

● Bernard HAU
bernard.hau@cirad.fr
Cirad, Upr Systèmes
cotonniers

avenue Agropolis, TA 70/02,
34398 Montpellier Cedex 5
France

Ces recherches
sont menées par :
Jean-Louis BELOT,
Tuong-Vi CAO,
Dominique DESSAUW,
Marc GIBAND, Bernard HAU,
Jean-Luc HOFES,
Jean-Marc LACAPE,
Catherine PANNETIER,
Christopher VIOT, Cirad

Etapas pour la castration
d'un bouton floral en vue
d'une hybridation.
© J.-P. Brossard



Création variétale : de la sélection classique aux biotechnologies

Pour créer des variétés de cotonnier plus productives et fournissant une fibre de meilleure qualité, les sélectionneurs disposent, en plus des méthodes conventionnelles, des nouveaux outils de la biotechnologie comme la sélection assistée par marqueurs et la transformation génétique. Le Cirad crée pour les agriculteurs du Sud des variétés de cotonnier adaptées à leurs conditions de climat et de culture, et dont la qualité technologique des fibres convient aux industriels.

La création variétale conventionnelle

Les variétés créées par le Cirad, ou en partenariat avec lui, sont cultivées chaque année sur 2,5 millions d'hectares (7 % de la surface cotonnière mondiale). Elles sont issues de méthodes de sélection conventionnelles (sélection généalogique par stabilisation de caractères favorables au cours de plusieurs générations d'autofécondation dans la descendance d'un croisement entre deux ou plusieurs variétés). Avec ces techniques classiques, le Cirad, en partenariat au Bénin, au Cameroun, au Brésil et au Paraguay, continue à rechercher des variétés capables de répondre à une large gamme d'adaptations particulières.

La sélection participative

Pour mieux prendre en compte l'évolution institutionnelle des filières cotonnières, le Cirad s'est engagé au Bénin dans une démarche de « sélection participative » avec des producteurs volontaires qui participent, aux côtés des chercheurs, au choix des souches dans les populations en sélection. Chaque année, ces agriculteurs sont responsables du semis des nouvelles populations. Au champ, ils choisissent les plantes qui leur paraissent les plus intéressantes sur le plan agronomique. La sélection sur les caractéristiques technologiques de la fibre est conduite en collaboration avec les chercheurs. De nouvelles variétés de cotonnier ainsi sélectionnées seront bientôt à la disposition des agriculteurs.

Cartographie du génome et sélection assistée par marqueurs

Les marqueurs moléculaires de l'ADN rendent possible une sélection directe des gènes dans le génome de la plante. Ils permettent d'identifier et de localiser avec précision les portions de chromosomes qui contiennent des gènes favorables à l'expression de caractéristiques agronomiques ou technologiques intéressantes — ces portions de chromosomes sont appelées QTL, *quantitative trait loci*. Le sélectionneur s'efforce alors d'accumuler dans une même plante tous les QTL qui paraissent porter des gènes favorables : c'est la sélection assistée par marqueurs (SAM). Il trie ainsi les variétés directement à partir du génotype, c'est-à-dire à partir des gènes contenus dans le génome, et non plus comme cela est fait en sélection conventionnelle à partir du phénotype (le phénotype est l'expression des gènes à partir de l'aspect qu'elle confère à la plante). Les marqueurs moléculaires sont insensibles au milieu, au contraire de l'expression phénotypique qui peut varier avec l'environnement.

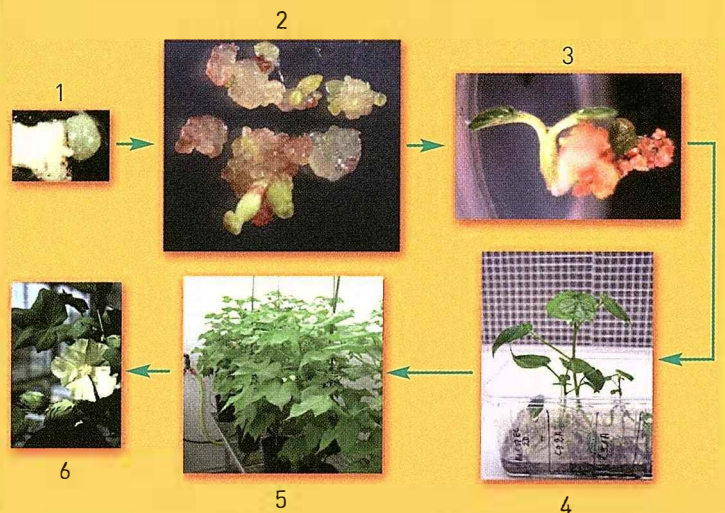
Le programme de sélection assistée par marqueurs du cotonnier conduit au Cirad a pour objectif l'introgession de QTL de qualité de fibre d'un cultivar de l'espèce *Gossypium barbadense* (variété VH8, qui possède une fibre très longue, fine et tenace) dans un cultivar de l'espèce *Gossypium hirsutum* (variété Guazuncho 2, précoce et productive). A partir de la carte du génome du cotonnier, des QTL favorables à l'expression de bonnes qualités de la fibre ont été localisés sur une vingtaine de segments chromosomiques. En accumulant ces QTL favorables en provenance de *G. barbadense*, les sélectionneurs du Cirad espèrent améliorer la qualité intrinsèque de la fibre de *G. hirsutum*.

Transformation génétique du cotonnier

Le cotonnier est l'une des premières plantes cultivées pour laquelle la technologie de la transformation génétique a été mise en œuvre pour la création de variétés commerciales. Les variétés transgéniques résistantes aux insectes ou aux herbicides couvrent aujourd'hui 20 % des surfaces de cotonnier cultivées dans le monde. La culture de ces variétés s'intensifie dans les pays en développement. Le Cirad estime indispensable d'évaluer les impacts de ces variétés dans les systèmes de production en petit paysannat des pays du Sud.

De plus, la transformation génétique du cotonnier, dont un procédé est développé au Cirad, offre un outil performant pour la compréhension du fonctionnement du génome. Par exemple, en introduisant une construction de deux séquences géniques, l'une représentant un gène et l'autre permettant la surexpression ou l'extinction de ce gène, il est possible de déterminer le rôle du gène considéré. Les chercheurs du Cirad, en collaboration ceux de l'Institut de recherches en biotechnologie de Pékin en Chine, appliquent cette méthode à l'étude des gènes impliqués dans la synthèse de la cellulose et dans l'élongation cellulaire, avec l'objectif de conférer à la fibre de coton de nouvelles propriétés telles que l'infroissabilité et la prise de teinture.

OBTENTION DE COTONNIERS TRANSGÉNIQUES



1. Cal issu de la multiplication de cellules transformées • 2. Cal embryogène portant des embryons somatiques • 3. Jeune plantule issue du développement d'un embryon somatique • 4. Plantes transformées avant leur transfert en pot • 5. Plantes transformées en serre • 6. Fruits (capsules) et fleurs d'une plante transgénique

Pour en savoir plus

Hau B., Lançon J., Dessauw D., 1997. Les cotonniers. In Charrier A., Jacquot M., Hamon S., Nicolas D. (ed.) L'amélioration des plantes tropicales. Montpellier, France, Cirad, Orstom, Collection Repères, pp. 241-265.

Lacape M., Nguyen T.B., Thibivilliers S., Bojinov B., Courtois B., Cantrell R.G., Burr B., Hau B., 2003. A combined RFLP-SSR-AFLP map of tetraploid cotton based on a *Gossypium hirsutum* x *Gossypium barbadense* backcross population. Genome, 46 (4): 612-626.

Pannetier C., Giband M., Couzy P., Le Tan V., Mazier M., Tourneur J., Hau B., 1997. Introduction of new traits into cotton through genetic engineering. The example of insect resistance. Euphytica, 96: 163-166.

Partenaires

Afrique : Irad, Institut de la recherche agricole pour le développement ; Sodecton, Société de développement du coton, Cameroun • Inrab, Institut national de recherche agronomique, Bénin • Sodefitec, Sénégal • Université de Pretoria, Afrique du Sud

Amérique du Sud : Piea, Programa de Investigación y Experimentación Algodonera ; Cadelpa, Paraguay • Embrapa, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária ; Coodetec, Brésil

Chine : Bri, Biotechnology Research Institute de la Chinese Academy of Agricultural Sciences (Caas), Pékin

Etats-Unis d'Amérique : Brookhaven National Laboratory, Upton, New-York

Europe : Ensar, Ecole nationale supérieure agronomique de Rennes ; Inra, laboratoire de biologie cellulaire du Centre de l'Institut national de la recherche agronomique de Versailles Grignon ; Groupe Dagrif, France • Faculté des Sciences Agronomiques de Gembloux, Belgique

Icgi, International Cotton Genome Initiative



© Cirad 2006
<http://www.cirad.fr/>