

AFLP analysis of Genetic Diversity Among Different *Jatropha curcas L.* Genotypes from Africa and Ecuador

N.O. Konan, L.N. Nacoulima & F.H. Diouf

N.O. Konan :

L.N. Nacoulima :

F.H. Diouf :

DOI: [10.25518/2295-8010.947](https://doi.org/10.25518/2295-8010.947)

Résumé :

Analyse par les marqueurs AFLP de la diversité génétique de différents génotypes de *Jatropha curcas L.* provenant d'Afrique et d'Equateur.

Soixante-dix génotypes de *Jatropha curcas L.* originaire d'Afrique (Sénégal, Mali, Burkina Faso et Madagascar) et d'Equateur ont été analysés pour leur diversité génétique en utilisant deux combinaisons de marqueurs AFLP. Les résultats ont révélé une importante diversité génétique dans les populations étudiées. La population avec la plus grande diversité génétique était celle de Madagascar ($H_e = 0.2638$ and $I = 0.4066$) et la moins diverse celle du Senegal-Tamba ($H_e = 0.1962$ and $I = 0.3079$). L'AMOVA (analysis of molecular variance) a détecté la plus grande variation (81% de la variation moléculaire totale) dans les populations contre 19% entre populations. Cela pourrait être dû au haut niveau d'allogamie observé chez cette espèce. La distance génétique standard non biaisée de Nei allait de 0.010 (Senegal-Tamba et Burkina Faso) à 0.131 (Mali et Ecuador); la moyenne était de 0,063. L'analyse des relations génétiques entre les 6 populations en utilisant la méthode du neighbor-joining cluster analysis et l'analyse des composantes principales (PCoA) a montré 5 clusters avec globalement les regroupements de i) la plupart des génotypes du Burkina Faso et du Sénégal-Tamba, ii) la plupart des génotypes du Sénégal-Diobass et du Mali, iii) la plupart des génotypes d'Equateur et de Madagascar, et iv) quelques mélanges par endroit. En considérant les distances génétiques existant entre les différentes origines, il y a des perspectives de développement d'hybrides F1. Le croisement des génotypes des clusters I et V qui sont les plus éloignés pourrait permettre l'obtention d'hybrides exhibant les meilleurs effets d'hétérosis.

Abstract :

Six populations amounting to a total number of seventy genotypes of *Jatropha curcas L.* originating from Africa (Senegal, Mali, Burkina Faso and Madagascar) and Ecuador were investigated for genetic diversity using two AFLP primer combinations. The results revealed a high genetic diversity in the populations studied. The population with greatest genetic diversity was Madagascar ($H_e = 0.2638$ and $I = 0.4066$) and the least diverse was Senegal-Tamba ($H_e = 0.1962$ and $I = 0.3079$). AMOVA (analysis of molecular variance) detected the highest proportion of variation within populations (81% of the total molecular variation). This may be attributed to the high level of allogamy observed in this species. The Nei's standard unbiased genetic distance (D) between the populations ranged from 0.010 (Senegal-Tamba and Burkina Faso) to 0.131 (Mali and Ecuador); the average was 0.063. Analysis of the genetic relationships among the 6

populations using both neighbor-joining cluster analysis and principal component analysis (PCoA) showed five clusters with globally, groupings of i) most of Burkina Faso and Senegal-Tamba genotypes, ii) most of Mali and Senegal-Diobass genotypes , iii) most of Madagascar and Ecuador genotypes, and iv) some mixings of genotypes with different origins. Considering the distance existing between the different origins there are prospects to develop F1 hybrids. The greatest heterosis might be expected from crossing involving genotypes of cluster I and cluster V which group the more distant genotypes. Such crossing schemes might produce greater success in the production of genetic variability and might maximize the exploitation of heterosis and segregation.

Keywords : *Jatropha curcas*, Genetic diversity, AFLP, Molecular markers, Polymorphism-Biodiesel, Ivory Coast, Agronomy

PDF généré automatiquement le 2020-07-01 23:15:35

Url de l'article : <https://popups.uliege.be:443/2295-8010/index.php?id=947>