1. **Effets génétiques**

**Un géniteur** **ne transmet à sa descendance que la moitié de son génome** : en un locus donné, il **ne transmet pas la combinaison** de gènes qu’il possède mais un gène tiré au hasard parmi les deux présents ; il est donc nécessaire de définir un paramètre traduisant **l’effet des gènes transmis individuellement à la descendance**. Ensuite, il est nécessaire de pouvoir faire le lien **entre l’évolution de la moyenne d’un caractère quantitatif** (ce qui intéresse le sélectionneur) et **l’évolution des fréquences alléliques sous l’effet de la sélection.**

* 1. **Notion d’effet moyen d’un gène**

La valeur génétique permet de caractériser l’avantage/désavantage, que confère en moyenne un génotype donné par rapport à l’ensemble de la population où se trouve le porteur de ce génotype.

**quel avantage, ou désavantage, moyen procure un allèle donné aux individus qui en ont hérité** ? ça dépendra de l’effet biologique de l’allèle, de la fréquence de ce dernier dans la population et du régime de reproduction (nous nous restreignons ici à la panmixie).

considérons **l’expérience suivante** : un homozygote, de génotype connu Ai Ai , est utilisé comme géniteur d’un grand nombre (supposé infini) de descendants. Les descendants de ce parent auront tous reçu un exemplaire de l’allèle Ai. Du fait de la panmixie, le second allèle est tiré au hasard dans la population. **L’effet moyen de l’allèle Ai est alors défini comme**

**la valeur moyenne de la descendance - la moyenne de la population**.

Cet **effet moyen est également désigné « effet additif » d’un allèle**.

aussi un **allèle "favorable**" l’est d’autant plus que la moyenne de la population est faible.

On constate que les concepts d’effet moyen d’un allèle et de valeur génétique additive sont d’une grande utilité dans le cas de l’utilisation non spécifique et à grande échelle d’un reproducteur, puisqu’ils permettent de prédire la valeur de la descendance de ce dernier. Ce caractère opérationnel de la notion de valeur génétique additive explique sa très large utilisation en sélection, en tant que critère de choix des reproducteurs.

**La valeur génétique additive d’un individu est la somme des effets moyens des 2 allèles qu’il a reçus au hasard et indépendamment l’un de l’autre (panmixie)**

**L’additivité** (cas d’une hérédité mono génique) est obtenue lorsque l’hétérozygote (Aa) présente une valeur phénotypique qui coïncide avec la valeur phénotypique moyenne des deux parents homozygote (AA, aa). Aa= ½ (AA+ aa).

La valeur génétique traduit l’effet moyen d’un génotype sur le caractère étudié.

# Effets de la dominance

RAPPEL

Dominance et récessivité : Lorsqu'un allèle donné s'exprime chez les individus homozygotes pour ce gène mais aussi chez les individus hétérozygotes, on dit qu'il est dominant.

Lorsqu'un allèle donné ne s'exprime que chez les individus homozygotes pour ce gène, on dit qu'il est récessif ; il ne s'exprime pas lorsque l'autre allèle du gène est dominant.

Enfin, lorsque deux allèles s'expriment tous les deux chez un individu hétérozygote pour le gène en question, on dit qu'ils sont codominants.

Définition

**La dominance** est la propriété que possède un gène (ou un caractère) de se manifester à chaque fois chez un individu homozygote comme chez un individu hétérozygote.

Gène dominant est un gène qui manifeste son effet qu'il soit présent sur les deux chromosomes de la paire ou sur un seul. C'est-à-dire dit qu'il soit à l'état homozygote où à l'état hétérozygote.  
Allèles : Deux formes possibles d'un même gène.

Allèle dominant : Allèle qui s'exprime pleinement dans l'apparence d'un organisme lorsque les deux allèles diffèrent.

Allèle récessif : Allèle qui n'a pas d'effet notable sur l'apparence d'un organisme lorsque les deux allèles diffèrent.

Il existe les degrés suivants de dominance :

Complète Aa=AA

Partielle AA > Aa > aa

Superdominance Aa > AA>aa

Dominance : si le phénotype ne rend compte de la présence d’un seul allèle dit « dominant », l’allèle dont on n’observe pas l’expression au niveau du phénotype est dit « récessif ». exp : AA normal, Aa normal, aa albinos (défaut de pigmentation).

# Epistasie « I »

Pour la plupart des caractères complexes, il n’ya pas que 2 segments homologues qui interviennent mais plusieurs zones en divers points de génome. Pour cet ensemble on peut décomposer la valeur génotypique en effet d’additivité « A » et interaction de dominance « D » pour les segments homologues. Mais il existe en plus différents types d’interactions entre segments non homologues dont la somme constitue les effets de l’épistasie. Ces interactions peuvent intervenir entre des effets additifs AxAxA… entre des effets de dominance DxDxD…. Ou mixtes AxD.

On regroupe tous ces effets sous la composante de l’épistasie.

La transmission et la permanence des effets d’épistatsie dépendent de la position des loci (loci en position Cis ayant un linkage assez étroit ont une certaine permanence puisqu’ils ne sont détruits que par crossing over « épistasie positive). Ils peuvent dans une certaine mesure être considérés comme une additivité. Les effets qui se produisent soit entre des loci plus éloignés soit qu’ils viennent en position trans sont aléatoirement modifiés à chaque génération en fonctions des rencontres gamétiques de la méiose « épistasie négative).

Notons que plus le nombre de loci qui interviennent est grand  plus l’ordre des interactions est élevé

# Expression des variances

La variance d’un échantillon est égale à la moyenne des carrés des écarts par rapport à la moyenne.

La variance totale pour un caractère phénotypique est la somme de la variance causée par tous les facteurs séparés. Plus la variance génétique, la variance due à l’environnement VE est la composante non génétique. Elle est due au fait que tous les organismes ne sont pas soumis exactement aux mêmes conditions. Une autre composante : la variance d’interaction génotype-environnement.

V totale= VP= VG + VE + V GXE

Il y a trois composantes purement génétiques : additive VA, variance génétique dominante VD, d’interaction entres gènes (épistasie)VI.

VG= VGA + VD + VI

**NB.** Plus un caractère est physiologiquement et génétiquement complexe, moins il a de chance d’avoir une forte variance additive. Exp : rendement chez le cottonier et le maïs.

La part croissante des interactions de dominance est due à l’importance de l’hétérozygotie dans la réalisation d’un rendement élevé chez le maïs

Le rôle relativement modeste de l’épistasie est plus difficilement explicable il représente environ 10% de la variance totale. Dans plusieurs hybridations des variances d’épistasie plus élevées ont été trouvées mais elles se produisent avec une faible fréquence par ailleurs les modèles utilisés ne permettent pas une bonne estimation de cette composantes

**CONCLUONS ° e**

La composante additive représente l’effet moyen caractéristique d’un locus ou d’une zone chromosomique qlq soit le contexte génotypique qui les environne cette caractéristique héritable est donc un paramètre important en sélection puisqu’elle constitue une mesure générale de la valeur d’un géniteur (aptitude à transmettre les caractères à la decsendance . par conte les composantes D et I dépendent soit des arrangements linéaires entre zones chromosomiques soit des appariements et elles sont très instables aux cours des générations.

**Linkage** : désigne un agrégat (groupe) de gènes .C’est la tendance qu’on certains gènes à être transmis ensemble des parents à leurs descendance.

Deux gènes sur le même chromosome sont dits gènes liés ou appartenant à un même linkage lorsqu’ils sont placés dans un ordre linéaire et présentent différents degrés de liaison entre eux

On parle de linkage (ou de gènes linkés ou non recombinés) si et seulement s’ils dérivent par descendance mendélienne sans mutation et sans sélection et sans recombinaison d’une association réalisée dans une génération ancêtre ou parentale.

Il n’a pas de longueur fixe ni de structure, il s’agit d’un arrangement préférentiel dont la persistance au cours des générations est favorisée.

Le linkat est une valeur adaptative nettement plus longue que le gène qui comprend non seulement un arrangement dans le choix des formules alléliques mais aussi un regroupement des loci dont l’association fonctionnelle a une importance sélective.

Pour qu'il y ait liaison génétique, la distance qui les sépare doit être inférieure à 50 centi-Morgan. Un taux de recombinaison inférieur à 50%.

Exemples de la réalité biologique des linkats

Cotonier : il existe 2 gènes majeurs linkés qui ont des effets complémentaires sur la coloration des pétales.

1. **Inbreeding et hétérosis**

L’effet hétérosis et l’effet de dépression de consanguinité sont deux aspects opposés du même phénomène génétique. D’un point de vue pratique et en tant qu’agronomes c’est la différence entre l’hybride et la meilleure variété (parent) qui nous intéresse. L’hétérosis peut se manifester par une augmentation de la hauteur, du volume racinaire, de la taille des feuilles et des épis, du nombre et de la taille des graines , de la résistance aux maladies, de la précocité…

En général, l’hétérosis et, corrélativement, la dépression de la consanguinité, sont beaucoup plus forts chez les plantes allogames.  **Les caractères les plus affectés sont les caractères complexes, sans doute aussi les plus liés à la valeur sélective.**

**Définitions**

* + **Hétérosis :**Accroissement de la vigueur ou des performances d’un individu croisé par rapport à la moyenne des deux parents. Cette manifestation phénotypiques est appelée vigueur hybride dont les effets sont maximums au cours de la génération F1 et déclinent rapidement dans les générations suivantes a cause de la ségrégation allélique et de la recombinaison.
  + **Inbreeding :**Beaucoup de caractères récessifs restent cachés sous formes d’hétérozygotes dans les populations. Dans les populations consanguines, à mesure que le degré d’homozygotie y augmente, ces caractères souvent néfastes ont une plus grande probabilité d’apparaitre. Ce qui cause une perte de la vigueur : dépression consanguine ou inbreeding.

**Mécanismes de l’hétérosis**

1. Théorie de la dominance

L’hétérosis est du à la réunion dans un même génotype d’un grand nombre de gènes dominants favorables

Soient deux lignées L1 et L2 différentes pour 5 gènes

2. Théorie de la superdominance

L’hétérosis vient de la supériorité de l’état hétérozygote à un certain nombre de loci Aa> AA et aa. La combinaison à l’état hétérozygote entrainerait une potentialité supérieure à celle des homozygotes.

**Description**

Des expériences ont montré que dès la fécondité, les cellules chez l’hybride sont plus rapides, chez l’hybride il ya de meilleurs mécanismes biochimiques qui n’existent pas chez l’homozygote. De même il existe des interactions trans que l’homozygote ne possède pas. L’hybride a un meilleur rendement. Des données expérimentales montrent que dès la fécondation l’embryon hybride a une croissance et une différenciation plus rapide que l’homozygote donc une supériorité dans la germination dans la phase d’absorption, de circulation et de respiration. Puis cela continue dans la croissance et la fructification. Ils fonctionnent de plus avec moins de perte d’énergie et les mécanismes physiques chez eux sont mieux combinés et il ont une meilleure synthèse de Matière Sèche, et meilleure fécondité et économie hydrique.

1. **Valeurs d’un individu au croisement**

Tout sélectionneur sait que tel génotype utilisé dans un croisement transmet à ses descendants une qualité qui est dominante alors que l’autre génotype ne transmet rien.

1. **Les héritabilités**

L’amélioration de plantes pose le problème de savoir si les différences phénotypiques entre individus proviennent de variation de la variation dans la constitution génotypique des plantes ou sont liées aux facteurs du milieu. L’héritabilité est calculée au sens large comme suit

**H2 sens large** **= variance génotypique / variance phénotypique.** (Avec var phntpq= G + E + ΠGXE)

Cette définition présente un inconvénient car les effets de dominance et d’épistasie trans ne sont pas héritables. L’individu transmet la moitié de son additivité et le quart de son épistasie ce qui définit l’héritabilité au sens étroit comme suit :

**H2 sens étroit** **= variance d’additivité / variance phénotypique.**

C’est le rapport de ce qui est transmis par les parents et le total.

On a considéré seulement la variance d’additivité car on suppose que le quart de l’épistasie Cis lorsqu’il est important est assimilé à la variance d’additivité. La dominance ne rentre pas en ligne de compte, donc les caractères dominants ne sont pas transmissibles (obligatoirement).

**Figures différence de Rdmt entre 2 var de blé cultivées à 2 nvx de fertilité de sol**

**« Balances génétiques**

L’expression balance indique l’adaptation de la constitution génétique à un milieu donné. Cette adaptation peut être bonne ou mauvaise. Lorsque le fonctionnement d’un ensemble polygénique est bon on dit qu’il est bien balancé ou qu’il a une bonne balance. On parle, au contraire, d’une structure déséquilibré ou ayant une mauvaise balance quand l’ensemble est mal régulé. Il y a deux types de balances :

* Balance interne : c’est la qualité de l’arrangement des gènes le long des chromosomes qui joue à l’intérieur d’une séquence génique ;
* Balance de relation : c’est la qualité de l’interaction entre deux balances internes. Elle se traduit par une hétérozygotie à chaque locus pouvant entraîner un bon équilibre de relation d’allèles face à face.

*Représentation schématique*

Si on considère des loci a,b,c,d, un individu ou un génotype a une bonne balance de relation quand à un locus donné deux allèles homologues ont deux indices différents. La bonne balance interne est représentée par des lettres a,b,c,d ayant le même indice.

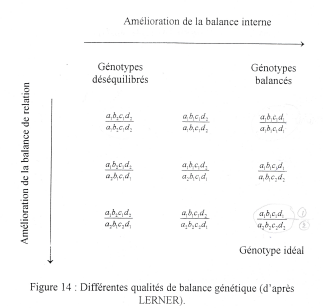
b. interne------- valeur de transmission (autofécondation)

b. de relation --------- valeur d’interaction (hybridation).

On détermine d’abord les balances internes puis les b. de relation. Les deux importantes et interviennent sur le rdt. La b. interne est améliorée par l’homozygotie (autofécondation) et la b. de relation par l’hybridation. Les états de s b. internes sont construits ou détruits par le jeu des crossing over qui modifie l’arrangement et la distribution des gènes le long des chromosomes.

*La réalité biologique* des B I elle repose sur les linkats, alors que celle des B R repose sur la qualité d’interaction entre deux linkats homologues.

Support fig : différentes qualités de balance génétique (LERNER)



**3. Aptitudes à la combinaison**

**Définition: Aptitude à la combinaison** : valeur en croisement d’un génotype ; elle peut être générale ou spécifique. L’aptitude générale à la combinaison d’un génotype est sa valeur moyenne en croisement avec un grand nombre de génotypes. L’aptitude spécifique à la combinaison de deux génotypes est la différence entre la valeur observée d’un croisement et sa valeur prévue sur la base de l’additivité des aptitudes générales de ses parents.

**Objectif :**

A cause du niveau élevé d'hétérozygotie, le phénotype d'une plante ou d'une lignée ne représente pas son potentiel génétique : pour connaître celui-ci, il faut observer les descendances. Cependant, la consanguinité entraîne une perte de vigueur quelle que soit la valeur intrinsèque de la plante. Après un croisement, le potentiel de la plante testée peut être masqué par les gènes de l'autre.

Les tests d'aptitude à la combinaison ont pour but d'estimer le niveau d'hétérosis qui peut être attendu lorsqu'une lignée épurée sera croisée avec d'autres. Le choix du testeur est conditionné par l'objectif recherché : il peut être une plante, une lignée, une population définie ou un mélange quelconque. Une lignée possède une bonne aptitude générale si elle donne des hybrides productifs avec divers autres génotypes. Son aptitude est spécifique si l'hétérosis se manifeste à l'égard d'une autre lignée.

Deux tests sont d'habitude appliqués, souvent successivement, pour le choix des lignées parentales:

Le top-cross (croisement) est un test où des plantes ou des lignées sont croisées avec un testeur commun.

Les croisements diallèles sont p

lus précis, mais ils demandent aussi plus de travail : chaque lignée est croisée avec chacune des autres; les croisements réciproques sont réalisés si une influence maternelle est suspectée.

**3.1. AGC aptitude générale à la combinaison**

Admettant un ind RR. On veut connaitre la valeur moyenne transmise à ses descendants

L’AGC est liée à la balance interne et donc à l’additivité et à l’épistasie cis

On croise RR avec n partenaires AA, BB, CC, on peut calculer la moyenne de chaque hybride AR, BR, CR, ….

L’AGC comprend des qualités que l’ind transmet en moyenne à sa descendance : c’est la valeur gamétique haploÏde moyenne. Elle concerne 1 ind.

**Exp :** supposons que le caractère étudié est la précocité d’épiaison d’une graminée. L’AGCd’une lignée qui épie le 10 mai sera définie par la date moyenne d’épiaison de l’ensemble de ses descendants lorsqu’elle aura été croisée avec un ensemble de partenaires.

**3.2. ASC aptitude spécifique à la combinaison :** Considérons le croisement RR X AA. Au niveau des hyb on ne trouve pas les 2 AGC mais en plus un écart par rapport aux prévisions d’additivité des 2 AGC. Cet écart qui caractérise spécifiquement le croisement AA X RR est appelé : ASC. Elle est liée à la balance de relation, et elle n’est pas attachée à un parent mais c’est une caractéristique zygotique diploïde

**Exemple :**La variance génotypique totale de la descendance hybride RA sera égale à Var gnt= var AGCR + var AGCA + var ASCRA

expl