



# GUIDE D'ELABORATION DES PROJETS

## A. Identification du projet

---

- Titre du projet : **Elargissement de la base génétique de l'arachide cultivée par croisements interspécifiques : Développement de populations permanentes et identification d'allèles nouveaux utilisables en sélection**
  
- Zones d'exécution : **Thiès, Bambey, Sinthiou Molème, Ndiol**
  
- Type de recherche : **Stratégique**
  
- Thèmes prioritaires cibles et activités prévues : **Sélection, amélioration des plantes assistée par marqueurs moléculaires, développement de population, caractérisation multi-environnements des populations**
  
- Nom du coordonnateur de l'équipe de recherche : **Dr Daniel Fonceka**
  
- Structure de tutelle du coordonnateur de l'équipe de recherche : **CERAAS**
  
- Institutions partenaires : **CNRA Bambey,**
  
- Coût du projet (XOF) : **84773940**
  
- Durée : **3 ans**



## B. Renseignements administratifs (Une page par partenaire)

---

Nom de l'organisation partenaire :

Type d'organisation (cocher la case correspondante)

Institut de recherche	Université	Institut d'enseignement	Association	ONG	Autre (à préciser)
X					

### Coordonnées de l'organisation

Adresse : CERAAS, Km 7,5 route de Khombole, BP3320 Thiès Escalé, Thiès Sénégal

Téléphone : +221 339514993 / 94

Fax : +221 339514995

Adresse électronique : [ceraas@orange.sn](mailto:ceraas@orange.sn), [www.ceraas.org](http://www.ceraas.org)

**NOM DU RESPONSABLE SCIENTIFIQUE DU PROJET  
DANS LA STRUCTURE PARTICIPANTE : Dr Daniel Fonceka**

**TITRE : Chercheur**

**MONTANT DE LA CONTRIBUTION DEMANDEE PAR LA STRUCTURE (XOF) : 80000000**

*Je déclare que les renseignements fournis ci-dessus sont conformes et que (Nom de l'organisation en toutes lettres) marque son accord pour participer à l'exécution du projet : (intitulé du projet).*

**Personne autorisée à signer : Dr Ndiaga Cissé**

**Position dans l'organisation : Directeur**

Prénom & Nom

Date

Signature

## C. Plan de rédaction des projets recherche stratégique

---

### 1. INFORMATIONS GENERALES SUR LE PROJET

---

1.1. Titre du projet : Elargissement de la base génétique de l'arachide cultivée par croisement interspécifique : Développement de populations permanentes et identification d'allèles nouveaux utilisables en sélection

1.2. Domaine concerné : Sélection et amélioration des plantes

1.3. Thème du WAAPP : Thème 1 : Développement de variétés adaptées aux conditions agro-écologiques en Afrique de l'Ouest et répondant aux besoins des utilisateurs

1.4. Sous-thème du WAAPP : Sous-thème 3 : Tolérance aux stress abiotiques

1.5. Résumé :

L'arachide est une culture majeure dans la plupart des zones tropicales et subtropicales du monde. Au Sénégal, elle représente la première production agricole devant le riz et le mil. Cependant la culture de l'arachide est soumise aux aléas et à la variabilité des événements pluvieux avec des conséquences négatives sur la production nationale. Les espèces sauvages apparentées à l'arachide cultivées sont des sources importantes d'allèles nouveaux qui peuvent être utilisées pour améliorer la productivité et l'adaptabilité de l'arachide. Pour tirer le meilleur profit des allèles sauvages d'intérêt agronomique il est nécessaire de mettre en œuvre des approches combinant la création de populations assistée par marqueurs et l'analyse génétique. Ces approches ont été appliquées avec succès par notre équipe de recherche. En effet, nous avons développé les toutes premières populations AB-QTL et CSSL chez l'arachide. Le présent projet vise à élargir la base génétique de l'arachide cultivée avec de nouvelles accessions de tétraploïdes synthétiques sauvages pour (i) développer deux nouvelles populations AB-QTL, (ii) caractériser dans plusieurs environnements le matériel d'hybridation interspécifique obtenu, et (iii) identifier les zones du génomes responsables de la variation de caractères d'intérêt agronomique. Ce projet permettra de produire du matériel génétique original et des connaissances qui pourront être utilisés autant pour de la création variétale que pour de la recherche.

1.6. Mots clés (8 au maximum) : Arachide, hybridation interspécifique, création variétale assistée par marqueurs, phénotypage.

1.7. Durée : 3 ans

## 2. CONTEXTE & JUSTIFICATION

L'arachide, douzième production végétale dans le monde, est une culture majeure dans la plupart des régions tropicales et subtropicales. Dans le continent Africain (environ 10 millions d'ha et 10 millions de tonnes par an, FAOSTAT 2008), le Nigéria, le Sénégal et le Soudan sont les plus grands pays producteurs. La production d'arachide du continent africain a connu une croissance importante depuis le début des années 1990. Cette croissance est principalement liée à l'augmentation de la production dans les pays d'Afrique de l'Ouest (Revoredo et Fletcher, 2002). La tendance à l'augmentation de la production arachidière est observée dans la plupart des grands pays producteurs à l'exception du Sénégal. Dans ce pays, une réduction de 25.8% de la production a été observée en comparant la moyenne de la production des années 1972 à 1975 à celle des années 1996 à 2000 (Revoredo et Fletcher, 2002). La baisse de la production arachidière au Sénégal résulte principalement des perturbations climatiques et du faible niveau d'intensification (Lettre de politique de développement de la filière arachide, Gouvernement du Sénégal, 2003). Les aléas et l'irrégularité des événements pluvieux pendant la saison culturale au Sénégal entraînent une forte variation interannuelle des rendements. C'est ainsi qu'on a observé une fluctuation des rendements entre 1998 et 2008, avec des pics de plus de 1 t/ha en 1998 et 1999 et des creux en 2003 et 2007 avec 0.3 t/ha et 0.5 t/ha, respectivement. Une tendance similaire a été observée ces trois dernières années avec des rendements supérieurs à 1 t/ha en 2010 et de 0.6 t/ha en 2011 (FAOSTAT, 2013). La variabilité interannuelle des rendements et donc de la production arachidière sénégalaise entraîne un plafonnement de la production annuelle à une moyenne inférieure à 800.000 t/ha alors que les besoins sont estimés à 1 200 000 t/ha (source DAPS et USAID). Or, il existe à l'heure actuelle, une demande de plus en plus forte en arachide avec l'ouverture des marchés aux pays émergents (principalement la Chine) qui crée une tension importante sur le marché intérieur. Une amélioration des rendements en arachide permettra de combler les besoins nationaux et de s'ouvrir au marché international avec pour conséquence une amélioration des revenus des producteurs.

L'arachide cultivée (*Arachis hypogaea* L.) est une plante originaire d'Amérique du Sud, autogame, allotétraploïde ( $2n=4x=40$ ), issue d'un événement relativement récent d'hybridation entre deux espèces diploïdes sauvages de génomes A et B suivi d'un doublement spontané des chromosomes. L'histoire de la spéciation de l'arachide cultivée a entraîné une réduction de sa diversité génétique avec pour conséquences une faible variabilité à la disposition des sélectionneurs pour lever les principales contraintes liées à sa production. Malgré cela, d'importants efforts ont été faits ces 30 dernières années par le programme de sélection de l'ISRA pour créer des nouvelles variétés en utilisant la variabilité existant dans le compartiment cultivé de l'arachide. Cependant, les fortes variations climatiques notées

ces dernières années dans les pays sahéliens impliquent de développer des variétés avec une plus grande adaptabilité à même de réaliser une bonne production dans les années à pluviométrie excédentaire et de rester stable dans des années moins fastes. Ceci nécessite des innovations dans les programmes de sélection en utilisant des combinaisons alléliques qui puissent répondre aux nouveaux paradigmes de la création variétale dans des environnements changeants.

L'arachide cultivée fait partie des 29 espèces de la section *Arachis* du genre *Arachis*. Ce genre comprend 80 espèces décrites, réparties en 9 sections en fonction de leur morphologie, de leurs caractéristiques chromosomiques et de leur compatibilité de croisement (Krapovickas and Gregory, 1994, Valls and Simpson, 2005). La section *Arachis* est composée d'espèces diploïdes et tétraploïdes de génome A, B, AB et D. Les espèces sauvages apparentées à l'arachide cultivée ont évolué depuis des millénaires en Amérique du Sud entre le Brésil, la Bolivie et le nord de l'Argentine et ont colonisé des niches écologiques diverses allant des régions désertiques du Nord Est du Brésil aux régions montagneuses des Andes (Simpson et al., 2001). Elles ont développé au cours de leur évolution des capacités d'adaptation leur permettant de croître et de se reproduire dans des environnements contraints et variables. Les espèces sauvages apparentées à l'arachide cultivée sont une source d'allèles nouveaux qui peuvent être utilisés en sélection pour l'amélioration de caractères simples tels que la résistance aux maladies mais aussi de caractères plus complexes tels que l'adaptation au déficit hydrique et l'amélioration de la productivité.

Depuis le début des années 80, les programmes de sélection aux USA se sont intéressés à l'utilisation des espèces diploïdes sauvages apparentées à l'espèce cultivée comme source de résistance aux maladies (Stalker, 1979, 1984). Dans les années 90, avec l'avènement des marqueurs moléculaires une caractérisation moléculaire des hybrides interspécifiques a été entreprise (Garcia et al., 1995, 1996). Ces travaux ont permis de confirmer l'introgression de segments chromosomiques d'origine sauvage dans du matériel génétique cultivé. De plus, l'utilisation des marqueurs moléculaires, de la cytologie et de la biogéographie a permis de préciser la structuration de la diversité génétique des espèces sauvages (Gimenes et al., 2002, Moretzohn et al, 2004, Milla et al., 2005) et d'identifier les espèces diploïdes sauvages ancêtres de l'arachide cultivée (Kochert et al., 1996, Seijo et al., 2004, Favero et al., 2006). Ces informations ont été utilisées, ces dix dernières années, par des équipes de recherche aux USA, au Brésil et à l'ICRISAT (Inde) pour produire des espèces synthétiques tétraploïdes sauvages compatibles en croisement avec l'arachide cultivée (Simpson et Starr., 2001, Favero et al., 2006, Mallikurjuna et al., 2011). Ce matériel qui a le même niveau de ploïdie que l'arachide cultivée, est de plus en plus utilisé dans les programmes de sélection pour l'amélioration de

caractères d'intérêt tels que la résistance aux maladies. Cependant, l'utilisation de marqueurs moléculaires au cours du processus d'introgession n'est toujours pas systématisée.

Récemment, le CERAAS, le CNRA de Bambey et le CIRAD ont développé un large programme d'élargissement de la base génétique de l'arachide cultivée sur la base d'un processus maîtrisé et piloté par marqueurs moléculaires. Un premier tétraploïde synthétique, qui combine les génomes A et B des espèces diploïdes sauvages considérées comme les plus probables ancêtres de l'arachide cultivée (*A. duranensis* et *A. ipaensis*), a été utilisé en croisement avec la variété Fleur11 pour produire les premières populations Advance Backcross-Quantitative Trait Loci (AB-QTL) et de lignées de substitution de segments chromosomiques (CSSL) chez l'arachide. Ces populations ont permis de cartographier de nombreux QTL impliqués dans la morphologie de la plante et des gousses, dans le rendement et ses composantes en conditions normale et de stress hydrique (Foncéka et al., 2009, 2012a, 2012b). Pour un certain nombre de caractères liés aux composantes du rendement (nombre de gousses et poids de gousses par plante, taille de gousses et de graines, pourcentage de maturité, biomasse totale etc.) les allèles favorables aux QTL provenaient du parent donneur sauvage. Ces résultats sont des données tangibles sur la possibilité d'utiliser les espèces sauvages pour l'amélioration de caractères complexes chez l'arachide. En outre, le matériel génétique produit et actuellement caractérisé dans plusieurs programmes d'amélioration génétique de l'arachide (Sénégal, Mali, Niger, Malawi, Inde et Brésil) pour servir de matériel de départ pour le transfert de caractères d'intérêt dans d'autres fonds génétiques. Fort de ces résultats et de la position de leader du CERAAS, du CIRAD et du CNRA de Bambey dans le processus d'introgession maîtrisée et pilotée par marqueurs moléculaires, des populations interspécifiques qui impliquent de nouvelles combinaisons d'espèces diploïdes sauvages sont en cours de développement. Les parents donneurs sauvages utilisés pour le développement des nouvelles populations, ISATGR 278-18 (*A. duranensis* x *A. batizocoi*)<sup>4x</sup> et ISATGR 52B (*A. duranensis* x *A. valida*)<sup>4x</sup>, ont été transférés au CERAAS par l'ICRISAT.

Le présent projet propose de poursuivre les schémas innovants de construction de matériel d'analyse génétique à partir de croisements interspécifiques chez l'arachide et de caractériser l'ensemble de ces ressources pour (i) comprendre les bases génétiques et moléculaires de l'adaptation de l'arachide à ses conditions de culture et (ii) produire du matériel de pré-sélection utilisable par les partenaires et les pays de la sous-région. Ce projet s'inscrit dans une dynamique de recherche internationale entreprise avec le consortium GCP et qui se poursuivra en parallèle des initiatives des CGIAR Research Program (CRP) plus particulièrement le CRP3.5 axé sur les légumineuses à graines.

### 3. OBJECTIFS

---

L'objectif général de ce projet porte sur la création variétale chez l'arachide à partir de croisements interspécifiques pour le développement de variétés combinant des caractères d'adaptation aux stress abiotiques et de productivité.

Cet objectif général se décline en 4 objectifs spécifiques :

**OS1 :** Développer deux populations Advance Backcross QTL (AB-QTL) impliquant des croisements entre la variété cultivée Fleur11 et les amphidiploïdes sauvages ISATGR 278-18 (*A. duranensis* x *A. batizocoi*)<sup>4x</sup> et ISATGR 52B (*A. duranensis* x *A. valida*)<sup>4x</sup>.

**OS2 :** Caractériser dans plusieurs environnements les deux populations AB-QTL développées et la population de lignées de substitution de segments chromosomiques (CSSL) produites dans le cadre d'un précédent projet.

**OS3 :** Caractériser finement à l'aide de marqueurs moléculaires les populations produites et identifier des régions du génome d'origine sauvage impliquées dans la variation quantitative des caractères d'adaptabilité et de productivité.

**OS4 :** Proposer aux programmes de sélection arachide de l'ISRA, des instituts de recherche de la sous-région et des partenaires internationaux, du matériel génétique original qui peut servir de point de départ pour un nouveau cycle de création variétal.

#### 4. RESULTATS ATTENDUS

---

##### OS1 : Résultats

- 1.1 Deux nouvelles populations AB-QTL (génération BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub>) sont produites à partir des croisements entre Fleur11 utilisées comme parent récurrent et les amphidiploïdes ISATGR 278-18 et ISATGR 52B utilisés comme parents donneurs.
- 1.2 Des stocks de semences pour l'ensemble des populations (AB-QTL et CSSL) sont produits et disponibles pour les essais multilocaux.

##### OS2 : Résultats

2.1 La population de CSSL est caractérisée dans 3 environnements pour des traits phénotypiques liés à la productivité et à l'adaptation et les lignées qui se comportent le mieux dans ces environnements sont identifiées.

2.2 La population AB-QTL\_1 impliquant le croisement Fleur11 x ISATGR 278-18 est caractérisée en station à Bambey puis dans 3 environnements pour des traits liés à la productivité et à l'adaptation. La population AB-QTL\_2 impliquant le croisement Fleur11 x ISTAGR 52B est caractérisée en station à Bambey.

2.3 Les meilleures lignées issues des trois populations sont identifiées, servent pour des caractérisations plus fines sur les mécanismes d'adaptation aux conditions de culture et sont utilisées comme de matériel de pré-sélection dans les programmes d'amélioration.

##### OS3 : Résultats

3.1 Pour les populations AB-QTL\_1 et 2, des cartes génétiques sont construites à partir des premières générations de croisement.

3.2 Deux cents (200) individus de chaque population AB-QTL (BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub>) sont génotypés avec 130 marqueurs SSR pour lesquels la position sur la carte génétique est connue.

3.3 Des QTL impliqués dans la variation de caractères de productivité et d'adaptation dans différents environnements sont identifiés.



3.4 Les effets des allèles favorables provenant des différentes espèces sauvages sont connus car évaluer dans un même fonds génétique (i.e. celui de la variété Fleur11).

OS4 : Résultats

4. Du matériel génétique original est obtenu et accessible aux programmes de sélection arachide du Sénégal, des SNRA de la sous-région et des centres internationaux ou avancés de recherche via les différents réseaux de recherche : WAAPP, CRSP arachide, GCP TL1&2, CRP3.5.

## 5. BENEFICIAIRES

---

Les premiers bénéficiaires de ce projet sont les programmes de sélection de l'arachide du Sénégal et de la sous-région. En effet, les technologies générées (3 populations issues de croisements interspécifiques) étant des populations fixées, elles peuvent être multipliées, distribuées et caractérisées dans les différents pays permettant ainsi à chaque pays d'identifier dans leurs environnements propres les caractères d'adaptabilité les plus intéressants. De plus les approches de construction de populations assistée par marqueurs moléculaires combinées aux caractérisations multilocales permettent d'identifier des marqueurs qui sont associés de manière stable à la variation positive de caractères d'intérêt agronomique. Ces marqueurs peuvent être utilisés dans différents programmes de sélection pour suivre l'introggression des segments chromosomiques d'origine sauvage, responsables de la variation des caractères d'intérêt, dans les fonds génétiques (variétés ou lignées) les plus intéressants. Ceci permet de choisir pour chaque environnement cible les meilleures combinaisons alléliques pour le développement de nouvelles technologies adaptées.

Les seconds bénéficiaires du projet sont la communauté scientifique qui travaille sur l'arachide. En effet, les approches que nous mettons en œuvre dans ce projet combinent la création de populations à l'analyse génétique permettant ainsi en plus du développement d'un matériel végétal à large base génétique une meilleure compréhension de la contribution des espèces sauvages à l'amélioration l'arachide. De plus elles permettent d'ouvrir la voie à de nouveaux questionnements scientifiques sur l'évolution des génomes et des caractères au cours du processus de domestication ayant abouti à l'arachide cultivée. Ce nouveau questionnement est un contexte scientifique favorable à la formation de doctorants et de masters.

Les bénéficiaires finaux de ce projet sont les producteurs qui bénéficieront à terme d'un matériel génétique adapté à même d'augmenter significativement leur production et ce faisant leurs revenus.

---

## **6. DESCRIPTION DES ACTIVITES DU PROJET**

---

### **Activité 1 Développement de populations et production de semences**

#### **Activité 1.1** Développement de deux nouvelles populations Advance Backcross QTL (AB-QTL)

Les générations F<sub>1</sub>, BC<sub>1</sub> et BC<sub>2</sub>, BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> de la population AB-QTL\_1 (Fleur11 x ISATGR 278-18) ont été produites en 2011 et 2012 dans le cadre d'un précédent projet. Pour le développement de ces premières populations, le parent récurrent (Fleur11) a été utilisé comme parent femelle. La population AB-QTL\_1 est actuellement en génération BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub>. Dans le cadre de ce projet, elle sera avancée en BC<sub>2</sub>F<sub>3</sub> et BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> par autofécondation. Le développement de cette population se fera en serre au CERAAS durant les mois de mai-août 2013 pour la génération BC<sub>2</sub>F<sub>3</sub> et septembre-décembre 2013 pour la génération BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub>. Au total, 200 individus BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> seront produits. Un(e) étudiant(e) en thèse sera associé(e) au développement de la population et à son utilisation pour la cartographie de caractères d'intérêt agronomique.

Les générations F<sub>1</sub>, BC<sub>1</sub> et BC<sub>2</sub> de la population AB-QTL\_2 (Fleur11 x ISATGR 52B) ont aussi été produites avec Fleur11 comme parent femelle. Dans le cadre de ce projet cette population sera avancée en BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub>, BC<sub>2</sub>F<sub>3</sub> et BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> par autofécondation. Le développement de la population AB-QTL\_2 aura lieu en serre au CERAAS durant les mois août-Novembre 2013 pour la génération BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub>, mars-juin 2014 pour la génération BC<sub>2</sub>F<sub>3</sub> et juillet-septembre 2014 pour la génération BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub>. Au total, 200 individus BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> seront produits

#### **Activité 1.2** Production de semences pour les populations AB-QTL nouvellement développées.

Une multiplication de semences des populations AB-QTL\_1 et 2 sera faite pour disposer de suffisamment de matériel génétique pour les essais de caractérisation. Pour les individus BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> de chaque population, les graines seront récoltées sur chaque individu et utilisées pour la multiplication. La multiplication de la population AB-QTL\_1 aura lieu en mars 2014 et celle de la population AB-QTL\_2 en octobre 2014.

### **Activité 2 Caractérisation des populations issues de croisements interspécifiques**

#### **Activité 2.1** Caractérisation multi-environnements de la population de lignées de substitution de segments chromosomiques (CSSL).

La population CSSL a été développée au CERAAS (Fonceka et al., 2012b) lors d'un précédent projet international, en partenariat avec le CIRAD et l'EMBRAPA, à partir du croisement entre Fleur11 prise comme parent récurrent et l'amphidiploïde (*A. duranensis* x *A. ipaensis*)<sup>4X</sup> pris comme parent donneur.

Elle consiste en 122 lignées BC<sub>4</sub>F<sub>3</sub>, porteuses chacune d'un segment chromosomique d'origine sauvage de 40 cM en moyenne et, toutes ensemble, de la totalité du génome sauvage du parent donneur. Un sous-ensemble de 83 lignées choisies pour apporter une couverture la plus complète possible du génome a été identifié et a déjà fait l'objet de deux années d'évaluation au CNRA de Bambey, en contre-saisons froides, en conditions hydrique optimale et en déficit hydrique. Au cours de ce projet les lignées CSSL seront évaluées en saison hivernale 2013 (juillet-septembre) dans trois environnements (Nioro, Bambey, Ndiol). Ces stations ont été choisies pour représenter des zones de culture avec des pluviométries différentes ; Nioro 800 mm, Bambey 500 à 600 mm, et Ndiol 250 à 300 mm. Dans chacune de ces zones les semis seront calés en fonction du démarrage de la saison des pluies. Dans la station de Ndiol une irrigation d'appoint sera prévue en cas de faible pluviométrie cette saison hivernale. Les caractères qui seront mesurés seront relatifs au rendement et à ses composantes. Les meilleures lignées issues des différentes évaluations (i.e, les 2 années d'évaluations précédemment effectuées à Bambey et l'évaluation multi-environnement de cet hivernage 2013) seront réévaluées dans les mêmes sites en années 2 du projet. Ces deux années d'évaluation dans les différents sites permettront une meilleure estimation des interactions génotypes x environnements (GxE). Deux étudiant(es) en Master 2 seront impliqués dans la caractérisation multi-environnements de cette population.

### **Activité 2.2** Caractérisation des populations AB-QTL

La population AB-QTL\_1 sera disponible en décembre 2013 et une multiplication de semences est prévue pour mars 2014. L'évaluation de cette population aura lieu d'abord en contre saison froide (septembre-décembre 2014), en station (CNRA de Bambey), sous deux régimes hydriques, le premier en évapo-transpiration maximale et le second en déficit hydrique. Pour cette évaluation, plusieurs caractères relatifs à la morphologie de la plante, à la phénologie, à la morphologie des gousses, au rendement et à ses composantes seront mesurés. La population AB-QTL\_1 sera ensuite évaluée en hivernage 2015 dans les stations de Nioro, Bambey et Ndiol. Pour cette seconde évaluation les paramètres de rendement et de ses composantes seront mesurés.

La population AB-QTL\_2 sera disponible en septembre 2014 et une multiplication de semences est prévue pour octobre 2014. L'évaluation de cette population aura lieu en contre saison froide 2015 (septembre-décembre), en station (CNRA de Bambey), sous deux régimes hydriques, le premier en évapo-transpiration maximale et le second en déficit hydrique. Les caractères relatifs à la morphologie et la phénologie de la plante, la morphologie des gousses ainsi que le rendement et ses composantes seront mesurés.

### **Activité 3 Caractérisation moléculaire et analyse génétique des populations de croisements interspécifiques**

#### **Activité 3.1** Construction de cartes génétiques pour chacune des populations AB-QTL.

La construction d'une carte génétique est un prérequis à l'utilisation des marqueurs moléculaires pour le suivi des introgressions de segments chromosomiques d'origine sauvage, pour l'estimation du pourcentage de génome sauvage introgressé et pour la localisation des régions du génome impliquées dans la variation quantitative de caractères d'intérêt. Dans le cadre de ce projet les cartes génétiques seront produites en année 1 à l'aide de marqueurs microsatellites à partir des générations F<sub>2</sub> et BC<sub>1</sub> pour les populations impliquant les parents sauvages ISATGR 278-18 et ISATGR 52B respectivement. Ces générations sont déjà disponibles au CERAAS et les ADN des individus ont été extraits. Un choix judicieux de marqueurs sera opéré de sorte à avoir une large couverture du génome avec un nombre raisonnable de marqueurs. Ce choix sera basé sur notre connaissance du polymorphisme de ces marqueurs et, pour certains d'entre eux, de leur position sur le génome. La majeure partie des marqueurs qui seront utilisés est déjà disponible au CERAAS ce qui permettra d'initier les travaux de génotypage pour la construction des cartes génétiques dès le début du projet. Un étudiant en master sera formé aux techniques de génotypage à l'aide de marqueurs microsatellites, à la lecture de gels impliquant des populations composées d'individus tétraploïdes et à la construction d'une carte génétique.

#### **Activité 3.2** Génotypage des populations AB-QTL et CSSL

Pour chaque population, des cartes de travail (framework map), moins denses, seront dérivées de l'activité 3.1. Les marqueurs de cette carte de travail serviront à génotyper les individus BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> de chaque population. Le génotypage de la population AB-QTL\_1 aura lieu à partir de Janvier 2014 et celui de la population AB-QTL\_2 à partir d'octobre 2014. Ce travail servira pour les approches d'association phénotype/génotype (QTL).

En ce qui concerne la population CSSL, une carte génétique a déjà été produite (Fonceka et al., 2009) et les données de génotypage des lignées de substitution de segments chromosomiques sont aussi disponibles (Fonceka et al., 2012b).

#### **Activité 3.3** Identification de QTL impliqués dans la variation de caractères de productivité et d'adaptabilité

Cette activité est typiquement une activité d'analyse génétique. Elle consiste pour chaque population à associer, par des tests statistiques, la variation d'un caractère donné à une région du génome identifiée par un ou plusieurs marqueurs moléculaires. L'identification de QTL se fera avec les données phénotypiques de chaque essai. Cette activité comportera une forte composante formation à l'analyse génétique. Un(e) master et d'un(e) doctorant(e) seront formé(es) aux approches de contrôle qualité des données phénotypiques et génotypiques et aux logiciels d'analyse génétique pour la détection de QTL et leur représentation sur une carte génétique.

#### **Activité 4 Mise à disposition des populations aux partenaires**

En fin de projet, les résultats des caractérisations moléculaire et phénotypique de chaque population seront valorisés sous forme de publications et de rapports d'activités accessibles aux partenaires. De même un important effort de communication sur les populations et leurs potentiels pour l'analyse génétique et l'amélioration de l'arachide sera mise en œuvre. Cette communication s'appuiera sur les différents réseaux de recherche dont nous sommes partie prenante (WAAPP, CRSP, GCP, CRP3.5). Une partie de ces réseaux (GCP et CRP3.5) a déjà été utilisée pour la diffusion de la population de lignées de substitution de segments chromosomiques (CSSL). En effet, cette population a été transférée via ces réseaux au Mali, au Niger, au Malawi, en Inde et au Brésil. Dans le cadre de ce projet, le transfert se fera suivant les processus internationaux de transfert et de traçabilité du matériel végétal (MTA : Material Transfer Agreement) qui permettent une utilisation du matériel génétique à des fins de recherche et qui garantissent la propriété intellectuelle pour des utilisations à but commercial.

## 7. METHODOLOGIE

---

### **Activité 1 Développement de populations et production de semences**

#### **Activité 1.1** Développement de deux nouvelles populations Advance Backcross QTL (AB-QTL)

La technique de l'AB-QTL repose (i) sur une réduction du pourcentage de génome sauvage par des générations de backcross successives avec une variété cultivée de sorte à évaluer le effets des allèles sauvages sur un fonds génétique adapté et (ii) sur une fixation des allèles du parent sauvage de sorte à obtenir une population permanente qui peut être multipliée et évaluée dans plusieurs environnements. Les premières générations de backcross pour les populations AB-QTL\_1 et 2 ont été réalisées en serre au CERAAS. L'arachide est une plante cléistogame ce qui implique que la fécondation se produit avant que les fleurs ne s'ouvrent. Pour réussir les croisements, la castration des fleurs du parent récurrent (Fleur11) a été faite au stade bouton floral la veille de chaque croisement. Le pollen des parents donneurs a été apporté le matin entre 6h et 9h. Les fleurs non-fécondées ont été éliminées manuellement. Les individus de chaque génération ( $F_1$ ,  $BC_1$  et  $BC_2$ ) ont été contrôlés à l'aide de marqueurs moléculaires pour confirmer la présence des allèles sauvages indicateurs de la réussite du croisement. En génération  $BC_1$  une analyse plus approfondie de chaque population a été réalisée avec des marqueurs de position connue sur le génome afin de vérifier que des recombinaisons se produisent entre paires de marqueurs adjacents localisés sur un même chromosome.

Pour produire des populations  $BC_2F_4$ , deux et trois autofécondations successives seront faites pour les populations AB-QTL\_1 et 2 respectivement, afin de fixer les allèles des parents donneurs sauvages. La méthode de fixation utilisée est celle du « Single Seed Descent » (SSD) ou filiation monograine. Le SSD est une méthode de fixation sans sélection qui consiste à n'utiliser qu'une seule graine par famille résultant de l'autofécondation pour passer à la génération suivante. Trois graines de chaque individu seront semées dans des récipients en plastique de 30 litres de contenance, remplis avec du sable Dior-Deck provenant de la station agronomique de Bambey. Quinze jours après semis un démariage à une plante sera effectué. Une plante de chaque famille sera conduite jusqu'à maturité. Ce schéma de fixation sera réitéré jusqu'en  $BC_2F_4$ .

#### **Activité 1.2** Production de semences des populations AB-QTL

Les graines récoltées sur chaque individu  $BC_2F_4$  seront utilisées pour la multiplication de semences. La multiplication aura lieu en contre-saison sous irrigation dans la station de Bambey. Pour chaque individu, les graines seront semées sur 2 lignes de trois mètres à raison de 10 graines par ligne avec un espacement de 30 cm entre poquet et 50 cm entre ligne. Cet espacement a été choisi car les

croisements interspécifiques produisent un certain nombre d'individus à port rampant et à large envergure qui ne sont pas adaptés aux espacements habituellement utilisés (15 cm x 50 cm). A maturité, les semences des individus BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> seront récoltées et conditionnées pour les essais en station.

## **Activité 2 Caractérisation des populations issues de croisements interspécifiques**

**Activité 2.1** Caractérisation multi-environnements de la population de lignées de substitution de segments chromosomiques (CSSL).

La caractérisation des 83 CSSL et du parent Fleur11 se fera en hivernage 2013 au niveau des stations expérimentales de l'ISRA à Nioro, Bambey et Ndiol. Une visite de terrain sera faite au mois de juin pour identifier les parcelles les plus adéquates dans chaque station. Les parcelles seront choisies en fonction de leur homogénéité et du précédent cultural. Dans chaque station, des pluviomètres seront installés dans les parcelles. Un dispositif expérimental en alpha-lattice sera utilisé avec 3 répétitions et 6 blocs de 15 entrées chacun soient un total de 90 entrées : les 83 lignées et le parent Fleur11 représenté 7 fois dans chaque répétition. Dix graines de chaque lignée seront semées sur une ligne de 3 m avec 30 cm entre poquet et 50 cm entre ligne. Avant le semis les parcelles seront labourées et une quantité équivalente à 1 tonne par hectare d'engrais 6-10-20 sera apportée. Au cours des essais, des désherbages manuels réguliers seront effectués de manière à contrôler les mauvaises herbes. Le pourcentage de levée 10 jours après semis et la densité au 30<sup>ième</sup> jour seront déterminés. A maturité, les lignes seront récoltées individuellement, étiquetées (nom de la lignée, répétition et bloc) et acheminées au niveau des aires de séchage à la station de Bambey. Après séchage, la biomasse totale, le poids de fanes et le poids de gousses seront déterminés par pesée de tous les individus récoltés sur une ligne. Un échantillon de 100 gousses sera prélevé pour chaque lignée et servira à déterminer le poids de 100 gousses et le pourcentage de maturité. Les graines issues du décorticage des 100 gousses serviront à déterminer le poids de 100 graines et à estimer le poids de graines par plante. Une analyse statistique des données phénotypiques sera effectuée suivant un modèle mixte en considérant les lignées et les environnements en effets fixes et, les répétitions et les blocs en effets aléatoires. Un test Duncan (comparaison multiple avec le parent Fleur11 pris comme témoin) sera utilisé pour identifier, en fonction des caractères, les lignées qui se comportent mieux que le parent Fleur11 dans les trois environnements. Parallèlement une analyse des données phénotypiques par environnement sera effectuée suivant un modèle mixte, en considérant les lignées en effets fixes et, les répétitions et les blocs en effets aléatoires. Cette analyse sera couplée à un test de Duncan pour identifier les lignées qui sont meilleures que Fleur11 dans un environnement donné.



Les caractères, poids de gousses et de fanes par plante ainsi que la taille de graines (poids de 100 graines) seront utilisés pour choisir les meilleures lignées dans les trois environnements et dans chaque environnement. Ces lignées seront évaluées à nouveau en année 2 du projet (hivernage 2014) dans les stations de Nioro, Bambey et Ndiol. Les lignées et le parent Fleur11 seront semées sur des parcelles de 45 m<sup>2</sup> (6 m x 7.5 m) avec un densité de 7 plantes par m<sup>2</sup>. Les parcelles seront séparées par des allées d'1.5 mètre. Deux répétitions seront faites par environnement. Le rendement en gousses et en fanes sera déterminé à partir d'un carré de rendement de 5m x 5m. De même le poids de 100 gousses et de 100 graines ainsi que le pourcentage de maturité seront déterminés à partir d'un échantillon de gousses provenant du carré rendement. Les données phénotypiques seront analysées suivant les mêmes approches que celles décrites précédemment.

### **Activité 2.2** Caractérisation des populations AB-QTL

Les populations AB-QTL\_1 et 2 seront évaluées en station à Bambey en contre-saison froide 2014 et 2015 respectivement. Pour ces évaluations, deux régimes hydriques seront considérés : un régime en stress hydrique et un régime en évapo-transpiration maximale. Pour ces deux conditions, un dispositif en alpha-lattice sera utilisé avec 2 répétitions et 10 blocs de 21 entrées par répétition soient un total de 210 entrées : les 200 individus BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> et le parent Fleur11 représenté 1 fois dans chaque bloc. Les semis se feront en mi-septembre de sorte à ce que les cultures profitent de la fin de la saison des pluies pour s'installer et à pouvoir imposer un stress hydrique au stade de remplissage des gousses. Dix graines de chaque individu BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> seront semées sur une ligne de 3 m avec un écartement de 30 cm entre poquet et 50 cm entre ligne. Avant le semis les parcelles seront labourées et une quantité équivalente à 1 tonne par hectare d'engrais 6-10-20 sera apportée. Le pourcentage de levée 10 jours après semis, la date de 50% de floraison et la densité au 30<sup>ème</sup> jour seront déterminés. Pendant le premier mois de la culture (15 septembre - 15 octobre) une irrigation d'appoint sera apportée en fonction de la fréquence et de la quantité des événements pluvieux de sorte à avoir une quantité d'eau équivalente à 30 mm par semaine. L'essai se poursuivra ensuite sous irrigation stricte jusqu'au 45<sup>ème</sup> jour après semis et sera interrompue pendant 21 jours dans la condition de stress hydrique. Au stade formation des gousses (40 jours après semis) une caractérisation du port de la plante sera effectuée en faisant, pour un individu donné, le rapport entre la longueur d'un segment rampant d'une branche latérale donnée et la longueur totale de la même branche. La hauteur de la tige principale sera mesurée au 60<sup>ème</sup> jour après semis. Ces deux caractères seront mesurés sur toutes les plantes d'une même ligne. Le traitement post-récolte consistera à déterminer la biomasse totale, le poids de gousses et le poids de fanes. Un échantillon de 100 gousses sera prélevé pour chaque lignée et servira à déterminer le poids de 100 gousses et le pourcentage de maturité. La morphologie des gousses (bec, constriction,

longueur et diamètre) sera déterminé sur un échantillon de 30 gousses. Les graines issues du décorticage des 100 gousses serviront à déterminer le poids de 100 graines et à estimer le poids de graines par plante. La taille des graines (diamètre et longueur) sera déterminée sur un échantillon de 30 graines. Les données phénotypiques seront analysées suivant un modèle mixte. Pour chaque caractère les BLUP (Best Linear Unbiased predictors) seront extraits du modèle et utilisés pour la détection de QTL.

La population AB-QTL\_1 fera aussi l'objet d'une évaluation multi-environnements en hivernage 2015 dans les stations de Nioro, Bambey et Ndiol. Le dispositif expérimental sera similaire à celui utilisé plus haut à l'exception du régime de stress hydrique qui ne sera pas appliqué. De même les mesures ne porteront que sur les paramètres du rendement et de ses composantes.

### **Activité 3 Caractérisation moléculaire et analyse génétique des populations de croisements interspécifiques**

#### **Activité 3.1** Construction de cartes génétiques pour chacune des populations AB-QTL

Les cartes génétiques seront construites à partir de 94 individus  $F_2$  du croisement Fleur11 x ISATGR 278-18 et 192 individus  $BC_1$  du croisement Fleur11 x ISATGR 52B. Pour le choix des marqueurs, à l'heure actuelle, des milliers de marqueurs microsatellites sont publiés et disponibles. Il existe aussi des cartes consensus saturées qui permettent de connaître la position de certains de ces marqueurs sur le génome. Nous utiliserons donc les informations sur la position des marqueurs sur le génome, sur leur polymorphisme et sur leur capacité à amplifier des locus sur les génomes A et B simultanément pour optimiser le nombre de marqueurs à cartographier. Sur la base de ces critères nous estimons que 300 marqueurs microsatellites seront nécessaires et suffisants pour obtenir des cartes génétiques avec un bon niveau de couverture. Les amplifications se feront au laboratoire de génotypage du CERAAS sur des thermocycleurs Primus et Eppendorf. Les produits PCR seront analysés sur un séquenceur LICOR 4300 disponible au CERAAS. Les gels seront lus à l'aide du logiciel Jelly 2.0 (Rami et al., unpublished). Les cartes génétiques seront construites avec le logiciel Mapdisto (Lorieux et al., 2007) particulièrement conçu pour l'analyse des ségrégations dans des croisements interspécifiques.

#### **Activité 3.2** Génotypage des populations AB-QTL

Pour la détection de QTL il est nécessaire que les individus  $BC_2F_4$  phénotypés soient aussi génotypés. Ce génotypage se fera avec les marqueurs de position connue déduite de l'activité 3.1. Le raisonnement suivant a été utilisé pour la détermination du nombre de marqueurs à utiliser pour le génotypage des  $BC_2F_4$ . La taille moyenne de la carte génétique de l'arachide est estimée à environ 2000 cM, ce qui

implique que 130 marqueurs distants de 15 cM l'un de l'autre sont suffisants pour couvrir toute la carte. Une carte de travail comportant environ 130 marqueurs distants de 15 cM sera donc définie à partir de l'activité 3.1. Ces 130 marqueurs serviront à génotyper les deux cents (200) individus BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> de chaque population (AB-QTL\_1 et AB-QTL\_2).

**Activité 3.3** Identification de QTL impliqués dans la variation de caractères de productivité et d'adaptabilité

Les données phénotypiques, génotypiques et les cartes génétiques produites seront utilisées pour la cartographie des QTL. La détection des QTL pour les populations AB-QTL sera faite par cartographie d'intervalle (SIM) avec la méthode de régression de Haley-Knott à l'aide du package R/qtl. Pour un caractère donné, le seuil de significativité pour déclarer la présence d'un QTL à un endroit donné du génome sera déterminé à l'aide d'un test de permutation. L'intervalle de confiance pour la localisation d'un QTL sera obtenu par la méthode du LOD 1.5 (Browman et al., 2009).

La détection des QTL pour la population CSSL se fera par comparaison de chaque lignée au parent récurrent Fleur11 à l'aide d'un test de Duncan au seuil de 5% (Schmalenbach et al., 2009, Fonceka et al, 2012b). Cette méthode est utilisée car, d'un point de vue du génome, chaque lignée ne diffère du parent récurrent que par un segment chromosomique de taille et de position connues, issu du donneur sauvage. Ceci implique que toute différence entre une lignée et le parent récurrent peut être directement associée à la présence du segment chromosomique contenu dans la lignée.

## **8. VALORISATION ET DIFFUSION DES RESULTATS**

---

La valorisation des résultats de ce projet se fera au travers du programme de sélection arachidière de l'ISRA qui est un partenaire clé dans l'exécution des activités. Les chercheurs et techniciens s'approprient des méthodes de sélection, de caractérisation et l'utilisation des marqueurs moléculaires et pourront l'adapter dans de futures programmes de sélection variétale. Les meilleures lignées de la population CSSL, étant du matériel fixé et bien décrits d'un point de vue phénotypique et moléculaire, seront utilisées dans des tests de pré-vulgarisation en milieu paysan et entreront dans un processus d'homologation. Les lignées AB-QTL produites seront utilisées comme matériel de présélection pour le transfert de caractères d'intérêt dans des lignées élites. Enfin, le matériel végétal développé sera accessible aux programmes de sélection des pays membres du WAAPP pour une caractérisation dans leurs propres environnements et une utilisation dans leur programme de sélection.

Pour la diffusion des résultats, l'originalité de ce projet offre de fortes opportunités de publications qui seront ciblées sur des revues libre accès à bon facteur d'impact. De plus, la thèse de doctorat et les mémoires de masters seront des supports supplémentaires pour la diffusion des résultats. Par ailleurs, en plus de l'utilisation des réseaux tel que décrit en activité 4, il est prévu une participation à une conférence internationale. La conférence AAGB (Advances in Arachis through Genomics and Biotechnology) qui se tient tous les deux ans et qui regroupe les plus grands spécialistes mondiaux de la recherche sur l'arachide a été ciblée. La participation à cette conférence offrira aux résultats de ce projet de recherche un large écho dans la communauté de recherche sur l'arachide.

## 9. ÉVALUATION ENVIRONNEMENTALE ET SOCIALE DU PROJET

---

Impacts positifs majeurs: Ce projet permettra de développer de meilleures connaissances et compétences sur les approches de création variétale dans un contexte interspécifique ce qui offre une possibilité de transfert de ces approches à d'autres espèces. La sélection assistée par marqueurs entrainera une meilleure efficacité des programmes de sélection en systématisant l'utilisation des marqueurs moléculaires dans le processus de création variétale. La formation de doctorant et masters aux méthodes modernes de sélection est un point essentiel dans ce projet qui créera un effet d'augmentation de la masse critique de personnes compétentes dans cette thématique au Sénégal. Les lignées de pré-sélection avec leurs nouvelles combinaisons alléliques auront un fort potentiel pour publication et la création variétale ce qui créera de nouvelles opportunités de partenariat et le renforcement du partenariat existant. L'utilisation en routine du laboratoire entrainera une meilleure maîtrise des techniques de génotypage pour la production de données en quantité et en qualité ce qui représente un atout majeure dans la perspective d'évolution du CNS en CRE et l'accueil ainsi que la formation de chercheurs de la sous-région. Enfin le développement de lignées productives et adaptées entrainera à termes une augmentation des rendements donc des revenus des paysans.

Impacts négatifs et mesure de gestion environnementale : les impacts négatifs majeurs sont ceux liés à l'utilisation en routine du laboratoire de génotypage avec pour conséquences une augmentation des déchets produits ce qui nécessite un effort plus important pour leur gestion et leur élimination. Les dispositifs actuellement en place au laboratoire du CERAAS (organisation en atelier, isolation des ateliers à risques, information et formation sur les produits dangereux et leur manipulation) permettent d'assurer la sécurité des personnes et de biens. Des efforts supplémentaires, pointés par le rapport d'audit environnemental et social des projets de la phase 1 du WAAPP, sont à faire sur l'élimination des déchets. Il s'agit par exemple de se doter d'un nouvel incinérateur plus au norme que celui actuellement utilisé au CERAAS avec une plus grande capacité et efficacité de combustion, de la détoxification des liquides contaminés par du BET en lieu et place de leur confinement, du recrutement et/ou de la formation en interne d'une responsable hygiène sécurité et qualité au labo capable de prévenir les risques, de sécuriser les pratiques et de former les utilisateurs. Pour la plupart de ces points des actions sont prises dans le cadre de la certification ISO du CNS-CERAAS en phase 2 du WAAPP. L'achat d'un nouvel incinérateur qui répond aux normes environnementales sénégalaises est prévu dans le budget d'investissement du CNS. De même la détoxification des liquides contaminés au BET se fera à l'aide de cartouches à charbon actif spécialement conçues pour cet effet. Enfin, il est aussi prévu de recruter un(e) expert(e) qualité pour accompagner le CERAAS dans le processus de certification.

## 10. ÉCHEANCIER ET PLAN D'EXECUTION TECHNIQUE

### Echéancier et chronogramme d'exécution des activités

Activité. 1	2013			2014				2015				2016	
	Trim2	Trim3	Trim4	Trim1	Trim2	Trim3	Trim4	Trim1	Trim2	Trim3	Trim4	Trim1	Trim2
<b>Développement de 2 populations AB-QTL</b>													
Développement de l'AB-QTL_1	■	■	■										
Développement de l'AB-QTL_2		■	■			■							
Multiplication de l'AB-QTL_1				■	■	■							
Multiplication de l'AB-QTL_2						■	■						
Activité. 2													
<b>Caractérisations phénotypiques des populations de croisements interspécifiques</b>													
Caractérisation de la population CSSL		■	■										
Caractérisation des meilleures lignées CSSL						■	■						
Caractérisation de la population AB-QTL_1								■	■	■	■		
Caractérisation de la population AB-QTL_2											■	■	
Analyse des données				■	■	■		■	■	■		■	■
Activité. 3													
<b>Caractérisations moléculaires des populations de croisements interspécifiques</b>													
Construction de cartes génétiques	■	■	■	■									
Génotypage des populations AB-QTL				■	■	■	■	■	■				
Identification des QTL				■	■	■	■	■	■			■	■
Activité. 4													
Participation à une conférence internationale										■	■		

Le développement des populations AB-QTL se fera au CERAAS sous la responsabilité des chercheur et ingénieur du CERAAS. Leur multiplication se fera au CNRA de Bambey sous la responsabilité de Issa Faye, chef de programme de sélection de l'arachide de l'ISRA. La caractérisation phénotypique des populations de croisements interspécifiques sera sous la responsabilité du chef de programme de sélection de l'arachide pour les essais effectués à Bambey et sous la responsabilité du CERAAS pour les essais effectués à Nioro et à Ndiol. Pour ces activités des missions conjointes (CNRA et CERAAS) seront organisées de sorte à avoir une bonne visibilité sur le déroulement des activités et à s'assurer que chaque partenaire a le même niveau d'information sur les activités du projet. Les caractérisations moléculaires des populations de croisements interspécifiques se feront au CERAAS sous la responsabilité du chef de projet et des techniciens de l'équipe. De même, l'analyse des données et la détection de QTL se feront au CERAAS sous la responsabilité du chef de projet.

## 11. CADRE LOGIQUE (2 pages)

Logique d'intervention	Indicateurs Objectivement Vérifiables	Sources de Vérification	Hypothèses & Risques
<p><b>Objectifs global</b> création variétale chez l'arachide à partir de croisements interspécifiques pour le développement de variétés combinant des caractères d'adaptation aux stress abiotiques et de productivité</p>	<p>Nombre de populations développées, nombre de lignées intéressantes identifiées, nombre de QTL détectés</p>	<p>Rapport d'activités, Publications, matériel génétique disponible pour chaque population</p>	<p>Retard dans la mise en place des fonds</p>
<p><b>Objectif spécifiques et Résultats</b></p>			
<p><b>OS1-R1.</b> Deux nouvelles populations AB-QTL sont produites</p>	<p>Nombre d'individus de chaque population</p>	<p>Rapport d'activités, publications</p>	<p>Attaque d'acariens dans les serres, panne du système de refroidissement entraînant une élévation de la température dans les modules de croisement</p>
<p><b>OS1-R2.</b> Des stocks de semences pour l'ensemble des populations AB-QTL sont produits et disponibles pour les essais multilocaux</p>	<p>Nombre d'essais multilocaux mis en place</p>	<p>Rapports d'activités et évaluation à mi-parcours du projet</p>	<p>Conditions climatiques défavorables et dysfonctionnement du système d'irrigation de la station de Bambey</p>
<p><b>OS2-R1</b> La population de CSSL est caractérisée dans 3 environnements pour des traits phénotypiques liés à la productivité et à</p>	<p>Nombre d'essais mis en place et nombre de lignées performantes identifiées</p>	<p>Rapports d'activités et évaluation à mi-parcours du projet, publications</p>	<p>Forte pression parasitaire dans les sites de l'essai</p>

l'adaptation et les lignées qui se comportent le mieux dans ces environnements sont identifiées			
<b>OS2-R.2</b> Caractérisation des populations AB-QTL	Nombre d'essais mis en place	Rapports d'activités et évaluation à mi-parcours du projet, publications	Forte pression parasitaire dans les sites de l'essai et dysfonctionnement du système d'irrigation de la station de Bambey
<b>OS3-R1.2.3.</b> Construction de carte génétique, génotypage des populations AB-QTL et détection de QTL	Nombre de marqueurs cartographiés sur les deux cartes produites et nombre d'individus BC <sub>2</sub> F <sub>4</sub> génotypés, nombre de QTL détectés	Rapports d'activités et évaluation à mi-parcours du projet, publications	Retard dans la passation des marchés pour l'approvisionnement en consommables de laboratoire. Dysfonctionnement du séquenceur



## 12. COMPOSITION ET EXPERTISE DE L'ÉQUIPE (2 pages)

Donner la liste et les CV des scientifiques impliqués dans le projet ; joindre une demi-page résumée de l'expérience des membres de l'équipe de recherche et la liste de leurs publications ayant un rapport direct avec la proposition de recherche.

Prénom & nom	Institution	Discipline	Diplôme le plus élevé
<b>Daniel Fonceka</b>	CIRAD-CERAAS	Génétique moléculaire	Doctorat
<b>Issa Faye</b>	ISRA	Sélectionneur	Doctorat
<b>Hodo-Abalo Tossim</b>	CERAAS	agronome	Ingénieur
<b>Mbaye Ndoye Sall</b>	CERAAS	Biologie moléculaire	Licence
<b>Sassoum Lô</b>	CERAAS	Biologie Moléculaire	Licence

Les membres de l'équipe de recherche qui propose ce projet collaborent sur les approches d'introgession interspécifiques depuis 2006. Cette équipe a développé la toute première population de lignées de substitution de segments chromosomiques (CSSL) et les premières approches AB-QTL chez l'arachide. Cette compétence est reconnue à l'international et a permis aux membres de l'équipe de faire des publications dans des revues à fort facteur d'impact, de participer aux grands projets internationaux sur l'arachide (TL1 et TL2 financé par la fondation Bill et Melinda Gates et CGIAR Research Program 3.5) et à des publications de rang A impliquant des équipes de recherche de renommée mondiale. Par ailleurs Dr Issa Faye est le chef de programme de la sélection arachide de l'ISRA. Il a à son actif plusieurs obtentions variétales homologuées ou en cours d'homologation. Hodo-Abalo Tossim est un ingénieur agronome qualifié, qui a effectué toutes les hybridations interspécifiques, qui entretient les populations créées et qui a été responsable du suivi agronomique de tous les essais mis en place dans le cadre de la caractérisation de ces populations. Mbaye Ndoye Sall et Sassoum Lô sont des techniciens supérieurs très qualifiés qui sont responsables de la plateforme de génotypage du CERAAS. Ils maîtrisent parfaitement toutes les techniques de génotypage à l'aide de marqueurs SSR

### Liste des publications ayant un rapport direct avec la proposition de recherche

**Foncéka D, Hodo-Abalo T, Rivallan R, Vignes H, Lacut E, de Bellis F, Faye I, Ndoye O, Leal- Bertioli SCM, Valls JFM, Bertioli DJ, Glaszmann JC, Courtois B, Rami JF (2012) Construction of Chromosome Segment Substitution Lines in peanut (*Arachis hypogaea* L.) using a wild synthetic and QTL mapping for plant morphology. *PLoS ONE* 7 (11) : 10.1371/journal.pone.0048642**

Gautami B, **Foncéka D**, Pandey MK, Moretzsohn MC, Sujay V, et al. (2012) An International Reference Consensus Genetic Map with 897 Marker Loci Based on 11 Mapping Populations for Tetraploid Groundnut (*Arachis hypogaea* L.). *PLoS ONE* 7(7): e41213. doi:10.1371/journal.pone.0041213

**D. Foncéka, T. Hodo-Abalo, R. Rivallan, H. Vignes, I. Faye, O. Ndoye, D. Bertioli, MC. Moretzsohn, JC. Glaszmann, B. Courtois, JF. Rami** (2011). Fostered and left-behind alleles in peanut (*Arachis hypogaea* L.): Interspecific QTL mapping reveals footprints of domestication and useful natural variation for breeding. ***BMC Plant Biology*** 12:1

Billot, C., Rivallan, R., **Ndoye Sall, M., Foncéka, D.**, Deu, M., Glaszmann, J.C., Noyer, J.L., Rami, J.F., Risterucci, A.M., Wincker, P. *et al.* (2012) A reference microsatellite kit to assess for genetic diversity of *Sorghum bicolor* (Poaceae). ***American Journal of Botany***, **99**, e245- e250.

**Foncéka D.** (2010) Widening the gene pool of cultivated peanut: Application for population development, QTLs mapping and genetic improvement of the cultivated species. Original Title (Elargissement de la base génétique de l'arachide cultivée: Applications pour la construction de populations, l'identification de QTLs, et l'amélioration de l'espèce cultivée.) ***Ph.D (120p) Montpellier SupAgro***

**I. Faye, D. Foncéka, JF. Rami, T. Hodo-Abalo, MN. Sall, A.T. Diop, O. Ndoye** (2010). Inheritance of fresh seed dormancy in Spanish-type peanut (*Arachis hypogaea* L.): bias introduced by inadvertent selfed flowers as revealed by microsatellite markers control. ***African Journal of Biotechnology*** vol. 9 (13), pp. 1905-1910.

**D. Foncéka, T. Hodo-Abalo, R. Rivallan, I. Faye, M.N Sall, O. Ndoye, A.P. Favéro, D.J. Bertioli, JC. Glaszmann, B. Courtois, JF. Rami** (2009). Genetic mapping of wild introgressions into cultivated peanut: A way toward enlarging the genetic basis of a recent allotetraploid. ***BMC Plant Biology*** 9:103

### 13. BUDGET (1 page)

DESIGNATION DES POSTES DE DEPENSE	REPARTITION DU BUDGET			TOTAL (F CFA)
	PARTENAIRE1	PARTENAIRE2	PARTENAIRE3	
<b>I – INVESTISSEMENTS</b>				
— Matériel et Outillage agricole	2547500	708500		3256000
— Matériel Informatique	350000			350000
— Matériel de Laboratoire				
— Mobilier et Matériel de Bureau				
— Matériel de Transport (Motos, Vélos...)				
<b>II FONCTIONNEMENT</b>				
1. Achats et variations de stocks				837000
2. Achat de matières premières				16021000
— petit matériel de laboratoire ou agricole	366000	471000		
— produits chimiques	16000000	21000		
— fournitures de bureau	100000	100000		200000
— carburant et lubrifiant	2784000	1912000		4696000
— autres Achats de fournitures et Matériels	440000	55000		495000
2. Frais de voyage et de déplacement				
— Frais de transport				
3. Autres Services Extérieurs A :				
— Documentation et Information scientifique	150000			150000
— Frais d'études et Recherches				2000000
— Frais de séminaire, Atelier	2000000			1000000
— Publicité, Publications et relations publiques	1000000			
— Frais bancaires				

4. Autres Services Extérieurs B :				
— Frais d'analyse				
— Frais de mission	8000000	3300000		11300000
— Honoraire et prestations de Service				2000000
— Frais de Formation, Stage	2000000			
— Autres	300000	200000		500000
5. Frais de Personnel				
— Charges Salariales du personnel	22288800	12291600		34580400
<b>Sous-total</b>	58326300	19059100		<b>77385400</b>
<b>Coûts indirects (10 %)</b>	5832630	1905910		<b>7738540</b>
<b>Sous-total</b>				
<b>TOTAL</b>	64158930	20965010		<b>84773940</b>

#### 14. NOTE EXPLICATIVE DU BUDGET

---

Le CERAAS et le CNRA de Bambeby sont les principales structures exécutrices du projet.

##### **PETIT MATERIEL DE LABORATOIRE, OUTILLAGE AGRICOLE**

Cette rubrique comprend le matériel utilisé pour les travaux de croisement (bassines de 30 L) et la protection des sites (grillage). C'est un matériel avec un turnover important car exposé de manière permanente aux intempéries (soleil et pluies). Sur les 3 256 000 FCFA affectés à cette rubrique environ 1750000 servira pour l'achat de bassines (1000 bassines) et du grillage pour la protection des expérimentations sur chaque site.

##### **MATERIELS INFORMATIQUES**

350 000 FCA sont prévus pour l'achat d'un ordinateur portable qui permettra la collecte des données sur les différents sites et l'exécution d'autres tâches. De plus nous disposons d'une tablette portative pour la prise de données qui nécessite d'être téléchargée régulièrement.

##### **PRODUITS CHIMIQUES**

La part la plus importante de cette rubrique (16000000 FCFA) servira à l'achat de consommables et de produits chimiques pour le génotypage. En effet, au total 150000 points de données seront nécessaires pour la construction des cartes génétiques et pour le génotypage des individus des populations AB-QTL\_1 et 2.

#### **CARBURANT ET LUBRIFIANT**

4 696 000 FCFA répartis entre le Ceraas et le CNRA de Bambey sont prévus pour l'achat du carburant et du lubrifiant pendant les trois ans que durera le projet et sont destinés à assurer les missions de suivi sur le terrain et le convoyage du sable par le camion (18 allées-retours en moyenne) de Bambey à Thiès utilisé pour les travaux de croisement.

#### **Fournitures de bureau**

Du papier, des marqueurs indélébiles, des cartouches d'encre pour imprimantes et des stylos seront achetés pour une valeur de 200 000 FCFA.

#### **AUTRES FOURNITURES**

Cette rubrique représente les achats des emballages (sachets et sacs vides de riz) pour le transport des échantillons des sites de NIORO et NDIOL vers le centre de BAMBEY et la valeur s'élève à 490 000 FCFA.

#### **FRAIS DE SEMINAIRE ET ATELIER**

Cette rubrique est prévue pour la participation à un meeting international sur l'arachide. Elle couvrira les frais d'inscription, de visas, les billets d'avion et le séjour.

#### **PUBLICITE, PUBLICATION ET RELATIONS PUBLIQUES**

Cette rubrique représente les coûts pour la correction et la publication d'articles scientifiques dans des revues à haut facteur d'impact telles que BMC Plant Biology, PLOS One. Elle s'élève à 1000000 FCFA

#### **FRAIS DE MISSION**

Etant donné l'importance et l'originalité du matériel végétal à caractériser dans les différents sites, il est prévu un suivi régulier de tous ces sites par une équipe composée d'un chercheur de Bambey et d'un chercheur ainsi que d'un ingénieur du CERAAS qui ont en charge de gérer le projet. Les fonds prévus assurent le déplacement de deux (2) chercheurs, un ingénieur agronome et d'un chauffeur sur chaque site pour une fréquence d'une visite tous les 15 jours durant toute la durée des expérimentations.

#### **FRAIS DE FORMATION, STAGE**

Cette rubrique est consacrée à des stages de formation des étudiants en master et un technicien de terrain avec une allocation de recherche mensuelle de 80 000 FCFA et pendant 6 mois. 2000000 FCFA sont alloués à cet effet.

#### **CHARGES SALARIALES DU PERSONNEL**

Cette rubrique est prévue pour la rémunération d'un technicien en CDD sur deux ans et de la main d'œuvre temporaire. Suivant le barème ISRA le coût de technicien en CDD à temps plein est de 6000000 FCFA par an. Ce coût comprend le salaire fixe les cotisations patronales et les indemnités de fin de contrat. Afin de maintenir les parcelles propres durant le cycle cultural et ceci dans le but de lutter efficacement la pression parasitaire, il est prévu un nettoyage régulier avec des sarclo-binages toutes les deux semaines à raison de 6 personnes par jours par séance de nettoyage et par site (3 jours par site). Au total, 5 séances seront nécessaires pour chaque site durant tout le cycle cultural. Les autres activités inscrites dans cette rubrique concernent les traitements post-récoltes sur des essais provenant des trois sites (NIORO, NIOL et BAMBEY), les travaux de remplissage des bassines, d'arrosage, d'entretien des plantes, la récolte, le traitement post-récolte et le nettoyage des bassines et la serre après chaque récolte prévus à Thiès.

## 15. REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

---

FAOSTAT, Rome, Italy. <http://faostat.fao.org/>

REVOREDO, C.L., AND S. FLETCHER. 2002. World peanut market: an overview of the past 30 years. Georgia Agricultural Experiment Stations, College of Agricultural and Environmental Sciences, the University of Georgia.

KRAPOVICKAS, A., AND W. GREGORY. 1994. Taxonomía del género *Arachis* (*Leguminosae*). *Bonplandia* 8: 1-186.

VALLS, J.F.M., AND C.E. SIMPSON. 2005. New species of *Arachis* (*Leguminosae*) from Brazil, Paraguay and Bolivia. *Bonplandia* 14: 35–63.

C.E. SIMPSON, KRAPOVICKAS AND A.VALLS, J.F.M. 2001. History of *Arachis* including evidence of *A. hypogaea* L. progenitors. *Peanut Science* 28: 78-80

STALKER, H.T., WYNNE, J.C., AND COMPANY, M. (1979). Variation in progenies of an *Arachis hypogaea* x diploid wild species hybrid. *Euphytica* 28, 675–684.

STALKER (1984). Utilizing *Arachis cardenasii* as a source of *Cercospora* leafspot resistance for peanut improvement. *Euphytica* 33, 529–538.

GARCIA, G.M., STALKER, H.T., AND KOCHERT, G. (1995). Introgression analysis of an interspecific hybrid population in peanuts (*Arachis hypogaea* L.) using RFLP and RAPD markers. *Genome* 38, 166–176.

GARCIA, G.M., STALKER, H.T., SHROEDER, E., AND KOCHERT, G. (1996). Identification of RAPD, SCAR, and RFLP markers tightly linked to nematode resistance genes introgressed from *Arachis cardenasii* into *Arachis hypogaea*. *Genome* 39, 836–845.

GIMENES, M.A., LOPES, C.R., GALGARO, M.L., VALLS, J.F.M., AND KOCHERT, G. (2002). RFLP analysis of genetic variation in species of section *Arachis*, genus *Arachis* (*Leguminosae*). *Euphytica* 123, 421 – 429.

MORETZSOHN, M., HOPKINS, M., MITCHELL, S., KRESOVICH, S., VALLS, J., AND FERREIRA, M. (2004). Genetic diversity of peanut (*Arachis hypogaea* L.) and its wild relatives based on the analysis of hypervariable regions of the genome. *BMC Plant Biology* 4, 11.

MILLA, S.R., ISLEIB, T.G., AND STALKER, H.T. (2005). Taxonomic relationships among *Arachis* sect. *Arachis* species as revealed by AFLP markers. *Genome* 48, 1–11.

- KOCHERT, G., STALKER, H.T., GIMENES, M., GALGARO, L., LOPES, C.R., AND MOORE, K. (1996). RFLP and cytogenetic evidence on the origin and evolution of allotetraploid domesticated peanut *Arachis hypogaea* (Leguminosae). *Am J Bot* 83, 1282 – 1291.
- SEIJO, J.G., G.I. LAVIA, A. FERNANDEZ, A. KRAPOVICKAS, D. DUCASSE, AND E.A. MOSCONE. 2004. Physical mapping of the 5S and 18S-25S rRNA genes by FISH as evidence that *Arachis duranensis* and *A. ipaensis* are the wild diploid progenitors of *A. hypogaea* (Leguminosae). *American Journal of Botany* 91: 1294-1303.
- FAVERO, A.P., C.E. SIMPSON, J.F.M. VALLS, AND N.A. VELLO. 2006. Study of the Evolution of Cultivated Peanut through Crossability Studies among *Arachis ipaensis*, *A. duranensis*, and *A. hypogaea*. *Crop Science* 46: 1546-1552.
- SIMPSON, C., AND J. STARR. 2001. Registration of 'COAN' Peanut. *Crop Science* 41: 918.
- MALLIKARJUNA, N., SENTHILVEL, S., AND HOISINGTON, D. (2011). Development of new sources of tetraploid *Arachis* to broaden the genetic base of cultivated groundnut (*Arachis hypogaea* L.). *Genetic Resources and Crop Evolution* 58, 889–907.
- FONCEKA, D., HODO-ABALO, T., RIVALLAN, R., FAYE, I., SALL, M.N., NDOYE, O., FAVERO, A., BERTIOLI, D., GLASZMANN, J.-C., COURTOIS, B., ET AL. (2009). Genetic mapping of wild introgressions into cultivated peanut: a way toward enlarging the genetic basis of a recent allotetraploid. *BMC Plant Biol* 9, 103.
- FONCEKA, D., TOSSIM, H.-A., RIVALLAN, R., VIGNES, H., FAYE, I., NDOYE, O., MORETZSOHN, M.C., BERTIOLI, D.J., GLASZMANN, J.-C., COURTOIS, B., ET AL. (2012a). Fostered and left behind alleles in peanut: interspecific QTL mapping reveals footprints of domestication and useful natural variation for breeding. *BMC Plant Biology* 12, 26.
- FONCEKA, D., TOSSIM, H.-A., RIVALLAN, R., VIGNES, H., LACUT, E., DE BELLIS, F., FAYE, I., NDOYE, O., LEAL-BERTIOLI, S.C.M., VALLS, J.F.M., ET AL. (2012b). Construction of Chromosome Segment Substitution Lines in Peanut (*Arachis hypogaea* L.) Using a Wild Synthetic and QTL Mapping for Plant Morphology. *PLoS ONE* 7, e48642.
- SCHMALENBACH, I., J. LÉON, AND K. PILLEN. 2009. Identification and verification of QTLs for agronomic traits using wild barley introgression lines. *TAG Theoretical and Applied Genetics* 118: 483-97.
- BROMAN KW, WU H, SEN S, CHURCHILL GA: R/QTL: QTL mapping in experimental crosses. *Bioinformatics* 2003, 19:889-890.



