

**Université de M'sila  
Faculté des Sciences  
Département des Sciences Agronomiques  
M1 Production végétale**

**Cours de génétique végétale**

**(VHG: 67h, VHC: 45h, TD: 22 h Crédits=6, Coef=3)**

**2023-2024**

## Chapitre I : Génétique quantitative

### 1-Définitions

**La Génétique quantitative:** la branche de la génétique qui s'intéresse à l'hérédité des caractères quantitatifs ; La **génétique quantitative** est la génétique des caractères qui peuvent donner lieu à des mesures, que ce soient des caractères à variation **continue** (tels que le poids ou la taille d'un organisme) ou **discontinue**. La génétique quantitative s'appuie sur la **génétique des populations** et les **statistiques**.

la génétique quantitative est utilisée pour :

- Comprendre le déterminisme génétique et l'hérédité des caractères d'intérêt
- Définir les méthodes d'amélioration de ces caractères

La majorité des caractères à intérêt économique/agronomique sont des caractères quantitatifs

- Le rendement en graines
- La biomasse végétative (cultures maraichères et fourragères)
- Le calibre des fruits ou autres organes comestibles (tubercules, bulbes, racines)
- La teneur en huile pour les oléagineux (soja, tournesol, colza, olives...)
- La hauteur de la plante
- Le taux de sucres dans les fruits
- Teneur en protéines Les caractères phénologiques (débourrement, floraison, maturité)
- Résistance aux stress biotiques et abiotiques

### 2 - La variabilité génétique dans les populations naturelles

Une particularité du monde vivant est la variabilité des phénotypes individuels. A l'intérieur d'une espèce, il n'existe pas deux individus ayant exactement les mêmes caractéristiques phénotypiques : l'individu est unique. Si pour une espèce donnée on peut noter l'absence de variations pour certains caractères essentiels, il existe toujours de nombreux autres caractères pour lesquels des variations entre individus sont observées. Certaines de ces variations s'expriment au niveau phénotypique (morphologie, physiologie, comportement, etc) mais les autres restent "cachées" et leur mise en évidence nécessite l'utilisation de techniques adaptées (variabilité des protéines ou des séquences d'ADN). Cette variation est nécessaire pour permettre aux plantes et aux animaux de s'adapter à un environnement physique et biologique continuellement en changement.

Au niveau du phénotype, le support de la variabilité est le **caractère** qui peut prendre plusieurs **états**. Par exemple, si l'on parle du caractère « couleur de l'œil », ce caractère peut prendre les états « vert », « bleu », « gris », « marron », « rouge » (pour les drosophiles ou les lapins albinos).

La **variation** est donc toute différence acquise au cours de son développement ou que présente au moment de l'observation une unité biologique par rapport aux autres unités du même groupe. Il peut s'agir soit des cellules d'un même organisme ; soit des individus d'une même population ; soit des populations d'une même espèce. Chaque espèce vivante possède une réserve de variations et l'objet de la biologie a été toujours d'en déceler le sens.

Les variations du phénotype sont dues pour partie à des facteurs environnementaux (alimentation, climat, interactions avec les autres espèces, etc) et pour partie à des différences entre les génotypes individuels, transmissibles à la descendance. **Le phénotype** dépend donc à la fois **du génotype et du milieu**. Les variations de l'un et de l'autre peuvent provoquer des changements phénotypiques. Dans la plupart des cas, ces deux causes de variation interagissent fortement (= interactions génotype-environnement), et il est difficile de mesurer leur part relative dans la variation phénotypique globale.

## 2-1- Classification des caractères

### 2-1-1- Les caractères qualitatifs

Ainsi appelés parce qu'ils comportent un petit nombre de formes facilement discernables, mais difficilement mesurables : couleur des fleurs, sensibilité ou résistance nette à une maladie. Ces caractères sont fréquemment appelés mendéliens simples car ils correspondent aux premiers traits étudiés par le généticien Mendel (caractère ridé ou lisse du pois). Ils permettent une classification en phénotypes bien séparés. Chacun de ces caractères discontinus est contrôlé par un faible nombre de gènes. La génétique qualitative concerne l'étude de la variabilité du caractère qualitatif, dont le déterminisme génétique est connu et implique peu de loci.

Exemple de caractères qualitatifs et discontinus : les groupes sanguins chez l'homme.

Caractères qualitatifs et continus : la couleur d'une fleur qui peut prendre toutes les nuances possibles.

### 2-1-2- Les caractères quantitatifs

Ils sont ainsi nommés car leur variation s'apprécie par des mesures. Ces caractères présentent des variations **continues** telles qu'il est possible de définir des phénotypes bien séparés, il existe une gamme continue de phénotypes avec toutes intermédiaires d'un type à l'autre. Les caractères quantitatifs sont qualifiés de **polygéniques**, car ils sont généralement gouvernés par plusieurs **gènes** à effets individuels faibles. [C'est-à-dire, que chacun des gènes joue dans le déterminisme du phénotype un rôle si discret qu'il ne peut être mis en évidence par la méthode mendélienne]. De plus la variabilité phénotypique de ces caractères est **multifactorielle** c'est-à-dire qu'elle résulte de différents facteurs génétiques et environnementaux.

Caractères quantitatifs: quantifiables

- Continus: mesurables (par des instruments). – Ex: température, poids, distance – Valeurs = fractions (chiffres après la virgule)

- Discontinus (ou discrets): dénombrements, comptages. – Ex: nombre d'épis/plante, nombre de graines/épi, nombre de ramifications – Valeurs = entiers uniquement

## 3- Quelques notions de statistique

Pour répondre aux questions portant sur les types les plus courants de variation phénotypique nous devons d'abord faire connaissance avec certains outils statistiques essentiels à l'étude de la génétique quantitative.

### 3-1- Les mesures statistiques

Parmi les mesures les plus couramment utilisées de tendance centrale, se trouvent le **mode** qui est l'observation la plus fréquente, et la **moyenne**, qui est la moyenne arithmétique des observations la dispersion d'une distribution est presque toujours mesurée par la **variance**, qui est la moyenne des carrés des écarts séparant les observations de leur moyenne ou par l'écart-type qui est la racine carrée de la variance la relation entre les différentes variables est mesurée par leur **covariance** et leur **corrélation**. La **covariance** entre deux variables est l'écart entre une variable et sa moyenne multiplié par l'écart entre l'autre variable et sa propre moyenne. La **corrélation** est la covariance entre deux variables divisée par le produit des écarts types des deux variables. En tant que mesure de la relation entre deux variables, la corrélation présente un avantage : elle varie de +1 pour les variables parfaitement corrélées positivement à 0 dans le cas de variables qui n'ont en moyenne aucune relation, jusqu'à -1 pour des variables parfaitement corrélées négativement.

Il n'est généralement pas possible de mesurer l'expression d'un caractère polygénique chez tous les individus d'une population, aussi il est nécessaire de définir un sous ensemble d'individus pris au hasard que l'on dénommera **l'échantillon**. Il est important de se souvenir que la précision des informations obtenues dépendra de la pertinence du prélèvement au hasard et du degré de représentation de la population par l'échantillon étudié.

Si l'échantillon mesuré pour déterminer un caractère quantitatif est suffisamment grand et représentatif de la population de laquelle il est issu, on trouvera alors que les données forment une **distribution normale** qui est caractérisée par une forme en cloche quand elles sont représentées à l'aide d'histogrammes. Plusieurs paramètres statistiques sont utiles pour décrire une distribution normale, ce sont : la moyenne, la variance, l'écart type, l'erreur standard de la moyenne et la covariance.

### 3-1-1- La moyenne

Pour une série d'individus, la moyenne donne une information sur la localisation du point central dans la gamme de variation du caractère mesuré. La moyenne est la moyenne arithmétique d'une série de mesures et la formule pour la calculer est :

$$\bar{x} = \frac{\sum x_i}{n}$$

La moyenne correspond à un descriptif simple de l'échantillon, mais ne renseigne pas sur l'amplitude de variation ou la dispersion des données. Une deuxième constante statistique donne une idée de la dispersion des valeurs autour de la moyenne : c'est la variance.

### 3-1-2- La variance

La variance d'un échantillon est égale à la moyenne des carrés des écarts par rapport à la moyenne. Elle est calculée de la manière suivante :

$$s^2 = \frac{\sum (x_i - \bar{x})^2}{n}$$

### 3-1-3- L'écart type

Comme la variance est une valeur basée sur des carrés, ses unités de mesures sont aussi élevées au carré (m<sup>2</sup>, g<sup>2</sup>, etc.) afin d'exprimer cette variation autour de la moyenne dans les mêmes unités que la valeur mesurée, on peut utiliser la racine carrée de la variance qui est appelée **écart-type (s)**.

$$s = \sqrt{s^2}$$

### 3-1-4- L'erreur standard de la moyenne

Si plusieurs échantillons différents sont prélevés au sein d'une population et que l'on mesure un même caractère quantitatif pour ces échantillons, on peut penser que leurs moyennes varieront. Théoriquement des échantillons plus importants et plus représentatifs représenteront mieux les vraies valeurs et leurs moyennes seront plus proches les unes des autres. Afin de mesurer la précision de la moyenne estimée, on utilisera l'erreur standard de la moyenne ( $s_{\bar{x}}$ ) calculée comme suit :

$$s_{\bar{x}} = \frac{s}{\sqrt{n}}$$

où s est l'écart type et  $\sqrt{n}$  la racine carrée de l'effectif n.

### 3-1-5- La covariance

La covariance mesure la part de variation commune à deux caractères quantitatifs. Elle est calculée en prenant les écarts à la moyenne pour chaque caractère et pour chaque individu de l'échantillon. Ceci donne des couples de valeurs qui sont multipliées entre elles ; la somme de ces produits individuels est alors divisée par l'effectif diminué d'une unité. Ainsi, la covariance,  $cov_{xy}$  de deux ensembles de mesures, x et y est donnée par la formule :

$$cov_{xy} = \frac{\sum [(x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})]}{n-1}$$

La covariance peut ensuite être standardisée sous forme d'une autre valeur statistique : le coefficient de corrélation (r). son calcul se fait suivant la formule :

$$r = cov_{xy} / S_x \cdot S_y$$

où  $S_x$  est l'écart type du premier jeu de données quantitatives x et  $S_y$  celui du deuxième jeu de données y. les valeurs du coefficient de corrélation r varient de -1 à 1. Une corrélation positive signifie que lorsqu'une valeur augmente pour un caractère elle augmente aussi pour l'autre caractère. Une corrélation négative signifie que lorsque les valeurs d'un caractère augmentent celles de l'autre diminuent.

## 4- Héritabilité : mesure de la contribution génétique à la variation phénotypique

Le terme **héritabilité** est utilisé pour désigner la proportion de la variation phénotypique totale qui est due aux facteurs génétiques.

Le concept d'héritabilité est fréquemment mal compris et mal utilisé. Il est important de préciser qu'il n'indique pas quelle proportion d'un caractère est déterminée génétiquement ou quelle part du phénotype d'un individu est déterminée par son génotype. L'héritabilité n'est pas constante pour un caractère donné.

L'héritabilité nous indique donc la proportion de la variation phénotypique qui peut être attribuée à des variations génétiques pour une population donnée dans un environnement donné. Si nous

mesurons l'héritabilité pour le même caractère dans plusieurs populations vivant dans des environnements différents, nous trouverons fréquemment que les valeurs d'héritabilité calculées ont des écart-types élevés. Ceci est un point important dont il faut se souvenir, en particulier pour le calcul de l'héritabilité au sein de populations humaines. Une valeur moyenne d'héritabilité de 0.65 pour la taille humaine ne signifie pas que votre taille est à 65 % contrôlée par vos gènes, mais plutôt que dans l'échantillon de population étudié, en moyenne 65 % de la variation de la stature peut être attribuée à des différences génotypiques entre individus.

Un troisième facteur qui contribue à des variations phénotypiques provient de la manière dont un génotype se traduit par un phénotype différent suivant l'environnement dans lequel il se réalise. Cette troisième composante de la variation phénotypique est la **variance d'interaction génotype-environnement** ( $V_{G \times E}$ ).

Nous pouvons maintenant résumer toutes les composantes de la variance phénotypique totale

$$V_p = V_G + V_E + V_{G \times E}$$

#### 4-1- L'héritabilité au sens large

L'héritabilité au sens large mesure la contribution de la variance génotypique à la variance phénotypique totale :  $H^2 = \frac{V_G}{V_p}$ . Ces valeurs d'héritabilité 'échelonnent entre 0 et 1 pour un caractère donné. Les valeurs proches de 1 indiquent que les conditions environnementales ont peu d'effet sur la variance phénotypique qui est alors très largement due aux différences génotypiques entre individus. Les valeurs faibles ou proches de 0 indiquent que des facteurs environnementaux et non génétiques sont principalement responsables des différences phénotypiques observées.

#### 4-2- L'héritabilité au sens étroit

L'héritabilité au sens étroit ( $h^2$ ) est la proportion de la variance phénotypique due aux seuls aspects additifs de la variance génotypique. La variance génotypique peut être décomposée en composantes reflétant les différents modes d'action des allèles de plusieurs loci impliqués dans un caractère quantitatif.

Comme tous les gènes impliqués dans un caractère quantitatif ne modifient pas le phénotype de la même manière, cette répartition permet de distinguer trois modes d'action génétique différents.

La **variance additive**,  $V_A$ , est la variance génotypique liée à l'action additive des allèles aux loci quantitatifs.

La **variance de dominance**,  $V_D$  est l'écart à l'additivité lorsque l'expression du phénotype d'un hétérozygote s'écarte de la stricte somme des effets individuels des allèles des homozygotes de départ.

La **variance d'interaction**,  $V_I$ , est l'écart à l'additivité lorsque deux loci ou plus interagissent en épistasie. Le niveau de la variance d'interaction est souvent négligeable et cette composante peut être exclue des calculs de variance génotypique.

La partition de la variance génotypique  $V_G$  peut être résumée par l'équation suivante :

$$V_G = V_A + V_D + V_I$$

Et l'héritabilité au sens étroit, estimée uniquement sur la portion de variance génotypique due aux effets additifs, devient :  $\frac{V_A}{V_p}$

En omettant  $V_I$  et en séparant  $V_p$  entre ses composantes de variance génotypique et environnementale, nous obtenons pour  $h^2$  la formule suivante :

$$H^2 = \frac{V_A}{V_E + V_A + V_D}$$