

Analyse génétique et cartographie QTL de la longueur du pédoncule du fruit chez le concombre (*Cucumis sativus*)

Zi-Chao Song, Han Miao, Song Zhang, Ye Wang, Sheng-Ping Zhang, Xing-Fang Gu
(2016)



GOUPILLE Valentin
GRAVELEAU Alix
M1 de Biologie Végétale

Contexte :

- une des cultures maraîchères les plus importantes :
 - **4ème production mondiale de légume en terme de quantité**
- **récolte mécanisée** des concombres offre des **avantages** significatifs par rapport au travail manuel
 - Mais l'efficacité des machines dépend de la longueur des pédoncules :
“Plus 1 pédoncule est long, plus ce processus sera réussi”

Problème : base génétique du développement des pédoncules chez le concombre n'est pas bien comprise

Objectif : Étude du déterminisme de la longueur du pédoncule du concombre

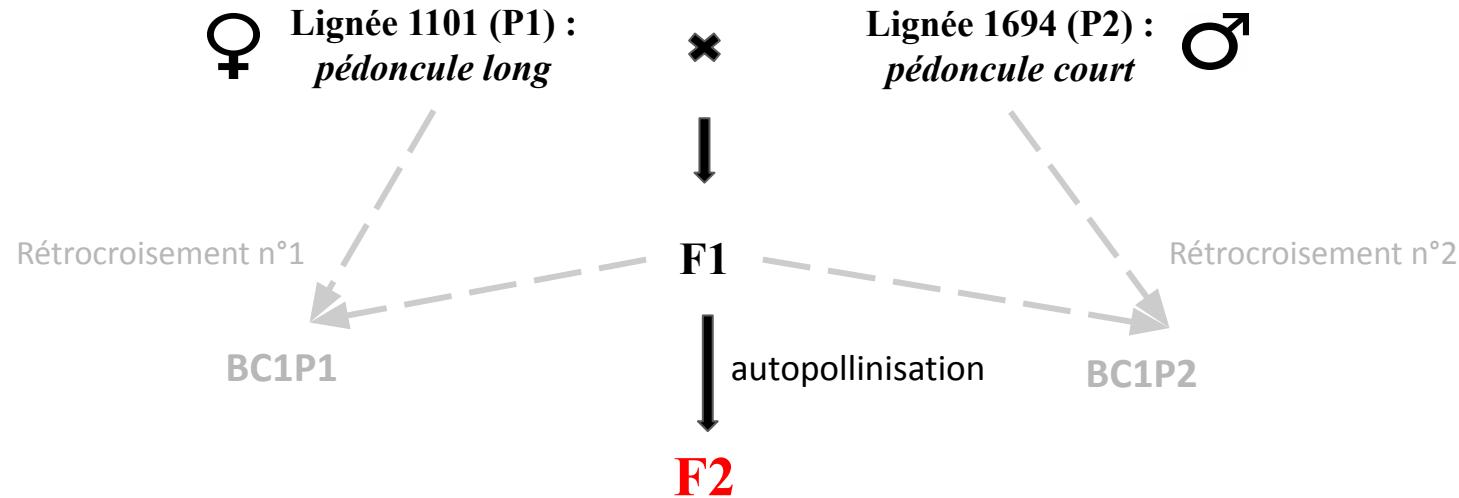
⇒ développer des marqueurs utiles pour faire de la Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) afin de mettre en place de nouvelles variétés de concombre à longs pédoncules permettant de faciliter la récolte mécanique

Expérimentations :

- Croisements et sites de culture
- Analyse de la taille des pédoncules
- Construction des cartes de liaisons et cartographie QTL
- Validation d'un marqueur moléculaire lié au QTL d'intérêt pour SAM

I- Les croisements et sites de culture :

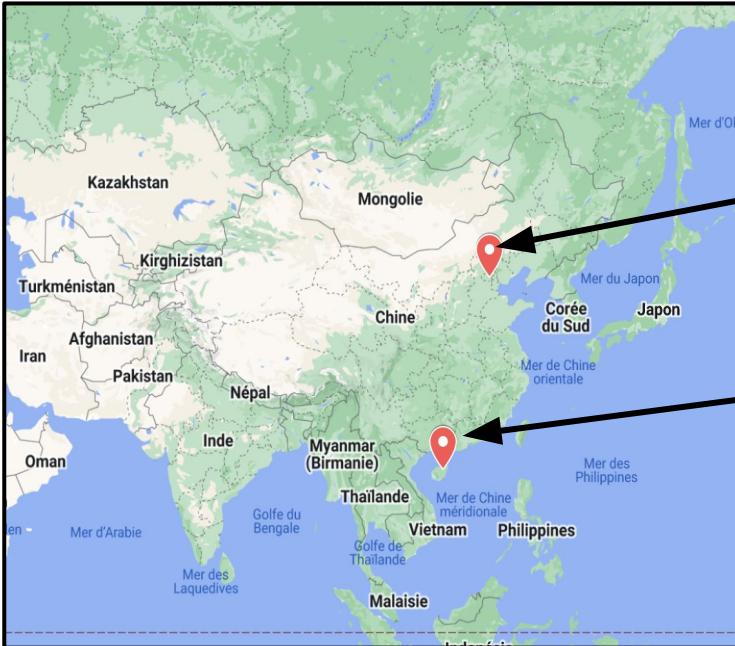
Deux lignées consanguines :



Obtention de **Populations de ségrégation** utiles pour :
=> l'analyse de l'héritage
=> la cartographie de QTLs

I- Les croisements et sites de culture :

Deux conditions environnementales différentes :

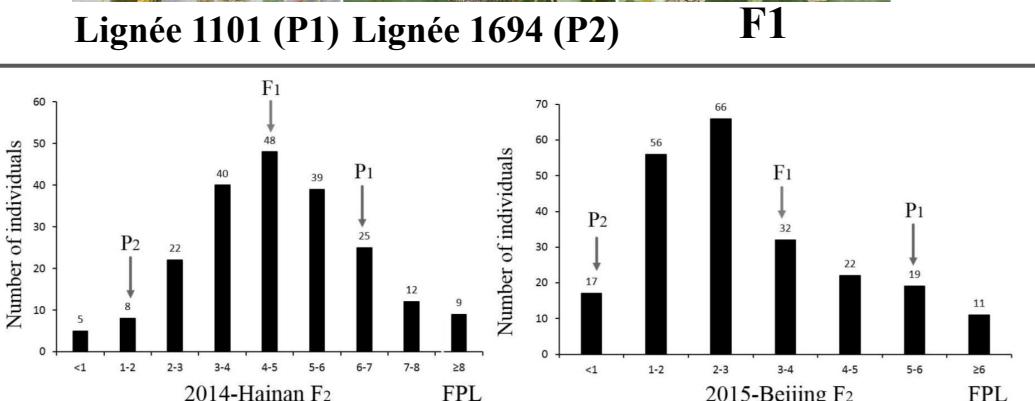


Beijing : climat tempéré mai 2015

Hainan : climat marin tropical
décembre 2014

=> permet de voir l'influence de l'environnement sur le phénotype

II- Analyse de la taille des pédoncules :



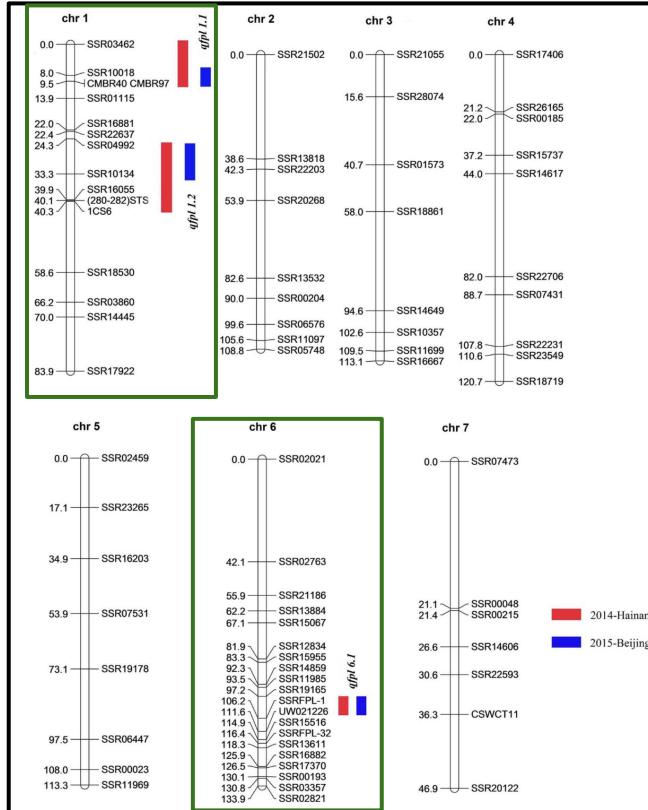
Longueur du pédoncule de concombre chez deux lignées parentales et la F1, et distribution de cette longueur parmi les différentes populations F2 à Hainan en décembre 2014 et à Beijing en mai 2015

- la longueur du pédoncule du concombre est un caractère quantitatif
⇒ déterminé par l'action de plusieurs gènes et influencé par l'environnement

Analyse génétique :
recherche du modèle d'héritage optimal

- ce caractère contrôlée par un gène majeur à effet additif et des polygènes à effet additif ou dominan

III- Construction des cartes de liaisons et cartographie QTL :



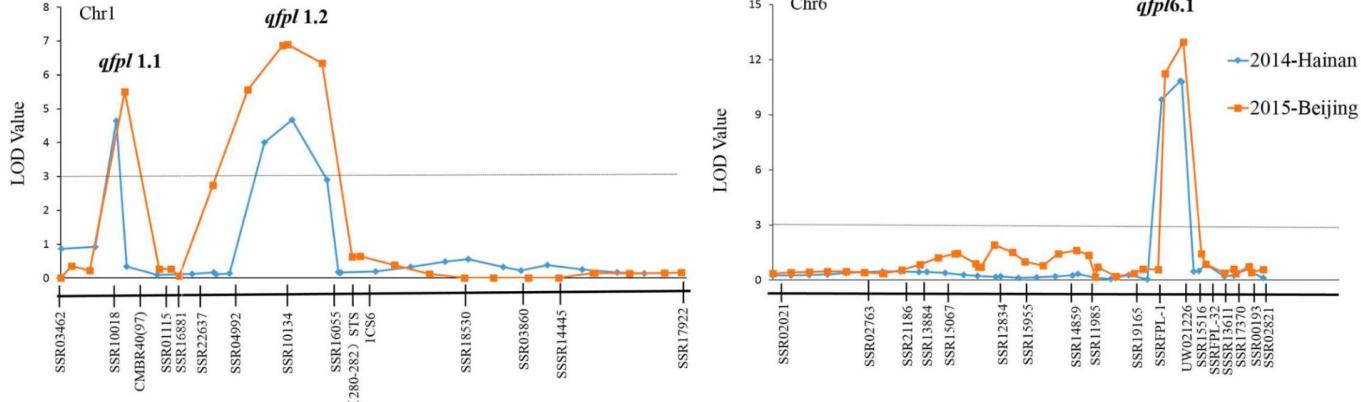
Carte génétique du concombre avec les emplacements des QTLs putatifs pour la longueur du pédoncule du fruit, basée sur les populations F2 à Hainan en 2014.

La distance cartographique est donnée en centimorgans (cM)

- Sur la base des populations F2, des deux sites :
 - deux cartes génétiques contenant sept groupes de liaison ont été construites
- utilisé 1460 marqueurs SSR (microsatellites)
 - 236 montraient un polymorphisme entre les 2 parents
 - 78 marqueurs ont été utilisés pour construire les cartes

III- Construction des cartes de liaisons et cartographie QTL :

a



b

Seasons	QTL	LOD	R ² /%
2014-Hainan	<i>qfpl1.1</i>	4.65	9.80%
	<i>qfpl1.2</i>	4.67	9.80%
	<i>qfpl6.1</i>	10.84	21.50%
2015-Beijing	<i>qfpl1.1</i>	5.15	7.70%
	<i>qfpl1.2</i>	6.9	10.50%
	<i>qfpl6.1</i>	12.95	27.50%

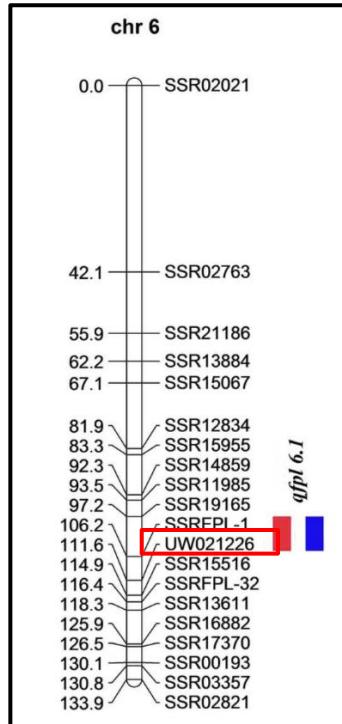
Analyse des QTLs contrôlant la longueur des pédoncules des fruits du concombre à Hainan et à Beijing

- Trois QTLs ont été détectés au même endroit à Hainan et à Pékin :

- sur le chromosome 1
 - *qfpl1.1* et *qfpl1.2*
- sur le chromosome 6
 - *qfpl6.1*

=> *qfpl6.1* possède le plus fort R²
⇒ Focus sur ce QTL majeur ...

IV- Validation d'un marqueur moléculaire lié au locus *qfp16.1* pour SAM



Carte génétique du chromosome 6 du concombre avec les emplacements des QTLs putatifs pour la longueur du pédoncule du fruit, basée sur les populations F2 à Hainan en 2014.

- **marqueur UW021226 :**
 - le plus proche de *qfp16.1* avec une distance génétique de 0,4 cM

- Test de 19 lignées consanguines de concombre :

- 12 avec une LFP > à 5,0 cm
- 7 avec une LFP < à 1,2 cm
- Observation :

- 3 accessions avec une LFP* long ne correspondaient pas à P1
- 1 avec une LFP court ne correspondait pas à P2

- => ce qui suggère que la **précision de ce marqueur dans un programme de sélection assisté par marqueur (SAM) serait de 79,0 %**

- insuffisant pour une SAM précise
- faible valeur est attribuée à l'**existence des autres QTLs mineurs** et à l'**effet de l'environnement** sur la longueur du pédoncule

*LFP : Longueur du Pédoncule du Fruit

Conclusion et perspectives :

- **Objectif** : Étude du déterminisme de la longueur du pédoncule du concombre
- La longueur du pédoncule du concombre est un caractère quantitatif
⇒ déterminé par l'action de plusieurs gènes et influencé par l'environnement
- Trois QTLs ont été détectés :
 - sur le chromosome 1
 - Deux QTL mineurs : *qfp1.1* et *qfp1.2*
 - sur le chromosome 6
 - Un QTL majeur : *qfp1.6.1*
- Le marqueur UW021226 : (le plus proche de *qfp1.6.1*)
 - précision de 79,0 % pour SAM
 - insuffisant
 - ⇒ besoin d'une cartographie encore plus fine en développant de nouveaux marqueurs...