

Approche quantitative du déterminisme génétique de l'expression du sexe chez le chanvre monoïque (*Cannabis sativa* L.), et ses relations avec la phénologie de la floraison et les rendements en tiges et en graines

*“Quantitative approach of the genetic determinism of sex expression in monoecious hemp (*Cannabis sativa* L.), and its relationship with flowering phenology and stem and seed yields”*

L'expression du sexe est une préoccupation majeure pour l'amélioration génétique du chanvre industriel (*Cannabis sativa* L.). Bien que naturellement dioïque et portant des chromosomes sexuels hétéromorphiques, l'espèce présente un phénotype sexuel fortement variable. Des variétés monoïques ont été développées. Celles-ci permettent la récolte mécanique des tiges et des graines ; cependant, la production de semences de chanvre monoïque requiert un contrôle strict de l'expression du sexe. Dans ce contexte, la présente thèse a investigué le déterminisme génétique de l'expression du sexe et établi les relations entre expression du sexe, phénologie de la floraison et rendements en tiges et en graines chez le chanvre monoïque.

L'existence de variabilité génotypique pour l'expression du sexe chez le chanvre monoïque a été mise en évidence malgré la sensibilité environnementale élevée du caractère. Les variations d'expression du sexe et de précocité entre variétés monoïques étaient consistantes pour la majorité des variétés. Des rendements en graines plus élevés ont été obtenus avec des variétés à phénotype sexuel féminisé et précocité moyenne. La constitution en chromosomes sexuels du chanvre monoïque a été démontrée: le chanvre monoïque porte des chromosomes XX, lesquels présentent des homologies avec à la fois les chromosomes X et Y du chanvre dioïque. Trois populations de ségrégation F₁ ont été créées, et une carte génétique a été construite pour chacune d'entre elles. La distribution des fleurs mâles et femelles au long de la tige des plantes monoïques a été modélisée. Un nombre relativement élevé de positions génomiques (QTLs, ou *quantitative trait loci*) montrant une variation associée aux paramètres du modèle a été identifié. Certains de ces QTLs étaient probablement localisés sur les chromosomes sexuels. De plus, des QTLs montrant une variation associée à la précocité et aux rendements ont été mis en évidence. Certains d'entre eux étaient étroitement liés avec des QTLs identifiés pour l'expression du sexe. Leurs putatives implications pour l'amélioration du chanvre ont été discutées.

En conclusion, l'approche quantitative développée dans cette thèse a fourni des avancées fondamentales pour améliorer notre compréhension du déterminisme génétique de l'expression du sexe chez le chanvre monoïque et soutenir sa culture pour la production simultanée de tiges et de graines.

Anne-Michelle Faux

Université catholique de Louvain
Faculté d'Ingénierie biologique, agronomique
et environnementale Earth and Life Institute -
Crop physiology and plant breeding

Bâtiment de Serres, b.231
Croix du Sud, 2 – 11 (L7.05.11)
B – 1348 Louvain-la-Neuve
Tel : +32 (0) 10473510
Fax : +32 (0) 10472021

Anne-Michelle.Faux@uclouvain.be