

# UNIVERSITE ASSANE SECK DE ZIGUINCHOR



## UFR DES SCIENCES ET TECHNOLOGIES

\*\*\*\*\*

### DEPARTEMENT D'AGROFORESTERIE

#### Mémoire de Master

**Spécialité :** Aménagement et Gestion Durable des Ecosystèmes Forestiers et Agroforestiers  
(AGDFA)

**Sujet :**

**CARACTÉRISATION PHENOLOGIQUE ET AGRO-MORPHOLOGIQUE DE TROIS LIGNÉES MONOSOMIQUES D'ADDITION DE *GOSSYPIUM australe* SUR *GOSSYPIUM hirsutum* ET ÉVALUATION DU TAUX DE TRANSMISSION DU CHROMOSOME ADDITIONNEL**

Présenté par :

**M. Mansour NDIAYE**

Sous la Supervision du **Pr Mohamed Mahamoud CHARAHABIL**, Maître de Conférence, UASZ

Encadreur : **Dr Djibril SARR**, Maître Assistant, UASZ

Soutenu publiquement le 24 Avril 2021 devant le jury composé de :

**Présidente :** **Dr Sire DIEDHIOU**, Maître de Conférence, UFR-ST/ UASZ

**Membres :** **Dr Djibril SARR**, Maître Assistant, UFR-ST/ UASZ

**Dr Aly DIALLO**, Assistant, UFR-ST/ UASZ

**Dr Joseph Saturnin DIEME**, Assistant, UFR-ST/ UASZ

Année universitaire **2019-2020**

## DEDICACES

---

Je dédie ce travail à Joël Célestin Philippe AHYI. Ton mémoire restera toujours gravé dans mon cœur. Je prie le Tout Puissant de t'accueillir dans Son Paradis.

***REPOSE EN PAIX***

## REMERCIEMENTS

---

Tout d'abord, je rends grâce à Dieu, le Tout Puissant, qui m'a accordé, la force, la santé physique comme mentale, la capacité de commencer ce travail et de le terminer.

Ce mémoire est l'aboutissement de longs travaux difficiles et le fruit de nombreuses contributions, mais aussi d'un grand soutien moral de tous mes proches.

J'exprime mes remerciements à / au(x) :

Dr Djibril SARR, mon encadrant, de m'avoir fait découvrir le monde de la recherche en amélioration génétique du cotonnier. Toujours disponible avec le cœur sur la main, je le remercie pour sa pédagogie, pour son sens du partage, pour sa rigueur et son sens du travail bien fait. Il n'a ménagé aucun effort pour la réussite de ce travail. Chaque moment passé avec lui fut un moment plein d'apprentissages, d'expertise et de contentement. J'espère que le Bon Dieu vous fera ressentir ce sentiment de bonheur, d'assurance que j'ai toujours eu à vos côtés.

Dr Ousmane NDIAYE, que j'ai l'habitude d'appeler mon Imam pour ses qualités de guide, le Chef de Département d'Agroforesterie et son prédécesseur Pr Mohamed Mahamoud CHARAHABIL ;

L'ensemble du personnel d'enseignants-chercheurs du département, notamment : Dr NGOR NDOUR, Dr Sire DIEDHIOU, Dr Ismaïla COLY, Dr Antoine SAMBOU, Dr Aly DIALLO, Dr Boubacar CAMARA, Dr Joseph Saturnin COLY, Dr Saboury NDIAYE pour l'enseignement de qualité que j'ai eu à bénéficier auprès de vous.

Premiers docteurs formés par le département et les doctorants actuels, j'ai toujours aimé nos échanges sur les études comme sur la vie ;

Mes camarades de la 8<sup>ème</sup> promotion, géniaux étaient les moments qu'on a eu à partager surtout avec les réseaux sociaux, qui nous ont permis de renforcer nos liens de fraternité et de ne pas voir se dissoudre cette belle famille.

A vous mes parents, je ne pourrai jamais vous remercier assez, je m'estime heureux de vous avoir comme Parents. Un grand merci à ma mère, malgré la distance qui nous sépare, elle est présente en moi comme si nous formions une seule personne. A mon père pour sa confiance et son soutien ineffables, merci cher père.

Mes remerciements vont à l'endroit de toutes les personnes de la famille NDIAYE et GUEYE, mes oncles, mes tantes, mes frères, mes sœurs, mes cousins et cousines.

Je remercie mes adorables sœurs, particulièrement, Astou NDIAYE et Ndeye Mareme NDIAYE pour le précieux soutien qu'elles m'ont apporté durant mes périodes de solitude et de galère.

Je m'en voudrais de ne pas remercier mes meilleurs amis Kéba TOURE et Adja Mariama DIONE, mes amis spéciaux Adama TRAORE, Lamine SYLLA, Saphietou DIOUF, Jean Claude BASSENE, Joseph Ngor NDOUR et en particulier mon fils adoptif et camarade de promotion Augustin NDIONE pour leurs conseils et assistance.

J'exprime ma gratitude à mes camarades: Omar Boun Atab DIEDHIOU, Oumar BAH, Matar GUEYE, Gora GUEYE, Anna KA, Assane DIALLO et Ibou BADJI.

# TABLE DES MATIERES

<b>DEDICACES .....</b>	<b>I</b>
<b>REMERCIEMENTS.....</b>	<b>II</b>
<b>TABLE DES MATIERES .....</b>	<b>IV</b>
<b>LISTE DES FIGURES.....</b>	<b>VI</b>
<b>LISTE DES TABLEAUX .....</b>	<b>VI</b>
<b>ABREVIATIONS .....</b>	<b>VII</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>VIII</b>
<b>RESUME.....</b>	<b>IX</b>
<b>INTRODUCTION.....</b>	<b>1</b>
<b>PARTIE 1 : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE .....</b>	<b>3</b>
1.1    PRESENTATION DU COTONNIER ( <i>GOSSYPIUM L.</i> ) .....	3
1.2    AMELIORATION GENETIQUE DU COTONNIER .....	4
1.2.1    LES POOLS GENIQUES DU COTONNIER.....	4
1.2.2    METHODES D'AMELIORATION DU COTONNIER PAR HYBRIDATION INTERSPECIFIQUE.....	5
1.2.3    L'AMELIORATION GENETIQUE DU COTONNIER PAR L'UTILISATION DE LA METHODE DES LMA .....	7
1.3    CARACTERISTIQUES AGRO-MORPHOLOGIQUES DES LMA DANS LE GENRE <i>GOSSYPIUM L.</i> .....	8
1.4    TRANSMISSION DU CHROMOSOME SURNUMERAIRE CHEZ LES LMA .....	9
<b>PARTIE 2 : MATERIEL ET METHODES .....</b>	<b>11</b>
2.1    PRESENTATION DE LA ZONE D'ETUDE .....	11
2.2    CARACTERISTIQUES DU SOL.....	11
2.3    MATERIEL VEGETAL .....	12
2.4    CONDUITE DE L'ESSAI .....	14
2.5    DISPOSITIF EXPERIMENTAL .....	14
2.6    PARAMETRES QUALITATIFS OBSERVES .....	14
2.7    PARAMETRES QUANTITATIFS MESURES.....	15
2.8    TAUX DE TRANSMISSION DU CHROMOSOME ADDITIONNEL .....	16

2.8.1	L'AUTOFECONDATION .....	16
2.8.2	LES CROISEMENTS .....	16
2.9	ANALYSES STATISTIQUES .....	17
<b>PARTIE 3 : RESULTATS ET DISCUSSION .....</b>		<b>18</b>
3.1	RESULTATS .....	18
3.1.2	LES CARACTÈRES PHENOLOGIQUES ET AGRO-MORPHOLOGIQUES .....	18
3.1.3	TAUX DE TRANSMISSION DU CHROMOSOME SURNUMÉRAIRE.....	22
3.2	DISCUSSION .....	23
3.2.1	LES CARACTERES PHENOLOGIQUES ET AGRO-MORPHOLOGIQUES.....	23
3.2.2	TAUX DE TRANSMISSION DU CHROMOSOME SURNUMÉRAIRE.....	24
<b>CONCLUSION ET PERSPECTIVES .....</b>		<b>26</b>
<b>REFERENCE BIBLIOGRAPHIQUES .....</b>		<b>27</b>

## LISTE DES FIGURES

Figure 1. Présentation de l'architecture d'un plant de cotonnier. ....	3
Figure 2. La méthode paraphylétique d'introgession .....	5
Figure 3. La méthode pseudophylétique d'introgession .....	6
Figure 4. La méthode aphyllétique d'introgession.....	7
Figure 5. Ferme d'exploitation du département de l'Agroforesterie.....	11
Figure 6. Différence phénotypique entre G <sub>2</sub> I (A) et une plante euploïde (B) .....	13
Figure 7. Variation de la couleur des fibres .....	13
Figure 8. Variation de la couleur des pétales .....	13
Figure 9. Schéma du dispositif expérimental .....	14
Figure 10. Graines de cotonnier avant et après délitage avec de l'acide sulfurique .....	16
Figure 11. L'évolution d'une fleur castrée à la formation d'une capsule .....	17
Figure 12. La variation de la couleur du pollen et des pétales chez les trois LMA .....	18
Figure 13. Présence et densité du linter chez les LMA G <sub>2</sub> III (A), G <sub>2</sub> IV (B et C) et la plante euploïde (D).....	19
Figure 14. La différence entre les génotypes par rapport à la hauteur de la tige principale ....	20
Figure 15. Le nombre de jours avant l'ouverture de la première fleur en fonction des génotypes .....	21
Figure 16. La récolte du coton graine à 155 en fonction des génotypes .....	22
Figure 17. Les taux confondus de l'Autofécondation et de la LMA femelle en fonction des génotypes.....	23
Figure 18. La différence entre les taux de l'Autofécondation et de la LMA mâle en fonction des génotypes.....	23

## LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1. Caractères d'intérêt qui peuvent être potentiellement transférés à partir des espèces diploïdes de <i>Gossypium</i> L. ....	9
Tableau 2. Propriétés physico-chimiques du sol .....	12

## ABREVIATIONS

---

- C<sub>f</sub> : Croisement de la plante MA prise comme parent femelle
- CL : La couleur du linter
- C<sub>m</sub> : Le Croisement de la plante MA prise comme parent mâle
- CPol : La couleur du pollen
- DL: La densité du linter
- HN : La hauteur d'entrenœud
- HTP : La hauteur de la tige principale
- LBF : la longueur de la plus longue branche fructifère
- LBV : la longueur de la plus longue branche végétative
- LMA : Lignée monosomique d'addition
- MA : Monosomique d'addition
- MC : Le mode de croissance
- NBV : Le nombre de branches végétatives
- NJC : Le nombre de jours avant l'ouverture de la première capsule
- NJF : Le nombre de jours avant l'ouverture de la première fleur
- NTP : Le nombre de nœuds sur la tige principale
- P100G : Le poids des 100 graines
- PF : Le poids des fibres
- PG : Le poids des graines après égrenage
- PMC : Le poids moyen de coton graine
- PP : La précocité de production en coton graine
- R1 : La récolte à 155 jours après semis
- RT : La récolte totale du coton graine après ouverture de toutes les capsules
- USDA: United States Department of Agriculture
- Xa : Autofécondation



## ABSTRACT

---

Monosomic alien addition lines (MAALs) are plants that have, in addition to the chromosomes of the cultivated species, an extra chromosome of a wild species. They are used for genetic and plant breeding studies. Three MAALs (G<sub>2</sub>I, G<sub>2</sub>III and G<sub>2</sub>IV) of *Gossypium australe* on the main cultivated cotton species, *Gossypium hirsutum*, were characterized phenologically and agromorphologically. The transmission rate of the supernumerary chromosome of one of the lines (G<sub>2</sub>IV) was also assessed on the basis of the analysis of the progeny from self-fertilisation and two-way crosses of monosomic addition and euploid plants. Phenological and agromorphological characterization was done on the basis of qualitative and quantitative parameters. The "stormproof" trait was identified in the G<sub>2</sub>IV line. The analysis of variance reveals a significant difference between euploid and monosomic addition plants for the parameters: HTP (P= 0.04), NN (P=0.01), NBV (P= 0.043), R1 (P= 0.003), PF (P = 0.047), PG (P = 0.012), RT (P= 0.013), NCP (P= 0.04) and NJC (P= 0.023). For the other parameters LBV (P= 0.396), LBF (P= 0.107), HN (P= 0.075), PP (P= 0.579), NJF (P= 0.176), PMC (P= 0.287) and P100G (P= 0.768), no significant difference was found. Concerning the transmission of the additional chromosome of the G<sub>2</sub>IV line, the chi-square test shows a highly significant difference between the transmission rates obtained and those expected, both in self-fertilisation (27.87% ; P 0.001) and in crossing (20.63% by the female gamete and 5.59% by the male gamete ; P 0.001). These results show, on the one hand, that the additional chromosome is better transmitted by the female gamete and, on the other hand that the phenological and agromorphological characteristics of the three LMAs differ from each other. Future research should be used to assess the transmission rate of the additional chromosome in the G<sub>2</sub>III line.

**Keywords.** *Gossypium hirsutum* L. - *Gossypium australe* F. Muell. - Cotton - Monosomic alien addition line.

## RESUME

---

Les lignées monosomiques d'addition (LMA) sont des plantes qui possèdent, en plus des chromosomes de l'espèce cultivée, un chromosome supplémentaire d'une espèce sauvage. Elles sont utilisées pour des études fondamentales en génétique et en amélioration des plantes. Trois LMA (G<sub>2</sub>I, G<sub>2</sub>III et G<sub>2</sub>IV) de l'espèce *Gossypium australe* sur la principale espèce cultivée de cotonnier, *Gossypium hirsutum*, ont été caractérisées aux plans phénologique et agromorphologique. Le taux de transmission du chromosome surnuméraire de l'une des lignées (G<sub>2</sub>IV) a été également évalué sur la base de l'analyse des descendants issus de l'autofécondation et des croisements dans les deux sens de plantes monosomiques d'addition et de plantes euploïdes. La caractérisation phénologique et agromorphologique a été faite sur la base de paramètres qualitatifs et quantitatifs. Le caractère « stormproof » permettant de retenir la fibre, a été identifiée chez la lignée G<sub>2</sub>IV. L'analyse de variance révèle une différence significative entre plantes euploïdes et MA pour les paramètres que sont la HTP (P= 0,04), le NN (P=0,01), le NBV (P= 0,043), la R1 (P= 0,003), le PF (P = 0,047), le PG (P = 0,012), la RT (P= 0,013), le NCP (P= 0,04) et le NJC (P= 0,023). Pour les autres paramètres que sont la LBV (P= 0,396), la LBF (P= 0,107), la HN (P= 0,075), la PP (P= 0,579), le NJF (P= 0,176), le PMC (P= 0,287) et le P100G (P= 0,768), aucune différence significative n'a été trouvée. Concernant la transmission du chromosome additionnel de la lignée G<sub>2</sub>IV, le test khi deux montre une différence hautement significative entre les taux de transmission obtenus et ceux attendus, aussi bien en autofécondation (27,87% ; P <0,001), qu'en croisement (20,63% par le gamète femelle et 5,59% par le gamète mâle ; P <0,001). Ces résultats montrent, d'une part, que le chromosome additionnel est mieux transmis par le gamète femelle et d'autre part, que les caractéristiques phénologiques et agromorphologiques des trois LMA diffèrent l'une de l'autre. Des recherches futures devraient servir à évaluer le taux de transmission du chromosome additionnel de la LMA G<sub>2</sub>III.

**Mots clés.** *Gossypium hirsutum* L., *Gossypium australe* F. Muell., Cotonnier, Lignée monosomique d'addition

# INTRODUCTION

Le cotonnier communément appelé « or blanc » est cultivé pour sa fibre qui est la principale matière première utilisée par l'industrie textile (Gohil et *al.*, 2017). En plus de la fibre, les sous-produits de la graine du cotonnier (huile, coque, linter) font que la filière est une énorme source de devises pour certains pays (Aslam et *al.*, 2020).

La Chine, l'Inde et les Etats-Unis sont les trois principaux producteurs dans le monde (Aslam et *al.*, 2020). Selon USDA (2019), le Bénin est le premier producteur dans la zone franc de l'Afrique de l'Ouest suivi du Mali et du Burkina-Faso. Le Sénégal, avec une production moyenne annuelle de 7 630 tonnes occupe la huitième place dans la zone avec une production déclinante (31 000 tonnes) depuis 2014 (Sylla et *al.*, 2016). Cette diminution de la production est due principalement à la baisse de la pluviométrie et à sa mauvaise répartition (Lagos et *al.*, 2019).

Le cotonnier appartient au genre *Gossypium* L. qui regroupe au moins une cinquantaine d'espèces diploïdes ( $2n=2x=26$ ) et tétraploïdes ( $2n=4x=52$ ). Sur l'ensemble de ces espèces, quatre ont été domestiquées et sont cultivées pour leur fibre avec *G. hirsutum* occupant plus de 90% des superficies totales de cotonnier cultivé dans le monde (Stewart et *al.*, 2010) ( ; Wendel et *al.*, 2015 ; Shim et *al.*, 2018). Actuellement, une attention particulière est accordée à l'amélioration de *G. hirsutum* par hybridation interspécifique avec l'utilisation d'espèces sauvages résistantes à la sécheresse, à des maladies et aux insectes (Sirojiddinov et *al.*, 2020). L'utilisation de la méthode des lignées monosomiques d'addition qui consiste à créer un matériel composé de plantes possédant un chromosome additionnel d'une espèce sauvage dans le fond génétique de l'espèce cultivée, apparait comme un moyen permettant de mieux exploiter la diversité génétique des espèces du genre *Gossypium* L (Sarr et *al.*, 2009). La méthode des LMA permet de transférer avec précision des gènes portés par le chromosome surnuméraire de l'espèce sauvage (Hau, 1981a).

L'objectif général de cette étude vise à contribuer à l'amélioration génétique de la principale espèce de cotonnier cultivée *G. hirsutum* L. par l'utilisation de l'espèce sauvage *G. australe* F. Muell. Les objectifs spécifiques sont d'une part de procéder à la caractérisation agromorphologique et phénologique de trois lignées monosomiques d'addition et d'autre part d'évaluer le taux de transmission du chromosome additionnel chez une des lignées.

Le présent mémoire s'articulera autour de trois parties. La première comprend une synthèse bibliographique dans laquelle la littérature sera passée en revue. Dans la deuxième partie le

matériel et les méthodes utilisés seront présentés et enfin dans le dernier chapitre les résultats obtenus seront présentés et discutés.

# PARTIE 1 : SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE

## 1.1 PRÉSENTATION DU COTONNIER (*GOSSYPIMUM L.*)

Le cotonnier est une dicotylédone, dialypétale appartenant à l'ordre des Malvales, à la famille des Malvacées et au genre *Gossypium* (Smith, 1995). Celui-ci a un nombre chromosomique de base égal à 13 (Beasley, 1941). Il comprend au moins une cinquantaine d'espèces, composées par des espèces diploïdes ( $2n=2x=26$ ) et des espèces tétraploïdes ( $2n=4x=52$ ), distribuées dans les régions arides aux régions semi-arides dans les zones tropicales et subtropicales. Sur l'ensemble de ces espèces quatre, dont deux tétraploïdes (*G. hirsutum*, *G. barbadense*) et deux diploïdes (*G. herbaceum*, *G. arboreum*) ont été domestiquées et sont cultivées un peu partout dans le monde pour leur fibre (Wendel et al., 2009 ; Wendel et al., 2015 ; Shim et al., 2018). Les autres espèces restantes, ou sauvages, sont utilisées dans le cadre de l'amélioration génétique de celles cultivées par l'exploitation de leur important réservoir de gènes utiles (Diouf, 2015).

Le cotonnier a un système racinaire pivotant avec une racine principale qui assure la fixation de la plante et son alimentation en eau et en éléments minéraux. La tige principale est monopodiale et portent, allant du bas en haut, des nœuds cotylédonaire, des nœuds végétatifs et des nœuds fructifères. Les branches végétatives et fructifères se forment respectivement à partir des nœuds végétatifs et des nœuds fructifères. Chaque branche végétative porte des branches fructifères et pour les branches fructifères, elles portent directement les organes reproducteurs (Crétenet et Gourlot, 2015).

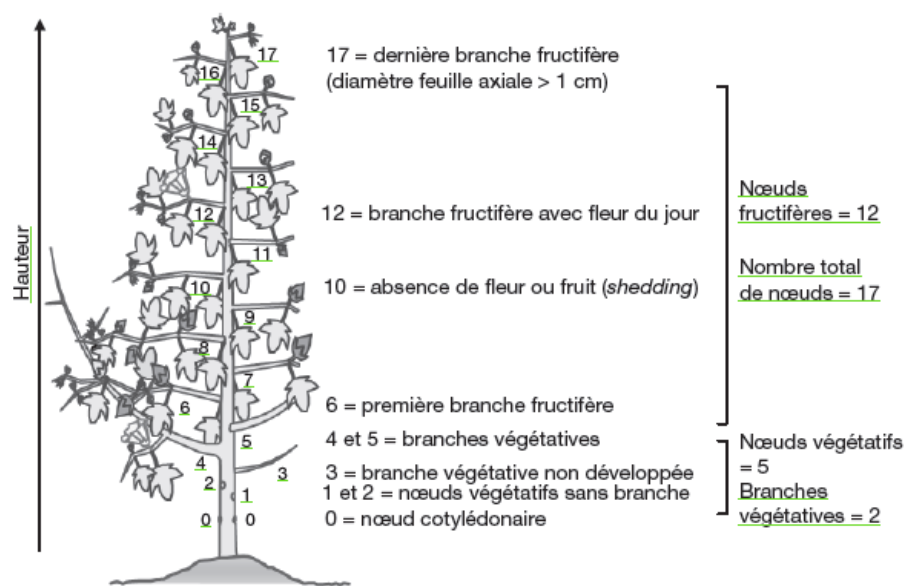


Figure 1. Présentation de l'architecture d'un plant de cotonnier.

Source : Crétenet et Gourlot, 2015

Actuellement, l'ensemble des espèces diploïdes du genre dénommées sont classées en huit groupes génomiques désignés par les lettres de l'alphabet : A, B, C, D, E, F, G, K (Mergeai, 2006). La lettre A est utilisée pour désigner le génome des deux espèces diploïdes cultivées et les autres lettres, classées en fonction de leurs affinités avec le génome A, sont attribuées aux génomes des espèces sauvages (Hau, 1981a). L'ordre B, F, C, G, D et E traduit le niveau décroissant des affinités cytologique par rapport au génome A ; cependant, l'affinité de ce dernier avec le génome K n'a pas été encore évaluée (Diouf, 2015). Les espèces tétraploïdes sont des allotétraploïdes formées par la juxtaposition des groupes génomiques A et D (Hau, 1981a) ; elles sont au nombre cinq espèces reconnues (Wendel *et al.*, 2015). Le Tableau 1 présente les groupes génomiques et la répartition géographiques de l'ensemble des espèces reconnues du genre *Gossypium* L. L'emplacement génomique des espèces qui sont mises entre parenthèse reste à être déterminé.

## **1.2 AMELIORATION GENETIQUE DU COTONNIER**

L'amélioration génétique du cotonnier cultivée permet de créer de nouvelles variétés plus performantes susceptibles d'apporter de la satisfaction aux utilisateurs. Cette amélioration est limitée avec l'exploitation de la variabilité existante à l'intérieur de l'espèce cultivée (Baudoin, 2001), par l'hybridation intraspécifique par rapport à l'hybridation interspécifique qui permet d'enrichir les espèces cultivées par l'exploitation de la variabilité génétique que fournissent les espèces sauvages diploïdes (Diouf, 2015).

En se basant sur les principes dégagés par Harlan et De Wet (1971), les ressources génétiques de la principale espèce de cotonnier cultivée ont été réparties en trois pools géniques par Stewart, (1995) suivant la difficulté croissante à surmonter les barrières d'incompatibilité qui empêchent le transfert de matériel génétique entre les espèces sauvages et *G. hirsutum*.

### **1.2.1 LES POOLS GENIQUES DU COTONNIER**

Le pool génique primaire est formé par toutes les formes cultivées, subspontanés et sauvages de *G. hirsutum* et de *G. barbadense* et de toutes les autres espèces tétraploïdes du genre. Les croisements avec ces espèces sont relativement faciles d'autant plus qu'aucune technique particulière n'est nécessaire pour la création d'hybrides par voie sexuée (Diouf, 2015) et les fréquences de recombinaison observées sont élevées (Sarr *et al.*, 2009).

Le pool génique secondaire regroupe les espèces diploïdes de génome A, D, B et F. Il est plus difficile d'obtenir un hybride avec ces espèces qu'avec le premier pool génique, mais une fois l'hybride obtenu, les fréquences de recombinaison sont élevées. Cependant comme ces espèces

sont diploïdes, l'hybride est un triploïde stérile dont le stock chromosomique doit être doublé pour produire un hexaploïde fertile (Brubaker et al., 1999).

Le pool génique tertiaire est constitué de toutes les autres espèces restantes (génomes E, C, G ou K) du genre *Gossypium*. Ce sont les espèces dont l'utilisation pose le plus de difficultés en raison des obstacles à surmonter pour créer l'hybride et les faibles taux de recombinaison observés (Brubaker et al., 1999).

### 1.2.2 METHODES D'AMELIORATION DU COTONNIER PAR HYBRIDATION INTERSPECIFIQUE

Avec l'utilisation des espèces diploïdes sauvages du genre *Gossypium* L., trois méthodes d'introgression ont été élaborées pour contourner les fortes barrières d'incompatibilité interspécifiques et exploiter les hybrides produits (Baudoin et al., 2002 ; Mergeai 2006).

La méthode paraphylétique d'introgression (i) qui reproduit le processus naturel aboutissant à la création d'un allotétraploïde en utilisant une espèce pont de génome A ou D (dans une moindre mesure B ou F) qui sera croisée avec l'espèce donneuse (Figure 1).

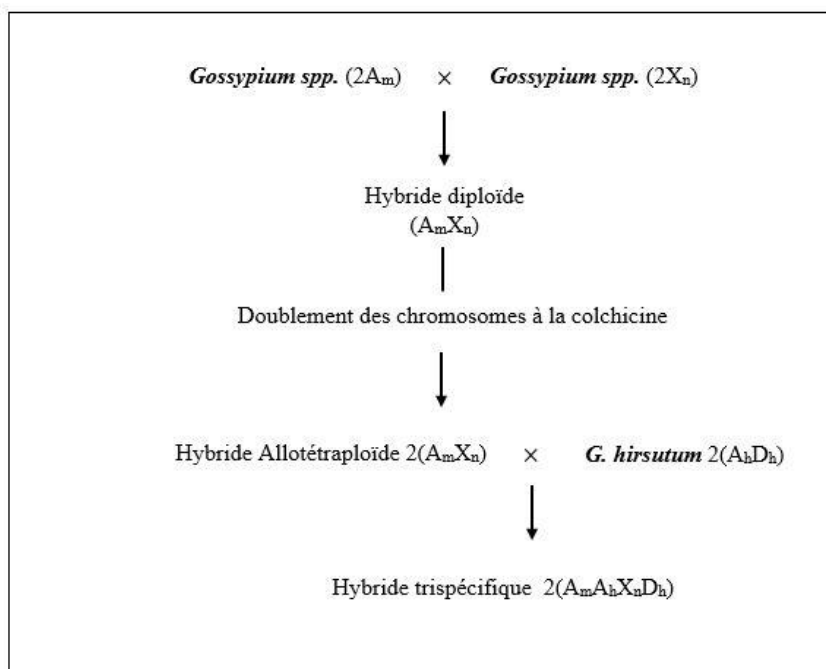


Figure 2. La méthode paraphylétique d'introgression

La méthode pseudophylétique d'introgression (ii) qui reprend l'idée de la précédente méthode à l'exception qu'ici l'espèce-pont est croisée avec l'espèce cultivée pour la création d'un hexaploïde. Cette méthode est plus facile à réaliser que la première parce que le croisement entre espèces diploïdes est plus difficile que celui d'une espèce diploïde et une espèce tétraploïde (Figure 2).

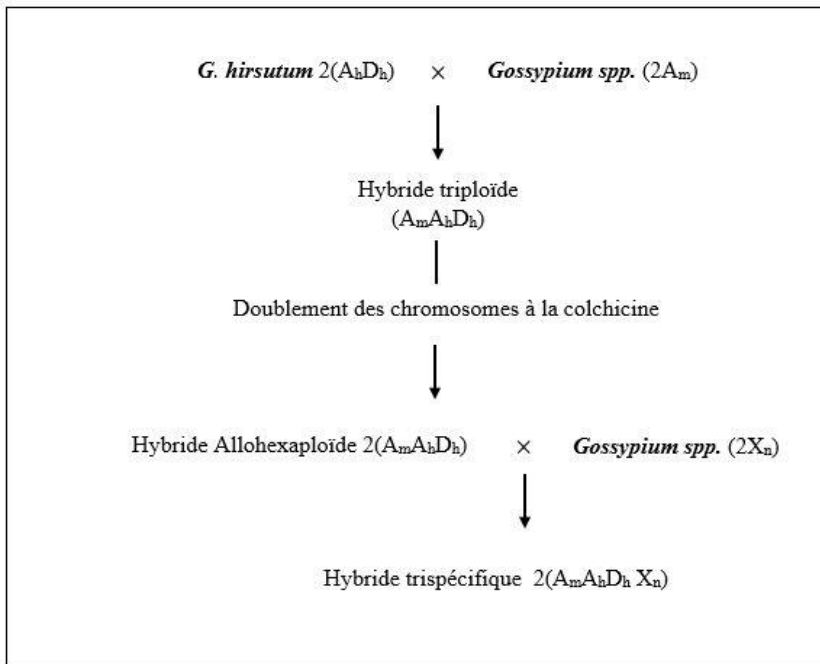


Figure 3. La méthode pseudophylétique d'introgession

Toutes ces deux méthodes sont trispécifiques et conduisent à la production d'un hybride diploïde pour la première et d'un hybride triploïde pour la deuxième. Tous ces deux hybrides sont stériles d'où la nécessité du doublement de leur chromosome par la colchiploïdisation pour la production d'un allotétraploïde (i) qui sera croisée avec l'espèce receveuse et d'un allohexaploïde (ii) avec l'espèce donneuse.

La troisième méthode dite aphyllétique est bispécifique, elle n'implique qu'une seule espèce diploïde qui est croisée avec l'espèce cultivée. Le triploïde obtenu est aussi colchiploïdisé pour avoir un hexaploïde qui sera ensuite croisé avec l'espèce cultivée pour produire un pentaploïde (Figure 3).



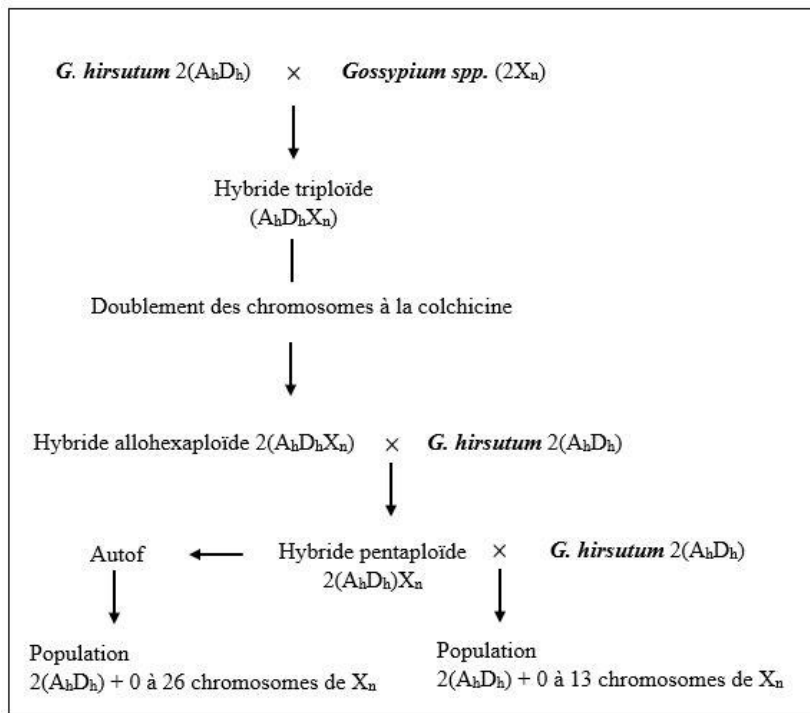


Figure 4. La méthode aphyllétique d'introgression

La production de lignées monosomiques d'addition (LMA) s'obtient par des rétrocroisements de ce pentaploïde avec l'espèce tétraploïde ou des autofécondations de ce pentaploïde et de ses descendants. Elles sont formées par l'ajout d'un ou de plusieurs chromosomes hétérologues d'une espèce donneuse au génome de l'espèce receveuse (Meng et *al.*, 2020). Les LMA quant à elles possèdent en plus du jeu chromosomique normal de l'espèce receveuse, un seul chromosome additionnel de l'espèce donneuse. Le nombre de LMA pouvant être obtenu dépend du nombre haploïde de chromosome de l'espèce considérée. Ainsi, pour chaque espèce diploïde sauvage du genre *Gossypium*, il est possible d'obtenir (théoriquement) treize lignées monosomiques d'addition.

### 1.2.3 L'AMÉLIORATION GÉNÉTIQUE DU COTONNIER PAR L'UTILISATION DE LA MÉTHODE DES LMA

Les LMA font l'objet d'un usage très large notamment dans l'étude des appariements de chromosomes exogènes, du transfert de gènes, de la cartographie génétique, du développement de marqueurs moléculaires, de la structure du génome, de l'évolution, de la recombinaison, de la microdissection et de la construction de bibliothèques de chromosomes spécifiques (Meng et *al.*, 2020). Ainsi, avec l'utilisation de la méthode des LMA, d'innombrables travaux d'introgression interspécifique de gènes ont été largement réalisés, durant ces dernières décennies, sur la pomme de terre (Ali et *al.*, 2001), la tomate (Ji & Chetelat, 2003), le maïs

(Kishii et al., 2004), le cotonnier (Chen et al., 2014), le riz (Hechanova et al., 2018), le tabac (Dang et al., 2019), afin d'apporter des solutions génétiques aux différents problèmes que posent les maladies, les parasites et les facteurs abiotiques sur les cultures.

Comparée aux méthodes d'amélioration conventionnelles, la méthode des LMA constitue un outil puissant et précis pour le transfert de gènes entre la principale espèce de cotonnier cultivé et les autres espèces du genre, même celles qui sont phylétiquement très éloignées. Cependant le succès de la méthode dépend de la fertilité du pentaploïde produit qui varie suivant les espèces du genre (Hau, 1981a).

Grâce à la méthode des LMA, la ténacité et l'élasticité des fibres ont été améliorées chez la principale espèce de cotonnier cultivé avec des LMA de *G. hirsutum* isolées à partir de *G. areysianum* (Mergeai, 2006).

### **1.3 CARACTERISTIQUES AGRO-MORPHOLOGIQUES DES LMA DANS LE GENRE *GOSSYPIMUM* L.**

Dans le genre *Gossypium*, les caractéristiques morphologiques des LMA sont très variables. Cette variabilité est due à la présence du chromosome additionnel. En effet, les modifications sur le phénotype de la plante MA peuvent être provoquées, d'une part, par l'expression de nouveaux allèles présents sur le chromosome supplémentaire et d'autre part, par une modification du mode de fonctionnement de la plante liée au surplus d'allèles (Hau, 1981b). Généralement, les plantes MA ont une croissance lente comparée à celle de l'espèce cultivée. Même si elles ressemblent beaucoup plus à l'espèce receveuse qu'à l'espèce diploïde donneuse, les plantes MA peuvent différer des parents sur le mode de croissance, la taille des plantes, la forme et la longueur des feuilles, la taille des capsules, la couleur des fleurs, des feuilles, des fibres, la fertilité du pollen etc. (Chen et al., 2014 ; Wang et al., 2016 ; Tang et al., 2018). La morphologie est très utile pour identifier les plantes MA dans la mesure où elle peut fournir un marqueur permettant d'identifier la présence du chromosome additionnel sans recourir aux techniques onéreuses et laborieuses de la cytogénétique et des marqueurs moléculaires. La combinaison de ces trois techniques a permis de réaliser le tout premier isolement de toutes les lignées d'addition des chromosomes de l'espèce *G. australe* sur la principale espèce cultivée (Chen et al., 2014).

A côté de son utilité pour l'identification de plantes possédant un chromosome surnuméraire, l'analyse des caractéristiques de LMA chez le genre ont permis d'identifier des gènes d'intérêt portés par le chromosome additionnel (Tableau 1).

Tableau 1. Caractères d'intérêt qui peuvent être potentiellement transférés à partir des espèces diploïdes de *Gossypium* L.

Espèces diploïdes	Caractères d'intérêt identifié
<i>G. anomalum</i> , <i>G. stocksii</i> , <i>G. areysianum</i> et <i>G. longicalyx</i>	Augmentation de la longueur des fibres
<i>G. thurberi</i> , <i>G. harknessii</i> , <i>G. raimondii</i> et <i>G. aridum</i>	Amélioration de la ténacité des fibres
<i>G. stocksii</i> et <i>G. areysianum</i>	Amélioration de la résistance et de l'élasticité des fibres, Résistance à la sécheresse
<i>G. areysianum</i>	Améliorations de la finesse et de la maturité des fibres
<i>G. anomalum</i> , <i>G. sturtianum</i> , <i>G. australe</i> , <i>G. stocksii</i> et <i>G. areysianum</i>	L'augmentation du rendement à l'égrenage
<i>G. australe</i>	Limite de la pourriture des capsules, diminution de la taille des bractées
<i>G. longicalyx</i>	Contre les attaques des nématodes réniformes
Les espèces diploïdes des génomes C et G	Inhibition de la synthèse du gossypol uniquement dans la graine

Source : (Mergeai, 2006)

## 1.4 TRANSMISSION DU CHROMOSOME SURNUMERAIRE CHEZ LES LMA

La réussite de l'introgression interspécifique réside dans la transmission des gènes d'intérêt de l'espèce donneuse à celle cultivée par la recombinaison entre les chromosomes homéologues. Cependant, la distorsion de la transmission et l'absence de recombinaisons peuvent restreindre le transfert de gènes et réduire ou empêcher la récupération des produits génétiques désirables (Xu, 2014). Aussi, la forme sous laquelle le chromosome additionnel est transmis, complet ou altéré, peut avoir un effet sur la recombinaison ou non des chromosomes homoélogues. Dans le genre *Gossypium*, les taux de transmission du chromosome additionnel obtenus sont souvent faibles en raison de la faible transmission du gamète n+1 (Sanamyan et al., 2011). Par ailleurs, des taux de transmission élevés de 96,5% et de 100% ont été respectivement retrouvés par Chen et al., (2014), Sarr et al. (2011) sur des LMA de *G. australe* sur *G. hirsutum*. Ces taux élèves

signifient que les chromosomes additionnels ont été transmis de manière préférentielle (Becerra et *al.*, 2007).

Par rapport à la transmission des chromosomes surnuméraires par les gamètes, les meilleurs taux ont été enregistrés avec l'ovule. En effet, le pollen est sensible au déséquilibre génique ; par conséquent il est moins tolérant que l'ovule (Hau 1982 ; Mergeai et *al.*, 1993).

## PARTIE 2 : MATERIEL ET METHODES

### 2.1 PRESENTATION DE LA ZONE D'ETUDE

L'étude a été menée dans la région de Ziguinchor, précisément dans la commune de Ziguinchor. Limitée au Nord par la République de Gambie, au Sud par la République de Guinée Bissau, à l'Est par les régions de Kolda et Sédhiou et à l'Ouest par l'Océan Atlantique, elle est située à 12°33' Latitude Nord et 16°16' de Longitude Ouest avec une superficie de 7339km<sup>2</sup> soit 3,73% du territoire national (ANSD/SRSD, 2020). La ville fait partie de l'une des villes les plus pluvieuses du pays avec une pluviométrie et une température interannuelles estimées respectivement à 1310,54 mm et 27°C entre 1981 et 2018 (Dasylya *et al.*, 2019). Les expériences ont été menées à la ferme d'exploitation du département d'Agroforesterie de l'Université Assane Seck de Ziguinchor (Figure 5). Les coordonnées du lieu d'implantation du dispositif expérimental sont : Latitude (12,549007) ; Longitude (-16,278056).

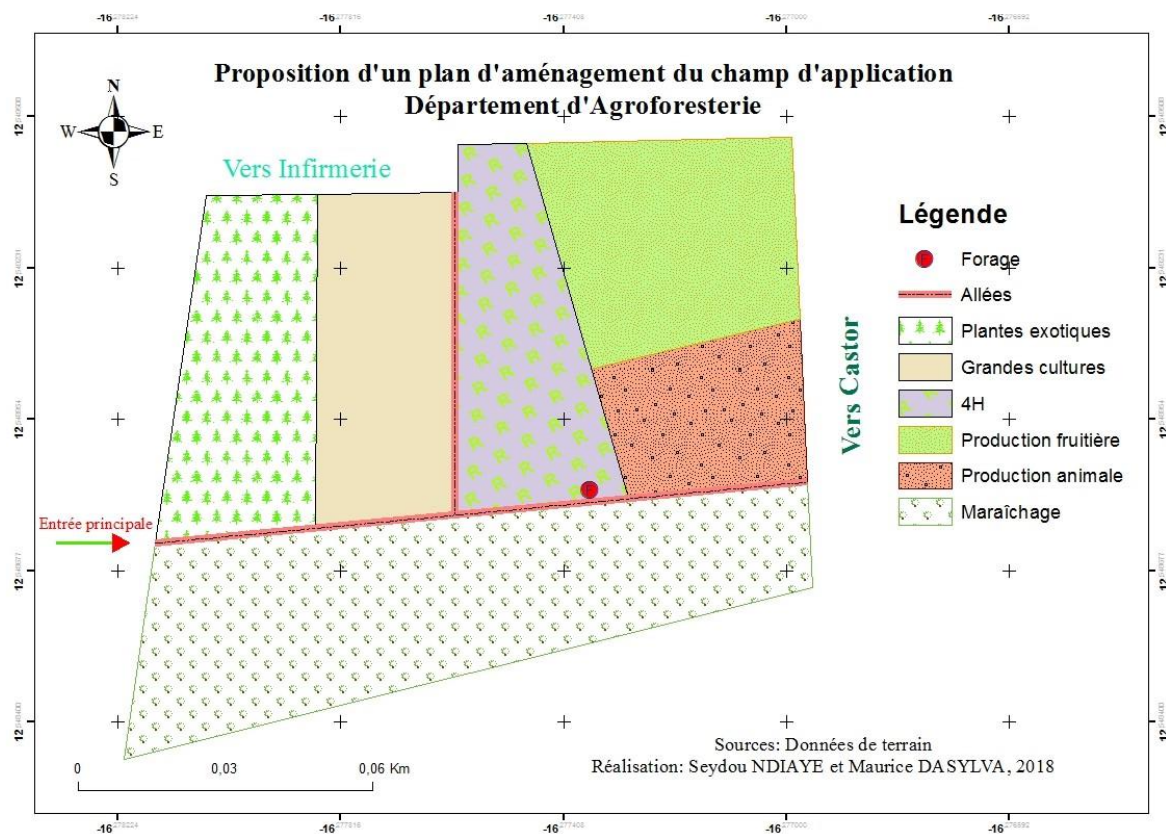


Figure 5. Ferme d'exploitation du département de l'Agroforesterie  
Source (Seydou NDIAYE et Maurice DASYLVA, 2016)

### 2.2 CARACTERISTIQUES DU SOL

Le Tableau 2 présente les propriétés physico-chimiques du sol.

Tableau 2. Propriétés physico-chimiques du sol

<b>pH eau 1/ 2,5</b>	7,1
<b>CE 1/10 <math>\mu\text{s}/\text{Cm}</math></b>	37
<b>%C</b>	0,585
<b>MO %</b>	1,009
<b>N %</b>	0,064
<b>C/N</b>	9,1
<b>Ca meq/100g</b>	1,725
<b>Mg meq/100g</b>	0,375
<b>Na meq/100g</b>	0,328
<b>K meq/100g</b>	0,032
<b>P ppm</b>	8
<b>S meq/100g</b>	2,46
<b>CEC meq/100g</b>	10

### 2.3 MATERIEL VEGETAL

Le matériel végétal utilisé dans cette étude est constituée de 3 lignées monosomiques d'addition de *G. australe* sur *Gossypium hirsutum* L. (G<sub>2</sub>I, G<sub>2</sub>III et G<sub>2</sub>IV). Elles ont été isolées à partir de la variété togolaise Stam F. Ces lignées correspondent à celles comprenant respectivement les chromosomes de *G. australe* homéologues des chromosomes c10-c20, c6-c25 et c9-c16 de *G. hirsutum*. Pour la caractérisation phénologique et agro-morphologique 13 plantes de G<sub>2</sub>I, 72 de G<sub>2</sub>III et 35 de G<sub>2</sub>IV ont été étudiées.

Chez la lignée G<sub>2</sub>I, le chromosome additionnel correspond au chromosome de *G. australe* qui est l'homéologue de la paire de chromosomes c10-c20 de *G. hirsutum*. Les plantes de cette lignée se caractérisent par de petites feuilles et capsules et apparait sous un aspect buissonnant (Figure 5).

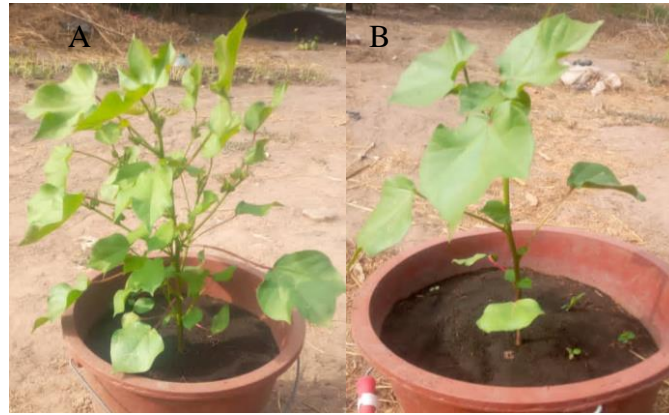


Figure 6. Différence phénotypique entre G<sub>2</sub>I (A) et une plante euploïde (B)

La lignée G<sub>2</sub>III correspond à celle comprenant le chromosome de *G. australe* homéologue des chromosomes c6-c25 de *G. hirsutum*. La présence du chromosome additionnel se manifeste par une coloration brune de la fibre à la place de la couleur blanche (Figure 6).



Figure 7. Variation de la couleur des fibres

La lignée G<sub>2</sub>IV correspond à celle comprenant le chromosome de *G. australe* homéologue des chromosomes c9-c16 de *G. hirsutum*, le chromosome additionnel se manifeste par l'apparition des fleurs (pétales) roses au lieu de la couleur crème (Figure 7).



Figure 8. Variation de la couleur des pétales

## 2.4 CONDUITE DE L'ESSAI

Les graines des différentes lignées ont été semées le 30 juin 2020 dans des poquets espacés d'un mètre entre les lignes et sur la ligne.

Une dose de 40 kg de N/ha, de 75 kg de P/ha et de 75 kg de K/ha a été appliquée au 15e, 30e et 45e JAS. De l'engrais foliaire, FOLIAG C NPK (7-22-7) + oligoélément, a été utilisé les 85e et 95e JAS à la dose de 25 ml pour 15L d'eau.

Un traitement insecticide a été effectué avec du Décis (deltaméthrine), au 100e JAS, et du Titan 25 (acétamipride), au 150e JAS.

## 2.5 DISPOSITIF EXPERIMENTAL

Un dispositif complètement randomisé a été utilisé (Figure 8). Le facteur étudié est la descendance des lignées monosomiques d'addition avec une plante comme unité expérimentale.

G <sub>2</sub> III_24	G <sub>2</sub> III_56	G <sub>2</sub> IV_6	G <sub>2</sub> III_50	G <sub>2</sub> III_39	G <sub>2</sub> III_67	G <sub>2</sub> III_54	G <sub>2</sub> III_71	G <sub>2</sub> III_43	G <sub>2</sub> IV_35
G <sub>2</sub> IV_23	G <sub>2</sub> III_30	G <sub>2</sub> IV_14	G <sub>2</sub> IV_12	G <sub>2</sub> III_42	G <sub>2</sub> III_18	G <sub>2</sub> IV_19	G <sub>2</sub> IV_4	G <sub>2</sub> III_25	G <sub>2</sub> III_45
G <sub>2</sub> I_8	G <sub>2</sub> III_62	G <sub>2</sub> IV_8	G <sub>2</sub> IV_13	G <sub>2</sub> III_2	G <sub>2</sub> IV_29	G <sub>2</sub> IV_27	G <sub>2</sub> III_48	G <sub>2</sub> IV_11	G <sub>2</sub> IV_7
G <sub>2</sub> III_61	G <sub>2</sub> I_9	G <sub>2</sub> III_15	G <sub>2</sub> III_32	G <sub>2</sub> I_11	G <sub>2</sub> IV_10	G <sub>2</sub> III_69	G <sub>2</sub> IV_2	G <sub>2</sub> III_37	G <sub>2</sub> IV_33
G <sub>2</sub> III_11	G <sub>2</sub> I_6	G <sub>2</sub> III_13	G <sub>2</sub> IV_30	G <sub>2</sub> III_65	G <sub>2</sub> III_6	G <sub>2</sub> IV_24	G <sub>2</sub> III_59	G <sub>2</sub> IV_34	G <sub>2</sub> III_55
G <sub>2</sub> III_35	G <sub>2</sub> IV_18	G <sub>2</sub> IV_22	G <sub>2</sub> III_16	G <sub>2</sub> IV_5	G <sub>2</sub> III_47	G <sub>2</sub> III_44	G <sub>2</sub> III_60	G <sub>2</sub> III_3	G <sub>2</sub> III_21
G <sub>2</sub> III_36	G <sub>2</sub> III_14	G <sub>2</sub> IV_32	G <sub>2</sub> III_33	G <sub>2</sub> IV_31	G <sub>2</sub> IV_28	G <sub>2</sub> III_1	G <sub>2</sub> III_28	G <sub>2</sub> III_27	G <sub>2</sub> III_19
G <sub>2</sub> III_38	G <sub>2</sub> I_3	G <sub>2</sub> IV_20	G <sub>2</sub> IV_16	G <sub>2</sub> III_9	G <sub>2</sub> III_22	G <sub>2</sub> III_26	G <sub>2</sub> I_10	G <sub>2</sub> III_31	G <sub>2</sub> IV_21
G <sub>2</sub> I_2	G <sub>2</sub> III_40	G <sub>2</sub> IV_3	G <sub>2</sub> IV_1	G <sub>2</sub> I_12	G <sub>2</sub> III_68	G <sub>2</sub> III_70	G <sub>2</sub> III_7	G <sub>2</sub> III_20	G <sub>2</sub> III_10
G <sub>2</sub> I_13	G <sub>2</sub> I_1	G <sub>2</sub> III_63	G <sub>2</sub> III_64	G <sub>2</sub> III_66	G <sub>2</sub> III_53	G <sub>2</sub> IV_25	G <sub>2</sub> III_5	G <sub>2</sub> III_52	G <sub>2</sub> I_7
G <sub>2</sub> I_5	G <sub>2</sub> III_58	G <sub>2</sub> III_23	G <sub>2</sub> III_51	G <sub>2</sub> IV_17	G <sub>2</sub> IV_15	G <sub>2</sub> I_4	G <sub>2</sub> III_12	G <sub>2</sub> III_72	G <sub>2</sub> III_8
G <sub>2</sub> III_4	G <sub>2</sub> III_17	G <sub>2</sub> IV_9	G <sub>2</sub> III_49	G <sub>2</sub> III_29	G <sub>2</sub> IV_26	G <sub>2</sub> III_57	G <sub>2</sub> III_34	G <sub>2</sub> III_46	G <sub>2</sub> III_41

Figure 9. Schéma du dispositif expérimental

## 2.6 PARAMETRES QUALITATIFS OBSERVES

La couleur du pollen (CPol), du linter (CL) ainsi que la densité du linter (DL) sur la graine après égrenage sont les différents paramètres qualitatifs qui ont été évalués.



La couleur du pollen a été observée durant la période de floraison. La couleur du linter et sa densité sur la graine ont été observées après la récolte.

## **2.7 PARAMETRES QUANTITATIFS MESURES**

Les paramètres quantitatifs mesurés permettent de décrire la morphologie, le cycle de développement et le rendement.

### **2.7.1. La morphologie**

La hauteur de la tige principale (**HTP**), le nombre de nœuds sur la tige principale (**NTP**), la hauteur d'entre-nœud (**HN**), le nombre de branches végétatives (**NBV**), la longueur de la plus longue branche végétative (**LBV**), la longueur de la plus longue branche fructifère (**LBF**) et le rapport **HTP/NTP** sont les paramètres mesurés pour décrire la morphologie.

Les nœuds cotylédonaire ont été considérés comme le niveau zéro pour la mesure de la hauteur principale et le comptage du nombre de nœuds sur la tige.

### **2.7.2. Durée du Cycle de développement**

Le nombre de jours avant l'ouverture de la première fleur (**NJF**), le nombre de jours avant l'ouverture de la première capsule (**NJC**) et la précocité de production en coton graine (**PP**) ont été utilisés pour estimer la durée du cycle de développement.

Le nombre de jours avant l'ouverture de la première fleur et le nombre de jours avant l'ouverture de la première capsule, sont les intervalles de temps qui se situent, respectivement, entre la date de semis et la date d'ouverture de la première fleur, d'une part, et entre la date de semis et la date d'ouverture de la première capsule.

La précocité de production en coton-graine (**R1/RT**) est le rapport en pourcentage entre une première récolte faite à 155 JAS (**R1**) et une deuxième récolte après l'ouverture de toutes les capsules (**RT**).

### **2.7.3. Rendement et ses composantes**

La récolte du coton graine à 155 jours après semis (**R1**), la récolte totale du coton graine après ouverture de toutes les capsules (**RT**), le poids des fibres (**PF**), le poids des graines après égrenage (**PG**), le poids des 100 graines (**P100G**), le poids moyen de coton graine (**PMC**) sont les paramètres qui ont été utilisés pour estimer le rendement.

Le poids des fibres a été calculé par la relation  $PF = RT - PG$ .

Le poids des 100 graines a été mesuré après délintage des graines avec de l'acide sulfurique (98%) Figure 9.

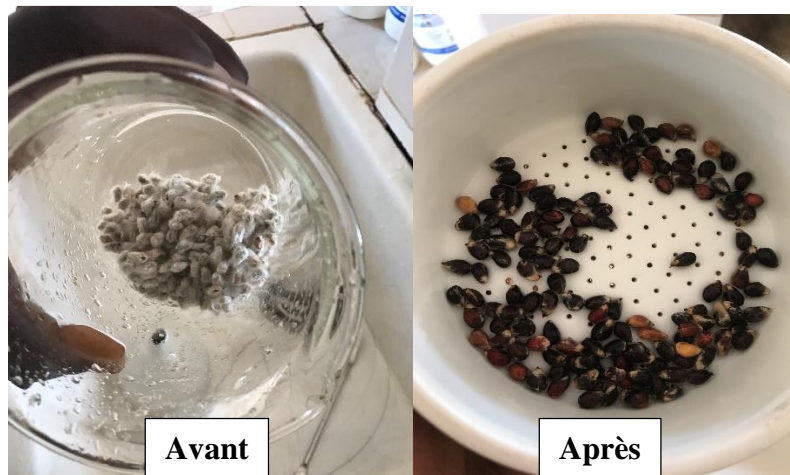


Figure 10. Graines de cotonnier avant et après délintage avec de l'acide sulfurique

## 2.8 TAUX DE TRANSMISSION DU CHROMOSOME ADDITIONNEL

Le taux de transmission du chromosome additionnel par autofécondation et par chaque type de gamète (mâle et femelle) a été évalué chez la lignée G<sub>2</sub>IV. Les graines issues de l'autofécondation et des croisements ont été ensuite semées et suivies. Le choix de cette lignée a été faite sur la base de son marqueur et de sa fertilité. L'identification des plantes avec un chromosome additionnel s'est basée sur le marqueur morphologique qu'est la couleur de la fleur. Les proportions suivantes sont attendus : 50% de plantes MA et 50% de plantes euploïdes en autofécondation ; 75% de plantes MA et 25 % pour le croisement sur les deux sens.

### 2.8.1 L'AUTOFECONDATION

Le soir du jour qui précède l'ouverture de la fleur, de la colle est mise sur le bout des boutons floraux afin d'empêcher leur ouverture. Une étiquette est ensuite placée sur la fleur pour identifier cette fleur autofécondée.

### 2.8.2 LES CROISEMENTS

La castration des fleurs du parent pris comme femelle (MA ou *G. hisutum*) est effectuée la veille du jour de l'ouverture des boutons floraux pour empêcher l'autofécondation. Après la castration, la fleur est recouverte par une enveloppe pour éviter le dépôt de pollen sur le stigmate.

Pour le parent mâle (MA ou *G. hirsutum*), la fleur qui sera utilisée pour la pollinisation est ligaturée pour la protéger de la pollution des autres pollens étrangers.

La pollinisation a été pratiquée dans la matinée du jour qui suit le jour de la castration.

A la fin des opérations, chaque fleur a été étiquetée, de manière à la distinguer des autres fleurs.



Figure 11. L'évolution d'une fleur castrée à la formation d'une capsule

## 2.9 ANALYSES STATISTIQUES

Les données morphologiques ont été soumises à une ANOVA en utilisant le test F de Fisher au seuil de 5%. Lorsque la différence est significative le test de comparaison de moyennes de Student Newman Keuls au seuil de 5 % a été effectué.

Pour les taux de transmission du chromosome additionnel, le test non paramétrique du  $\chi^2$  a été utilisé pour évaluer la qualité de l'ajustement entre les taux obtenus et les taux attendus.

Le logiciel IBM SPSS Statistiques 23 a été utilisé pour le traitement des données.

## PARTIE 3 : RESULTATS ET DISCUSSION

### 3.1 RESULTATS

#### 3.1.2 LES CARACTÈRES PHENOLOGIQUES ET AGRO-MORPHOLOGIQUES

##### 3.1.2.1 LES PARAMETRES QUALITATIFS

###### Couleur du pollen

L'observation de la couleur du pollen révèle que toutes les plantes de G<sub>2</sub>I présentent un pollen de couleur jaune. Quant à celles de G<sub>2</sub>IV, elles sont toutes de couleur blanche (Figure 11). Pour la LMA G<sub>2</sub>III, 60% des plantes ont un pollen de couleur jaune et 40% de couleur blanche. Chez les plantes euploïdes, 71,67% des plantes issues de la lignée G<sub>2</sub>III ont un pollen de couleur blanche contre 28,33% de couleur jaune. Pour celles qui sont issues de la lignée G<sub>2</sub>IV, 95,24% des plantes ont un pollen blanc et 4,76% de couleur jaune.

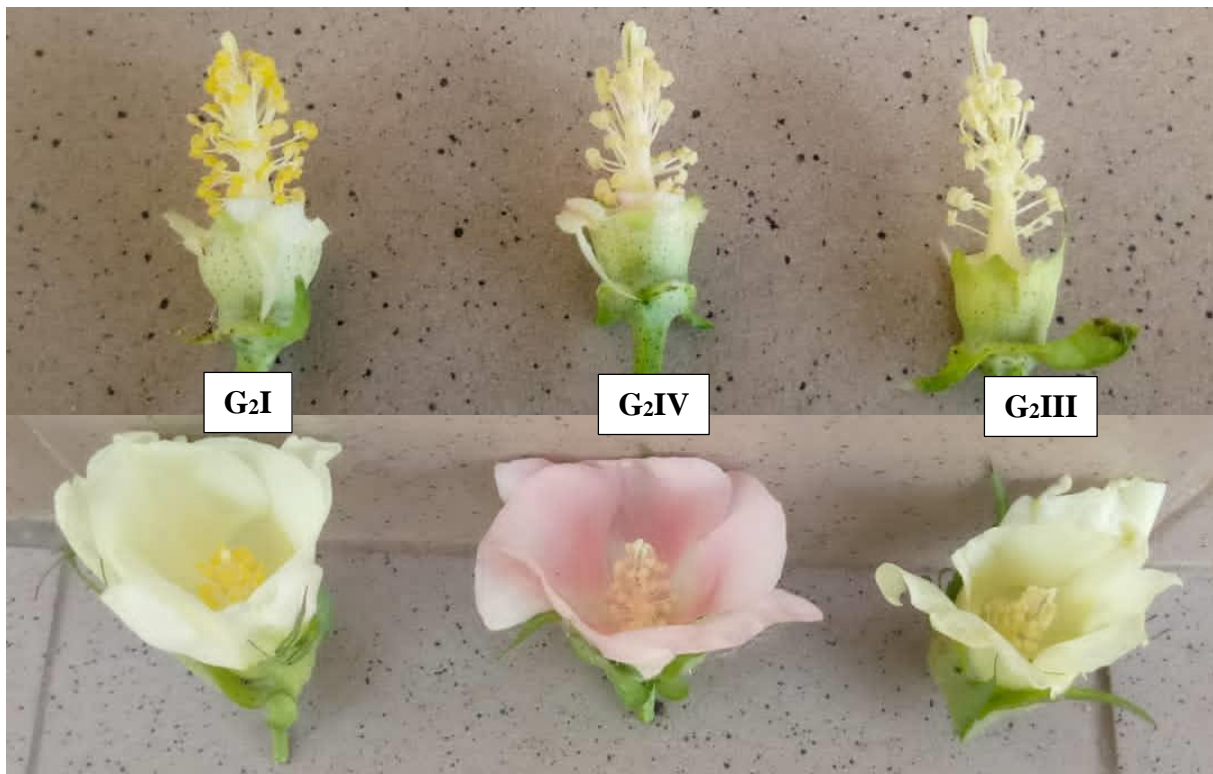


Figure 12. La variation de la couleur du pollen et des pétales chez les trois LMA

Ces résultats montrent que la couleur du pollen ne peut pas être utilisée comme marqueur morphologique pour distinguer les lignées.

###### Présence et couleur du linter

Les plantes de la lignée G<sub>2</sub>III ont un linter peu dense, de couleur grise. Pour la LMA G<sub>2</sub>IV, il est comptabilisé 66,7% de plantes avec un linter de densité élevée et de couleur blanche contre

33,3% de plantes avec un linter de densité moyenne et de couleur grise. Pour les plantes euploïdes issues de G<sub>2</sub>IV, les pourcentages obtenus sont inverses de ceux de G<sub>2</sub>IV (Figure 12).

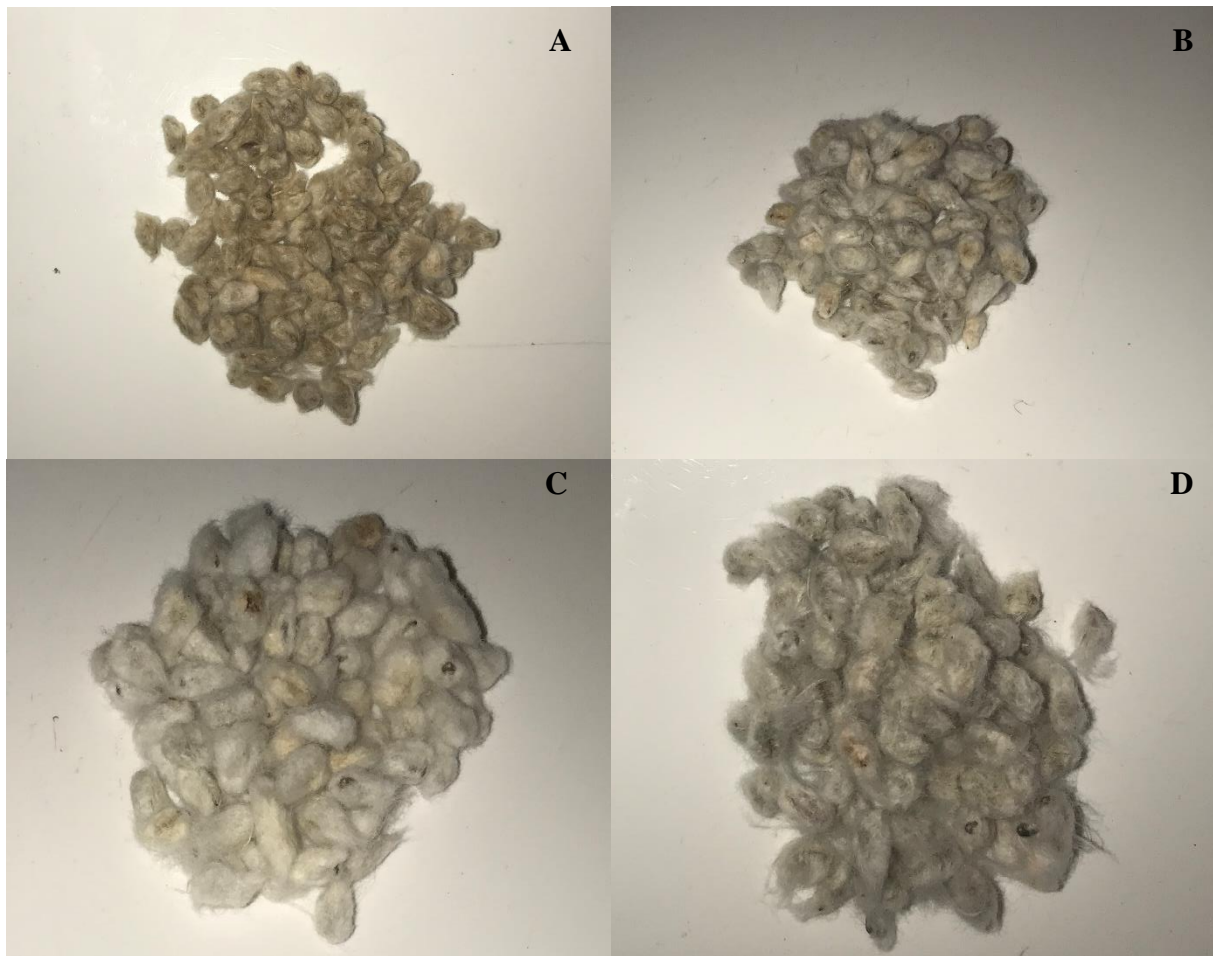


Figure 13. Présence et densité du linter chez les LMA G<sub>2</sub>III (A), G<sub>2</sub>IV (B et C) et la plante euploïde (D)

En dehors des paramètres qualitatifs évalués, le caractère « stormproof boll », l'état d'une capsule semi-ouverte, a été observé chez la LMA G<sub>2</sub>IV.

### 3.1.2.2 PARAMETRES QUANTITATIFS

#### La morphologie

L'analyse de variance révèle une différence significative entre les génotypes par rapport à la hauteur de la tige principale ( $P= 0,04$ ), au nombre de nœuds sur la tige principale ( $P=0,01$ ) et au nombre de branches végétatives ( $P= 0,043$ ).

Le test de comparaison de moyennes montre que cette différence est observable entre la plante euploïde et G<sub>2</sub>III MA ( $P= 0,028$ ) pour la hauteur de la tige principale (Figure 12). La plus grande moyenne,  $\bar{X}= 92,73$  cm, a été obtenue avec la plante euploïde. Pour ce qui est du nombre de nœuds sur la tige principale et le nombre de branches végétatives, cette différence est entre la

LMA G<sub>2</sub>I et les LMA G<sub>2</sub>III (P= 0,011) et G<sub>2</sub>IV (P= 0,024). G<sub>2</sub>I a le nombre de nœuds et le nombre de branches végétatives le plus élevé ( $\bar{X}$ = 31 nœuds ;  $\bar{X}$ = 6 branches).

Contrairement à la longueur de la plus longue branche végétative, (P= 0,396), à la longueur de la plus longue branche fructifère, (P= 0,107), et à la hauteur entrenœud, (P= 0,075), les probabilités observées ne sont pas significatives.

Donc par rapport à la morphologie, la LMA G<sub>2</sub>I est différente des lignées G<sub>2</sub>III et G<sub>2</sub>IV par le nombre de nœuds sur la tige principale et le nombre de branche végétative. Mais, elles ne se distinguent pas par rapport à la hauteur de la tige principale, à la longueur des branches végétatives et fructifères, ainsi que la hauteur d'entrenœuds.

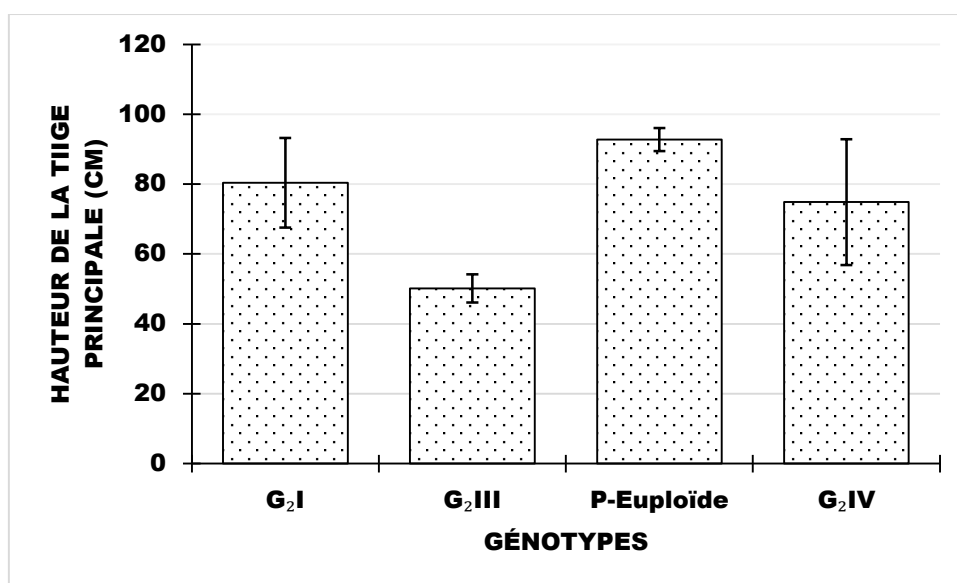


Figure 14. La différence entre les génotypes par rapport à la hauteur de la tige principale. Les barres d'erreur signifient l'écart type.

### La durée du cycle de développement

Pour la précocité de production de coton graine (P= 0,579) et le nombre de jours avant l'ouverture de la première fleur (P= 0,176), les génotypes ne sont pas significativement différents (Figure 13) tandis que pour le nombre de jours avant l'ouverture de la première capsule (P= 0,023) la différence est significative. Dans ce dernier cas, la LMA G<sub>2</sub>I s'avère être la plus tardive puisqu'après plus de 200 JAS aucune capsule n'avait encore été récoltée. La probabilité entre G<sub>2</sub>III et la plante euploïde est aussi significativement différente.

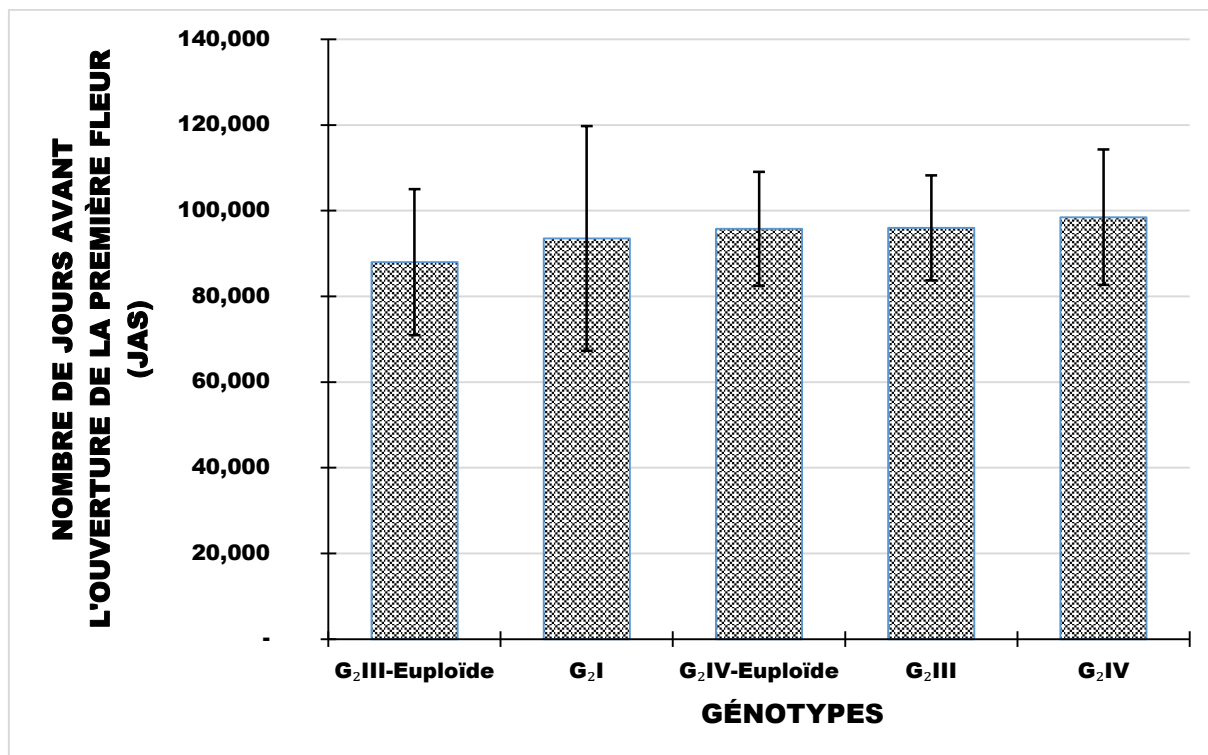


Figure 15. Le nombre de jours avant l'ouverture de la première fleur en fonction des génotypes. Les barres d'erreur représentent l'écart type.

### Le rendement et ses composantes

En ce qui concerne le rendement et ses composantes, la différence entre génotypes n'est pas significative pour le poids moyen capsulaire ( $P=0,287$ ) et le poids des 100 graines ( $P=0,768$ ), contrairement à la première récolte ( $P=0,003$ ), au poids des fibres ( $P=0,047$ ), au poids des graines ( $P=0,012$ ), à la récolte totale ( $P=0,013$ ) et au nombre de capsules récoltées par plante ( $P=0,04$ ). Les comparaisons multiples confirment les différences entre la plante euploïde et les LMA G<sub>2</sub>III ( $P=0,003$ ) et G<sub>2</sub>IV ( $P=0,006$ ) par rapport à la première récolte (Figure 14). Pour le poids des fibres ( $P=0,043$ ), le poids des graines ( $P=0,011$ ), la récolte après ouverture totale de toutes les capsules ( $P=0,012$ ), le nombre de capsules récoltés par plante ( $P=0,034$ ), les différences observées sont entre la plante euploïde et G<sub>2</sub>III.

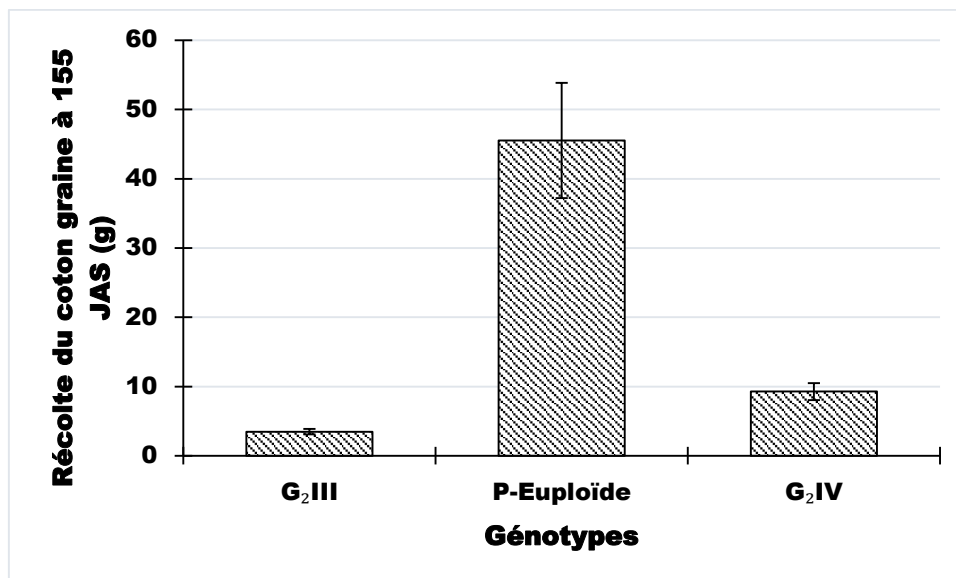


Figure 16. La récolte du coton graine à 155 en fonction des génotypes

Les barres d'erreur représentent l'écart type.

Donc le rendement ne varie pas suivant les LMA G<sub>2</sub>III et G<sub>2</sub>IV et le meilleur reste celui de la plante euploïde.

### 3.1.3 TAUX DE TRANSMISSION DU CHROMOSOME SURNUMÉRAIRE

#### 3.1.3.1 Transmission en autofécondation

Le taux de transmission en autofécondation du chromosome additionnel de la lignée G<sub>2</sub>IV (27,87%), est différent du taux de transmission théorique attendu (50%). Le test d'ajustement khi-deux révèle une différence très hautement significative ( $\chi^2 = 41,32$  ;  $P = 1,2926 \cdot 10^{-10}$ ).

#### 3.1.3.2 Transmission en croisement

Les taux de transmission du chromosome additionnel par les gamètes femelles (20,63%) et mâles (5,59%) sont aussi différents de ceux attendus (50%), ( $\chi^2 = 112,79$  ;  $P < 0,001$ ) pour les gamètes mâles et ( $\chi^2 = 21,73$  ;  $P < 0,001$ ) pour les gamètes femelles. Ces résultats signifient que le chromosome additionnel est faiblement transmis.

En outre un test d'indépendance montre que dans la transmission du chromosome surnuméraire il n'y a pas de différence significative entre le taux d'autofécondation et celui de la transmission par le gamète femelle ( $\chi^2 = 0,884$  ;  $P = 0,347$ ) Figure 16. Par contre il existe une différence significative entre ces taux et celui de la transmission par le gamète mâle ( $\chi^2 = 19,73$  ;  $P < 0,001$ ) Figure 17. Ces résultats montrent que la transmission du chromosome additionnel par l'autofécondation correspond essentiellement à la transmission du chromosome additionnel par l'ovule et que le gamète mâle transmette très peu le chromosome surnuméraire.



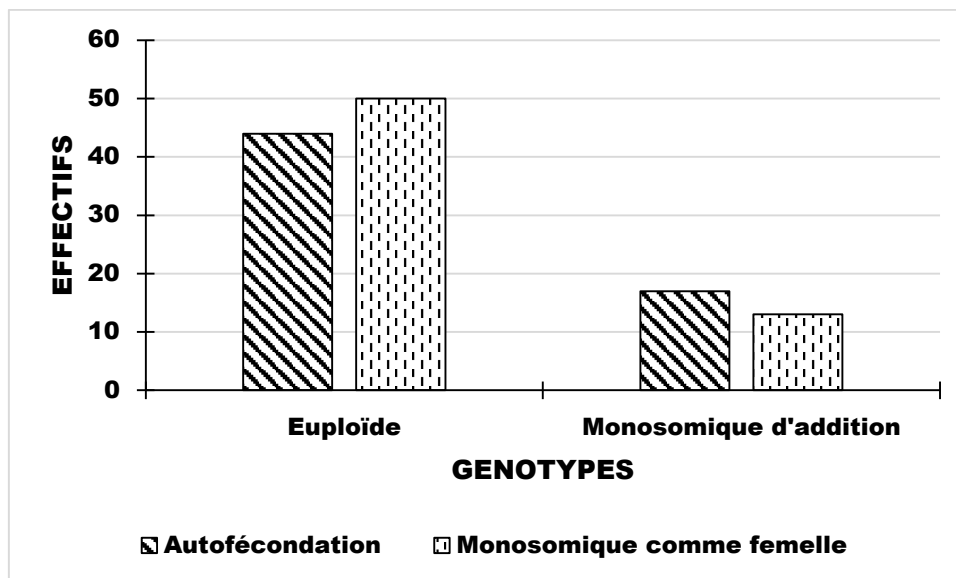


Figure 17. Les taux confondus de l'Autofécondation et de la LMA femelle en fonction des génotypes

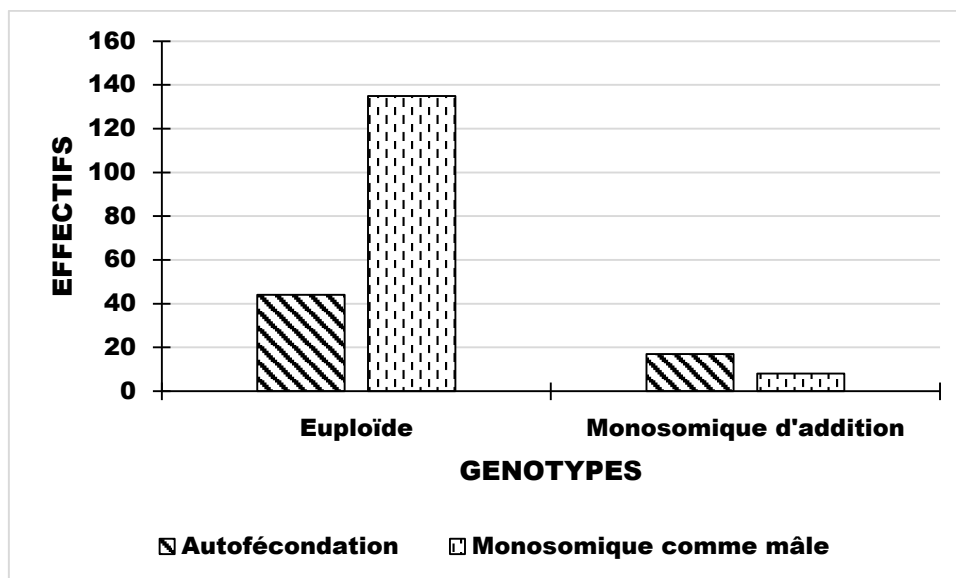


Figure 18. La différence entre les taux de l'Autofécondation et de la LMA mâle en fonction des génotypes

## 3.2 DISCUSSION

### 3.2.1 LES CARACTERES PHENOLOGIQUES ET AGRO-MORPHOLOGIQUES

Les caractères phénologiques et agro-morphologiques évalués sont différents pour les trois lignées monosomiques d'addition.

Par rapport aux paramètres qualitatifs, l'explication possible de la ségrégation observé avec la couleur du pollen serait l'existence de deux fonds génétiques différents au sein de cette population. Dès lors, cette variation de la couleur du pollen ne serait pas due à l'effet du

chromosome surnuméraire. De même que la présence du linter et sa couleur ne peuvent pas servir de marqueur pour l'identification des LMA.

Pour ce qui est de la morphologie les LMA se distinguent par le nombre de nœuds sur la tige principale avec la plus grande moyenne observée chez G<sub>2</sub>I ( $\bar{X}$  = 31 nœuds) et le nombre de branches végétatives ( $\bar{X}$  = 6 branches). La hauteur de la tige principale permet de faire la différence entre les plantes euploïdes et G<sub>2</sub>III ( $\bar{X}$  = 92,73 cm contre  $\bar{X}$  = 50,15 cm). Meng et al., (2020) ont obtenu des résultats similaires sur la taille entre les différentes LMA isolées à partir de l'espèce *G. anomalum* et la plante euploïde. Un nombre élevé de branches végétatives a été obtenu par Tang et al., (2018) avec une LMA semblable à G<sub>2</sub>I mais de petite taille (57 cm). Par opposition à ce que nous avons observé avec la hauteur des entre-nœuds ( $P > 0,05$ ), une différence a été obtenue avec trois LMA de *G. hirsutum* en Ouzbékistan. L'entre-nœuds des LMA est plus longue que celui de la plante euploïde (Sanamyan et al., 2010).

Par rapport au cycle de développement, aucune différence significative n'a été observée pour les trois paramètres étudiés (NJF, NJC et PP). Cependant, il peut être constaté que G<sub>2</sub>I est la LMA la plus tardive des trois avec un cycle très long. Etant donné que les trois LMA n'ont pas de différence sur le nombre de jours avant l'ouverture de la première fleur et que G<sub>2</sub>I n'a pas eu de capsule ouverte, donc la longueur du cycle de cette LMA serait liée à sa fertilité. En effet, les plantes de cette lignée produisent assez tôt des fleurs mais une grande partie de celles-ci avortent. Selon Hau, (1981), chez le genre *Gossypium* la fertilité des plantes monosomiques d'addition est réduite et l'une des actions du chromosome additionnel est l'augmentation du pourcentage d'ovules avortés à côté de la diminution du nombre de graines par capsules et le poids moyenne capsulaire. Par supposition, par rapport à la précocité de production, une différence aurait pu être décelée entre les LMA G<sub>2</sub>III et G<sub>2</sub>IV si la date de la première récolte était définie à 120 JAS au lieu de 155 JAS.

Enfin pour le rendement, celui de la plante euploïde est plus élevé que celui des deux LMA G<sub>2</sub>III et G<sub>2</sub>IV qui par ailleurs ne diffère pas entre elles. Des résultats similaires ont été obtenus par Meng et al., (2020) avec l'ensemble des LMA de *G. hirsutum* isolées à partir de *G. anomalum*.

### 3.2.2 TAUX DE TRANSMISSION DU CHROMOSOME SURNUMÉRAIRE

Les taux de transmission obtenus avec la LMA G<sub>2</sub>IV sont faibles et se situent en dessous des taux théoriques attendus. Mergeai (1992), cité par Sarr (2009), a dégagé un ensemble de d'hypothèses pouvant expliquer cette faible transmission du chromosome additionnel:

- une élimination du chromosome additionnel, suite aux irrégularités méiotiques, survenant lors de la formation des gamètes;
- une moindre viabilité des gamètes à n+1 par rapport aux gamètes à n ;
- une moindre compétitivité des gamètes à n+1 chromosomes par rapport aux gamètes à n chromosomes ;
- la perte des zygotes 2n+1 par avortement ;
- une moindre viabilité des jeunes plantes aneuploïdes ;

Le taux de transmission le plus élevé est observé avec le gamète femelle. Généralement dans le genre *Gossypium*, l'ovule tolère beaucoup plus que le pollen les déséquilibres géniques. Le même constat a été fait par divers auteurs sur des LMA de *G. hirsutum* isolées à partir des espèces *G. stocksii*, *G. areysianum* avec des taux de transmission allant de 4,2% à 18,4% pour le gamète mâle et de 26,3% à 31,6% pour le gamète femelle (Schwendiman, 1978 ; Mergeai et al., 1993). Jena et al., (1989) et Multani et al. (2003) ont eu à isoler, respectivement des LMA du riz, des espèces *Oryza officinalis* et *Oryza latifolia* sur *Oryza sativa*. Le même résultat a été obtenu avec des taux de transmissions de 1,7% à 14,6% pour le gamète mâle et de 6,6% à 35,5% pour le gamète femelle. La même chose a été aussi trouvée par Shigyo et al. (1998) sur des LMA de l'oignon, *Allium fistulosum* L. à partir de *Allium cepa* L., avec une moyenne de 2.6% des taux de transmission du gamète mâle et 19.8% des taux de transmission du gamète femelle. A côté de ces faibles taux de transmission enregistrés par le gamète femelle, des taux de transmission élevés (96, 5%) dépassant ceux attendus ont été obtenus avec le dixième chromosome de *G. australe* (10G<sup>a</sup>) additionnel sur *G. hirsutum* (Chen et al., 2014). Pour ce qui est des taux de transmission avec le gamète mâle, les valeurs obtenues restent toujours faibles. Par ailleurs, Sarr et al., (2011) ; Meng et al., (2020) ont obtenus respectivement des taux de transmission de 100% et de 51, 33% du chromosome additionnel, dépassant ceux attendus, avec les espèces *G. australe* et *G. anomalum* sur *G. hirsutum*.

## CONCLUSION ET PERSPECTIVES

Cette étude avait pour but de procéder à la caractérisation phénologique et agro-morphologique de trois lignées monosomiques d'addition et d'évaluer le taux de transmission du chromosome surnuméraire de l'une d'elles.

Pour la morphologie, les éléments se distinguent par le nombre de nœuds sur la tige principale et le nombre de branches végétatives. Pour le cycle de développement, elles se distinguent par le nombre de jours avant l'ouverture de la première capsule.

La couleur du pollen ne peut pas être utilisée comme marqueur morphologique qualitatif et la lignée G<sub>2</sub>IV présente le caractère « stormproof » (capsules à demi-ouvertes à la maturité), qui pourrait être introduite chez la principale espèce cultivée.

L'évaluation du taux de transmission du chromosome surnuméraire de G<sub>2</sub>IV révèle que les taux de transmission obtenus en autofécondation et en croisements (mâle et femelle) sont inférieurs aux taux théoriques et que le chromosome surnuméraire de G<sub>2</sub>IV est mieux transmis par le gamète femelle.

Néanmoins, l'envergure de cette étude n'ayant porté que sur le phénotype des lignées monosomiques d'addition, peut être augmentée avec l'utilisation des techniques modernes de la cytogénétique et des marqueurs moléculaires.

Dès lors, de nouvelles possibilités de recherche pourraient être explorées pour servir de complément à cette présente étude. Entre autres, nous pouvons :

- évaluer le taux de transmission du chromosome additionnel de G<sub>2</sub>III ;
- remplacer le fond génétique des lignées monosomiques d'addition avec celui des variétés cultivées au Sénégal;
- approfondir la caractérisation en augmentant les paramètres liés à la technologie des fibres (longueur de la fibre, ténacité...);
- faire des études cytogénétiques et/ou moléculaire pour vérifier l'existence de transfert de gènes issus des chromosomes surnuméraires vers l'espèce cultivée ;
- réaliser une caractérisation des lignées dans les zones de culture du cotonnier au Sénégal.

## REFERENCE BIBLIOGRAPHIQUES

- Ali, S. N. H., Ramanna, M. S., Jacobsen, E., & Visser, R. G. F. (2001). Establishment of a complete series of a monosomic tomato chromosome addition lines in the cultivated potato using RFLP and GISH analyses. *Theoretical and Applied Genetics*, *103*(5), 687–695. <https://doi.org/10.1007/s001220100652>
- ANSD/SRSD. (2020). Situation Economique et Sociale Regionale 2017-2018. *Service Régional de La Statistique et de La Démographie de Sédhiou*, 14–130.
- Aslam, S., Khan, S. H., Ahmed, A., & Dandekar, A. M. (2020). The Tale of Cotton Plant: From Wild Type to Domestication, Leading to Its Improvement by Genetic Transformation. *American Journal of Molecular Biology*, *10*(02), 91–127. <https://doi.org/10.4236/ajmb.2020.102008>
- Baudoin, J P, Louant, B. P., Demol, J., Maréchal, R., Otoul, É., & Mergeai, G. (2002). *Amélioration des plantes: application aux principales espèces cultivées en régions tropicales*. Presses Agronomiques de Gembloux. <https://books.google.fr/books?id=6ZKNigHohQgC>
- Baudoin, Jean Pierre. (2001). Contribution des ressources phytogénétiques à la sélection variétale de légumineuses alimentaires tropicales. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ*, *5*(4), 221–230.
- Beasley, J. O. (1941). Meiotic Chromosome Behavior in Species, Species Hybrids, Haploids, and Induced Polyploids of *Gossypium*. *Genetics*, *27*(1), 25–54. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17247031> <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=PMC1209149>
- Becerra Lopez-Lavalle, L. A., & Brubaker, C. L. (2007). Frequency and fidelity of alien chromosome transmission in *Gossypium* hexaploid bridging populations. *Genome*, *50*(5), 479–491. <https://doi.org/10.1139/G07-030>
- Brubaker, C. L., Brown, A. H. D., Stewart, J. M., Kilby, M. J., & Grace, J. P. (1999). *Production of fertile hybrid germplasm with diploid Australian *Gossypium* species for cotton improvement*. August. <https://doi.org/10.1023/A>
- Chen, Y., Wang, Y., Wang, K., & Zhu, X. (2014). *Construction of a complete set of alien chromosome addition lines from *Gossypium australe* in *Gossypium hirsutum*: morphological , cytological , and genotypic characterization*. 1105–1121. <https://doi.org/10.1007/s00122-014-2283-1>
- Chen, Y., Wang, Y., Wang, K., Zhu, X., Guo, W., Zhang, T., & Zhou, B. (2014). Construction

- of a complete set of alien chromosome addition lines from *Gossypium australe* in *Gossypium hirsutum*: morphological, cytological, and genotypic characterization. *Theoretical and Applied Genetics*, 127(5), 1105–1121. <https://doi.org/10.1007/s00122-014-2283-1>
- Crétenet, M., & Gourlot, J.-P. (2015). Le cotonnier. In *Les Cahiers d'Outre-Mer* (Vol. 20, Issue 78).
- Dang, J., Wang, J., Yang, Y., Shang, W., Guo, Q., & Liang, G. (2019). Resistance of *Nicotiana glauca* to *Phytophthora parasitica* var. *Nicotianae* race 0 is enhanced by the addition of *N. plumbaginifolia* chromosome 9 with a slight effect on host genomic expression. *Crop Science*, 59(6), 2667–2678. <https://doi.org/10.2135/cropsci2019.01.0005>
- Dasyilva, M., Ndour, N., Sambou, B., & Dieng, S. D. (2019). Diagnostic Agronomique de la Riziculture Périurbaine dans la Commune de Ziguinchor au Sénégal. *European Scientific Journal ESJ*, 15(30), 229–255. <https://doi.org/10.19044/esj.2019.v15n30p229>
- Diouf, F. B. H. (2015). *Analyse du déterminisme génétique de l'inhibition de la synthèse du gossypol dans la graine chez la descendance de l'hybride [(G. hirsutum x G. raimondii)² x G. sturtianum]* Fatimata Bintou Hessedine DIOUF [Thèse]. 1–220.
- Gohil, S. B., Parmar, M. B., & Chaudhari, D. J. (2017). *Study of Heterosis in Interspecific Hybrids of Cotton (Gossypium hirsutum L. x Gossypium barbadense L.)*. 6(4), 804–810.
- Gotmare, D. V. D. P. S. B. T. (n.d.). *Wild and Cultivated*. 1–21.
- Hau, B. (1981a). Lignées d'addition sur l'espèce *Gossypium hirsutum* L. : I. Utilisation de l'hybridation interspécifique et de la méthode des lignées d'addition pour l'amélioration du cotonnier. *Cot. Fib. Trop.*, 36, 247–258.
- Hau, B. (1981b). Lignées d'addition sur l'espèce *Gossypium hirsutum* L. II. Description phénotypique de quelques lignées d'addition monosomique de *Gossypium anomalum* et de *Gossypium stocksii*. *Cot. Fib. Trop.*, 36, 285–295.
- Hau, B. (1982). Lignées d'addition sur l'espèce *G. hirsutum* L. III. Evolution d'une collection de lignées d'addition de *G. anomalum* et de *G. stocksii* sur *G. hirsutum* après plusieurs générations d'autofécondation. *Cot. Fib. Trop.*, 37, 163–177.
- Hechanova, S. Lou, Prusty, M. R., Kim, S. R., Ballesfin, L. R., Ramos, J., Prahalada, G. D., & Jena, K. K. (2018). Monosomic alien addition lines (MAALs) of *Oryza rufipogon* in *Oryza sativa*: production, cytology, alien trait introgression, molecular analysis and breeding application. *Theoretical and Applied Genetics*, 131(10), 2197–2211. <https://doi.org/10.1007/s00122-018-3147-x>

- Jena, K. K., & Khush, G. S. (1989). Monosomic alien addition lines of rice: production, morphology, cytology, and breeding behavior. *Genome*, 32(3), 449–455. <https://doi.org/10.1139/g89-468>
- Ji, Y., & Chetelat, R. (2003). Homoeologous pairing and recombination in *Solanum lycopersoides* monosomic addition and substitution lines of tomato. *Theoretical and Applied Genetics*, 106(6), 979–989. <https://doi.org/10.1007/s00122-002-1090-2>
- Kishii, M., Yamada, T., Sasakuma, T., & Tsujimoto, H. (2004). Production of wheat-*Leymus racemosus* chromosome addition lines. *Theoretical and Applied Genetics*, 109(2), 255–260. <https://doi.org/10.1007/s00122-004-1631-y>
- Lagos, J. E., Osinski, J., & Sylla, F. (2019). *Senegal Cotton and Products Annual 2019 West Africa Cotton and Products Annual*. 1–11.
- Meng, S., Xu, Z., Xu, P., Chen, A., Guo, Q., Zhao, L., Chen, X., Wen, T., Zhang, X., Zhang, G., Ni, W., & Shen, X. (2020). A complete set of monosomic alien addition lines developed from *Gossypium anomalum* in a *Gossypium hirsutum* background: Genotypic and phenotypic characterization. *Breeding Science*, 70(4), 494–501. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.19146>
- Mergeai, G., Noël, J.-M., Louwagie, J., & Baudoin, J. P. (1993). *Utilisation du cotonnier sauvage Gossypium areysianum pour l'amélioration de l'espèce cultivée G. hirsutum L.* (p. 231).
- Mergeai, Guy. (2006). Introgressions interspécifiques chez le cotonnier. *Cahiers Agricultures*, 15(1), 135–143.
- Multani, D. S., Khush, G. S., Delos Reyes, B. G., & Brar, D. S. (2003). Alien genes introgression and development of monosomic alien addition lines from *Oryza latifolia* Desv. to rice, *Oryza sativa* L. *Theoretical and Applied Genetics*, 107(3), 395–405. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1214-3>
- Sanamyan, M. F., Petlyakova, J. E., Sharipova, E. A., & Abdurakhmonov, I. Y. (2010). Morphological characteristics and identification of new monosomic stocks for cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Advances in Bioscience and Biotechnology*, 01(05), 372–383. <https://doi.org/10.4236/abb.2010.15050>
- Sanamyan, M. F., Petlyakova, J. E., Sharipova, E. A., & Abdurakhmonov, I. Y. (2011). Cytogenetic Characteristics of New Monosomic Stocks of Cotton ( *Gossypium hirsutum* L.). *Genetics Research International*, 2011, 1–12. <https://doi.org/10.4061/2011/273642>
- Sarr, D., & Mergeai, G. (2009). Élargissement de la base génétique de la principale espèce de

- cotonnier cultivé *Gossypium hirsutum* L. par la création et l'exploitation de lignées monosomiques d'addition. *Biotechnology, Agronomy and Society and Environment*, 13(1), 187–201.
- Sarr, D., Mergeai, G., Lacape, J.-M., Jacquemin, J., Benbouza, H., Toussaint, A., & Baudoin, J.-P. (2011). Alien chromosome transmission and somatic elimination in monosomic addition lines of *Gossypium australe* F. Muell in *G. hirsutum* L. *Euphytica*, 1–13.
- Sarr, D., Mergeai, G., Lascap, J.-M., Jacquemin, J.-M., Benbouza, H., Toussaint, A., & Baudoin, J.-P. (2011). Alien chromosome transmission and somatic elimination in monosomic addition lines of *Gossypium australe* F. Muell in *G. hirsutum* L. *Euphytica*, 1–13. <https://doi.org/DOI 10.1007/s10681-011-0479-x>
- Schwendiman, J. (1978). L'amélioration du cotonnier *Gossypium hirsutum* par hybridation interspécifique : utilisation des espèces *G. barbadense* et *G. stocksii*. *Cot. Fib, Trop.*, 33, fasc.2, 239–255.
- Shigyo, M., Iino, M., Ino, H., & Tashiro, Y. (1998). Transmission Rates of Extra Chromosomes in Alien Monosomic Addition Lines of Japanese Bunching Onion in Extra Chromosomes from Shallot. *J. Japan. Soc. Hort. Sci.*, 68 (1), 18–22.
- Shim, J., Mangat, P. K., & Angeles-shim, R. B. (2018). *Plant Science : Current Research Natural Variation in Wild Gossypium Species as a Tool to Broaden the Genetic Base of Cultivated Cotton*. May, 1–10.
- Sirojiddinov, B.A, Rizaeva S.M, & Abdullaev A. (2020). Phylogenetic Relationships of Australian and Indochinese Cotton Species. *EPRA International Journal of Research & Development (IJRD)*, 7838(March), 77–83. <https://doi.org/10.36713/epra4041>
- Smith, C. W. (1995). *Crop Production: Evolution, History, and Technology*. Wiley. [https://books.google.fr/books?id=6phFr8cb%5C\\_PUC](https://books.google.fr/books?id=6phFr8cb%5C_PUC)
- Stewart, J. M. C. D. (1995). Potential for crop improvement with exotic germplasm and genetic engineering. *Proceeding of the World Cotton Research Conference-I, Brisbane, Australia, February 14-17, Melbourne, 1995*, 313–327. <https://ci.nii.ac.jp/naid/10029478568/en/>
- Stewart, J. M., Oosterhuis, D. M., Heitholt, J. J., & Mauney, J. R. (2010). Physiology of cotton. In *Choice Reviews Online* (Vol. 47, Issue 11). <https://doi.org/10.5860/choice.47-6240>
- Sylla, F., & Akhidenor, J. (2016). *Senegal Cotton and Products Annual West Africa Cotton Annual*. 1–8.
- Tang, D., Feng, S., Li, S., Chen, Y., & Zhou, B. (2018). Ten alien chromosome additions of



- Gossypium hirsutum*–*Gossypium bickii* developed by integrative uses of GISH and species-specific SSR markers. *Molecular Genetics and Genomics*, 293(4), 945–955. <https://doi.org/10.1007/s00438-018-1434-5>
- USDA. (2019). Commodity Intelligence Report. *United States Department of Agriculture Foreign Agricultural Service Report*, 1–5. [https://ipad.fas.usda.gov/highlights/2012/08/Mexico\\_corn/](https://ipad.fas.usda.gov/highlights/2012/08/Mexico_corn/)
- Wang, X., Wang, Y., Wang, C., Chen, Y., Chen, Y., Feng, S., Zhao, T., & Zhou, B. (2016). Characterization of eleven monosomic alien addition lines added from *Gossypium anomalum* to *Gossypium hirsutum* using improved GISH and SSR markers. *BMC Plant Biology*, 16(1). <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0913-2>
- Wendel, J. F., Brubaker, C., Alvarez, I., Cronn, R., & Stewart, J. M. (2009). *Evolution and Natural History of the Cotton Genus*. 1–20. <https://doi.org/10.1007/978-0-387-70810-2>
- Wendel, J. F., & Grover, C. E. (2015). *Taxonomy and Evolution of the Cotton Genus, Gossypium*. 1–20. <https://doi.org/10.2134/agronmonogr57.2013.0020>
- Xu, J. (2014). *Transmission rates of Gossypium mustelinum and G. tomentosum SNP markers in early-generation backcrosses to cotton (G. hirsutum L.)*. December, 81.