

Cartographie au moyen de marqueurs microsatellites des gènes de *Gossypium sturtianum* Willis responsables de l'inhibition de la synthèse du gossypol uniquement dans la graine du cotonnier.

Benbouza. H ⁽¹⁾, Jacquemin. JM ⁽²⁾, Lacape. JM ⁽³⁾, Courtois. B ⁽³⁾, Baudoin. JP ⁽¹⁾ & Mergeai. G ⁽¹⁾.

⁽¹⁾Unité de Phytotechnie Tropicale et d'Horticulture, Faculté Universitaire des Sciences Agronomiques, 2 Passage des Déportés, B-5030 Gembloux, Belgique.

⁽²⁾CIRAD-CA, Avenue Agropolis, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

⁽³⁾CWRA, Chaussée de Charleroi 234, B-5030 Gembloux, Belgique.

Introduction La principale caractéristique du genre *Gossypium* L. est la présence dans l'ensemble des parties aériennes de la plante, y compris dans la graine, de petites glandes lysigènes. Ces glandes produisent plusieurs terpénoïdes, y compris, le gossypol qui est toxique pour les animaux monogastriques et en particulier l'homme. L'hybride trispécifique *G. hirsutum* x *G. raimondii* x *G. sturtianum* (HRS) a été créé dans le but d'introgesser chez le cotonnier cultivé le caractère «inhibition de la synthèse du gossypol uniquement dans la graine» à partir de l'espèce sauvage *G. sturtianum*. Les marqueurs microsatellites cartographiés ont été utilisés pour suivre l'introgession des fragments chromosomiques chez les générations avancées et pour l'identification des QTLs responsables de l'expression de ce caractère associés avec ces marqueurs.

Matériel et méthodes Une série de rétrocroisements et d'autofécondations a été réalisé à partir d'individus backcross 3 (BC₃S₁) et backcross 2 autofécondés 2 (BC₂S₂) les plus intéressants dans la descendance de l'hybride trispécifique HRS. La sélection phénotypique s'est réalisée par une évaluation de la densité externe des glandes à gossypol et/ou l'estimation de la teneur théorique en gossypol (Benbouza et al. 2002) des graines produites par les descendance rétrocroisées et autofécondées de l'hybride HRS. 206 marqueurs SSR cartographiés et répartis sur les 26 groupes de liaison de la carte génétique du cotonnier (Nguyen et al 2004) ont été utilisés pour suivre l'introgession de segments chromosomiques de l'espèce donneuse *G. sturtianum* et l'espèce pont *G. raimondii* et d'évaluer leur degré de conservation dans la descendance sélectionnée de l'hybride HRS. La détection des QTL (Quantitative Trait Loci) a été réalisée par analyse simple marqueur en utilisant le logiciel QTL Cartographer V.2.0, une analyse de la variance sous SAS et un test de 1000 permutations.

Résultats et discussions L'application d'une pression de sélection basée sur l'évaluation de la densité externe et/ou la teneur en gossypol dans les graines produites à chaque génération, a

permis d'isoler des cotonniers tétraploïdes fertiles produisant régulièrement des graines complètement «*glandless*» ou à densité très faible de glandes à gossypol (Figure 1b). Les 206 amorces SSR testées ont amplifiées 150 allèles SSR spécifiques à *G. sturtianum* dont 93 cartographiés ont été introgressés chez l'hybride HRS. Pour *G. raimondii* seulement 69 allèles spécifiques sur un total de 127 ont été introgressés chez l'hybride HRS. Chez le matériel BC₂S₄ sélectionnés, 13 allèles de *G. sturtianum* sont toujours présents au niveau des paires de chromosomes homéologues c2-14, c3-c17 (Figure 2), c6-c25 et A03-D02. L'analyse QTL a permis d'identifier six marqueurs SSR liés significativement à l'expression du caractère recherché et à cartographier pour la première fois des QTLs impliqués dans l'expression du caractère. Il ressort des investigations menées que le déterminisme génétique de ce caractère est polygénique et qu'au moins quatre segments chromosomiques sont responsables de son expression dans un fond génétique de *G. hirsutum*. Les plantes sélectionnées constituent un matériel génétique de haute valeur pour l'introgression de caractères agronomiques intéressants chez *G. hirsutum* à partir des espèces sauvages parentales de l'hybride HRS. Le développement de ce type de cotonnier permettra non seulement de résoudre une partie des problèmes de malnutrition dans le monde mais encouragera sûrement certains pays producteurs qui ont abandonné la culture du cotonnier à relancer celle-ci.

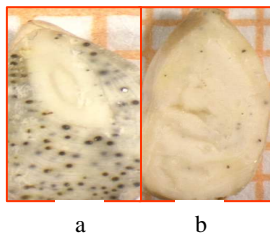


Fig 1. a: graine de coton *glanded* (présence de glandes). b: graine de BC₂S₄ (réduction du nombre de glandes à gossypol).

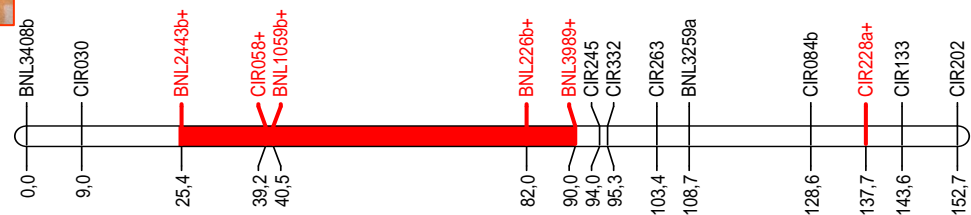


Fig 2. Localisation des segments chromosomiques conservés sur le chromosome 3. Les marqueurs microsatellites (préfixe BNL ou CIR) conservés sont indiqués avec un +. Les lettres a ou b représentent les assignations sub-génomiques.

Références bibliographiques

- Benbouza H, Lognay G, Palm R, Baudoin JP, Mergeai G (2002). Development of a visual method to quantify the gossypol content in cotton seeds. *Crop Sci.* 42: 1937 - 1942.
- Nguyen T, Giband M, Brottier P, Risterruci AM, Lacape M (2004). Wide coverage of the tetraploid cotton genome using newly developed microsatellites markers. *Theor Appl Genet* 109: 167-175.