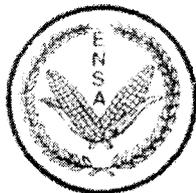


CR002790



CERAAS
Centre d'Etude Régional pour
l'Amélioration de l'adaptation à
la Sécheresse
Thiès / Sénégal



ENSA
Ecole Nationale Supérieure
d'Agriculture
Thiès / Sénégal



UCAD
Université Cheikh Anta DIOP
Faculté des sciences et techniquea
Département de B.V.
Dakar / Sénégal

Formation diplômante sur l'Adaptation des plantes à la sécheresse

**LA RECHERCHE DE LOCUS DE CARACTERES QUANTITATIFS ou
"QUANTITATIVE TRAIT LOCI" (QTL): UNE APPROCHE
D'AMELIORATION DES PLANTES.**

RAPPORT DE FIN DE FORMATION

PRESENTE PAR

MONSIEUR NOUHOU DIABY

**Maître es Sciences Naturelles ;
Spécialiste de la protection de l'environnement et de l'amélioration
des systèmes agraires sahéliens**

Pour l'obtention du

Certificat d'Etudes Supérieures Spécialisées (CESS)

Session Juin 2001

SOMMAIRE

INTRODUCTION	3
I - PRINCIPE DE LA RECHERCHE DE QTL.....	4
II - DEMARCHE DE RECHERCHE DE QTL.....	4
II 1. CRÉATION D'UNE POPULATION EN SÉGRÉGATION	4
II 2. CONSTRUCTION D'UNE CARTE GÉNÉTIQUE SATURÉE.....	6
II 3 DÉTERMINATION DES ALLÈLES AIX LOCI MARQUEURS POUR CHAQUE INDIVIDU ..	7
II 4 DÉTERMINATION DE LA VALEUR DES CARACTÈRES POUR CHAQUE INDIVIDU ..	7
II 5 DÉTERMINATION DE L'ASSOCIATION DU MARQUEUR AU CARACTÈRE ÉTUDIÉ.	7
III - QUELQUES EXEMPLES DE QTL ASSOCIÉS À DES CARACTÈRES DE RÉSISTANCE À LA SÉCHERESSE	8
III.1 - CHEZ LE RIZ.	8
III.2 - CHEZ LE MAÏS.....	10
III.3 - CHEZ LE SORGHO	11
III.4 - CHEZ D'AUTRES ESPÈCES	11
IV - APPORT À LA SÉLECTION CLASSIQUE	12
CONCLUSION	14
REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES.....	15

INTRODUCTION

La sélection classique, telle qu'elle a toujours été, s'est essentiellement basée sur la sélection phénotypique. Cette méthode s'est montrée très efficace dans le cas de la sélection de caractère mono génique (gouverné par un seul gène) qui n'est pas influencé par l'environnement.

Dans le contexte du Sahel, l'agriculture est confrontée au manque d'eau. En effet, depuis les années 70, une sécheresse a sévi sur cette zone. L'agriculture est devenue alors de plus en plus précaire avec des rendements très faibles.

Face à cette situation, les systèmes nationaux ont essayé par le biais de la sélection de mettre sur place des variétés hâtives (à cycle plus court) pour lutter contre le manque d'eau. Mais le caractère de résistance à la sécheresse étant gouverné par plusieurs gènes, la sélection classique basée sur le phénotype n'a pu donner des résultats probants en matière de tolérance au stress hydrique, même si par ailleurs il y a eu des acquis.

Les progrès de la recherche ont permis aujourd'hui d'arriver à la sélection assistée par marqueur (SAM). De nos jours plusieurs types de marqueurs moléculaires sont utilisables en amélioration des plantes (DE VIENNE *et al*, 1995 ; SANTONI, 1996 ; DE VIENNE, 1998). Selon le document AGROGENE (1994), la SAM consiste à utiliser un génotype marqueur afin de vérifier la présence de locus liée à des caractères recherchés au sein d'une descendance.

Comme la sélection classique, le SAM a d'abord concerné les caractères mono génétiques de type qualitatif. Dans ce cas, la détermination du génotype pour le caractère agronomique recherché tel que la résistance à une maladie donnée, revient à classer les individus en 2 catégories (résistants et sensible). Or dans la pratique agronomique et de l'amélioration des plantes, de très nombreux caractères manifestent une variation continue. Les individus ne peuvent être classés selon une distribution discrète, mais mesurée. Ces types de caractères sont dits quantitatifs car ils sont l'expression de l'effet additionné de plusieurs gènes (caractères polygéniques). Il fallait donc trouver une technique qui permette l'obtention de carte génétique de nombreux caractères à effet quantitatif.

La recherche de QTL (Quantitative trait loci) constitue une méthode qui permet de apporter une solution au problème de déterminisme des caractères dont les gènes sont additifs. Elle a pour but de déterminer le maximum de loci impliqués dans le déterminisme d'un caractère quantitatif, leur localisation sur le génome, leur importance relative et leur intervention. C'est une méthode qui va complètement révolutionner l'amélioration des plantes. Le but de travail est de donner le principe et la démarche de recherche de QTL, quelques exemples de QTL sur

des cultures sahélienne et de montrer quelques apports de la recherche de QTL à la sélection classique avant de conclure.

I • PRINCIPE DE LA RECHERCHE DE QTL

Le terme QTL désigne les locus déterminant des caractères quantitatifs, généralement polygénique c'est à dire gouvernés par plusieurs gènes (BELHASSEN *et al*, 1995). Le principe général est basé sur le fait que la distance génétique séparant deux loci est déterminée par le taux de recombinaison entre ceux-ci.

La mise en évidence de QTL repose sur l'étude de la relation entre le polymorphisme observé et la variation du caractère à étudier, au sein de populations (CHARCOSSET, 1996). Ces populations doivent permettre d'établir une relation entre les associations statistiques observées entre locus (déséquilibre de liaison) et les distances entre ces locus sur la carte génétique.

En pratique, on croise deux lignées qui diffèrent à la fois au niveau d'un caractère quantitatif et d'un certain nombre de marqueurs dispersés le mieux possible à travers le génome (AGROGENE, 1994) La descendance est ensuite analysée simultanément au niveau des marqueurs et du caractère considéré (BELHASSEN *et al*, 1995). Enfin, on cherche une liaison entre l'expression du caractère et un ou plusieurs de ces marqueurs.

Les QTL sont entourés par des marqueurs pas trop distants, permettant ainsi d'exploiter la fréquence de recombinaison entre les QTL et leurs marqueurs dans une population de ségrégation (BELHASSEN *et al*, 1995).

II -- DEMARCHE DE RECHERCHE DE QTL

La démarche de recherche de QTL se fait en plusieurs étapes. Elles vont de la création de la population en ségrégation à la détermination de la relation entre le marqueur et le caractère à étudier (IX VIENNE *et al*. 1995 ; BERTIN, 2001)

II -- 1. CREATION D'UNE POPULATION EN SEGREGATION

La recherche de QTL ne se fait pas sur une population prise au hasard. Elle nécessite la création d'une population en ségrégation dans laquelle on aura un certain taux de

recombinaison. Le sélectionneur fait lui-même ses propres croisements pour avoir sa population de ségrégation. Pour se faire, quatre possibilités s'offrent à lui.

- Les Haploïdes doublés

Elles peuvent être obtenues à partir de gamètes issus de la descendance de plantes F₁ autofécondés. Chez les plantes, la possibilité d'obtenir des individus haploïdes doublés au départ de gamètes haploïdes représente la situation la plus simple en terme de population en ségrégation. Les individus obtenus sont entièrement homozygotes.

Il n'y a donc pas de problème de dominance. Et chaque individu peut être multiplié de façon conforme par autofécondation, puisqu'il n'y aura plus de recombinaisons ultérieures. On pourra donc obtenir un grand nombre d'individus génétiquement identiques pour chaque recombinaison particulière.

- Le Backcross

Deux lignées homozygotes sont croisées et la F₁ ainsi obtenue est rétrocroisée par un des parents (dits récurrent) pour former la BC 1. Le parent récurrent étant génétiquement fixé, sa méiose n'entraîne pas de ségrégation, et les gamètes qui en sont issus sont génétiquement identiques. L'hybride F₁ va former 4 types de gamètes qui seront seuls responsables de la ségrégation observée dans la descendance.

Cependant, il y aura des hétérozygotes dans la descendance et certaines recombinaisons peuvent être masquées, d'où des erreurs dans le calcul des distances.

- Les populations F₂

Les populations F₂ obtenues par autofécondation peuvent aussi être utilisées comme population de ségrégation. Les 2 gamètes étant potentiellement porteurs de recombinaison différente par cross-over, un plus grand nombre de classes génotypiques sera obtenu. Mais il existera toujours des hétérozygotes dans la population F₂, d'où une difficulté en cas de marqueur dominant, et impossibilité de multiplication conforme par voie sexuée.

- Les lignées recombinantes autofécondes (ou RIL = Recombinant Inbred Lines)

Elles sont obtenues par autofécondation successive par la méthode SSD (Single Seed Descent). La différence principale par rapport aux trois populations précédentes est que les recombinaisons peuvent intervenir pendant plusieurs générations successives (7 à 8 en

général) aboutissent à une recombinaison chromosomique plus élevée, d'où le terme lignée recombinante.

Les individus obtenus sont fortement homozygotes. Il n'y a donc pas de problème de dominance. Comme pour les haploïdes doublés, chaque génotype peut être multiplié en grand nombre au fil des années.

Il ressort de cette analyse que les lignées recombinantes autofécondes et les haploïdes doublés paraissent les plus intéressants comme population en ségrégation.

II - 2. CONSTRUCTION D'UNE CARTE GENETIQUE SATURÉE

Une carte génétique saturée est une carte basée sur le taux de recombinaison et sur laquelle tout point du génome peut être lié par rapport au moins à un marqueur. C'est une représentation linéaire des distances qui séparent les loci. Les distances sont déterminées sur base des fréquences de recombinaison dues aux crossover. On cherche à avoir une carte saturée car si tel n'est pas le cas, on aura des groupes de liaison de petites tailles et des marqueurs isolés. L'idée c'est d'avoir des groupes reliés afin d'obtenir autant de groupes de liaisons que de chromosomes.

Les taux de recombinaison (r) permettent d'évaluer la distance entre deux loci. Si on considère deux loci distincts, quatre gamètes haploïdes différents peuvent être formés : deux de type parental et deux de type recombiné. La proportion de gamètes recombinés ou taux de recombinaison (r) rend compte de la distance séparant les deux loci.

Si deux loci sont indépendants (soit situés sur des chromosomes différents, soit situés à grande distance sur un même chromosome), la proportion de gamètes recombinés est égale à la proportion des gamètes parentaux ($r = 0.5$) et les loci sont déclarés non liés.

Si deux loci sont suffisamment proches, le taux de recombinaison r est compris entre 0 et 0.5. Les loci sont alors déclarés liés et appartenant à un même groupe de liaison.

Une carte génétique est dite saturée lorsque la distance entre chaque point du génome et au moins un marqueur peut être calculée.

II - 3, DETERMINATION DES ALLELES AUX LOCI MARQUEURS POUR CHAQUE INDIVIDU

Cette étape consiste à déterminer la composition allélique de chaque individu. Pour ce faire, la population en ségrégation est mise en culture. En général, on utilise plus d'une centaine de lignées pour avoir le maximum de recombinaison possible.

Pour chaque lignée, on fait une extraction d'ADN puis un marquage moléculaire. Le nombre de marqueurs utilisés est très élevé (environ 200); afin d'augmenter les chances de mettre en évidence le polymorphisme existant. L'augmentation du nombre de marqueurs a pour conséquence de relier les petits groupes indépendants pour avoir autant de groupes de liaison que de chromosomes. On obtient ainsi des profils électrophorétiques pour chaque individu permettant de connaître sa composition allélique.

II - 4. DETERMINATION DE LA VALEUR DES CARACTERES POUR CHAQUE INDIVIDU

Il s'agit de voir les données physiologiques de l'ensemble des individus de la population en ségrégation. Celles-ci sont mises en culture et analysées au champ. On fait un suivi phénotypique afin de voir l'expression du caractère étudié. Cela permet de savoir si ce caractère est fixé.

II - 5. DETERMINATION DE L'ASSOCIATION DU MARQUEUR AU CARACTERE ETUDIE

Pour chaque locus marqueur, on classe les individus en deux catégories (trois si la population contient des hétérozygotes) On compare ensuite la valeur du caractère entre les deux (ou trois) compositions alléliques au locus marqueur. Si les moyennes sont semblables, il n'y a pas d'association du locus marqueur avec le caractère agronomique étudié, et donc pas de QTL présent à proximité du locus marqueur.

S'il existe une différence de moyenne, on conclut à la présence d'un QTL dans le voisinage du locus marqueur. On trouvera alors, selon toute vraisemblance, plusieurs régions où des loci marqueurs sont associés à des QTL.

Le problème qui se pose à ce niveau est de savoir de quel côté du marqueur se trouve le QTL. Pour répondre à cette question, on fait une cartographie d'intervalle c'est-à-dire on détermine la distance du QTL par rapport à 2 marqueurs qui l'encadrent : l'intervalle est divisé en pas. Pour chaque pas on calcule la probabilité de présence d'un QTL sous forme d'un rapport de vraisemblance ou LOD score (Logarithm of Odds Ratio) :

$$\text{LOD} = \log_{10} V_1/V_0$$

V_1 = l' fonction de vraisemblance sous l'hypothèse de la présence d'un QTL à cet endroit.

V_0 = Fonction de vraisemblance sous l'hypothèse de l'absence d'un QTL à cet endroit,

Le passage au logarithme en base 10 est d'interprétation immédiate : un LOD de 2 signifie que la présence est 100 fois plus probable. un LOD de 3, 1000 fois plus probable etc. . . Le positionnement des QTL sur le chromosome sera considéré à celle du LOD le plus élevé.

Ce travail est fait pour chaque marqueur permet afin d'aboutir à une carte génétique où les QTL sont positionnés sur les chromosomes.

III – QUELQUES EXEMPLES DE QTL ASSOCIES A DES CARACTERES DE RESISTANCE A LA SECHERESSE

L'utilisation du marquage moléculaire dans la cartographie des caractères d'intérêt agronomique offre des perspectives intéressante pour l'accélération de l'amélioration variétale, et la compréhension des mécanismes moléculaires et physiologiques derrière les phénomènes biologiques (PRICE ET COURTOIS, 1999). Et selon GALLAIS (1996), il semble que l'adaptation à différents types de stress puisse faire intervenir des QTL à effet fort, dont il serait possible de manipuler et de réunir dans un même génome, les QTA (Quantitative Trait Alleles) favorables. C'est ainsi que des travaux de recherche de QTL associés à des caractères de résistance à la sécheresse ont été réalisés sur certaines espèces.

Les exemples pris dans ce rapport concernent essentiellement des espèces cultivées en zone sahélo-saharienne où le phénomène de sécheresse sévit.

III.1 -CHEZ LE RIZ

Chez le riz, des auteurs ont montré l'existence de QTL liés à la résistance et la tolérance à la sécheresse. Les mécanismes de résistance au stress hydrique peuvent se manifester par une tolérance (ajustement osmotique) ou par évitement (régulation stomatique, elongation racinaire, réduction foliaire...) et par bien d'autres manifestations.

Une étude menée par CHAMPOUX *et al* (1995) a montré l'existence de QTL liée à la morphologie racinaire chez le riz. Ces auteurs ont effectué cette recherche de QTL sur 203 lignées recombinantes autofécondes issus de 2 variétés de riz : *indica* cultivar *Co39* et *japonica* cultivar *Moroberekan*.

Ainsi, il a été démontré que tous les QTL ayant un effet positif sur le caractère des racines étaient dérivés de la variété *Moroberekan*. Le caractère ayant le maximum de QTL avec un meilleur niveau de signification est l'épaisseur racinaire qui du reste joue un grand rôle dans la résistance à la sécheresse. D'autres QTL ont été identifiés pour le ratio Racine / Partie aérienne ou encore pour le poids sec de racine par thalle.

Au vu de ces résultats, il serait intéressant en SAM de voir s'il est possible d'améliorer génétiquement la variété *indica* *Co39* à partir des allèles de *japonica* *Moroberekan*.

Toujours dans le cadre de la résistance à la sécheresse, RAY *et al* (1996) ont mis en évidence des QTL associés à la pénétration racinaire du riz. Ces auteurs sont partis de 202 lignées recombinantes autofécondes issues du croisement entre *Co39* et *Moroberekan*. Quatre QTL liés au nombre de racine qui pénètrent et sis associés à l'indice de pénétration racinaire ont été identifiés, tous chez la variété *Co39*. Ce résultat suggère que cette variété possède des gènes capables de contribuer positivement à la pénétration racinaire.

Au vu des résultats de CHAMPOUX *et al* (1995) et RAY *et al* (1996), il serait intéressant de voir si à partir de ces 2 variétés il est possible de faire des combinaisons afin de rassembler le maximum de caractère de résistance à la sécheresse sur une même variété.

Cela serait d'autant plus intéressant que LILLEY *et al* (1996) ont mis en évidence 5 QTL associés à un ajustement osmotique élevé chez *Co39* alors que le caractère "système racinaire extensif" est lié à *Moroberekan*. Cette combinaison donnerait donc de bons résultats, mais il faudra d'abord briser la liaison entre ces caractères (LILLEY *et al*, 1996).

Des travaux similaires ont été réalisés par PRICE et TOMOS (1997) et PRICE *et al* (1997) sur 2 autres variétés de riz (*Bala* et *Azucena*) et ont donné des résultats assez intéressants.

PRICE et TOMOS (1997) ont étudié l'évolution de la croissance racinaire et ont mis en évidence des QTL associés au volume et à l'épaisseur racinaire. Ce qui confirme les résultats de CHAMPOUX *et al* (1995).

Sur ces mêmes variétés, PRICE *et al* (1997) ont étudié d'autres mécanismes de résistance à la sécheresse tels que le comportement stomatique, l'enroulement des feuilles. Sur le plan physiologique, la variété "Azucena" développe une résistance stomatique plus élevée et un enroulement des feuilles plus rapide: ce qui lui confère un plus faible taux de perte d'eau par rapport à "Bala". La recherche de QTL a confirmé ce résultat car ayant permis la détection de QTL associé à l'enroulement des feuilles et à la résistance stomatique.

La combinaison de ces 2 variétés serait très intéressante d'autant plus qu'une étude de PRICE *et al* (1997) a montré qu'un croisement entre ces variétés pouvait donner une descendance combinant les caractères de résistance des 2 parents.

Ce résultat suggère que des lignées recombinantes avec amélioration du système racinaire peuvent être développées.

111.2 - CHEZ LE MAÏS

Comme mentionné chez le riz, des QTL liés à la résistance à la sécheresse ont été mis en évidence chez le maïs. En effet QUARRIE *et al* (1999) ont montré l'existence de QTL associés au rendement en conditions de stress sévère chez des variétés composites de maïs.

Par ailleurs, il a été démontré que la concentration en acide abscissique joue un rôle important dans la régulation stomatique et intervient en cas de stress hydrique. TUBEROSA *et al* (1998) ont mis en évidence des QTL influençant la concentration en acide abscissique, donc intervenant dans la lutte contre le stress hydrique. Également, un travail effectué sur 142 lignées recombinantes auto fécondes issues du croisement entre les variétés b73 et h99, a permis de localiser des QTL associés à la floraison (SARI-GORLA *et al* 1999). Ainsi, il a été montré que la variété b73 présentait une floraison plus tardive et un intervalle entre floraison mâle et femelle plus court. Ces auteurs pensent que ces QTL liés à ces caractères sont des composantes génétiques qui expliquent la plus grande résistance à la sécheresse de b73.

Sur ces mêmes variétés, FRQVA *et al* (1999) ont travaillé sur l'identification de QTL associés aux composantes du rendement sous 2 régimes hydriques. Il a pu être confirmé que b73 était plus résistant au stress hydrique à partir de QTL liés à un index de tolérance que ces auteurs ont mis au point. Cependant, pour beaucoup de caractères mesurés, il existe une forte corrélation des QTL trouvés au niveau de ces deux variétés. C'est pourquoi FROVA *et al*

(1999) affirment que la résistance à la sécheresse est associée à des facteurs génétiques et physiologiques.

111.3 - CHEZ LE SORGHO

Le sorgho est l'une des plantes les plus tolérantes à la sécheresse et il constitue un bon modèle d'étude de la tolérance. Une étude sur 98 lignés recombinantes auto fécondes issues du croisement entre les variétés TX7078 et B5 a été réalisée par TUINSTRAN *et al* (1997). Elle a révélé l'existence de QTL associés à stabilité du rendement après un stress post floraison et à la durée de maturation des graines. Une comparaison entre les QTL de rendement, la stabilité du rendement et le poids des grains, sous stress permet de montrer la relation génétique qui existe entre ces différentes mesures de tolérance. Cette étude confirmée par TUINSTRAN *et al* 1998 montre que B5 donnait de meilleurs rendements en condition de stress hydrique ; ce qui ouvre des perspectives pour une amélioration variétale.

Toujours chez le sorgho, CRASTAN *et al* (1995) ont travaillé sur l'effet du stress post floraison. Le travail s'est effectué sur des lignés recombinantes auto fécondes issues des variétés h35 et TX430. Ainsi il a été localisé des QTL associés au maintien de la couleur verte et à la maturité en cas de stress. Ce résultat confirme l'influence du QTL sur la variabilité phénotypique. En outre selon CRASTAN *et al* (1995), l'analyse des QTL de ces deux caractères montre la possibilité de hiérarchiser les QTL favorables dans le but d'une amélioration de la résistance à la sécheresse.

111.4 - CHEZ D'AUTRES ESPECES

D'autres espèces d'importances alimentaires ont fait l'objet d'étude. Mais il n'y a pas beaucoup de résultat en ce qui concerne la recherche de QTL liés à des caractères de résistance à la sécheresse.

Le mil, qui est une culture pratiquée essentiellement dans les zones sèches notamment au Sahel, a fait l'objet de beaucoup d'études physiologiques sur la résistance à la sécheresse, ce n'est pas le cas pour la recherche de QTL associés à la tolérance au stress hydrique. Cependant, pour une telle culture, qui est largement influencée par l'environnement, des QTL associés aux composantes du rendement peuvent être identifiés (GALE et WITCOMBE, 1992). Par ailleurs, en ce qui concerne la résistance aux pathogènes JONES *et al* (1995) ont cartographié des QTL, qui étaient liés à la différence de résistance de certaines lignées de mil à 4 races de *Sclerospora graminicola*. Ils ont mis en évidence des QTL associés à la résistance à la rouille causée par ces races d'insectes.

Pour ce qui est de la résistance à la sécheresse, il y a donc du travail à faire sur le mil afin de pouvoir apporter un à la sélection de cette espèce qui est très consommée dans le Sahel.

Il en est de même pour le niébé qui est également est une culture de grande consommation en Afrique. Pour cette culture, il a déjà été établi des cartes génétiques (MENENDEZ *et al* (1997). Ce qui constitue un point de départ très intéressant pour la recherche des QTL d'autant plus qu'une étude de l'héritabilité de certains mécanismes de résistance à la sécheresse chez le niébé (MAI-KODOMI *et al* (1999) a montré que celle-ci était dominante. La liaison entre certains caractères de résistance à la sécheresse et leurs gènes correspondants permet d'entrevoir une possibilité de transférer ces gènes à des variétés sensibles en vue de les améliorer.

Ces quelques résultats de QTL associés à des caractères de résistance à la sécheresse chez certaines espèces montrent tout l'intérêt que revêt le marquage moléculaire dans l'amélioration des plantes et le rôle important que cela peut jouer dans la sélection variétale.

Cependant cette approche ne doit pas être généralisée pour l'étude de tous les types de stress, surtout s'il s'agit de l'étude de caractères physiologiques. En effet FLOWERS *et al* (2000) ont montré qu'il n'y avait pas de marqueurs associés aux caractères de résistance à la salinité. Ce résultat suggère une précaution dans la généralisation de la recherche de QTL pour l'étude des caractères liés à la physiologie de la plante.

IV - APPORT A LA SELECTION CLASSIQUE

La génétique de la sélection a connu une véritable révolution avec l'utilisation du marquage moléculaire (GALLAI S. 1996). Cette technique permet non seulement de caractériser les génotypes, mais également de contrôler les recombinaisons et de diriger la sélection. L'un des objectifs majeurs de la recherche de QTL, sera donc de prédire avec le maximum de précision quels individus vont produire une descendance montrant un phénotype donné (AGROGENE, 1994) Les marqueurs moléculaires permettent donc de mieux évaluer la valeur génétique des individus candidats à la sélection, et d'être plus efficace dans le choix.

En sélection classique seul le phénotype d'un individu est utilisé pour prédire le phénotype de sa descendance (AGROGENE, 1994). Or les marqueurs permettent d'identifier des locus (QTL) impliqués dans des caractères agronomiques quantitatifs (CHARCOSSET, 1996). La connaissance des informations relatives aux QTL peut être utilisée pour "créer" des variétés cumulant des génotypes intéressants.

Pour cela, il faut identifier des géniteurs possédant les caractéristiques désirées; puis on identifie les locus impliqués dans le caractère à améliorer et on introgresse les génotypes favorables dans les variétés adaptées (CHARCOSSET, 1996). La recherche de QTL est donc une voie très intéressante de valorisation des ressources génétiques. A partir de QTL mis en évidence pour un ensemble de caractères quantitatifs, les segments qui serviront à définir l'idéotype seront fonction des objectifs des sélectionneurs (DE VIENNE *et al.*, 1995). Ce la peut contribuer efficacement à

- Améliorer les performances
- Améliorer la stabilité des variétés
- Améliorer l'adaptation à un milieu donné

Mais pour des caractères complexes tels que la productivité, cette approche ne sera pleinement efficace que pour des nombres d'individus élevés. Et selon DE VIENNE (1996), la caractérisation de QTL n'est pas une priorité pour la sélection; l'utilisation de marqueurs liés étant suffisante pour analyser les bases génétiques des corrélations entre caractères et accélérer le progrès génétique.

Cependant une sélection combinée (phénotypique et assistée par marqueur) sera en général plus efficace qu'une sélection classique (GALLAIS et CHARCOSSET in CHARCOSSET, 1996)

Mais, même si la recherche de QTL peut constituer un moyen d'amélioration variétale, son enjeu dépasse largement la sélection (DE VIENNE, 1996) car elle a des implications aussi bien sur la génétique de développement que sur la génétique évolutive.

CONCLUSION

La recherche de QTL est une approche intéressante permettant d'étudier et d'expliquer les caractères complexes.

Aujourd'hui, pour plusieurs caractères, des QTL ont été cartographiés chez les végétaux. Il s'agit entre autre de la résistance aux ravageurs, de la physiologie, de la réponse au stress, de l'architecture et du développement etc. (AGROGENE, 1994).

En ce qui concerne l'étude de l'adaptation à la sécheresse, des résultats intéressants ont été réalisés sur le riz avec la mise en évidence de QTL associé au développement racinaire, à la résistance stomatique et à l'enroulement des feuilles.

D'autres résultats tout aussi intéressants ont été trouvés sur le maïs et le sorgho. Par contre sur le mil et le niébé, beaucoup de travail reste à faire en ce qui concerne la recherche de QTL associés à des caractères de résistance à la sécheresse. Ces cultures constituent par conséquent un domaine à explorer quand on connaît leur importance dans l'alimentation en zone sahélienne.

Les acquis de la recherche offrent aujourd'hui une véritable opportunité d'amélioration de l'adaptation à la sécheresse des plantes. En effet l'expression de la résistance à la sécheresse est fortement influencée par l'environnement. La recherche de région spécifique du génome associée à la tolérance au stress hydrique, donne des perspectives intéressantes en matière de développement et de compréhension de la physiologie et de la biochimie associées à ce caractère complexe.

Donc l'identification de locus liés à ces caractères de résistance à la sécheresse peut permettre l'amélioration variétale et apporter ainsi un plus à la sélection classique. Cependant, les enjeux de la recherche de QTL dépasse largement la sélection (DE VIENNE, 1996) car l'utilisation seule des marqueurs pourrait suffire pour analyser les bases génétiques des corrélations entre caractères et mettre en évidence le polymorphisme existant.

Toutefois, le repérage des régions du génome impliqué dans l'expression d'un caractère quantitatif est un apport considérable à la sélection classique, car permettant d'orienter celle-ci et de l'améliorer avec un gain de temps intéressant.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

AGROGENE, 1994. Le marquage moléculaire : un outil pour le sélectionneur : 132p. + annexes

BELHASSEN E., THIS D., MONNEVEUX P., 1995. -- L'adaptation génétique face aux contraintes de sécheresse. *Cahiers Agriculture* Vol. N°4 : 2.5 1-261

BERTIN P. 3001. -- Notes de cours sur le marquage moléculaire. CESS / CERAAS

CHAMPOUX M.C, WANG G., SARKARUNG.S., MACKILL D.J., O'TOOLE J.C., HUANG N., Mc COUCH S.R. 1995. -- Locating genes associated with root morphology and drought avoidance in rice via linkage to molecular marqueurs. *Theoretical Applied Génetics* n° 90 : 969-981

CHARCOSSET A., 1996. -- L'identification de locus affectent des caractères quantitatifs (QTL) à l'aide de marqueurs génétiques est-elle justifiée pour la sélection ? *Le sélectionneur français* n° 46 : 35-45

CRASTA O.R., XXJW W., ROSENOW D.T., MULLE J., NGUYEN H.T., 1995- Mapping of post flowering drought resistance traits in grain sorghum : association between QTLs influencing premature senescence and maturity. *Mol gen.Genet.* 262:579-588

DE VIENNE D. 1996 -- Stratégie de caractérisation des locus à effets quantitatifs. *Le sélectionneur français* n°46 : 19-25

DE VIENNE D. 1998 - les marqueurs moléculaires en génétique et biotechnologie végétale. INRA paris : 202p.

DE VIENNE D., CAUSE M., MAURICE A., SANTONI S., 1995. -- les marqueurs moléculaires et leurs applications. Coll. Biotechnologie végétale CNED, AUPELF-UREF. UNISAT:118p.

FLOWERS T. J., ROYAMA M.L., FLOWERS S. A. , SUDHAKAR C., SINGH K.P., YEO A. R. 2000 - QTL : the place in engineering tolerance of rice to salinity. *Journal of Experimental botany* vol 51, N°342:99- 106

FROVA C., PRAJEWSKI P. D., FONZO N., VILLA M., SARI GORLA M., 1999 - genetic analysis of drought tolerance in maize by molecular marker: I- yield components. *Theoretical applied genetics* 99:280-288

GALE M.D., WITCOMBE J. R., 1992 - DNA markers and marker-mediated applications in plant breeding, with particular reference to pearl millet breeding, *Biotechnology and crop improvement in Asia* (Moss J.P eds) A.P 502320, India, ICRISAT:323-332

G ALLAIS A., 1996. - Utilisation des marqueurs en sélection. *Le sélectionneur français n°46* :47-58

JONES E.S., LIU C. J., GALE M. D., HASH C. T., WITCOMBE J. R., 1995 - mapping quantitative trait loci for downy mildew resistance in pearl millet. *Theoretical applied genetics* 91:448-456

LILLEY J.M., LUDLOW M.M., Mc COUCH S.R., O'TOOLE J.C., 1996. - Locating QTL for osmotic adjustment and dehydration tolerance in rice. *Journal of Experimental Botany*, vol 47. N° 302 : 1427-1436

MAI-KODOMI SINGH B.B, MYERS O., YOOP J.N., GIBSON P.J., 1999. - Inheritance of drought tolerance in Cowpea. *Indian J. Genet.* 59 (3) :3 17 ~ 323

MENEDEZ C. M., HALL A. E., GERTS P., 1997 - A genetic linkage map of cowpea (*Vigna unguiculata*) developed from a cross between two inbred domesticated lines *Theoretical applied genetics* 95:12 10-12 17

PRICE A. H., COURTOIS B. ,1999 - Mapping QTLs associated with drought resistance in rice: progress, problems and prospects. *Plant growth regulation* 29: 123-1 33

PRICE A.H, TOMOS A.D., 1997. - Genetic dissection of root growth in rice (*Oryza sativa* L.). II : Mapping quantitative trait loci using molecular markers. *Theoretical Applied Genetics* n° 95 : 143-1 52

PRICE A. H. TOMOS A. D., VIRK D. S., 1997 - genetic dissection of root growth in rice (*Oryza sativa* L): A hydroponic screen. *Theoretical applied genetics* 95:132- 142

PRICE A.H., YOUNG E.M., TOMOS A.D., 1997. – Quantitative Trait Loci associated with stomatal conductence, leaf rolling and heading date mapped in upland rice (*Oryza sativa*) *New phytology* N° 137 : 83-91

QUARRIE S. A., JANCIC V.L., KOVACEVIC D., STEED A., PERIC S., 1999- bulk segregant analysis with molecular markers and its use for improving drought resistance in maize. *Journal of experimental* vol 50, n° 337: 1299-1306

RAY J.D., YU L., MC COUCH S.R., CHAMPOUX M.C., WANG G., NGUYEN H.T., 1996. - Mapping Quantitative Trait Loci associated with root penetration ability in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical Applied Genetics* n° 92 : 627-636

SANTONI S., 1996. Les marqueurs moléculaires utilisables en amélioration des plantes. *Le sélectionneur français* n° 46 : 3-18

SARI-GORLA M., KAJEWSKI P., DI FONZO N., WLL M., FROVA C., 1999 - genetic analysis of drought tolerance in maize by molecular markers: II. Plant height and flowering. *Theoretical applied genetics* 99:289-295

TUBEROSA R., SANGUINETI M. C. , LANDI P., SALVI S., CASARINI S., 1998 - Mapping QTLs for leaf ABA concentration and agronomic traits in drought stressed maize. *Journal of experimental botany* Vol 49 supplement.

TUINSTRAM. R., EJETA G., GOLDSBROUGH P., 1998. - Evaluation of near-isogenic sorghum lines contrasting for QTL markers associated with drought tolerance. *Crop sciences* 38 : 835 – 842

TUINSTRAM. R., GROTE E. M., GOLDSBROUGH P.B., EJETA G., 1997 - genetic analysis of post flowering drought tolerance and components of grain development in sorgho bicolor (*L. moench*). *Molecular breeding* 3: 449-448