

Accounting for admixture and group-specific alleles effects in quantitative genetics studies

Prise en compte de l'admixture et des effets spécifiques des groupes dans les études de génétique quantitative. La structuration génétique est une caractéristique courante des populations naturelles et de sélection. Elle a généralement un impact sur les caractères quantitatifs et doit être prise en compte dans les méthodes de génétique quantitative afin d'éviter la détection de faux positifs. Une conséquence de la structure de la population est l'existence d'effets alléliques spécifiques aux groupes aux locus associés aux caractères d'intérêt. Ces effets peuvent être observés pour plusieurs raisons : (i) un déséquilibre de liaison (DL) différent entre les marqueurs et les locus de caractères quantitatifs (QTL) selon les groupes, (ii) des mutations génétiques spécifiques aux groupes dans les régions QTL, et/ou (iii) des interactions épistatiques entre les QTL et d'autres locus qui ont des fréquences alléliques différenciées entre les groupes. Bien que les facteurs (i) et (ii) soient difficiles à séparer, ils peuvent être distingués du facteur (iii) en appliquant une méthodologie de génétique d'association à une population structurée ainsi qu'à une descendance admixée générée par le croisement d'individus provenant des groupes parentaux. Cette approche a été appliquée à un panel de maïs composé de lignées consanguines cornées, dentées (groupes hétérotiques importants en Europe du Nord) et admixées qui a été évalué pour la précocité de floraison. Plusieurs associations ont été détectées, révélant un large éventail de configurations des effets des allèles, tant au niveau des QTL de floraison connus (Vgt1, Vgt2 et Vgt3) que de nouveaux locus. Plusieurs QTL présentaient un effet dépendant de l'origine en termes de groupe des allèles tandis que d'autres interagissaient avec le fond génétique. Nous avons enfin étudié comment la spécificité des effets des allèles des QTL et l'admixture pouvaient être modélisées afin de proposer de nouveaux modèles de prédiction génomique.