



**République Algérienne Démocratique et Populaire**  
**Ministère de l'Enseignement supérieur et de la Recherche**  
**Scientifique**



**Université Batna 2**

**Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie**

**Département Ecologie et Environnement**

**Master2 Ecophysiologie végétale**

**Cours les marqueurs moléculaires**

**Dr. KHATER Nadia.**

## 1. Définition

Les marqueurs moléculaires sont un type de marqueur génétique composé de fragments d'ADN qui servent de repères pour suivre la transmission d'un segment de chromosome d'une génération à l'autre, les marqueurs moléculaires révèlent directement les modifications du patrimoine génétique qu'ils se traduisent ou non par une modification phénotypique (phénotype), physiologique ou biochimique. Ces marqueurs moléculaires sont donc des indicateurs neutres de variabilité génétique qui permettent d'identifier le polymorphisme entre famille, genres, espèces, variétés, populations et même entre individus... Ainsi, les marqueurs moléculaires sont des outils très efficaces pour la phylogénie moléculaire puisqu'ils peuvent établir des relations de parenté entre individus.

Les marqueurs génétiques renseignent sur le génotype d'un individu et ne sont pas modifiés par l'environnement. Ils peuvent être utilisés tout au long d'une expérimentation et sont observables à n'importe quel stade de développement de la plante et sur n'importe quel organe (l'information génétique de la plante est contenue en totalité dans toutes les cellules).

Par marqueur moléculaires on peut suivre et contrôler la présence du gène d'intérêt chez n'importe quel individu sans recours à l'observation phénotypique du caractère. Un fragment de Feuille suffit pour obtenir l'ADN nécessaire pour établir l'empreinte génétique d'une plante. Ces marqueurs se trouvent à des endroits bien précis du génome. Ils sont utilisés pour localiser un gène particulier ou vérifier si un individu a hérité d'une caractéristique particulière d'un organisme parent. Les marqueurs moléculaires sont identifiables situés à des emplacements spécifiques du génome, et associés à la transmission d'une caractéristique ou d'un gène lié.

Les marqueurs moléculaires permettent de caractériser un génome de manière fiable, spécifique et rapide. Le marqueur a une position définie dans le génome et doit idéalement présenter les caractéristiques suivantes :

- a. Le marqueur doit être **polymorphe**, c'est-à-dire qu'il doit posséder plus d'un allèle au moins dans la population étudiée.
- b. Le marqueur idéal est **codominant**, ce qui signifie qu'un hétérozygote peut être différencié de l'homozygote au locus en question.
- c. **Il est non épistatique**, c'est-à-dire que le génotype peut être lu à partir de son phénotype sans influence du génotype des autres locus. Il y a une absence d'interactions intra et inter locus.
- d. **Le marqueur est neutre**, une modification des locus marqueurs n'a pas d'autres effets phénotypiques que ceux qui permettent de déterminer son génotype.
- e. Le génotype peut être inféré à partir du phénotype quel que soit le milieu, un « bon » marqueur moléculaire est donc insensible au milieu.

La notion de polymorphisme est omniprésente dans les marqueurs moléculaires. La différence entre individus d'une même espèce réside dans le polymorphisme du génome, certaines séquences étant conservées, d'autres présentant des variations de séquence. On distingue ainsi trois types de polymorphisme: le polymorphisme de séquence, le polymorphisme d'insertion ?délétion et le polymorphisme de nombre d'unités de répétitions dans les régions répétées.

Il est possible de mettre en évidence le polymorphisme de séquence directement par un séquençage de fragments homologues. Inversement, les marqueurs moléculaires eux, permettent la mise en évidence du polymorphisme de façon indirecte et non exhaustive mais de manière rapide, fondée sur la détection de différences: de sites de restriction; de conformation; de site d'hybridation d'amorces oligonucléotidiques.

Il existe un nombre croissant de marqueurs moléculaires et de techniques pour mettre en évidence ces derniers. Il est impossible de dresser une liste exhaustive de la totalité des marqueurs et des techniques existantes ! Nous allons donc sélectionné un certain nombre de marqueurs et de techniques en fonction de leur utilisation, pour une raison historique (cas de la RFLP) ou pour leur potentiel dans le futur.

## **2. Les critères de classification**

### **2.1. Sur le plan moléculaire**

On peut classer le polymorphisme en trois catégories: le polymorphisme de séquence, d'insertion-délétion, et de nombre d'unités de répétitions dans les régions répétées, il existe par de techniques développées spécifiquement pour le polymorphisme d'insertion-délétion qui est de toute façon révèle par les techniques de mise en évidence du polymorphisme de séquence, nous considérons donc d'une part les variations de séquence en mentionnant le cas échéant les variations d'insertion-délétion d'autre part les variations de nombre d'unités de répétitions (Vienne et *al.*, 1998).

### **2.2. Sur le plan génétique**

On peut considérer d'une part les techniques fournissant des marqueurs codominants et révélés individuellement d'autre part celles qui fournissent en «masse» des marqueurs dominants cette séparation est certes simplificatrice mais elle correspond tout de même à deux types majeurs d'utilisation des marqueurs (Vienne et *al.*, 1998).

## **3. Techniques de marquage moléculaire**

### **3.1. Les marqueurs RFLP**

Cette technique se fait par la Comparaison deux individus A et B. Leur ADN sera digéré séparément par des enzymes de restriction données, puis hybridé par une sonde S.

La digestion avec l'enzyme ♦ donne des fragments de restriction identiques pour les deux individus.

Les deux profils révélés après électrophorèse ne permettent pas de les distinguer.

Avec ce couple enzyme ♦ – sonde S, aucun polymorphisme n'est mis en évidence.

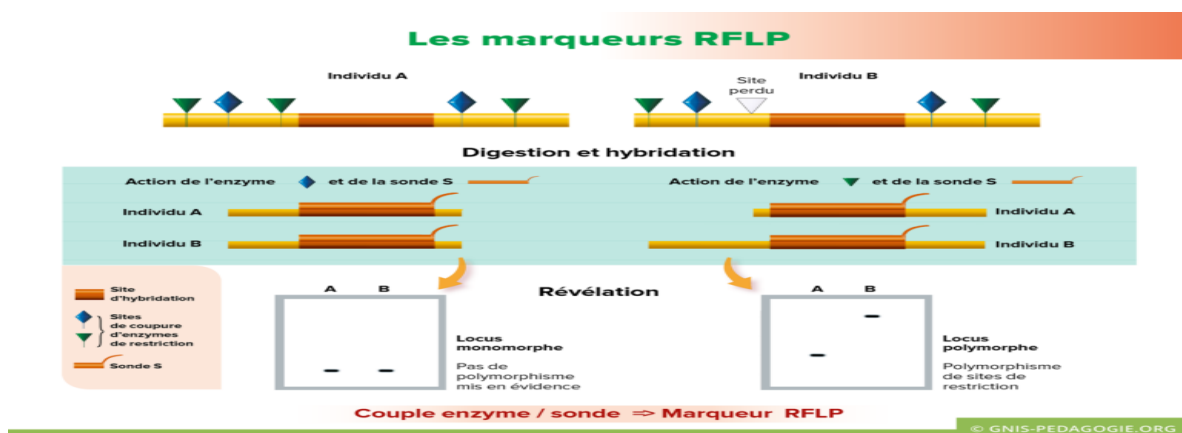
En revanche, pour l'enzyme ▼, l'individu B présente une mutation au niveau d'un site de restriction, entraînant la perte de ce site. Ainsi, par digestion, l'individu A donne un fragment plus petit que celui de l'individu B.

On révèle le polymorphisme entre les deux individus : un fragment rapide pour A et un plus lent pour B.

Ce couple enzyme ▼ – sonde S révèle un polymorphisme.

**La Création de marqueurs :** C'est le couple enzyme/sonde qui constitue le marqueur. Le fragment d'ADN utilisé comme sonde révèle un locus polymorphe ou monomorphe. Les enzymes de restriction permettent de découper l'ADN génomique et ainsi de visualiser le nombre d'allèles détectables, dans une population, à un locus donné. Chez le maïs, 95% des locus sont polymorphes, alors que chez le blé, plante autogame, 5 à 10% des locus seulement sont polymorphes.

Cette technique de marquage moléculaire a été très utilisée, car elle fournit des profils peu complexes permettant de caractériser l'empreinte génétique d'une plante ou de construire une carte génétique. Elle est fiable, les résultats observés peuvent être répétés ; elle est toutefois progressivement abandonnée au profit de techniques plus rapides à mettre en œuvre, et souvent basée sur la PCR.



### 3.2. Les Marqueurs Microsatellites (Polymorphisme de nombre d'unités de répétition)

Sur le génome, il existe des séquences constituées d'unités répétées de 1 à 4 nucléotides. Ce sont les microsatellites. Les plus courants sont  $(A)_n$ ,  $(TC)_n$ ,  $(TAT)_n$  et  $(GATA)_n$ , les valeurs de  $n$  pouvant aller de quelques unités à plusieurs dizaines. On parle de séquences répétées en tandem ou SSR (Simple Sequence Repeats). L'intérêt de ces microsatellites réside dans leur polymorphisme. Celui-ci repose sur la variation du nombre d'unités de répétition, constituant le microsatellite.

#### 3.2.1. Les étapes de la technique

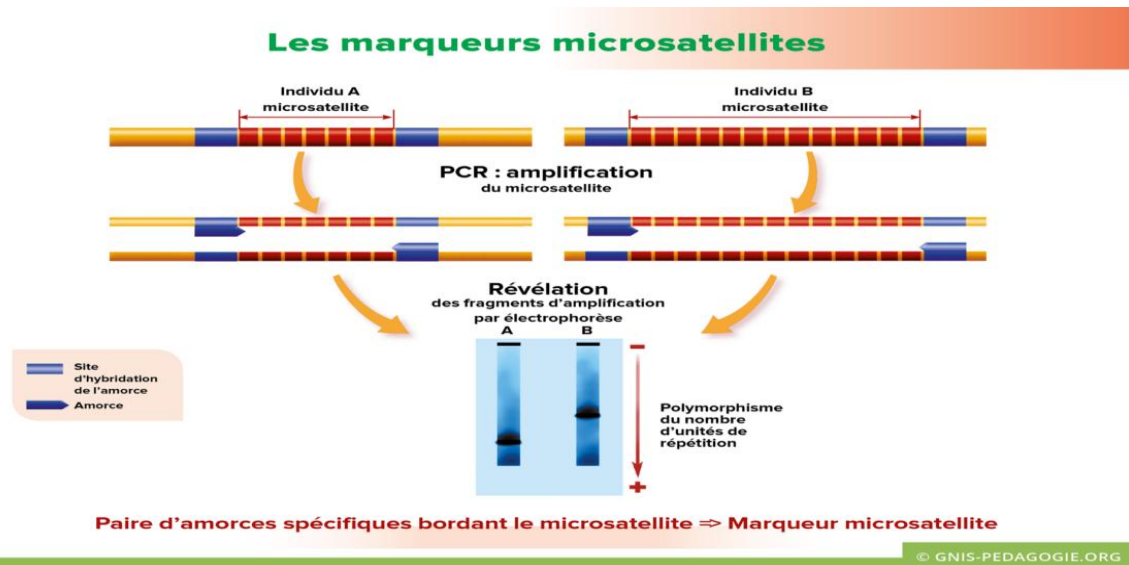
La technique de PCR est utilisée pour révéler le polymorphisme des microsatellites. Une paire d'amorces spécifiques des bordures droite et gauche d'un microsatellite est utilisée pour amplifier le même microsatellite chez différents individus. En effet, chaque microsatellite est bordé par des séquences uniques qui lui sont propres.

Les fragments d'amplification sont ensuite révélés par électrophorèse. Un individu B, possédant plus d'unités de répétition que A, a un produit d'amplification distinct et qui migre plus lentement que A.

**La Création de marqueurs :** C'est la paire d'amorces spécifiques des bordures droite et gauche du microsatellite qui constitue le marqueur.

### Utilisation de la technique

Il faut connaître, synthétiser et tester les amorces bordant le microsatellite. Cette technique est simple d'utilisation car repose simplement sur une PCR. Elle permet de développer de nombreux marqueurs, notamment pour le maïs ou le colza. Toutefois, elle n'est pas applicable à toutes les espèces, la tomate par exemple ne possède pas de polymorphisme pour les microsatellites.



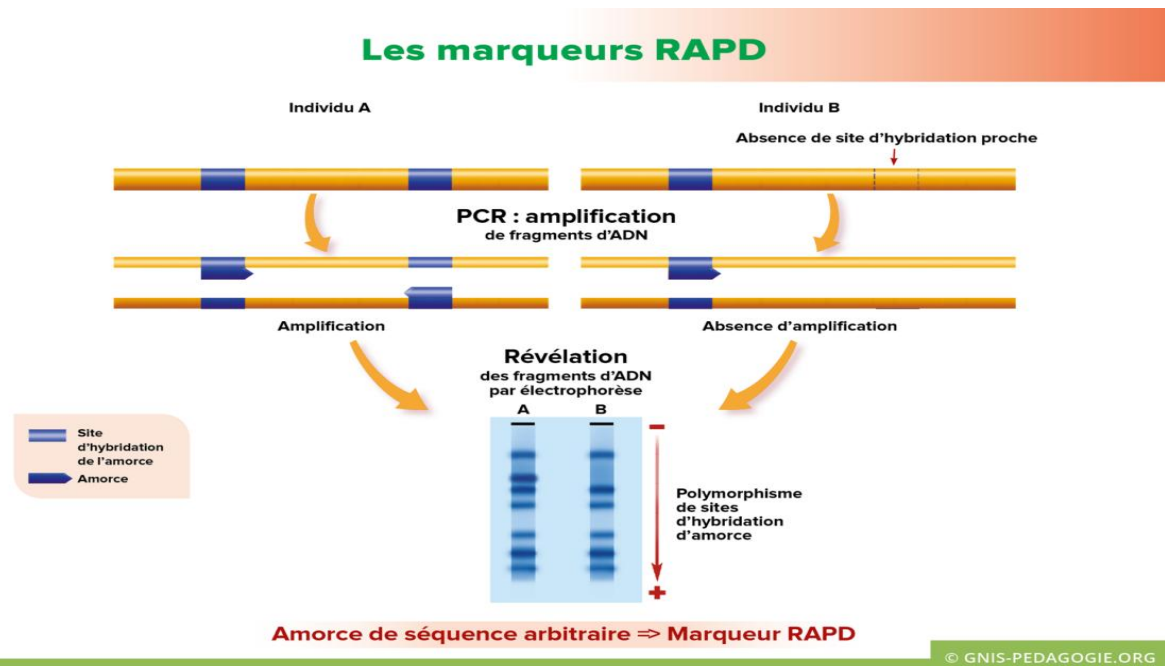
### 3.3. Les marqueurs RAPD : ADN polymorphe amplifié au hasard (Random Amplified Polymorphic DNA)

Cette technique consiste à réaliser une PCR en utilisant une amorce courte d'une dizaine de nucléotides, de séquence arbitraire. Cette amorce va s'hybrider au hasard dans le génome. Si deux sites d'hybridation sont proches et sur les deux brins d'ADN, il y aura amplification, c'est le cas de l'individu A. En revanche, si ces deux sites sont trop éloignés, il ne peut y avoir amplification, cas de l'individu B. Ainsi, on observe la présence d'une bande supplémentaire sur le gel pour A et l'absence pour B de cette même bande. Le polymorphisme révélé est un polymorphisme de sites d'hybridation d'amorce. Les amorces constituent donc les marqueurs. Pour l'ensemble du génome, une dizaine de fragments sont amplifiés en moyenne puis séparés par électrophorèse.

### Utilisation de la technique

Cette méthode ne nécessite pas de digestion par une enzyme de restriction, pas de transfert sur une membrane, pas de préparation de sonde radioactive. Elle est donc rapide et d'une faible technicité. Toutefois, sa reproductibilité est difficile à obtenir. En effet, l'amplification obtenue dépend beaucoup des conditions de réalisation de la PCR. Ainsi les résultats sont difficilement reproductibles d'un laboratoire à un autre.

Elle est utilisée lors d'analyses préliminaires rapides, par exemple la mise en évidence de quelques marqueurs au voisinage d'un gène d'intérêt.



#### 1.4. Les marqueurs AFLP : Polymorphisme de longueur des fragments d'amplification (Amplification Fragment Length Polymorphism)

Cette technique est fondée sur la mise en évidence conjointe de polymorphisme de site de restriction et de polymorphisme d'hybridation d'une amorce de séquence arbitraire.

##### Les étapes de la technique

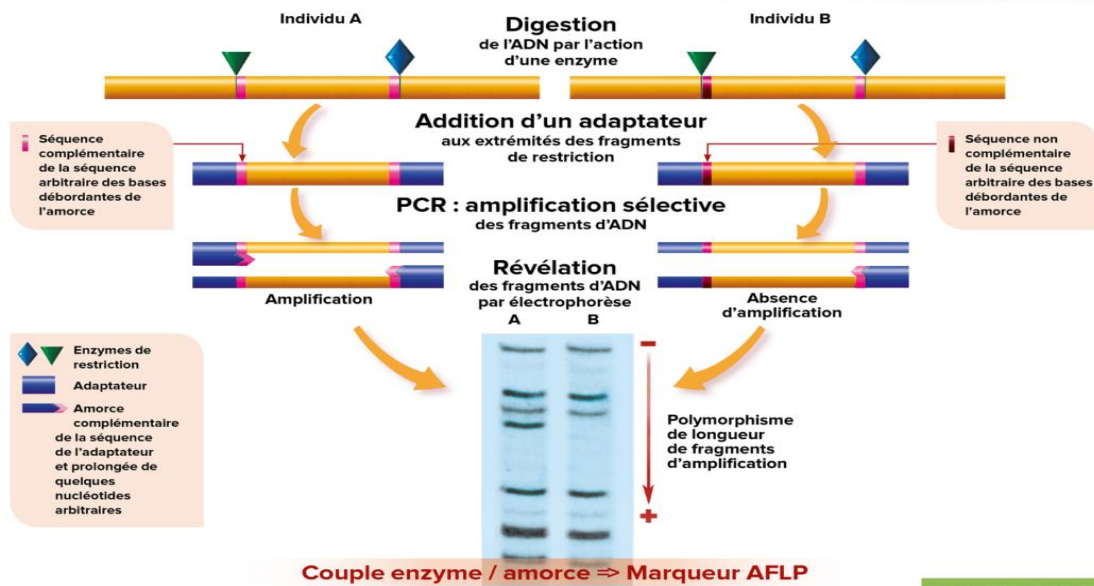
L'ADN de la plante est soumis à une digestion par des enzymes de restriction. Les tailles des fragments obtenus sont dépendantes des enzymes utilisées.

Ensuite, il y a addition aux extrémités des fragments de restriction d'adaptateurs nucléotidiques spécifiques des enzymes de restriction utilisées. Ils sont de séquences connues. Les fragments sont ensuite amplifiés par PCR. On utilise comme amorce un oligonucléotide complémentaire de la séquence de l'adaptateur, prolongé de quelques nucléotides arbitraires (de 1 à 3) appelés bases débordantes. Seuls sont amplifiés les fragments possédant les bases complémentaires de ces bases arbitraires. Il s'agit donc d'amorces sélectives permettant de réduire le nombre de fragments amplifiés à une centaine : sans ces séquences débordantes, il y aurait amplification de milliers de fragments.

Les bandes sont visualisées par électrophorèse.

**Création de marqueurs :** C'est la combinaison enzyme de restriction/amorce qui permet de révéler le polymorphisme entre les individus. Celle-ci constitue le marqueur AFLP. Le locus mis en évidence dépend de la séquence du site de l'enzyme de restriction et des bases arbitraires. Il existe de très nombreuses combinaisons enzyme/amorce. Il existe plusieurs centaines d'enzymes de restriction, mais une dizaine est généralement utilisée.

## Les marqueurs AFLP



### 1.5/ L'analyse D'un Profil AFLP : (Caractéristique du polymorphisme)

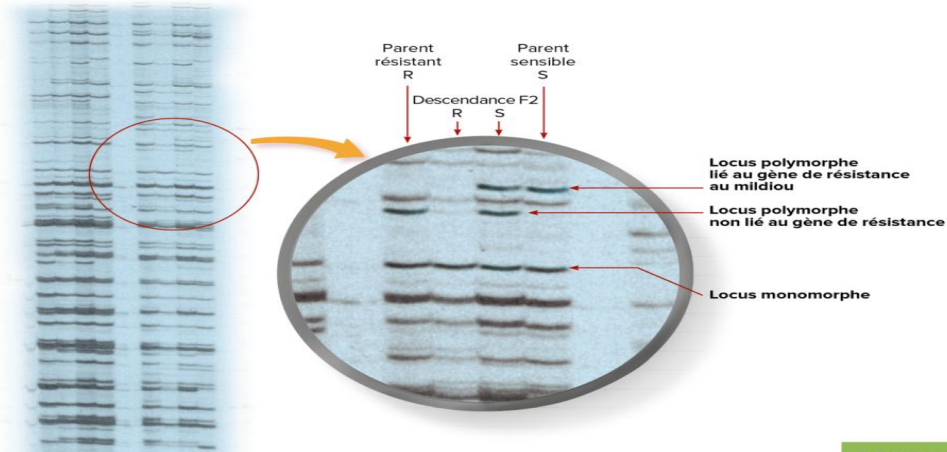
Sur les quatre pistes est mise en évidence la ségrégation pour la résistance du tournesol au mildiou. Sur la piste de gauche, c'est le parent résistant (R), sur la piste de droite le parent sensible (S). Sur les deux pistes centrales figurent les individus F2 : la deuxième piste en partant de la gauche correspond à l'ADN en mélange des descendants F2 résistants et la troisième piste à l'ADN en mélange des descendants F2 sensibles. Parmi la centaine de fragments d'amplification séparés par électrophorèse, on peut visualiser des locus polymorphes. Il est notamment possible de mettre en évidence des bandes présentes chez le parent sensible et absentes chez le résistant, et inversement. Cette distinction se retrouve également dans la descendance. Ces locus sont donc liés au gène de résistance par absence ou présence de bande. Les autres locus soit ne révèlent pas de polymorphisme, soit révèlent des marqueurs polymorphes mais ne permettent pas de faire la distinction entre les individus sensibles et les individus résistants, ils ne sont donc pas liés à la résistance.

### Utilisation de la technique

Elle est utilisée notamment pour la sélection de lignées, et pour la saturation d'une région du génome au voisinage d'un gène en vue de son clonage, c'est-à-dire pour positionner dans cette région un grand nombre de marqueurs.

## L'analyse d'un profil AFLP

Exemple d'une ségrégation pour la résistance au mildiou chez le tournesol



© GNIS-PEDAGOGIE.ORG

### 4. La Combinaison Des Marqueurs

#### Les puces à ADN

Les puces à ADN sont des images fonctionnelles du génome. Avec l'aide de plusieurs milliers de sondes, il est possible de comparer finement deux plantes. Après excitation laser des lames de verre sur lesquelles les échantillons des plantes ont été déposés, l'interprétation des couleurs de puits permet de déceler les différences génétiques de deux plantes. Des marqueurs de type RFLP permettent eux aussi de différencier et de caractériser « en routine » des variétés sur un grand nombre de caractères agronomiques.

#### Les applications

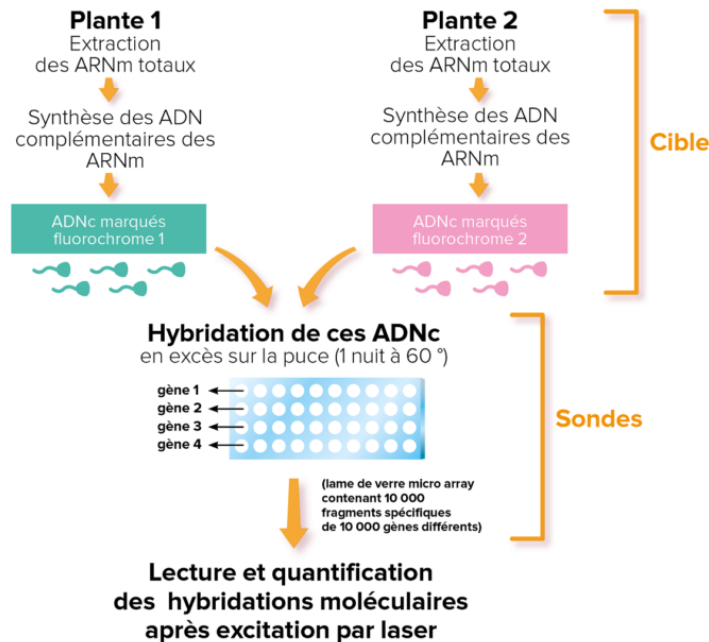
Les puces à ADN permettent d'étudier le transcriptome, c'est-à-dire l'expression des séquences codantes des gènes transcrits en ARN messagers (simple brin). C'est une image fonctionnel du génome, puisque les biopuces ou puces à ADN vont révéler les séquences codantes du génome effectivement exprimées. La technique repose sur l'hybridation de deux fragments d'acides nucléiques complémentaires ou leur dissociation sous l'action de la température et de la concentration en sel du milieu.

#### Fabrication des puces à ADN

Une puce à ADN est un support rigide (verre ou nylon) de petite taille sur lequel sont fixés de courtes séquences d'ADN, appelées sondes qui correspondent à des fragments spécifiques (uniques) d'un seul gène. L'ensemble des gènes étudiés sont idéalement déposés sur la puce et chaque position est connue. Les sondes ne sont pas marquées. Les cibles correspondent aux ARN messagers que l'on souhaite étudier. Pour cela, après extraction des ARN messagers, les chercheurs effectuent une transcription réverse pour obtenir des ADN complémentaires qui sont marqués avec des fluorochromes (ou par des marqueurs radioactifs).



## Principe de la puce à ADN



© GNIS-PEDAGOGIE.ORG

### Interaction entre la sonde et la cible

Elle se fait en 12 heures à 60° C environ par interaction des deux chaînes de séquences complémentaires qui correspond à une hybridation moléculaire. Si le nombre de sondes sur la puce est bien supérieur aux nombres de cibles (venant s'hybrider sur la puce), il est possible de quantifier les transcrits présents, sachant que le signal de détection est proportionnel à la concentration de la cible. S'il n'y a pas de signal, c'est que l'hybridation moléculaire n'a pas eu lieu.

### Utilisation des puces à ADN

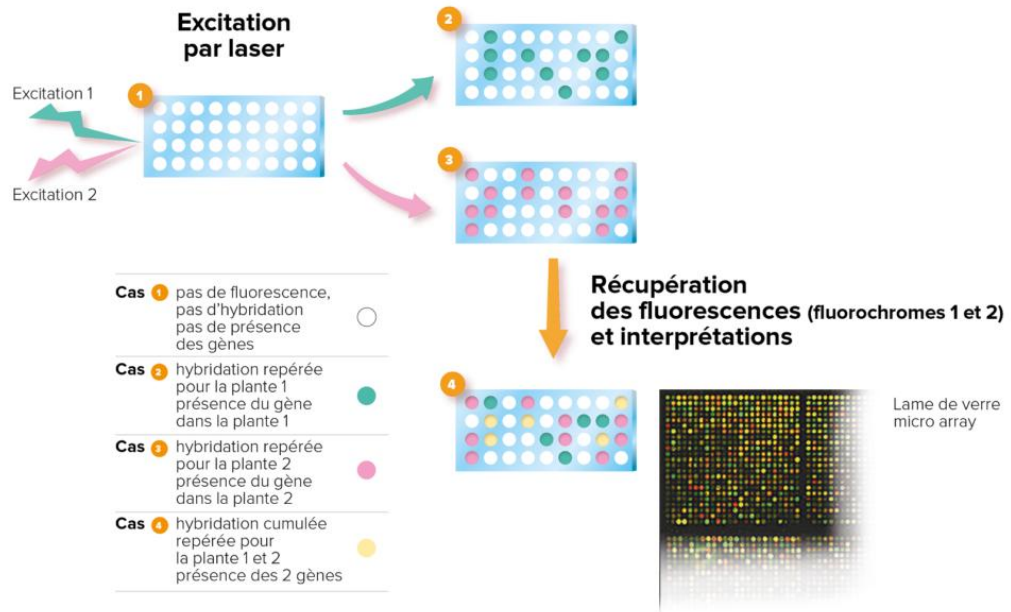
Les puces à ADN permettent de regrouper des gènes ayant le même profil d'expression dans des conditions expérimentales particulières. Elles peuvent par exemple être un outil performant pour l'étude des facteurs abiotiques comme la tolérance à la sécheresse qui impliquent de nombreuses chaînes métaboliques et donc de nombreux gènes, car plusieurs milliers, voire plusieurs millions de substitutions de nucléotides peuvent être ainsi étudiées simultanément.

### Les différentes puces à ADN

Les filtres à haute densité (macroarrays) sont des plaques en nylon (12X8 cm) qui permettent de quantifier la présence de 2400 gènes par marquage radioactif d'un échantillon (ARNm totaux) à étudier. Les lames de verre (microarrays) permettent de quantifier la présence de 10 000 gènes par marquage fluorescent avec deux conditions expérimentales par lame (voir infographie).

Les puces à oligonucléotides (puce de 1,28cm x 1,28cm) contiennent 300 000 oligonucléotides (sondes) par lame et permettent de quantifier la présence d'ARNm grâce au marquage fluorescent de ces cibles issues d'une seule condition expérimentale.

## Lecture d'une puce à ADN



© GNIS-PEDAGOGIE.ORG

## 5. La cartographie des marqueurs moléculaires

Les premières cartes génétiques partielles du maïs furent publiées en 1935, et réalisées à l'aide de marqueurs morphologiques. Les cartes génétiques permettent de représenter la disposition des gènes ou des marqueurs sur un chromosome.

La figure représente une carte génétique de la pomme de terre obtenue à partir de marqueurs RFLP. Les marqueurs RFLP utilisés sont répartis sur les 12 chromosomes de la pomme de terre.

### 5.1. Principe d'établissement de cartes génétiques

Les propriétés de la ségrégation des gènes sont utilisées. Le plus couramment, une descendance issue de deux parents homozygotes est utilisée. On obtient en génération F2 une descendance en ségrégation, une séparation des caractères des deux parents et donc aussi une ségrégation au niveau des marqueurs.

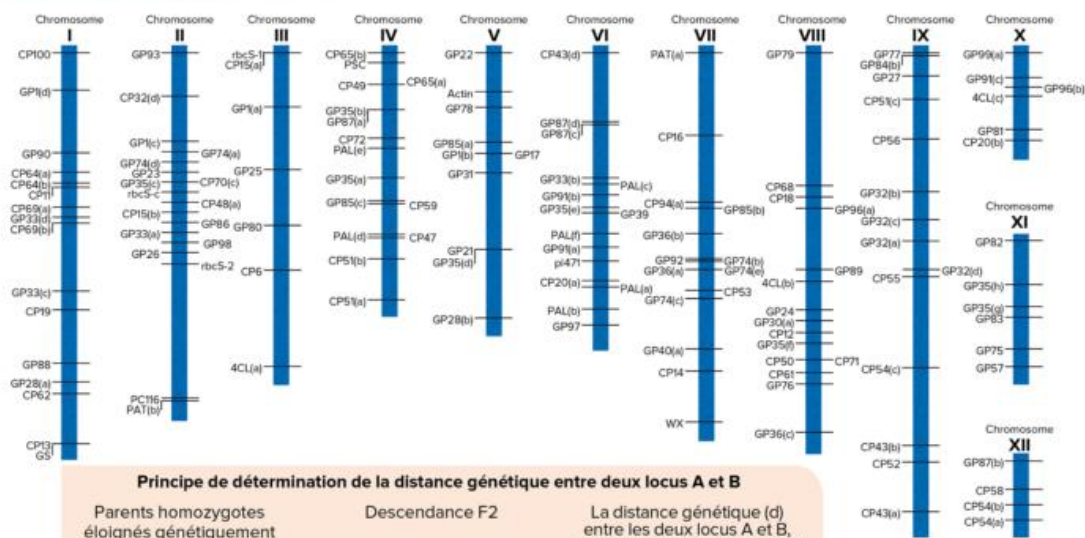
En effet, à la méiose, les chromosomes non homologues ségrégent indépendamment. Il en est de même pour les gènes portés par ces chromosomes. En revanche, des gènes portés par un

même chromosome ne ségrégent pas indépendamment, et cela d'autant moins qu'ils sont plus proches. Ce sont ces propriétés que l'on met à profit pour estimer la position des marqueurs. Lorsque des marqueurs ne ségrégent pas indépendamment dans une descendance, on dit qu'ils sont « liés ».

Des tests statistiques simples permettent de décider si deux marqueurs sont indépendants ou non, ils forment alors un groupe de liaison. Il est ensuite possible d'attribuer chaque groupe de liaison à un chromosome. Lorsque le nombre de marqueurs utilisés est suffisamment élevé, le nombre de groupes de liaison correspond au nombre de chromosomes. On dit que l'on a saturé le génome.

## La cartographie des marqueurs moléculaires

Exemple de carte génétique de marqueurs RFLP chez la pomme de terre diploïde



### Principe de détermination de la distance génétique entre deux locus A et B



Source : G. Gebhart et al. 1989

## 6. La cartographie d'un gène majeur

### 6.1. Localiser les gènes majeurs

Quand un caractère est dû à l'effet d'un gène principal, on parle de gène majeur. L'apparition des marqueurs moléculaires a permis l'élaboration de méthodologies pour localiser ces gènes. Le principe est le même que celui servant à l'élaboration des cartes génétiques. Plus la distance qui sépare un marqueur moléculaire et un gène d'intérêt sur la carte génétique est faible, plus la probabilité qu'ils soient transmis ensemble à la descendance est grande.

Exemples

De nombreux gènes majeurs ont déjà été localisés. On peut citer par exemple : des gènes de qualité codants une protéine de réserve du blé, des gènes codants le taux en acide érucique chez des oléagineux, des gènes de nanisme chez le maïs ou le colza, des gènes de résistance aux champignons chez la tomate, la laitue, le blé, le tournesol, dont le gène *Pl1* impliqué dans la résistance à la race 1 du mildiou, des gènes de résistance aux virus chez la pomme de terre, l'orge, des gènes de résistance aux nématodes chez la betterave, des gènes de restauration de la stérilité mâle cytoplasmique chez le colza et le tournesol.

## **6.2. Détection de la liaison**

Elle consiste à choisir des parents suffisamment polymorphes pour le caractère agronomique et à observer dans la descendance la ségrégation des caractères phénotypiques et du génotype des marqueurs moléculaires. Une des populations qui peut être retenue pour l'analyse de la ségrégation pour un gène majeur est une descendance F2 issue de deux parents homozygotes. Dans le cas d'un gène de résistance, il s'agit du croisement d'un parent sensible et d'un parent résistant. Ainsi en F2, on observe un quart d'individus sensibles et trois quarts de résistants. L'idée qui a été émise par Michelmores *et al.* en 1991 est de regrouper l'ADN des individus F2 sensibles et l'ADN des individus F2 résistants. Cette technique est appelée BSA, Bulk Segregant Analysis, c'est l'analyse de ségrégation en mélange. Le génotype du marqueur est ensuite déterminé. Si le marqueur testé est lié au gène de résistance, les plantes sensibles portent l'allèle marqueur caractéristique des plantes sensibles. En revanche, les individus résistants sont soit homozygotes pour le gène de résistance, soit hétérozygotes, il en va donc de même pour leur génotype du marqueur. Ainsi, en mélange, les individus résistants présentent au moins l'allèle marqueur caractéristique des plantes résistantes.

## **6.3. Apport à la sélection**

La mise en évidence d'une liaison entre un marqueur moléculaire et un gène majeur est une aide précieuse pour le sélectionneur. Comme un fragment de feuille suffit à obtenir l'ADN nécessaire pour établir l'empreinte génétique d'une plante, un tri précoce et précis peut être envisagé dès le début de la croissance des plantes. Ceci permet un gain de temps, il n'est pas nécessaire d'attendre la visualisation phénotypique du gène. On peut ainsi cribler une collection de géniteurs et déterminer si par exemple des plantes possèdent une source de résistance. D'autre part, par le biais de marqueurs moléculaires, il est possible d'identifier les plantes hétérozygotes, donc porteuses d'un gène récessif dont le phénotype n'est pas observable.

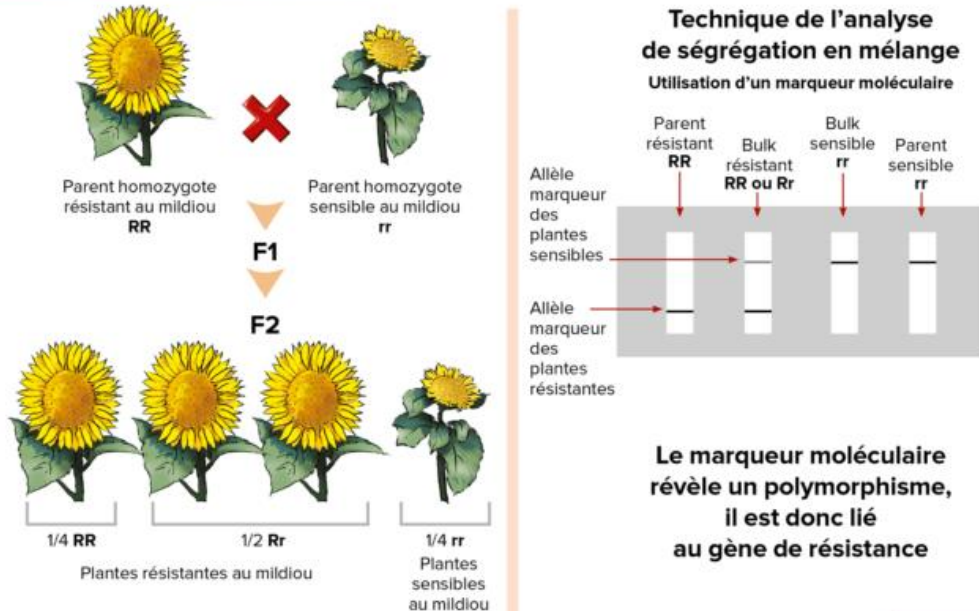
## **6.4. Analyse fine de la structure du gène**

L'objectif final est le clonage du gène et l'analyse de son mode d'action. Ceci fait appel à des techniques de biologie moléculaire, appelées clonage positionnel. Cette caractérisation fine de la structure du gène permet également de faciliter une sélection précoce. L'isolement de ce gène rend aussi possible son transfert par génie génétique vers d'autres espèces.

## La cartographie d'un gène majeur

### Identification d'un gène par un marqueur moléculaire

Exemple de la résistance à la race 1 du mildiou chez le tournesol



© GNIS-PEDAGOGIE.ORG

## 7. La cartographie d'un caractère quantitatif

### 7.1. Qu'est-ce qu'un caractère quantitatif ?

De très nombreux caractères sont des caractères mesurables comme le rendement, la précocité, la taille, la qualité des fruits. On observe une variation continue de leur valeur. Dans ce cas, il n'y a plus d'opposition absolue entre deux phénotypes comme par exemple : résistant/sensible. On admet que plusieurs secteurs chromosomiques, portant un ou plusieurs gènes, sont impliqués dans le contrôle de ces caractères dits quantitatifs, et que de nombreux allèles sont responsables de la variabilité. Ces locus sont appelés QTL : Quantitative Trait Loci (Locus de Caractères Quantitatifs).

### Exemple de la localisation de QTL impliqués dans la variation de la dureté du grain de blé

Un des facteurs affectant la qualité boulangère des blés cultivés est la dureté des grains. L'établissement de cartes génétiques sur le blé a permis d'identifier plusieurs QTL impliqués dans la variation de la dureté du grain. Un des QTL majeurs est situé sur le chromosome 5. L'infographie associée représente une carte génétique d'une partie du chromosome 5. En abscisse sont données les distances entre les marqueurs RFLP le long de ce bras de chromosome. A la taille des barres est associé un test de présence du QTL : la barre la plus grande correspond à la position statistique la plus probable du QTL. Ainsi, un QTL de la dureté du grain a été trouvé à proximité du marqueur Xmta9. C'est un marqueur du QTL.

## 7.2. Les apports à la sélection

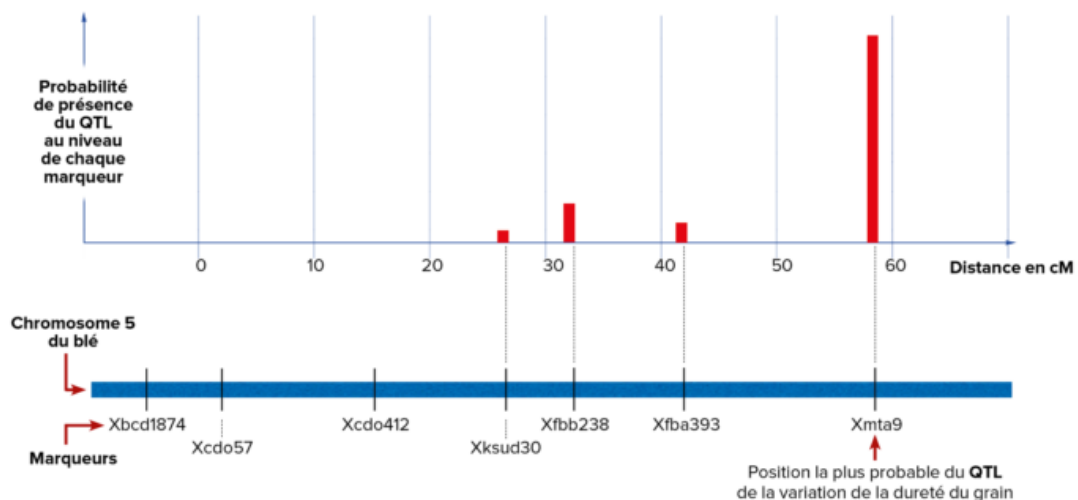
Avec les QTL, il devient possible d'associer pour chaque individu une valeur à un segment chromosomique sur la base de la valeur génétique du QTL. Ainsi, une des premières applications est donc de prédire la valeur génétique d'une descendance, d'un croisement, grâce à la corrélation entre les marqueurs et le caractère quantitatif. On évalue donc plus précisément la valeur des individus candidats à la sélection. Une autre application repose sur la mise en évidence d'allèles favorables au QTL. Il est alors possible de cumuler ces allèles dans un individu par rétrocroisement notamment. On parle alors de construction de génotypes.

## 7.3. Localisation d'un QTL

Prenons l'exemple où l'on croise deux individus différents pour la taille et considérons un marqueur quelconque présentant un polymorphisme chez ces deux parents. Dans la génération F2, il existe trois génotypes pour ce marqueur : un quart de chaque homozygote et la moitié de plantes hétérozygotes. L'idée est de réaliser trois classes d'individus sur la base du génotype à ce marqueur, et de comparer les moyennes des tailles des individus de ces trois classes. Si les moyennes sont déclarées significativement différentes, cela signifie que, sur la base du génotype au marqueur, il est possible de différencier trois classes d'individus pour le QTL. Ainsi est mise en évidence la présence d'un QTL.

### La cartographie d'un caractère quantitatif

Exemple de la localisation de QTL impliqués dans la variation de la dureté du grain de blé



**Caractère quantitatif :**  
caractère ayant une variation continue de sa valeur

## 8. La Cartographie Comparée

Lorsque, entre des espèces, il y a conservation de l'ordre des gènes et des relations de proximité entre des marqueurs sur les chromosomes, on parle de synténie. Il existe donc des similitudes de séquences codant pour une même protéine et même une similitude de localisation chromosomique de ces gènes semblables entre espèces différentes.

### Exemples

Une bonne conservation des groupes de liaisons et de l'ordre des marqueurs a été observée entre le riz, la canne à sucre, le sorgho, le maïs, et les céréales à paille comme le blé, l'orge, le seigle et l'avoine. La figure montre la conservation de quelques gènes sur les trois espèces riz, maïs et blé.

Par exemple, le gène *waxy* amylopectine très ramifiée, se trouve sur le chromosome 6 du riz, 9 du maïs, et 7 du blé. Il s'agit donc de régions synténiques. On constate également au sein du génome du maïs des homologies. Le chromosome 5 par exemple a une homologie avec le chromosome 1.

On a montré également que le génome de la tomate et de la pomme de terre sont colinéaires. Il n'y a aucune inversion de l'ordre des gènes de 9 des 12 chromosomes. Seule une inversion paracentrique des 3 derniers chromosomes est observée. Cette synténie se retrouve aussi avec le piment, toutefois les remaniements sont plus nombreux.

### Décloisonnement

Cette constatation fait de la cartographie comparée un outil majeur pour décloisonner les programmes de recherche. Un travail réalisé sur une espèce peut ainsi trouver une application rapide et directe sur de nombreuses espèces.

### Sondes hétérologues

Ce sont des sondes qui ne proviennent pas de l'espèce étudiée. Sur la base de constatations de synténie, il est possible de marquer le génome d'une espèce en utilisant ces sondes sans avoir à refaire l'effort d'isolement et de criblage de sondes. Elles sont également un outil précieux pour affiner les cartographies comparées.



## La cartographie comparée

