

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

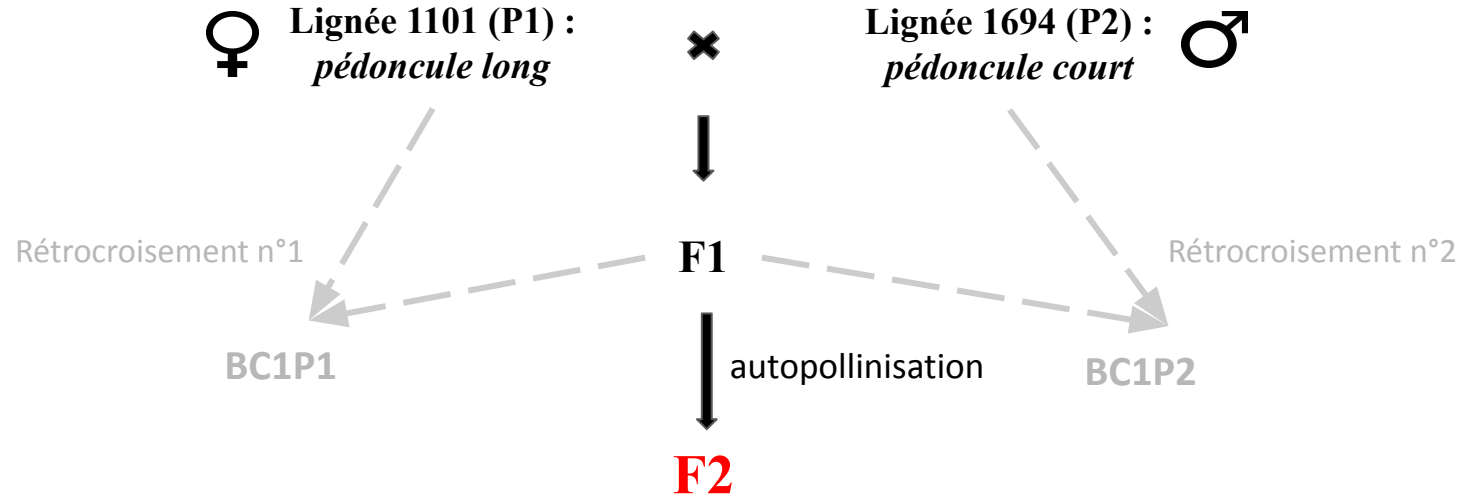
⇒ développer des marqueurs utiles pour faire de la Sélection Assistée par Marqueurs (SAM)
afin de mettre en place de nouvelles variétés de concombre à longs pédoncules permettant de faciliter la récolte mécanique

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 :

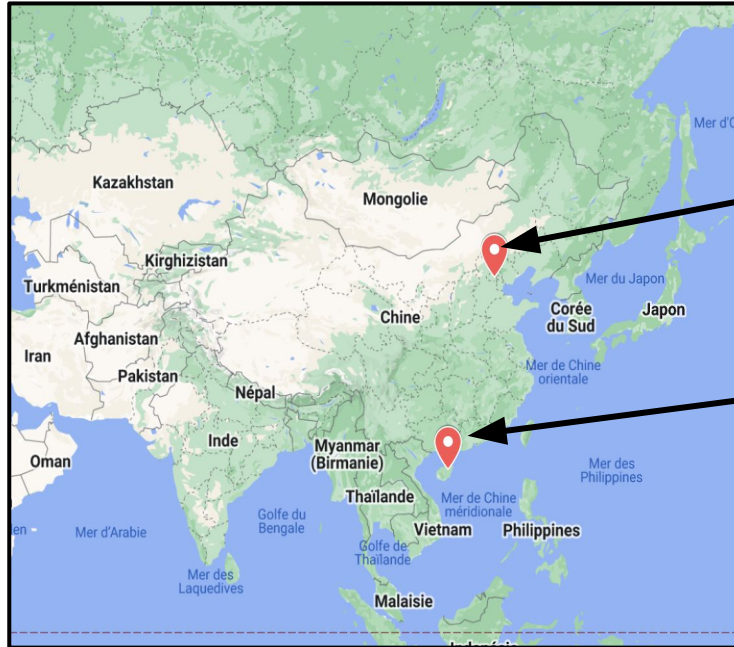
Deux lignées consanguines :



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 :

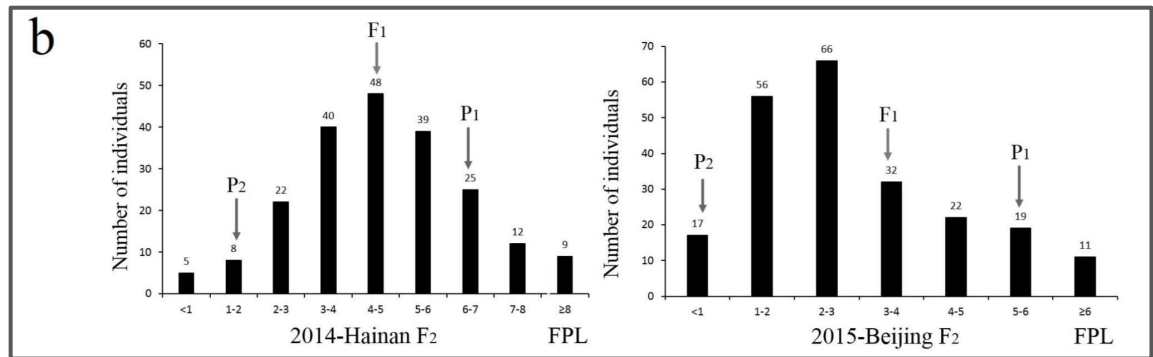
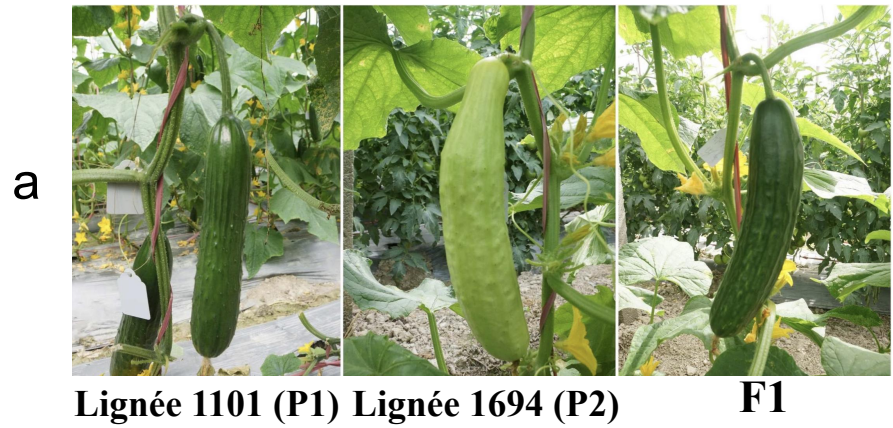


Beijing : climat tempéré mai 2015

Hainan : climat marin tropical
décembre 2014

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

II- Analyse de la taille des pédoncules :



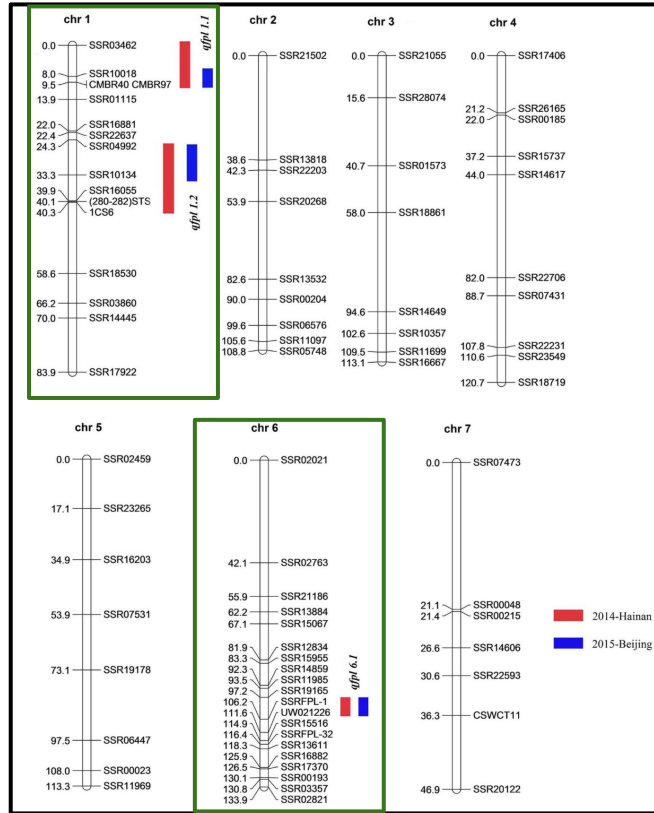
Longueur du pédoncule de concombre chez deux lignées parentales et la F1, et distribution de cette longueur parmi les différentes populations F2 à Hainan en décembre 2014 et à Beijing en mai 2015

- 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 dominant

III- Construction des cartes de liaisons et cartographie QTL :



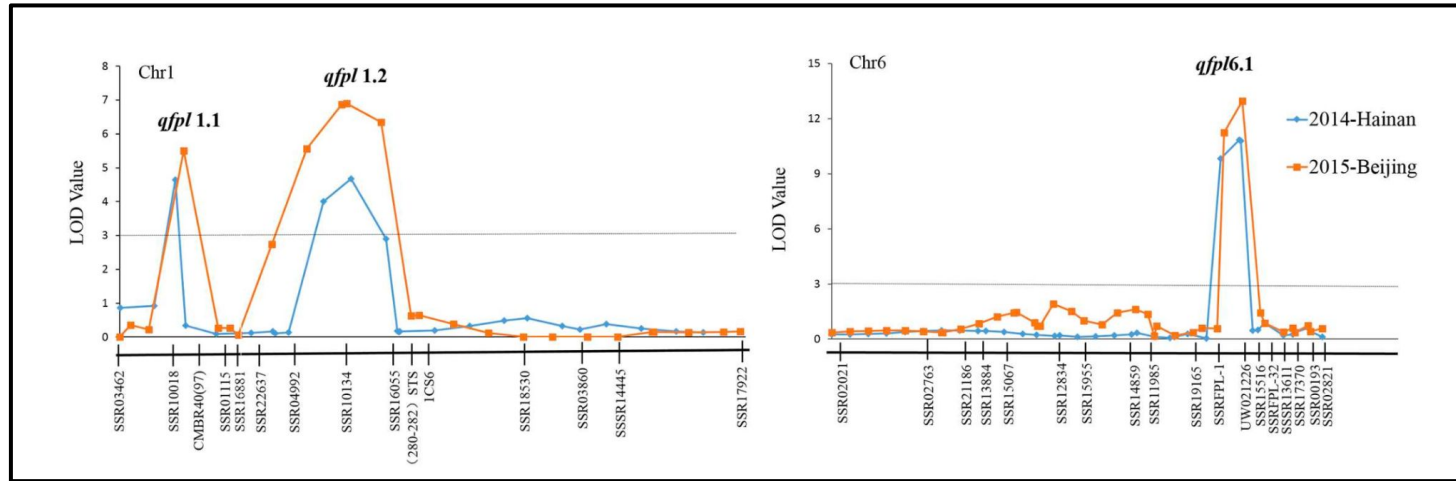
- Sur la base des populations F2, des deux sites :
 - deux cartes génétiques contenant sept groupes de liaison ont été construites
- utilisé 1460 marqueurs SSR (microsatellites)
 - 236 montraient un polymorphisme entre les 2 parents
 - 78 marqueurs ont été utilisés pour construire les cartes

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)

III- Construction des cartes de liaisons et cartographie QTL :

a



b

| Seasons | QTL | LOD | R ² /% |
|--------------|-----------------|-------|-------------------|
| 2014-Hainan | <i>qfpl 1.1</i> | 4.65 | 9.80% |
| | <i>qfpl 1.2</i> | 4.67 | 9.80% |
| | <i>qfpl6.1</i> | 10.84 | 21.50% |
| 2015-Beijing | <i>qfpl 1.1</i> | 5.15 | 7.70% |
| | <i>qfpl 1.2</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

■ ***qfpl 1.1* et *qfpl 1.2***

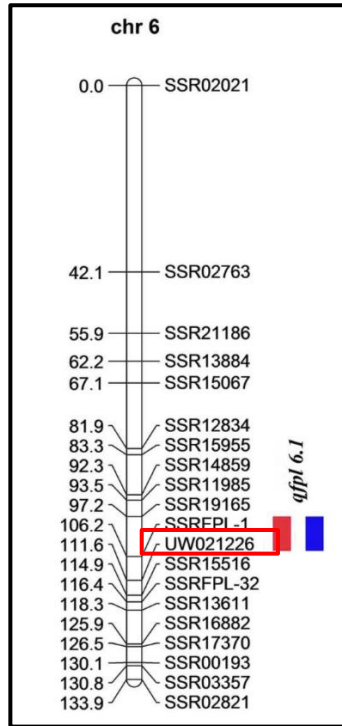
- sur le chromosome 6

■ ***qfpl6.1***

=> ***qfpl6.1* possède le plus fort R²**

⇒ Focus sur ce QTL majeur ...

IV- Validation d'un marqueur moléculaire lié au locus *qfpl6.1* 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 *qfpl6.1* 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 : *qfpl1.1* et *qfpl1.2*
 - sur le chromosome 6
 - Un QTL majeur : *qfpl6.1*
 - Le marqueur UW021226 : (le plus proche de *qfpl6.1*)
 - précision de 79,0 % pour SAM
 - insuffisant
- ⇒ besoin d'une cartographie encore plus fine en développant de nouveaux marqueurs...