

La fraise, un atout pour la santé

Vallin Guillaume¹, Petit Aurélie², Labadie Marc¹, Chartier Philippe², Rothan Christophe¹,

Denoyes Béatrice¹

¹ INRA, UMR 1332 BFP, Université de Bordeaux, UMR 1332 NFP, F-33140 Villenave d'Ornon

² Ciref, Maison Jeannette, F-24140, Douville

Correspondance : beatrice.denoyes@inra.fr

Résumé

La fraise est un produit très apprécié et est le premier fruit cité par les enfants. C'est aussi un fruit riche en antioxydants notamment grâce à sa richesse en polyphénols. Face à la concurrence, et avec le développement de grandes zones de production à faibles coûts au sud de l'Europe, l'objectif d'une production de fruits de qualité, identifiables par le consommateur et présentant une plus forte valeur ajoutée est central. La richesse en antioxydants répond à un critère de qualité nutritionnelle. De plus, les fruits riches en antioxydants seraient plus résistants aux maladies.

Pour mieux comprendre le contrôle génétique et moléculaire des antioxydants et plus précisément de certains métabolites secondaires incluant les phénylpropanoïdes, nous avons développé une approche de génétique quantitative en nous appuyant sur une population en ségrégation issue d'un croisement entre deux variétés, Capitola et CF1116, présentant des critères contrastés pour la qualité de leurs fruits. Dans un premier temps, des cartes de liaison génétique denses, femelle et mâle, ont été obtenues. Ces cartes ont été construites en utilisant la puce SNP 'Affymetrix® Axiom® IStraw90®' qui contient 90KSNP.

La suite des analyses s'est appuyée sur des données obtenues dans un projet précédent, FraGenomics (ERANET). Dans ce projet, la teneur en 18 composés phénylpropanoïdes avait été quantifiée sur deux années de production sur l'ensemble de la population en ségrégation. De plus, des données d'expression des gènes du fraisier étaient disponibles par l'analyse de microarray.

La mise en parallèle des données de cartographie génétique avec les données des teneurs en métabolites a permis l'identification de régions génomiques liées à la teneur en phénylpropanoïdes pour l'ensemble des métabolites mesurés. Certaines de ces régions étaient très localisées et expliquaient une très large proportion de la variation de la teneur en métabolites.

Ainsi, nous avons notamment identifié une même région génomique liée à la teneur en trois composés de phénylpropanoïdes : cinnamoyl-glucose, cumaroyl-glucose-glucoside et caffeoyl-glucose. L'analyse du génome parallèlement à celle des données d'expression (eQTL grâce aux microarrays) a permis d'identifier un gène candidat, une estérase, qui seraient impliquée dans la voie de ces phénylpropanoïdes.

L'ensemble de ces études nous a donc permis d'explorer les voies de synthèse de métabolites secondaires et de mettre en évidence le potentiel rôle d'une estérase pour la voie plus spécifique des phénylpropanoïdes. L'étude de ressources génétiques ainsi qu'une validation fonctionnelle permettra de confirmer le rôle de ce gène qui sera alors une cible potentielle pour la sélection de variétés riches en phénylpropanoïdes.

Mots-clés : Fraise, Qualité du fruit, Antioxydants, Phénylpropanoïdes

