

Genetic Diversity and Introgression Analyses in Coffee (*Coffea arabica* L.) Using Molecular Markers

F. ANTHONY¹, M. C. COMBES², J. C. HERRERA², N. S. PRAKASH³,
B. BERTRAND⁴, P. LASHERMES²

¹CATIE-IRD, Turrialba, Costa Rica

²IRD, Montpellier, France

³Regional Coffee Research Station, Andhra Pradesh, India

⁴IICA/PROMECAFE-CIRAD, San José, Costa Rica

SUMMARY

DNA markers (AFLP, RAPD, RFLP, SSR) were recently used to assess the genetic diversity among wild and cultivated *C. arabica* accessions, and to detect introgressions from *C. canephora* and *C. liberica* into *C. arabica* genome. The results allowed for the definition of breeding strategies using the whole genetic diversity that are conserved in field genebanks and for the control of alien gene transfer to improve arabica cultivars.

Almost all polymorphism was generated by the Ethiopian material. The southwestern Ethiopian accessions were grouped separately from the southeastern Ethiopian accessions. The cultivars were classified according to their genetic origin (i.e. Typica or Bourbon). The Yemen cultivars were grouped with the Typica-derived accessions, confirming the Yemen origin of the coffee plant cultivated in Amsterdam and Paris at the beginning of the 18th century and later known as Typica.

Introgressions of *C. canephora* and *C. liberica* were identified in derivatives from natural interspecific hybrids (i.e. Timor Hybrid and S.26). The introgressed genotypes were distinguished from the *C. arabica* accessions by additional bands (i.e. introgressed markers) and missing bands (i.e. markers related to introgression process). The missing bands might be associated with the stabilization process of introgressed fragments over the generations.

Segregation of the *C. canephora* genome in the tetraploid interspecific hybrid (*C. arabica* x *C. canephora*) was studied using a complete linkage map of *C. canephora*. The chromosomes segregated at random in the tetraploid hybrid, indicating the absence of preferential pairing of the four sets of chromosomes. Recombination in the tetraploid hybrid was not significantly restricted by the genetic differentiation of chromosomes belonging to the different genomes.

RÉSUMÉ

Des marqueurs de l'ADN (AFLP, RAPD, RFLP, SSR) furent récemment utilisés pour évaluer la diversité génétique présente chez les caféiers (*C. arabica*) sauvages et cultivés, et pour détecter les introgressions de *C. canephora* et *C. liberica* dans le génome *C. arabica*. Les résultats permettent de définir des stratégies d'amélioration qui utilisent l'ensemble de la diversité génétique conservée dans les collections en champ et de contrôler les transferts de gènes pour améliorer les cultivars *C. arabica*.

Presque tout le polymorphisme fut généré par le matériel d'Ethiopie. Les accessions du sud ouest de l'Ethiopie se sont classées séparément des accessions du sud est. Les cultivars se sont

regroupés selon leur origine génétique (Typica ou Bourbon). Les cultivars du Yémen furent associés avec les accessions dérivées du Typica, ce qui confirme l'origine yéménite du caféier cultivé à Amsterdam et Paris au début du XVIIIe siècle et connu plus tard comme Typica.

Les introgressions de *C. canephora* et *C. liberica* furent identifiées dans des descendance d'hybrides interspécifiques naturels (Hybride de Timor et S26). Les génotypes introgressés se sont distingués des accessions *C. arabica* par la présence de bandes additionnelles (marqueurs introgressés) et l'absence de bandes (marqueurs liés au processus d'introgression). Les bandes manquantes pourraient être associées au processus de stabilisation des fragments introgressés au cours des générations.

Les ségrégations du génome *C. canephora* furent étudiées chez l'hybride interspécifique tétraploïde (*C. arabica* x *C. canephora*), en utilisant une carte de liaison de *C. canephora*. Les chromosomes ségrègent au hasard chez l'hybride tétraploïde, ce qui indique l'absence d'appariements préférentiels des quatre ensembles de chromosomes. Les recombinaisons chez l'hybride tétraploïde ne sont pas significativement limitées par la différenciation génétique des chromosomes appartenant aux différents génomes.