendement de la canne
- III) La sélection assistée par marqueur: outil pour le sélectionneur
- IV) Les études en génétique d'association
- V) Nouvelles approches de génétique



I) Historique de la sélection et progrès génétique enregistré

I) Historique de la sélection et progrès génétique enregistré

- Premiers croisements effectués à la fin du XIX^{ème} siècle stations de Java et Coimbatore → Recherche de résistances aux maladies et de productivité
- + 35% de rendement (POJ 2878, Co213,etc...)
- ~ 30 géniteurs ancestraux ont fondé le germplasm actuel (Arceneaux 1967; Roach 1989)
- Fond génétique des variétés actuelles:
 - 80 % de fond *Saccharum officinarum*
 - 10 % de fond *Saccharum spontaneum*
 - 10 % de recombinants



I) Historique de la sélection et progrès génétique enregistré

...un siècle plus tard....

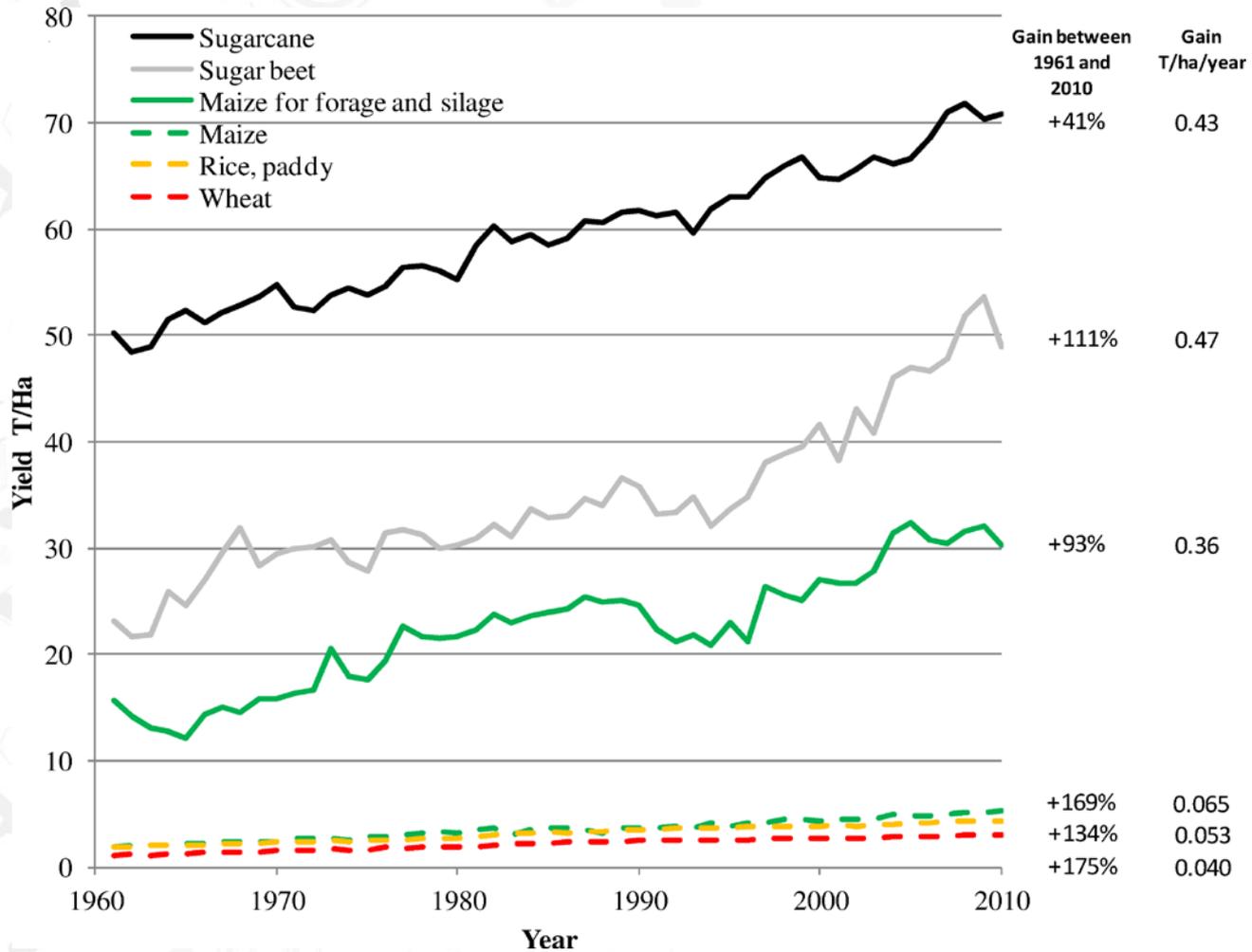
La sélection a-t-elle permis des gains génétiques ?

Des améliorations sont-elles encore possibles ou a-t-on atteint un plateau ?

I) Historique de la sélection et progrès génétique enregistré

- FAO enregistre + 40% de rendement en 50 ans
- De 0.64 à 1% de gain génétique/an → évaluation des variétés dans les mêmes conditions agronomiques
- Potentiel max non atteint → pas de plateau (Edme et al. 2005; Jakson 2005)
- Et par rapport aux autres espèces ?

I) Historique de la sélection et progrès génétique enregistré





II) Génétique quantitative du rendement de la canne

II) Génétique quantitative du rendement de la canne

- Principales variables étudiées: rendement canne et saccharose, tallage, diamètre, hauteur, brix et % fibre
- H^2 au sens strict faibles à moyennes
 - Tallage, rendement canne $\rightarrow h^2$ faibles, corr+
 - Brix, rendement saccharose $\rightarrow h^2$ moyennes, corr+

- Conditionne le gain génétique

$$R = i * h_x * \sigma_x \text{ (eq.1)}$$

- ... et la manière dont vont évoluer les caractères en sélection

$$CR_x = i * h_y * ra * \sigma_x \text{ (eq.2)}$$



III) La sélection assistée par marqueur: outil pour le sélectionneur

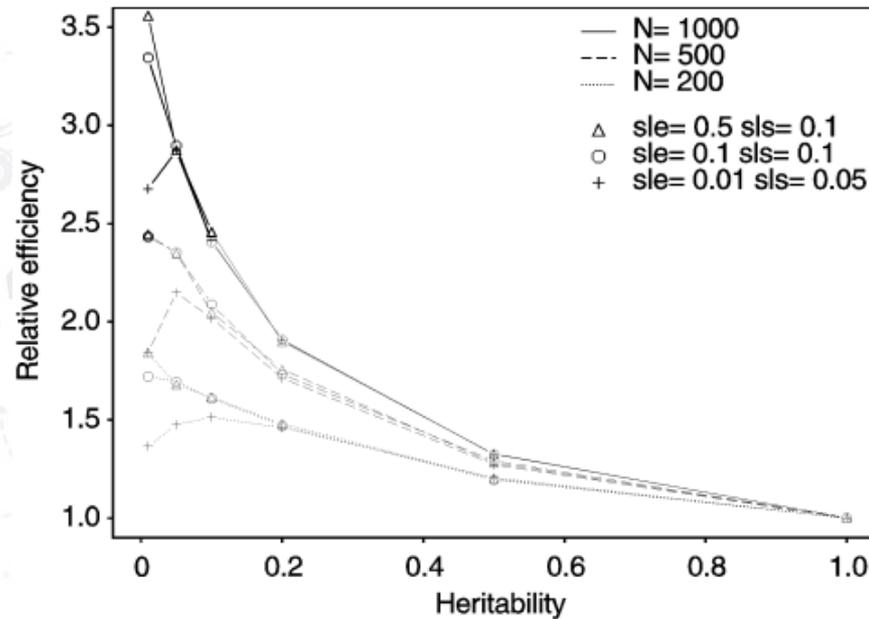
III) La sélection assistée par marqueur: outil pour le sélectionneur

- Sélection plus efficace si se fait au niveau des gènes
- Technologies de l'ADN permettent d'identifier les différences entre individus et de révéler le déterminisme du caractère
- Possibilités d'utilisations de marqueurs pour diagnostic:
 - (Contre)sélection d'allèles (dé)favorables avant fixation
 - Suivre le transfert d'allèle d'un fond à un autre (BCAM)
 - Prédiction de valeurs génétiques pour sélection récurrente (MARS)

III) La sélection assistée par marqueur: outil pour le sélectionneur

Hospital (1997)

- Comparaison (simulations) des efficacités de sélection P seul et P+M
 - Efficacité relative élevée pour:
 - h^2 faibles
 - populations larges



III) La sélection assistée par marqueur: outil pour le sélectionneur

- Plus efficace:
 - plus précis (si le marqueur est proche du QTL)
 - accélère la fixation d'allèle
- Utilisation pour le secteur privé (résultats de Monsanto)

Table 1. Comparison of multiple trait index (MTI) values following one year of marker assisted recurrent selection (MARS) (three cycles) and conventional selection (two cycles) in corn.

Year	No. of unique breeding populations	Multiple trait index [†]	
		Conventional selection	MARS
2002	79	0.63	1.10
2003	97	0.25	0.97
2004	72	0.76	1.62
All years	248	0.50	1.18

[†]Multiple trait index is scaled to have the parental lines equal to zero. This index includes traits like grain yield, grain moisture, test weight, standability, etc.

Eathington, 2007



IV) Les études en génétique d'association



IV) Les études en génétique d'association

- Première détection avec l'étude de Sills (1995) dans une descendance de *S. officinarum* x *S. robustum*
- ~ 14 études de recherches de QTL du rendement de la canne et/ou de ses composantes
- Utilisation de populations biparentales ou connectées
- Nombreux QTLs détectés (jusqu'à 102) aux effets faibles (Hoarau 2002, Da Silva and Bressiani 2005, Aitken et al. 2008)

IV) Les études en génétique d'association

- Application à la sélection difficile car:
 - Peu de marqueurs communs entre études
 - Effets des marqueurs surestimés
 - Populations biparentales → faible diversité allélique/phéno
 - Pas de validation dans d'autres fonds génétique
- Plus facilement réalisable pour des caractères qualitatifs:
 - Quelques gènes majeurs de résistances : *Bru1*, *Bru2* et *Ryl1*



V) Nouvelles approches de génétique

V) Nouvelles approches de génétique

- Génétique d'association sur population à base génétique large (germplasm, populations connectées)
 - Wei et al. 2010 → très peu de QTLs significatifs
- Sélection génomique
 - Modèle infinitésimale prenant en compte tous les marqueurs (Meuwissen et al. 2001)

V) Nouvelles approches de génétique

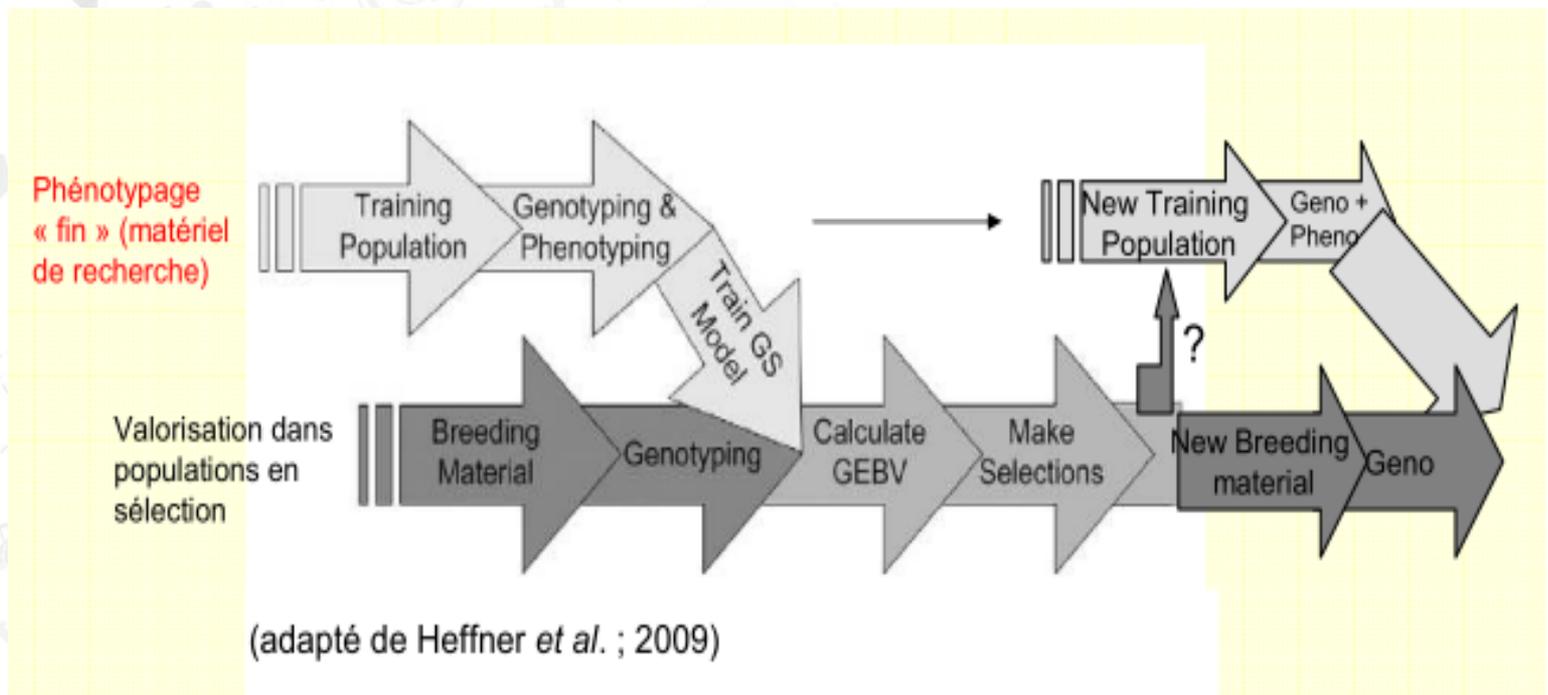
- Principe de la sélection génomique:
 - Estimations d'effets dans une population de référence (calibration)
 - Prédiction dans la population de sélection sur marqueurs seuls (sans phénotype)
- Méthodes classiques d'estimation en effet fixe ne marchent pas (problème de $p \gg n$)
- Plusieurs méthodes avec différentes hypothèses sous-jacentes:
 - tous les loci ont la même variance (RR-BLUP, G-BLUP)
 - certains loci ont des variances plus fortes que d'autres (Bayésiennes)

V) Nouvelles approches de génétique

- Premiers résultats encourageants, plus d'études en sélection animale (voir pour synthèse Nakaya 2012)
- Corrélations moyennes à fortes entre caractère prédit et observé:
 - $R = 0.80$ pour la teneur en sucre de la betterave (Hofheinz et al. 2012)
 - $R = 0.61$ pour le rendement en grain du blé (Crossa et al. 2010)

V) Nouvelles approches de génétique

- Avantage de la sélection génomique:
 - Capture plus de variance qu'un sous-set de marqueur
 - Capture de l'apparentement entre individus
- Modifiera l'évaluation agronomique → calibration de modèles



V) Nouvelles approches de génétique

- Et la variation due à l'interaction GxE ?
 - Part importante dans la variation du rendement
 - Non prise en compte dans les modèles de sélection génomique
- Utilisation de modèles écophysiologiques: approche *gene-to-phenotype*
 - Décompose la mise en place du rendement en processus élémentaires par une approche mécaniste
 - Paramètres de modèle moins sujet aux variations environnementales
- Quelques résultats satisfaisants (Raymond et al. 2003, Quilot et al. 2005, Chenu et al. 2009) et un projet en cours soutenu par eRcane et le Cirad : DELICAS



Merci de votre
attention

