

# Les nouvelles approches de la génétique cotonnière

Pour exploiter les ressources génétiques du monde végétal, les sélectionneurs disposent aujourd'hui d'outils nouveaux : logiciels de modélisation du fonctionnement des plantes, descripteurs agromorphologiques (*plant mapping*), biologie moléculaire, transformation génétique. Mais en même temps que la science accroît la capacité à agir sur le vivant, les utilisateurs demandent toujours plus : un cotonnier avec des qualités de fibre hautement performantes, facile à cultiver, qui puisse s'adapter à des systèmes de culture variés ou à des conditions de climat particulières. Ces dernières années, le Cirad s'est efforcé de maîtriser ces nouveaux outils pour la création de variétés de cotonnier répondant le plus précisément possible aux exigences des acteurs de la filière, c'est-à-dire les producteurs des pays du Sud et les utilisateurs de la fibre. Les différents thèmes de recherche, alliant maîtrise des technologies nouvelles et techniques classiques de sélection, sont conduits de façon coordonnée selon le schéma présenté en figure 1.

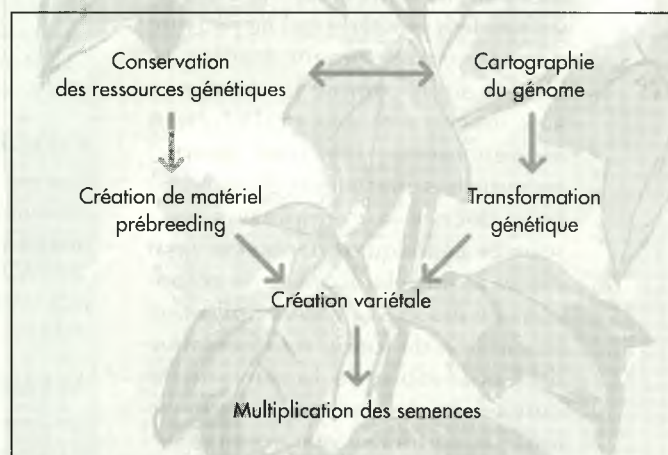


Figure 1. Utilisation des ressources génétiques cotonnières au Cirad.



## La conservation des ressources génétiques du cotonnier : aboutir à une *core collection*

La collection de génotypes de cotonnier du Cirad, avec près de 3 600 accessions, est une des plus importantes au monde. Elle est enrichie périodiquement d'accessions nouvelles. Elle est conservée en chambre froide à Montpellier (France) sous conditions stables de température et d'humidité (4 °C, 45 % d'humidité relative). Le pouvoir germinatif des semences y est régulièrement contrôlé. La réjuvenation des accessions anciennes, dont le pouvoir germinatif est trop faible, ou l'évaluation des nouvelles, sont réalisées au Centre actif des ressources génétiques situé au Costa Rica (encadré 1).

L'évaluation des accessions est achevée à 90 % pour la collection des variétés anciennes, sur la base de quelques caractères morphologiques, d'indications sur le cycle de croissance (précocité notamment) et des qualités technologiques de la fibre et de la graine. Dans les années qui viennent, ce travail devrait être poursuivi dans les différents milieux des stations du réseau, par l'observation des caractères qui ne peuvent pas être correctement étudiés au Centre actif, comme la résistance aux insectes et aux maladies. A moyen terme, le Cirad devrait recourir aux marqueurs du génome pour décrire le germplasm (ressources génétiques). L'objectif final est de réduire la quantité de cotonniers en étude à une *core collection* (collection de fond), représentative de l'ensemble de la variabilité conservée. Les génotypes qui ne font pas partie de cette *core collection* seront confinés en cryoconservation (conservation à très basse température).

## La création de variabilité génétique

L'évaluation des accessions doit aboutir à la mise en évidence de cotonniers possédant des caractères pouvant servir à l'amélioration variétale. Les lignées ainsi identifiées peuvent être mises à disposition des sélectionneurs pour des croisements dans le cadre de leurs programmes

respectifs, ou être utilisées pour créer des populations sources (ou lignées prébreeding) par la méthode de sélection récurrente (technique de sélection itérative alternant les cycles de brassage génétique et de choix de plantes). Des programmes de croisements ont été entrepris dans le but de brasser des gènes pour favoriser de nouvelles recombinaisons dans le cadre d'objectifs particuliers : variétés d'excellente qualité technologique ou variétés précoces. Les lignées les plus intéressantes

### Encadré 1

## Le Centre actif des ressources génétiques

Le Centre actif des ressources génétiques est situé au Costa Rica au sein des infrastructures d'un organisme spécialisé dans la sélection et la production de semences (Costasem). Les objectifs du Centre sont le renouvellement et l'évaluation des accessions de la collection de cotonniers du Cirad, la création de populations présentant une nouvelle variabilité génétique et la multiplication des variétés. Dans cette collection, les cultivars provenant d'échanges ou de programmes de création variétale constituent la moitié des accessions. Les génotypes issus de prospections ou d'hybridations interspécifiques représentent l'autre partie de la collection. En décembre 1998, on pouvait recenser 3 591 accessions se répartissant entre 1 933 variétés anciennes des quatre espèces cultivées (*Gossypium hirsutum* 1 469 variétés, *G. barbadense* 406, *G. arboreum* 28, *G. herbaceum* 30) et 1 658 génotypes rassemblés au cours de prospections dans les centres d'origine (représentant 31 espèces et 71 lignées recombinant différents génomes, issues de croisements interspécifiques).

### Renouvellement et évaluation

L'évaluation de la collection consiste à décrire les caractères botaniques, agronomiques et technologiques de chaque accession, puis à recueillir toutes les caractéristiques particulières des cultivars concernant notamment les résistances aux maladies et aux insectes. L'ensemble de ces informations est regroupé dans une base de données associée à un logiciel qui permet d'éditer les fiches variétales et le catalogue des accessions ou de mener des recherches multicaractères. Chaque année, une centaine d'accessions est renouvelée et décrite. Des graines issues de fleurs autofécondées sont renvoyées au Cirad à Montpellier où elles sont conservées en chambre froide.

### Création de populations

Une des principales vocations du Centre est de créer des populations sources capables de fournir des lignées qui présentent une nouvelle variabilité. Les méthodes de sélection récurrente sont utilisées pour répondre à ces exigences. Les objectifs de sélection sont une rusticité et une précocité accrues ainsi qu'une meilleure résistance aux insectes, tout en gardant des qualités technologiques conformes aux besoins du marché.

### La multiplication

Le Centre réalise des multiplications de semences certifiées, ce qui permet au Cirad de fournir du matériel de qualité à ses partenaires pour installer des multiplications sous licence.

Contact : D. DESSAUW (Cirad-ca, programme Coton, Costa Rica)



Triage du coton graine après la récolte des essais en station, Tchad. B. Berger

seront ensuite envoyées aux sélectionneurs pour la fixation variétale ou pour introduction dans leurs propres programmes de sélection.

## L'introgression assistée par marqueurs

La mise en évidence de marqueurs moléculaires associés à des caractères intéressants (*Quantitative Trait Loci*, QTL) exploités avec la sélection assistée par marqueurs débouchent sur de nouvelles perspectives de progrès pour la sélection de nombreuses espèces cultivées (encadré 2). Dans un premier temps, les caractères technologiques de fibre seront évalués grâce à des cultures conduites à Montpellier et les descendances seront également observées en milieu tropical. Cela pourrait être l'opportunité de déceler d'autres QTL liés à des caractéristiques agronomiques, comme la morphologie, la résistance aux maladies ou les caractères de précocité.

### Encadré 2

## Les marqueurs moléculaires : un accès plus large à la variabilité génétique

Par rapport aux marqueurs morphologiques habituellement utilisés en amélioration des plantes, les marqueurs moléculaires de l'Adn offrent les avantages d'être insensibles au milieu et de révéler un polymorphisme important entre individus. Ils ont des applications importantes en sélection car ils permettent de situer sur une carte génétique des loci ou des gènes codant pour des caractères d'intérêt et aussi de guider l'introgression de certains de ces gènes dans des génomes receveurs. Pour le cotonnier, une revue rapide de la littérature montre que les marqueurs de l'Adn sont surtout employés de deux façons :

- pour la gestion des ressources génétiques et l'analyse des relations entre espèces (PERCY et WENDEL, 1990 ; TATINENI *et al.*, 1996 ; WANG *et al.*, 1995 ; WENDEL, 1989 ; WENDEL et ALBERT, 1992 ; WENDEL *et al.*, 1992) ;
- comme outil en sélection pour introgresser des caractères d'intérêt entre espèces différentes (CANTRELL *et al.*, 1998 ; LAZO *et al.*, 1997 ; VROH BI *et al.*, 1998 ; YU *et al.*, 1999).

Le Cirad a commencé en 1998 un programme de rétrocroisements assistés par marqueurs, dont l'objectif est d'introgresser des gènes déterminants de caractères de qualité de fibre de l'espèce *G. barbadense* dans l'espèce *G. hirsutum*. Ce travail comporte plusieurs étapes. La première consiste à établir une carte génétique du génome du cotonnier à partir de l'analyse d'une population en ségrégation, dite population de type BC1 (*G. hirsutum*<sup>s</sup> x *G. barbadense*), issue d'un croisement interspécifique entre *G. hirsutum* et *G. barbadense*. Cette carte sera établie grâce à 1 000 marqueurs environ de types Rflp (*Restriction fragment Length Polymorphism*), microsatellites et Aflp (*Amplified Fragment Length Polymorphism*). La seconde étape de caractérisation des loci influençant la variation des caractéristiques technologiques de la fibre est fondée sur l'évaluation de la fibre de cette même population BC1. La comparaison de la variabilité de chaque caractéristique, avec celle observée grâce aux loci marqueurs, permettra de localiser sur le génome des *Quantitative Trait Loci* (QTL) marqueurs de qualité de la fibre. Dans chacune des générations successives de rétrocroisement sur le parent *G. hirsutum*, certains individus seront sélectionnés, d'une part sur la présence des allèles favorables (*G. barbadense*) aux loci marqueurs de qualité de la fibre et, d'autre part, sur la ressemblance maximale avec le parent récurrent (*G. hirsutum*) pour le reste du génome.

En parallèle à ces travaux sur l'analyse du génome du cotonnier, un projet sur l'étude moléculaire du développement des fibres est entreprise. Outre une connaissance des phénomènes fondamentaux mis en jeu, cette étude devrait permettre d'isoler des gènes exprimés au cours du développement des fibres, qui représentent des gènes potentiellement impliqués dans l'élaboration de la qualité des fibres. Les gènes ainsi isolés pourront donc être utilisés comme sondes pour l'analyse de QTL liés à la qualité des fibres. Afin d'identifier de tels gènes candidats, une analyse globale de l'expression des gènes impliqués lors du développement des fibres sera entreprise par utilisation de filtres à haute densité. La création d'une collection d'Est (*Expressed Sequenced Tags*) de fibres de coton et la comparaison avec les séquences contenues dans les bases de données permettront de prendre pleinement avantage des résultats acquis chez d'autres organismes et d'identifier un plus grand nombre de gènes candidats. Les gènes ainsi identifiés seront finalement placés sur la carte génétique du cotonnier et serviront ultérieurement comme marqueurs moléculaires.

Contacts : J.-M. LACAPE, T.B. NGUYEN, M. GIBAND (Cirad-ca, programme Coton, laboratoire Biotrop, France)



## La transformation génétique du cotonnier

Depuis 1989, le Cirad s'est investi dans la transformation génétique. Les chercheurs ont réussi à transférer dans le génome du cotonnier le gène de *Bacillus thuringiensis* Bt natif [cryIA(b), des gènes Bt synthétique (cryIA(b), cryIC, ou cryIA(c)] et des gènes d'inhibiteurs de protéase (OC1 ou CII) (encadré 3). Cette activité est conduite dans le cadre d'une convention avec l'Inra (Institut national de la recherche agronomique, France) au laboratoire de biologie cellulaire à Versailles (France), ainsi qu'au Cirad au laboratoire Biotrop (Montpellier). Ce programme de recherche fait l'objet de collaborations avec l'université de Kasetsart (Thaïlande) et la société Coodetec (Brésil).

Aujourd'hui, l'arrivée des plantes transgéniques dans le paysage variétal mondial va modifier complètement les conditions de travail en sélection cotonnière. L'attrait que procure de nouveaux cultivars naturellement résistants aux insectes justifie l'effort de recherche mis en œuvre à l'échelle mondiale. Mais les moyens coûteux nécessaires et la complexité des brevets impliqués par cette technologie restreignent le nombre des entreprises capables de la maîtriser et de la valoriser. En quelques années, des firmes privées sont parvenues à occuper une place importante dans le monde semencier. Elles ne dissimulent pas leur appétit de se lancer aujourd'hui à la conquête des marchés mondiaux de la semence et de s'implanter délibérément dans les pays du Sud, menaçant la variabilité et la diversité génétique du cotonnier.

Le Cirad a un rôle à jouer pour faire valoir les intérêts des pays du Sud en les aidant à accéder à cette technologie, en prenant en compte les préoccupations des agriculteurs des pays en développement ou en s'assurant que les nouveaux produits proposés permettent une innovation

Encadré 3

### Les cotonniers transgéniques : des résultats dans la résistance aux insectes

La lutte chimique contre les insectes pour la culture cotonnière représente 25 % du marché mondial des insecticides. Plusieurs solutions aux traitements chimiques peuvent être considérées : le développement de techniques culturales adaptées, le contrôle biologique grâce à l'emploi d'ennemis naturels des ravageurs, la création de cultivars résistants par les technologies nouvelles de génie génétique. Les méthodes de sélection classique n'ont en effet pas apporté d'amélioration majeure en matière de résistance, bien qu'il existe, chez certaines espèces sauvages, des caractères de résistance aux insectes.

#### Des résultats pour la lutte contre les chenilles

Les techniques de génie génétique permettent aujourd'hui de transférer des gènes de résistance aux insectes. Le Cirad en collaboration avec l'Inra développe le transfert de gènes codant pour des protéines entomopathogènes. L'intégration de tels gènes dans le génome du cotonnier s'effectue grâce à une bactérie *Agrobacterium tumefaciens* et grâce à la régénération *in vitro* de plantes par embryogénèse somatique. Les gènes choisis sont issus de la bactérie *Bacillus thuringiensis*, qui est utilisée depuis plusieurs années en pulvérisation et qui a la propriété de synthétiser des toxines entomopathogènes. Il s'agit donc de transférer dans le génome du cotonnier des gènes de cette bactérie identifiés comme responsables de la synthèse de toxines efficaces pour lutter contre certains ravageurs majeurs. Le programme porte sur deux thèmes : le transfert de gènes codant pour une toxine active contre *Helicoverpa armigera* et le transfert de gènes permettant une lutte efficace contre plusieurs espèces du genre *Spodoptera* (lépidoptères phylophages).

Pour que la plante puisse synthétiser efficacement la protéine entomopathogène, il a fallu modifier les gènes de *B. thuringiensis*. Les modifications de la séquence nucléotidique, qui ne changent pas la séquence en acides aminés, ont pour but de fabriquer un gène ayant des codons nouveaux choisis en fonction de l'usage des codons chez les plantes (qui est très différent de celui des bactéries). Le gène cryIC a ainsi été resynthétisé et introduit dans un génome végétal ; il permet la synthèse d'une protéine en quantité suffisante pour entraîner une importante mortalité des larves de *Spodoptera littoralis* ainsi que de *S. frugiperda*. Pour lutter contre *H. armigera*, les gènes synthétiques cryIA(c) ou cryIA(b) ont été transférés dans une variété de cotonnier thaïlandaise dans le cadre d'une collaboration avec le laboratoire Plant Genetic Engineering Unit de l'université Kasetsart de Thaïlande. Le gène cryIC synthétisé au Cirad a été introduit dans une autre variété de cotonnier.

#### Des risques à prévenir

La synthèse de protéine entomopathogène par les plantes apporte des solutions élégantes à la lutte contre les insectes et conduit à la réduction de l'emploi des insecticides chimiques. Cependant, quelle est l'efficacité à long terme de cette méthode de lutte ? Les insectes ont toutes les chances de développer assez rapidement, sans que l'on puisse estimer avec précision le délai d'efficacité, une résistance à la toxine produite par la plante. Le projet du Cirad comporte donc des études de stratégies d'utilisation de ces plantes au champ afin de contenir au maximum l'apparition d'insectes résistants. Une des stratégies est fondée sur l'emploi de plusieurs gènes Bt codant pour des protéines différentes mais efficaces sur les mêmes insectes. Pour que l'association soit intéressante, il faut que les protéines se fixent sur des récepteurs différents de l'insecte. Des travaux portant sur la validation de cette stratégie et sur la définition des pratiques culturales pour la culture de cotonniers transgéniques seront conduits grâce à des collaborations avec plusieurs pays producteurs de coton.

Contacts : C. PANNETIER (Inra, laboratoire de biologie cellulaire, France), H. CHAIR et M. GIBAND (Cirad-ca, programme Coton, laboratoire Biotrop, France)

durable sans danger pour l'environnement. Par exemple, les profils parasitaires particuliers de ces zones, c'est-à-dire la composition des populations de ravageurs des cultures, ne correspondent pas forcément aux stratégies des grandes entreprises phytosanitaires, dont les préoccupations sont essentiellement commerciales. Le Cirad s'implique donc dans ce domaine de recherche : ses orientations se tournent à la fois vers la résistance aux insectes et vers l'amélioration des méthodes de transformation (encadré 3).

## La sélection variétale doit évoluer face aux conséquences de la libéralisation économique

L'économie mondiale évolue actuellement vers une plus grande libéralisation des marchés qui bouleverse le paysage institutionnel : démantèlement et privatisation des sociétés cotonnières africaines, ouverture du marché semencier à la concurrence par la généralisation de la vente des semences comme un facteur de production à part entière. La libéralisation a aussi des conséquences techniques sur la conduite de la culture, liées à la suppression des subventions sur les intrants et à la diminution de l'encadrement agricole sur fonds publics dans tous les pays où la Banque mondiale est intervenue. De ce fait, les producteurs prennent aujourd'hui des libertés par rapport aux itinéraires techniques définis de façon rigide et pour lesquels, en Afrique francophone notamment, l'engagement de suivi strict conditionnait il y a quelques années la distribution gratuite de semences par les sociétés cotonnières d'Etat. Si l'on ajoute à ces facteurs d'évolution techniques et économiques ceux concernant l'environnement de la culture (dégradation des sols, érosion, avancée du désert dans les



Laboratoire de génétique cotonnière, Togo. Cirad

zones septentrionales, apparition d'insectes résistants aux pyréthri-noïdes), on comprend que l'offre variétale doit changer.

La diversité des itinéraires techniques et des conditions de sol et de climat impliquent la constitution d'un catalogue de types variétaux nouveaux, capables de répondre à un grand nombre d'adaptations particulières. La recherche doit s'efforcer d'imaginer des solutions pour cultiver le cotonnier autrement, par exemple dans les zones marginales où la pluviométrie devient erratique ou dans les régions où cette culture n'existait pas auparavant. Pour répondre au plus près possible aux demandes des paysans, la recherche doit engager un véritable dialogue : c'est le principe de l'approche participative, expérimentée au Bénin où des producteurs sont associés dans un travail de sélection cotonnière avec la recherche nationale (encadré 4). Dans ce contexte de changement rapide, le Cirad met en œuvre des moyens novateurs qui permettent d'aller plus vite. Les méthodes de tri précoces ou les techniques de

Coton graine récolté. J. Gutknecht





simulation de la croissance apportent de nouveaux outils qui peuvent aider à proposer des variétés appropriées aux itinéraires techniques réellement pratiqués par les agriculteurs (encadré 5).

L'évolution économique mondiale oblige aussi les transformateurs industriels — en particulier les égre-neurs et les filateurs, qu'ils soient implantés dans le pays de production ou qu'ils importent la fibre — à tenir compte de la concurrence liée à la qualité de la fibre. C'est une pré-occupation majeure de la création variétale. Jusqu'à présent, le Cirad a pu fournir une gamme de variétés dont les qualités de fibre sont appréciées mondialement par les industries textiles. Des progrès sont réalisables en matière de propreté par élimination des fragments de coque (*seed coat fragments*, encadré 6). Des variétés sont créées chaque

année dans les sites où le Cirad participe à des programmes de sélection (Bolivie, Brésil, Paraguay, Côte d'Ivoire, Cameroun, Bénin, Thaïlande). La nouvelle variété CD 401, mise au point en collaboration avec la Coodetec au Brésil, permet pour la première fois le développement d'une variété associée à une activité commerciale (encadré 7).

## Conclusion : promouvoir la recherche au Sud

De nombreuses variétés de cotonnier créées par le Cirad, avec ses partenaires du Sud, sont aujourd'hui cultivées par les paysans des zones tropicales d'Afrique, d'Amérique et

d'Asie. On peut évaluer à un million et demi d'hectares les superficies couvertes par ces cultivars. Ces dix dernières années, l'environnement scientifique, économique et social a considérablement évolué. En s'efforçant de maîtriser de nouvelles technologies, en étant à l'écoute du monde agricole, en restant créatif avec ses partenaires, le Cirad aide les pays du Sud à développer leur activité scientifique et à promouvoir la culture cotonnière au bénéfice de leurs agriculteurs.

### Encadré 4

## La sélection participative du cotonnier au Bénin

Les filières cotonnières de l'Afrique zone franc sont en pleine mutation. Au Bénin, la privatisation de la Sonapra (Société nationale de promotion de l'agriculture) qui joue un rôle clé dans l'organisation de la production cotonnière, va amener les producteurs à occuper une place grandissante dans les choix variétaux et dans la multiplication des semences. Pour les aider à exprimer leurs besoins et à gérer leurs futures activités dans la filière, la recherche béninoise propose de conduire simultanément plusieurs axes de développement : l'amélioration de la circulation de l'information entre la recherche et les producteurs ; l'anticipation du transfert de compétence vers les producteurs en matière de création variétale et de multiplication de semences ; la diversification des centres de sélection afin de prendre en compte les interactions entre génotype et le milieu dans la sélection des variétés. Pour atteindre ces objectifs, un programme d'amélioration génétique parti-

cipative a été mis en place au Bénin. Une population de cottonniers a été créée en 1996 par intercroisement au hasard de 14 génotypes représentatifs d'une variabilité importante, en particulier morphologique. Les semences ont été distribuées en 1997 à trois producteurs sélectionneurs volontaires et agréés par les Udp (groupements de producteurs) des principaux départements cottonniers du Borgou, du Zou et de l'Atacora.

A Djougou (Atacora), Savalou (Zou) et Kandi (Borgou), les producteurs sélectionneurs sont chacun responsables de la mise en place d'une parcelle de 1 000 plantes. Ils réalisent directement la sélection de 200 plantes au champ et participent à l'amélioration des caractéristiques technologiques lors de séances de travail dirigées par le sélectionneur de la recherche. Le mélange des semences récoltées sur les plantes sélectionnées dans chaque lieu constitue la population qui sera soumise au pro-

chain cycle de sélection. Le premier cycle a confirmé la variabilité importante de la population de base et l'effet de la localité sur la pression de sélection. Il a permis la création de trois populations (AGP Kandi 96-1, AGP Moné 96-1 et AGP Savalou 96-1) améliorées pour la productivité au champ et pour le rendement à l'égrenage. Le second cycle a également été conduit à son terme, malgré des conditions de la campagne difficiles sur le plan phytosanitaire. Après trois années de collaboration, les producteurs sélectionneurs manifestent toujours autant d'intérêt et de volonté pour poursuivre l'expérience. La formalisation de la démarche sous une forme contractuelle est envisagée avec l'ouverture d'une cellule de coordination associant des représentants des producteurs et de la recherche.

Contacts : E. SEKLOKA, M. DJABOU-TOU, A. HOUGNI (Inrab, Bénin), J. LANÇON (Cirad-ca, programme Coton, Bénin)

## Encadré 5

## Un outil pour suivre et décrire le développement du cotonnier : la cartographie de la plante

La cartographie de la plante (*plant mapping*) a été développée comme un outil d'étude du cotonnier pour comprendre l'architecture et le développement complexes de cette plante grâce à des paramètres simples et standardisés. Au départ, elle a été mise au point par la recherche agronomique américaine pour le diagnostic et l'identification de problèmes de conduite de la culture (BOURLAND *et al.*, 1992).

### Les paramètres indicateurs

Parmi les paramètres indicateurs, les auteurs américains ont considéré la hauteur du plant, le nombre de branches végétatives, le nombre de branches fructifères, la rétention des capsules sur les premières positions des branches fructifères, le numéro de nœud d'insertion de la première branche fructifère, la hauteur divisée par le nombre de nœuds (*height to node ratio*, Hnr) et le nombre de nœuds au-dessus de la dernière fleur blanche (*nodes above last white flower in first position*, Nawf).

La hauteur divisée par le nombre de nœuds (entrenœud moyen ou Hnr) est un indice de vigueur de la plante : le nombre de nœuds indique l'âge physiologique de la plante et la hauteur est très

sensible au stress. On étudie donc par ce paramètre la tendance de la croissance en hauteur par rapport au nombre de nœuds. Les stress font décroître la vigueur de la plante et le rendement potentiel. Une vigueur trop forte accroît les risques d'une végétation trop exubérante.

La mesure du nombre de nœuds au-dessus de la dernière fleur blanche (Nawf) en cours de croissance de la plante est une méthode rapide et précise pour déterminer comment sont réparties les ressources entre la croissance végétative et la croissance reproductive. A l'apparition de la première fleur, ce paramètre est environ de 10-12 (une dizaine de nœuds au-dessus de la fleur qui vient d'apparaître) et, si la croissance est régulière, il va diminuer progressivement. Quand il atteint 5, le plant arrête la production de nouvelles capsules (c'est la *cut out*).

### Application à la sélection variétale

Ces méthodes rendent possible l'analyse simple et rapide du fonctionnement de la plante. Par exemple, la courbe d'évolution du Nawf tracée à partir d'une parcelle cultivée dans de bonnes conditions indique ce que doit être le développe-

ment normal d'une variété de cotonnier — une telle courbe est dite courbe de référence. La comparaison avec cette courbe de référence permet de diagnostiquer d'éventuels stress ; elle permet aussi, dans le cas d'essais variétaux, d'apprécier la rusticité des cultivars. L'étude des positions fructifères les plus proches de la tige (positions 1) et l'observation des capsules présentes sur ces positions apportent une information supplémentaire sur les essais variétaux par rapport au traditionnel calcul du rendement en coton graine : elle permettent d'estimer le potentiel productif, le taux de coulure des organes fructifères, la précocité ou la longueur du cycle de production de la plante. Aujourd'hui, les sélectionneurs s'efforcent d'intégrer ces paramètres pour caractériser les variétés, pour définir les conditions dans lesquelles elles peuvent exprimer leur potentiel ou encore pour conduire la sélection au champ en observant les descendants des croisements.

Contacts : C. VIOT (Cirad-ca, programme Coton, Paraguay), J.-L. HOFS (Cirad-ca, programme Coton, Afrique du Sud)



Bouton floral.  
E. Jallas

Variété Pima  
(*G. barbadense*)  
à grandes feuilles et  
découpées, cultivée  
aux Etats-Unis dans  
le delta du Mississippi  
(Stonneville).  
E. Jallas





Encadré 6

## Les fragments de coque dans les fibres : la sélection variétale peut apporter une réponse

La pollution des fibres de coton par des matières étrangères perturbe le fonctionnement des installations industrielles (filature, tissage, bonneterie) et déprécie la qualité de leur production. Les fragments de coque de graine arrachés à l'égrenage sont l'un des principaux polluants incriminés. Peu sensibles aux dispositifs de nettoyage de la fibre, ils sont à l'origine des *neps coque* (amas de fibres rattachées à un morceau de tégument de la graine et provoquant des irrégularités d'aspect du fil). La sélection variétale est l'une des voies retenues pour en réduire le nombre.

L'observation histocytologique de graines peut expliquer en partie et *a posteriori* pourquoi la coque de la graine s'arrache plus ou moins selon les variétés, mais elle n'est pas un outil de sélection. En revanche, le comptage des

impureté dans les fibres, par l'analyse d'image d'un voile de fibres, apparaît bien adapté aux contraintes de la sélection. Le comptage fournit une bonne prévision du nombre de *neps coque* sur fil et il permet également de cerner les nombreux facteurs qui influent sur la formation des fragments de coque. Les dernières études confirment notamment le rôle de la variété, des conditions de milieu et des techniques de transformation (égrenage, filature) sur la variabilité de ce caractère. Sur un plan très pratique, l'existence d'une interaction entre la variété et la technique d'égrenage conduit à recommander l'utilisation d'égreneuses à scies le plus tôt possible au cours du processus de sélection — les premières générations d'un croisement sont en effet souvent égrenées avec des égreneuses à rouleau.

L'étude du déterminisme génétique de la teneur en fragments de coque de la fibre révèle des effets génétiques réciproques marqués et sa faible héritabilité individuelle. Néanmoins, l'existence d'une variabilité phénotypique élevée autorise des gains génétiques notables. Ainsi, une réponse significative a été obtenue par sélection divergente et les lignées produites, améliorées pour ce caractère, fourniront à moyen terme une solution variétale aux préoccupations des transformateurs. Parallèlement, une sélection massale contre les fragments de coque, commencée à partir d'une variété intéressante, pourrait apporter une réponse à court terme.

Contact : B. BACHELIER (Cirad-ca, programme Coton, France)

Semoir adapté à des semis de précision pour un essai variétal. Stonneville, Etats-Unis. E. Jallas



Récolte mécanique de la variété Coodetec 401, Brésil. B. Hau





Encadré 7

## CD401, nouvelle variété de cotonnier pour le Brésil

La nouvelle variété de cotonnier CD401 (synonyme COODETEC 401, inscrite au catalogue Cirad sous le nom de CA245) est commercialisée dans les Etats du Sud brésilien (Paraná, São Paulo, Mato Grosso du Sud). Cette variété est le résultat d'une collaboration commencée en 1990 avec la Coodetec, coopérative centrale de recherche de l'Etat du Paraná (Cooperativa Central Agropecuária de Desenvolvimento Tecnológico e Econômico Ltda) (GONDIM et BELOT, 1998).

### Le coton : une production en plein essor au Brésil

Le programme de recherche cotonnière lancé avec l'appui du Cirad concernait à l'origine seulement le Paraná. Il a pris de l'ampleur et accompagne les changements considérables de la culture cotonnière survenus dans l'ensemble du Brésil. Cette évolution comprend schématiquement deux tendances. En premier lieu, la culture cotonnière faible utilisatrice d'intrants, ayant des difficultés à appliquer des techniques de plus en plus complexes, s'est considérablement réduite au profit d'une culture totalement mécanisée. En second lieu, les zones de culture ont largement dépassé les Etats du Sud, traditionnellement producteurs, pour atteindre le Centre-Ouest brésilien, surtout dans les *cerrados* (savanes) qui offrent de grandes facilités de mécanisation et surtout un risque climatique bien moindre.

### CD401 : un bon compromis pour le Brésil

La variété CD401 est productive, précoce et répond bien à la fertilisation. Elle possède un bon équilibre de tolérance aux maladies d'origine fongique présentes au sud du Brésil ; elle est cependant sensible aux nématodes, ce qui la rend complémentaire des variétés actuellement commercialisées dans la zone. Elle est adaptée aussi bien à la récolte manuelle que mécanique. Elle présente un bon rendement à l'égrenage. Sa fibre est d'excellente qualité, elle est une des meilleures dans la catégorie des fibres moyennes cultivées au Brésil ; ses caractéristiques de résistance et son complexe maturité finesse la font particulièrement apprécier des industriels locaux et cela pourrait être un élément déterminant pour améliorer l'image du coton brésilien.

### Une collaboration internationale positive

La collaboration développée entre le Cirad et la Coodetec est exemplaire sur le plan de la contractualisation. Le Cirad bénéficie pleinement de la valorisation commerciale des résultats de cette recherche. Le succès commercial du cultivar CD401 repose en grande partie sur l'efficacité de l'organisation de la multiplication semencière et du réseau de vente de la Coodetec, validant ainsi la stratégie d'association du Cirad avec un partenaire privé.

### En perspective, une gamme de variétés pour de multiples situations

Sur le plan scientifique et technique, les spécificités et la variabilité de la zone cotonnière brésilienne sont l'occasion d'aborder des thèmes originaux : la mécanisation de la culture et les critères de sélection spécifiques à ce type de récolte, les facteurs génétiques de tolérance à un complexe varié de maladies d'origine fongique, bactérienne et virale, les interactions entre les génotypes et le milieu, les systèmes de culture. L'objectif du programme est de proposer à terme un catalogue de variétés suffisamment vaste pour répondre à la diversité des situations rencontrées au Brésil. Les liens de confiance tissés avec la Coodetec au cours de ces huit années ont permis d'envisager une nouvelle phase de collaboration. A partir d'une base génétique ample obtenue par des méthodes classiques de création variétale, il est prévu d'intégrer au projet les biotechnologies.

Contacts : J.-L. BELOT (Cirad-ca, programme Coton, Brésil), D.C.M. GONDIM (Coodetec, Brésil)



Cotonnier en fleur (*G. hirsutum*).  
C. Fovet-Rabot

Fleur de *G. harknessii*. P. Valicek





## Bibliographie

BOURLAND F.M., OOSTERHUYNS D.M., TUGWELL N.P., 1992. Concept for monitoring the growth and development of cotton plants using main stem node counts. *J. Prod Agric.* 5: 532-538.

CANTRELL R.G., ULLOA M., PEDERSON J., LIU S., 1998. Concept on graphical genotypes for analyzing introgressed cotton populations. *In Proceedings of World Cotton Research, Conference 2, 6-12 september 1998, Athens, Greece.* Icac, Washington, 386 p.

GONDIM D.M.C., BELOT J.-L., 1998. Características e comportamento da nova cultivar de algodão CD 401. Document Coodetec, Cirad. Cirad, Montpellier, France, 17 p.

LAZO G.R., PARK YONG HA, KOHEL R.J., 1997. Identification of RAPD markers linked to fiber strength in *Gossypium hirsutum*

and *Gossypium barbadense* interspecific crosses. *Biochem. of Cotton Workshop*, 12 p.

PERCY R.G., WENDEL J.F. 1990. Allozyme evidence for the origin and diversification of *Gossypium barbadense*. *Theor. Appl. Gen.* 79: 529-542.

TATINENI V., CANTRELL R.G., DAVIS D.D., 1996. Genetic diversity in elite cotton germplasm determined by morphological characteristics and RAPDs. *Crop Sc.* 36: 186-192.

VROH BI, BAUDOIN JP., HAU B., MERGEAI G., 1999. Development of high gossypol cotton plants with low gossypol seeds using trispecies bridge crosses and in vitro culture of seed embryos. *Euphytica* 106: 243-251.

WANG C.L., DONG J.M., PATERSON A.H. 1995. The distribution of *Gossypium hirsutum* chromatin in *G. barbadense* germplasm: molecular analysis of introgressive plant breeding. *Theor Appl. Gen.* 91: 1 153-1 161.

WENDEL J.F., 1989. New World tetraploid cottons contain Old World cytoplasm. *Proc. Nat. Acad. Sc. USA* 86: 4 132-4 136.

WENDEL J.F., ALBERT V.A., 1992. Phylogenetics of the cotton genus (*Gossypium*) character state weighted parsimony analysis of chloroplast DNA restriction site data and its systematic and biogeographic implications. *Syst. Bot.* 17: 115-143.

WENDEL J.F., BRUBAKER C.L., PERCIVAL A.E., 1992. Genetic diversity in *Gossypium hirsutum* and the origin of Upland cotton. *AM. J. Bot.* 79: 1 291-1 310.

YU J., KOHEL R.J., PARK Y.H., LAZO G.R., 1999. Localization and characterization of genes controlling fiber quality properties in cotton genomes (*G. barbadense* and *G. hirsutum*). *Plant and Animal Genome Conferences, San Diego, Etats-Unis, poster P296.*



*G. sturtianum*  
Var. *nandewareense*



*G. gossypoides*

*G. areysianum**G. tomentosum*

## Résumé... Abstract... Resumen

### B. HAU (éditeur scientifique) — Les nouvelles approches de la génétique cotonnière.

La collection de génotypes de cotonnier du Cirad est une des plus importantes au monde. Le Centre actif des ressources génétiques situé au Costa Rica a pour buts le renouvellement et l'évaluation des accessions, la création de populations sources et la multiplication des variétés. La mise en évidence de marqueurs moléculaires associés à des QTL (*Quantitative Trait Loci*) devrait faire progresser la sélection cotonnière. Concernant le cotonnier transgénique, des travaux sont en cours pour transférer des caractères de résistance aux insectes contre les lépidoptères phyllophages. La diversité des itinéraires techniques et des conditions naturelles et économiques impliquent la constitution d'un catalogue de types variétaux nouveaux, capables de répondre à un grand nombre d'adaptations. La recherche engage un véritable dialogue avec les acteurs des filières : c'est l'approche participative, expérimentée au Bénin où des producteurs sont associés à la sélection. Le Cirad met en œuvre des outils novateurs : méthodes de tri précoces, simulation de la croissance (*plant mapping*). L'évolution économique mondiale oblige aussi les transformateurs industriels à tenir compte de la concurrence liée à la qualité de la fibre ; des solutions variétales voient le jour concernant les fragments de coque. Au Brésil, la variété CD401 créée grâce à la collaboration entre le Cirad et la Coodetec, possédant une fibre, d'excellente qualité, pourrait permettre d'améliorer l'image du coton brésilien.

Mots-clés : cotonnier, ressource génétique, *core collection*, variabilité, marqueur génétique, transformation génétique, cartographie de la plante, qualité de la fibre, Afrique, Brésil, Asie.

### B. HAU (scientific editor) — New approaches in cotton genetics.

The CIRAD cotton genotype collection is one of the largest in the world. The Active Genetic Resources Centre in Costa Rica is working to renew and evaluate accessions, create source populations and propagate varieties. The detection of molecular markers associated with QTL (*Quantitative Trait Loci*) should enable progress in cotton breeding. With respect to GM cotton, work is under way to transfer insect resistance characters, particularly against leafeating lepidopteran. The range of crop management sequences and natural and economic conditions means building up a catalogue of new varietal types suitable for many different adaptations. The research sector is engaged in meaningful dialogue with stakeholders: this is what is known as a participatory approach, which is being tested in Benin by associating producers with breeding operations. CIRAD uses new tools: early sorting methods, growth simulation, plant mapping, etc. Worldwide economic change is also forcing industrial processors to take account of competition with respect to fibre quality; varietal solutions to the hull fragment problem have now been found. In Brazil, variety CD401, which was developed jointly by CIRAD and COODETEC and whose fibre quality is excellent, could help to improve the image of Brazilian cotton.

Keywords: cotton, genetic resource, core collection, variability, genetic marker, genetic modification, plant mapping, fibre quality, Africa, Brazil, Asia.

### B. HAU (Editor científico) — Nuevos enfoques en genética algodonera.

La colección de genotipos de algodonero del CIRAD es una de las más importantes del mundo. El Centro Activo de Recursos Genéticos Los nuevos enfoques de la genética del algodón situado en Costa Rica tiene como objetivos la renovación y evaluación de accessiones, la creación de poblaciones originales y la multiplicación de variedades. La identificación de marcadores moleculares asociados a QTLs debería permitir el progreso de la selección algodonera. Con respecto al algodonero transgénico, se están realizando experiencias para transferir caracteres de resistencia a insectos contra lepidópteros filófagos. La diversidad de itinerarios técnicos y de condiciones naturales y económicas implican la constitución de un catálogo de tipos varietales nuevos, capaces de responder a un gran número de adaptaciones. El mundo de la investigación ha entablado un auténtico diálogo con los participantes de los sectores: es la aproximación participativa, experimentada en Benin en donde unos productores se asociaron a la selección. El CIRAD emplea instrumentos innovadores: métodos de selección precoces, simulación del crecimiento (*plant mapping*). La evolución económica mundial obliga también a los transformadores industriales a tener en cuenta la competencia ligada a la calidad de la fibra; un ejemplo de ello es la aparición de soluciones varietales para los fragmentos de cáscara. En Brasil, la variedad CD401 fruto de la colaboración entre el CIRAD y la COODETEC puede que mejore la imagen del algodón brasileño por la gran calidad de su fibra.

Palabras clave: algodonero, recurso genético, core collection, variabilidad, marcador genético, transformación genética, cartografía genética de la planta, calidad de la fibra, África, Brasil, Asia.