Corrigé d'examen, amélioration des plantes I

Question 1

La duplication de la totalité du génome est un phénomène récidivant ou récurrent chez les végétaux et particulièrement les angiospermes. On note dans ce contexte qu'environ 70% de ces espèces ont eu au moins un évènement de polyploïdisation au cours de leurs évolutions.
La polyploïdie entraîne des changements dans le dosage des gènes qui provoque des réarrangements chromosomiques, le remodelage épigénétique et la régulation des gènes. Ces changements peuvent générer de nouvelles variations ou spéciation et isolement reproductif.

Les polyploïdes sont déterminés principalement sur leur origine. Presque tous les polyploïdes proviennent de la rencontre des gamètes non réduits. Pour ce cas, la polyploïdie est obtenue par la fusion des gamètes 2n et n pour former un triploïde, suivi soit par autofécondation ou rétrocroisement pour produire un tétraploïde. La présence de gamètes non réduits est variable dans le règne végétal. Ils proviennent de l'un des deux mécanismes de restitution, de la première division (FDR) ou de la deuxième division (SDR), pendant la méiose. Chaque mécanisme a une conséquence génétique différente. FDR (First Division Restitution): un déroulement anormal de la première division (absence de la cytokinèse) et un déroulement normal de la seconde division méiotique. Il y'a la production des dyades 2 gamètes à 2n. La conséquence génétique du mécanisme est que la plupart des hétérozygotes de l'hybride diploïde est conservés dans les gamètes 2n. SDR (Second Division Restitution): pour ce mécanisme, la première division méiotique est suivie par la cytokinèse, mais la deuxième division est absente. Il en résulte une dyade avec 2 gamètes 2n. L'hétérozygotie est fortement réduite dans les gamètes 2n.

Question 2

L'effet d'un gène est dit additif lorsque chaque apport de ce gène se solde par des ajouts égaux de l'expression phénotypique du caractère gouverné. Ex. aabb=0, Aabb=1, AAbb=2 AABb=3 et AABB=4, alors A et B sont d'un effet additif. Dans le cas d'un seul locus, l'hétérozygote a une valeur parfaitement intermédiaire entre celle des parents homozygotes: AA=2 et aa=0 alors Aa=1/2 (AA+aa)=1. En additivité, la performance d'un allèle est la même indépendamment des autres allèles au même locus, ce qui indique que le phénotype reflète le génotype, en absence d'influence environnementale. L'action additive est transmissible et est plus efficace dans la sélection.

Question 3

C'est une évaluation d'une structure génétique (individu) à travers la qualité de ses descendants lorsqu'il est croisé avec d'autres partenaires. De façon plus simple chaque sélectionneur sait que tel génotype est dit un bon géniteur car il fournit une descendance d'une bonne valeur phénotypique pour tel ou tel caractère. Deux critères permettent d'évaluer un individu en croisement, l'héritabilité des caractères et l'aptitude à la combinaison.

. L'héritabilité : un phénotype observé est une interaction entre les gènes qui le codent et l'environnement dans lequel dans lequel ces gènes sont exprimés. Parfois une plante

"génétiquement inférieure" peut exprimer un phénotype supérieur ce n'est pas parcequ'elle elle meilleure mais toit simplement elle se trouve dans un environnement plus favorable. A cet effet, l'héritabilité est un paramètre génétique qui informe sur les parts d'influence génétique et environnementale sur l'expression d'un phénotype. L'héritabilité se définit comme la fiabilité de la valeur phénotypique dans la reproduction. Elle permet d'estimer la correspondance entre la valeur phénotypique et la valeur de reproduction. Elle estime la variation du contrôle génétique d'un trait. Elle concerne un trait dans une population mais pas de l'individu.

L’aptitude à la combinaison : La question se pose dans le domaine d'amélioration des plantes pour un génotype qui possède une bonne valeur phénotypique pour un trait donné, quelle est sa capacité à transmettre la meilleure valeur phénotypique possible à sa descendance lorsqu'il est croisé avec d'autres partenaires? La réponse à cette question mène à l'estimation de l'aptitude à la combinaison d'un génotype pour un caractère donné.

- L’aptitude générale à la combinaison d’une lignée (structure en étude) est calculée comme l’écart de la moyenne de la valeur des descendants F1 ayant comme cette lignée comme parent par rapport à la moyenne globale des croisements (valeur moyenne des descendants de l’ensemble des croisements). Elle se calcule selon l'écart suivant
  AGCx = [Tx / nombre de partenaires] – [ΣT / total des croisements]
- Elle permet d'estimer les valeurs des croisements. La valeur de croisement devrait être égale à la somme de la valeur moyenne des croisements et des AGC des deux structures parentales. Cependant, chaque croisement peut s’écarter de cette valeur attendue. L’écart représente l’aptitude spécifique à la combinaison (ASC, SCA).