



الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

Ecole Nationale Supérieure Agronomique

المدرسة الوطنية العليا للفلاحة

Département : Productions Végétales

قسم : الإنتاج النباتي

Spécialité : Ressources génétiques et
amélioration des productions végétales

تخصص: موارد وراثية وتحسين الانتاج
النباتي

Mémoire De Fin D'études

Pour L'obtention du Diplôme de Master

THEME

**Caractérisation phénotypique de 133 lignées recombinantes de maïs
(*Zea mays L.*) en vue d'identifier les traits adaptatifs sous stress
hydrique**

Présenté Par : **REZAZGA Aya**

Soutenu Publiquement le 18/07/2019

Devant le jury composé de :

Mémoire dirigé par :

M. Djemel Abderahmane.

MCA, ENSA

Melle Maafi Oula.

MAA, Université BBA

Présidente :

Mme. MEKRICHE Leila

Professeur, ENSA

Examineurs :

M. MEFTI Mouhamed

MAC, ENSA

Melle. MOUSSAOUI Sawsan

MAA, ENSA

TABLE DES MATIÈRES

Liste des tableaux

Liste des figures

Liste des abréviations

Liste des Annexes

Résumé

Introduction générale 2

Synthèse bibliographique 5

Chapitre I : Le maïs 5

I. Généralités sur le maïs 5

II. Historique et origine de maïs 5

III. Biologie du maïs. 6

IV. Le maïs dans le monde 7

V. Le maïs en Algérie 9

Chapitre 2 : Le stress hydrique 11

I. Définitions 11

II. Le maïs et le stress hydrique 11

III. Sensibilité de maïs au le stress hydrique 12

IV. Mécanismes de tolérance au stress hydrique chez le maïs 12

V. Les travaux d'amélioration de maïs pour le stress hydrique 13

Chapitre 3 : Les QTLs 15

I. Définition et principe de la détection des QTLs 15

II. Les types de populations utilisées pour la détection des QTL 16

III. La cartographie des QTL 16

IV. Méthodes de détection des QTLs 17

1. L'analyse de marqueur unique 17

2. La méthode de cartographie simple d'intervalle (SIM) 17

3. La cartographie par intervalles composites (CIM) 17

V. Les étapes de détectection des QTLs 17

VI. Les QTLs détectés chez le maïs 18

Matériels et méthodes 23

I. Description du site de l'expérimentation 23

II. Matériel végétal 23

III.	Description de l'expérimentation	23
IV.	Caractéristiques climatiques du site expérimental	24
V.	Conduite de l'essai	25
VI.	Paramètres mesurés	26
VII.	Analyses statistiques des données	28
Résultats et Discussion		30
I.	Résultats.....	30
	I.1.Analyse de la moyenne et de la variance	30
	I.2.La distribution phénotypique des caractères	32
	I.3.Corrélations phénotypiques	36
	I.4.Analyse des QTLs	38
	II. Discussion	43
Conclusion		50
Références bibliographiques		52

Abstract

Drought tolerance is a complex trait controlled by multiple low-effect quantitative trait locus (QTLs). In this study we looked for QTLs that affect drought tolerance in maize. 121 SSRs markers were used to develop a genetic binding map with an average distance of 2cM between markers, was used to identify QTLs associated with water stress traits. A population of 133 recombinant maize lines (RILs) obtained after six generations of self-fertilization from a cross between the two pure lines EP42 and A637 were used. The Composite Interval Mapping (CIM) method allowed us to detect 11 QTLs, under normal conditions six QTLs were mapped including 1 QTL for vigour, 1 QTL for plant height, 1 QTL for male flowering, 1 QTL for female flowering and 2 QTL for the number of grain ranges detected on 4 different chromosomes (10, 9, 8, 8, 8, 6 and 10 respectively) representing respectively about (8% ; 7%; 15%; 13% and 12%) of the total phenotypic variation. However, five QTLs were found under water stress conditions. Only one QTL was detected for each of the traits on chromosome 4, for male and female flowering on chromosome 4, one QTL for leaf rolling on chromosome 9 and one for ear languor on chromosome 1, each representing individually less than 10% of the phenotypic variation. The additive effect was the main mode of action of genes in all QTLs detected in this thesis.

Keywords : Water stress, QTL, Marker, SSR, Tolerance, phenotypic variation, Additive effect.

ملخص

يعد تحمل الجفاف سمة معقدة يتم التحكم فيها عن طريق العديد من المواقع الكمية ذات التأثير المنخفض (QTLs). في هذه الدراسة بحثنا عن QTLs التي تؤثر على تحمل الجفاف في الذرة. تم استخدام 121 علامة من نوع SSR لوضع خريطة ارتباط وراثي بمتوسط مسافة 2 cM بين العلامات لتحديد QTLs المرتبطة بالسمات التي لها علاقة بالإجهاد المائي. تم استخدام مجموعة من 133 خطاً مؤتلفاً (RILs) من الذرة تم الحصول عليها بعد ستة أجيال من التزاوج المفرد الناتج عن تصالب بين الخططين النقيين EP42 و 637A. سمحت لنا طريقة تعيين الفاصل الزمني المركب (CIM) باكتشاف 11 QTL، في ظل الظروف العادية تم تعيين ستة QTLs بما في ذلك 1 QTL للقوة، 1 QTL لارتفاع النبات، 1 QTL للإزهار الذكري، 1 QTL للإزهار الأنثوي و 2 QTL لعدد صفوف الحبوب. تم اكتشاف هذه QTLs على 4 كروموسومات مختلفة (10، 9، 8، 8، 8، 6 و 10 على التوالي) والتي تمثل حوالي 8%، 7%، 15%، 13% و 12% على التوالي من مجموع التباين المظهري. من جهة أخرى تم العثور على خمسة QTLs في ظل ظروف الإجهاد المائي. تم الكشف عن QTL واحدة لكل من صفة الإزهار الذكري والأنثوي على الكروموسوم 4، و QTL لالتفاف الأوراق على الكروموسوم 9، وواحد لطول الذرة على الكروموسوم 1، تمثل كل منها على حدي أقل من 10% من التباين المظهري. كان التأثير المضاف هو الطريقة الرئيسية لعمل الجينات في جميع QTLs المكتشفة في هذه الدراسة.

الكلمات الأساسية: الإجهاد المائي، QTL، علامة، SSR، التسامح، التباين المظهري، التأثير الإضافي.

Résumé

La tolérance à la sécheresse est un trait complexe contrôlé par de multiples locus de traits quantitatifs (QTLs) à faible effet. Dans la présente étude nous avons cherché des QTLs qui affectent la tolérance à la sécheresse dans le maïs. 121 marqueurs de type SSR ont été utilisés pour développer une carte de liaison génétique avec une distance moyenne de 2cM entre les marqueurs, elle a été utilisée pour identifier les QTL associés aux caractères liés au stress hydrique. Une population de 133 lignées recombinantes (RILs) de maïs obtenu après six générations d'autofécondations à partir d'un croisement entre les deux lignées pures EP42 et A637 ont été utilisées. La méthode Composite Interval Mapping (CIM) nous a permis de détecter 11 QTLs, sous les conditions normales six QTLs ont été cartographiés dont 1 QTL pour la vigueur, 1 QTL pour la hauteur de la plante, 1 QTL pour la floraison mâle, 1 QTL pour la floraison femelle et 2 QTL pour le nombre de rangs par épi détectés sur 4 chromosomes différents (10, 9, 8 et 6 respectivement) représentant respectivement environ (8% ; 7% ; 15% ; 13% et 12%) de la variation phénotypique totale. Cependant cinq QTLs ont été trouvés dans les conditions de stress hydrique. On a détecté un seul QTL pour la vigueur sur le chromosome 4, pour la floraison mâle et femelle sur le chromosome 4, un QTL pour l'enroulement des feuilles sur le chromosome 9 et un pour la longueur de l'épi sur le chromosome 1, représentant individuellement moins de 10% de la variation phénotypique pour chacun. L'effet additif était le principal mode d'action des gènes dans tous les QTLs détectés dans ce travail.

Mots clés : Stress hydrique, QTL, Marqueur, SSR, Tolérance, variation phénotypique, Effet additif.