



Highlights of the World Cotton Research Conference-6

**Goiânia - Goiás, Brazil,
May 2 - 6, 2016**

Faits saillants de la sixième Conférence mondiale sur la recherche cotonnière

Goiânia - Goiás, Brésil, 2 au 6 mai 2016

La Conférence mondiale sur la recherche cotonnière – 6 (WCRC–6) et la Conférence biennale 2016 sur l’Initiative de génomique international du coton se sont tenues conjointement dans la ville de Goiânia au Brésil du 2 au 6 mai 2016. Ce fut une excellente occasion pour les chercheurs de présenter leurs travaux de recherche, d’élargir et de renforcer leur mise en réseau, et de s’informer sur les travaux de recherche les plus importants actuellement en cours à travers le monde. L’Association des producteurs de coton de Goiás–AGOPA (Associação Goiana dos Produtores de Algodão–AGOPA) s’est dévouée en qualité d’hôte principal. AGOPA est affiliée à l’Association brésilienne des producteurs de coton–ABRAPA (Associação Brasileira dos Produtores de Algodão) et est l’une des neuf associations de producteurs de coton du pays. Les associations travaillent à la promotion de la rentabilité du secteur cotonnier par l’unification et l’organisation, afin de favoriser la production durable du coton. Le programme de recherche sur le coton « EMBRAPA Cotton » de la Société brésilienne de recherche agricole (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária–EMBRAPA) a joué un rôle crucial dans l’élaboration du programme technique et de son exécution au cours de la conférence.

L’ICAC est fier d’avoir assuré l’organisation des conférences mondiales sur la recherche cotonnière. Le secrétariat de l’ICAC a coordonné les parrainages internationaux et a travaillé avec le comité organisateur, le comité des programmes, l’association internationale des chercheurs dans le domaine du coton et a assuré le leadership de l’Initiative de génomique international du coton (ICGI) afin d’assurer la réussite de la conférence et veiller à ce qu’une compréhension claire règne entre les différents organisateurs de la WCRC–6. Pour la première fois, la conférence s’est déroulée sous les auspices de l’Association internationale des chercheurs dans le domaine du coton (ICRA) dont le président dirige le Comité international qui a sélectionné les conférenciers plénières et principaux. Le comité international a conseillé le comité organisateur et le comité du programme lorsque cela était nécessaire. Les rôles des différentes institutions ont été bien définis, mais la participation active de l’ICAC en tant qu’organisation neutre et coordinateur chargé de fournir des conseils basés sur les expériences des précédentes Conférences mondiale de recherche sur le coton était encore nécessaire.

Le programme s’est composé de deux orateurs principaux, huit conférenciers et 28 sessions spécialisées simultanées. Un certain nombre de sessions ont été consacrées à la recherche en génomique afin de suivre le format de la conférence biennale des réunions de l’ICGI.

Parrainage du WCRC–6

L’ICAC a parrainé les conférences mondiales sur la recherche dans le domaine du coton depuis leur création au début des années 1990. Le Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (CIRAD), de France, a parrainé les conférences depuis 1998 et a maintenu son soutien à la WCRC–6. L’Organisation des Nations Unies pour l’alimentation et l’agriculture (FAO) a également fourni un appui aux conférences internationales sur la recherche dans le domaine du coton, y compris la WCRC–6. Pour la première fois, le CABI offrent également leur parrainage à la conférence. Le soutien du secteur privé dans chaque pays d’accueil a constitué un atout considérable pour le succès de la WCRC–6, comme cela avait été le cas lors des conférences précédentes. L’ICAC a fortement parrainé l’ensemble des WCRC, en plus du temps et des services fournis par le personnel. Pour la première fois, le parrainage international a été géré par l’Association internationale des chercheurs dans le domaine du coton (ICRA). Les parrainages ont été regroupés et annoncés officiellement via les pages web et les listes de diffusion de l’ICAC et de l’ICRA. Quatre types de parrainage ont été rendus disponibles.

- Billet d’avion,
- Hôtel et frais d’inscription,
- Aide en espèces (1 000 USD), et
- Frais d’inscription.

Les demandes sont parvenues à l’ICAC, au nom de l’ICRA, jusqu’au 15 novembre 2015. Le comité exécutif de l’ICAR s’est réuni à Mumbai en Inde, le 6 décembre 2015, et a finalisé la liste des noms à parrainer. Au total, 36 chercheurs ont bénéficiés des quatre types de parrainage. Le comité organisateur a également décidé de parrainer 10 chercheurs pour l’inscription, l’hébergement et la visite technique. Ces 10 noms ont également été retenus parmi les candidats de l’ICRA. Quatre-vingt-deux chercheurs ont adressé une demande de parrainage à l’ICRA, dont 46 ont été parrainés. De plus, l’ICAC a également parrainé des chercheurs par le biais du Programme de Chercheurs associés de l’ICAC et du Forum du coton sud et est africain (SEACF). Le Programme de Chercheurs associés, mise en œuvre chaque année par l’ICAC accueille généralement les chercheurs au siège de l’ICAC pendant 10 jours. Toutefois, durant les années où se déroulent les WCRC, les fonds sont utilisés pour parrainer partiellement les chercheurs afin qu’ils puissent assister à la conférence. L’ICAC a sélectionné 16 chercheurs issus de 10 pays pour assister à la WCRC–6 et bénéficier du parrainage

dans le cadre du Programme de Chercheurs associés. Néanmoins, seulement 10 sur les 16 ont pu bénéficier du parrainage. Les six autres n'ont pas pu assister pour diverses raisons, y compris l'incapacité de disposer des fonds restants. Le Forum du coton sud et est africain a organisé sa réunion au cours de la WCRC-6 et a bénéficié du parrainage de l'ICAC pour permettre à des chercheurs d'y participer.

Ce numéro de l'ICAC RECORDER est consacré à la WCRC-6, l'accent principal étant mis sur les résumés des exposés présentés par les orateurs et les conférenciers principaux. Les résumés de tous les documents soumis à la WCRC-6 ont été publiés dans un livret. Le recueil des résumés sera disponible sur la page web de la WCRC-6 dès qu'elle sera mise à jour sur la base des présentations qui ont été réellement faites. Les résumés des conférenciers pléniers et principaux ne sont pas inclus dans la publication, aussi sont-ils produits ici pour les lecteurs de l'ICAC RECORDER en langues anglaise, française et espagnole.

Résumés des interventions principales

1. Solutions de recherche innovantes pour améliorer la production de coton ; où en sommes-nous ?

Yusuf Zafar, Chercheur de l'année 2012 de l'ICAC, Centre international de Vienne, Agence internationale de l'énergie atomique, Autriche

Le coton ne couvre que 2 % des terres arables de cette planète et possède 6 % des parts du commerce mondial, mais de cette fibre naturelle dépend une industrie de la mode textile qui vaut mille milliards de dollars. De plus, il constitue l'épine dorsale de plusieurs pays en développement dont les économies sont fortement tributaires du coton. La communauté de recherche sur le coton a accompli des efforts louables pour mettre un terme à la tendance à la baisse de la part du coton dans la foulée de l'augmentation constante des fibres synthétiques (polyester, rayonne, viscose, etc.). Pourtant, la production et la demande mondiales de coton ont stagné pendant plusieurs décennies. Les prix récents très bas du pétrole, la faible demande en vêtements et les catastrophes naturelles dans les zones de production de coton des importants pays producteurs en raison du changement climatique ajoutent un fardeau supplémentaire aux systèmes de production de coton déjà bien fragiles et vulnérables aux nombreuses contraintes.

La constitution génétique d'une plante de culture est ancrée dans sa semence. Selon la FAO, la semence contribue à près de la moitié de la production des cultures. Malgré quelques efforts régionaux, il n'existe aucune plate-forme mondiale pour échanger des graines de coton (germoplasme) entre les pays producteurs de coton. Dans un passé plus récent, de nombreux pays ont augmenté les restrictions sur le partage de germoplasme, entraînant un manque d'échange de matériel génétique, même pour les programmes de sélection classiques.

Tous les programmes de sélection de coton dans le monde souffrent en raison d'une base génétique étroite.

Le coton est l'une des trois principales cultures (avec le maïs et les fèves de soja) modifiées par le génie génétique (coton biotech). Le coton biotech s'est très bien adapté dans les principaux pays producteurs de coton (Australie, Brésil, Chine, Inde, Pakistan et États-Unis). Toutefois, seuls deux traits (la résistance aux insectes et la tolérance aux herbicides) sont disponibles dans le coton biotech. La diffusion du coton biotech dans d'autres pays producteurs de coton est lente et fait face à une résistance considérable. Des nouvelles récentes sur les questions relatives aux brevets et aux prix des semences biotechnologiques en Inde démontrent clairement la nécessité d'un accord plus équitable sur les échanges de technologies et de germoplasme.

L'avènement de l'OMC en 1995, avec l'émergence du secteur semencier privé actives dans le domaine des cultures biotechnologiques (dont le coton), a soulevé la question des monopoles des sociétés multinationales. Les sempiternels problèmes de brevets, les droits d'obtention végétale (DOV) et l'Union internationale pour la protection des nouvelles variétés de plantes (UPOV), les protocoles de biosécurité complexes, la diminution du rôle de la recherche dans le secteur public et, surtout, la forte hausse des coûts des intrants, en conjonction avec la volatilité mondiale des prix du coton brut (dépendant des importations / exportations de coton d'un petit nombre de pays) ont impacté le travail de recherche et de développement sur le coton, et donc sa production.

Les défis actuels à la production cotonnière pourraient être résolus facilement grâce aux récents développements en génomique. De ce fait, les données entièrement séquencées des cotons diploïdes et tétraploïdes sont disponibles. Les progrès en bioinformatique et le système en cluster de répétitions palindromiques courtes régulièrement espacées (CRISPR) suscitent l'espoir d'une nouvelle ère dans la recherche sur le coton. Toutefois, ce progrès ne sera possible qu'avec un changement de paradigme des politiques et des améliorations dans le processus réglementaire.

Un facteur important, nécessitant une attention immédiate, est le renforcement de la recherche dans le secteur public avec davantage de fonds, de durabilité et un environnement favorable. L'accès équitable et facile de la recherche moderne à toute la communauté de recherche sur le coton, en particulier les PMA et les pays en développement, représente un autre élément important pour susciter un changement révolutionnaire dans le secteur de la recherche sur le coton.

L'objectif si longtemps chéri de disposer d'un Institut international de recherche sur le coton (ICRI), comme celui de l'Institut international de recherche sur le riz (IRRI), demeure valable. L'émergence du groupe des BRICS et la New Development Bank, dirigée par la Chine, soulève l'espoir que les économies émergentes du Brésil, de la Chine et de l'Inde envisageront sérieusement la mise en place de cette entité. Cela révolutionnera le système actuel de recherche sur

le coton et changera la donne en matière de R&D sur le coton. Après la création de l'ICRA, la prochaine étape importante pourrait être le développement d'un ICRI par la communauté mondiale de la recherche sur le coton.

2. Mettre les producteurs de coton en relation avec la recherche

Adam Kay et Nicola Cottee, Cotton Australia, Australie (Présenté par Adam Kay)

Le succès de l'industrie cotonnière australienne peut être en grande partie attribué non seulement à l'investissement considérable dans la recherche, mais aussi à l'adoption rapide de la science émergente par les producteurs de coton pour améliorer le rendement, la qualité, la durabilité et la rentabilité. Un cadre d'extension solide reposant sur un partenariat étroit entre les groupes de l'industrie, les chercheurs, les producteurs et les agents de vulgarisation a permis le succès du transfert de technologie dans le secteur du coton en Australie. Le programme des meilleures pratiques de gestion de l'industrie (MyBMP) est invoqué, en association avec des initiatives traditionnelles de vulgarisation, afin de fournir la connaissance scientifique la plus récente aux producteurs. Malgré ce succès, la transformation des dernières recherches sur l'évolution des pratiques dans les exploitations agricoles continue de présenter un défi à l'industrie cotonnière en Australie.

Un défi majeur pour l'extension de la recherche est d'identifier les principales limitations globales du système de production agricole, afin de veiller à ce que l'effort d'extension offre un avantage net pour la productivité globale. Par exemple, la sélection de matériel génétique australien avec des attributs souhaitables prouvés de rendement et de qualité de fibres peut être considérée par les producteurs d'outre-mer comme une solution simple pour améliorer les rendements dans leur système cotonnier. Toutefois, ce n'est pas toujours le cas lorsque les contraintes locales sont prises en compte ; le matériel génétique importé risque de ne pas surpasser les variétés produites localement. En plus des contraintes génétiques, des solutions locales et des facteurs limitants doivent être pris en considération afin de maximiser le rendement. Pour un environnement limité en eau, un effort d'extension centré sur le stockage de l'eau du sol et les stratégies de gestion permettrait probablement d'offrir des rendements beaucoup plus avantageux.

Au cours des 30 dernières années, l'industrie australienne du coton a développé une gamme variée d'initiatives et d'outils pour mettre en relation les producteurs de coton grâce à la recherche sur la gestion des ravageurs. Les premiers essais sur le terrain montrant que la perte catégorique n'avait pas affecté de façon significative le rendement ont été utilisés pour contester la réflexion sur l'utilisation des insecticides en début de la campagne cotonnière. L'évolution ultérieure des documents imprimés et des outils de gestion des décisions ont permis aux producteurs de prendre des décisions éclairées sur la gestion intégrée des ravageurs, en particulier par rapport

aux seuils de ravageurs. Cette philosophie autour de la gestion responsable des pesticides a permis à l'industrie de bien se positionner pour l'introduction du coton insecticide génétiquement modifié. Cette technologie a été accompagnée d'un certain nombre de tactiques approuvées par l'industrie pour la gestion de la résistance, déployées à travers un solide réseau de fournisseurs de technologies, de chercheurs, d'agents de vulgarisation et de producteurs de coton. Cette approche reste pertinente à ce jour, où actuellement une gamme complète de techniques, y compris des fiches d'information, des journées sur le terrain, des réunions, des conférences et des médias en ligne continuent de transmettre l'importance de la lutte avec la sortie imminente de coton Bt à triple empilement.

L'industrie cotonnière australienne a été en mesure de fournir des pratiques et des technologies innovantes pour changer les pratiques dans les exploitations grâce à une approche collaborative étroite entre les équipes de recherche, les équipes de vulgarisation et les réseaux de producteurs qui sont soutenus par un programme de pratiques exemplaires de gestion. En tant qu'industrie à l'aube d'une révolution agricole numérique, l'industrie australienne du coton continue de revoir et d'affiner son cadre d'extension et de réseau pour permettre aux producteurs de prendre des décisions éclairées sur l'ensemble du système agricole. La capacité de mettre les agriculteurs en rapport avec la recherche par le biais d'un cadre d'extension constitue toujours une très haute priorité pour garantir la longévité, la productivité et la compétitivité de l'industrie.

Résumés des interventions plénières

1. « La physiologie du coton », pierre angulaire de la science cotonnière de demain

Michael Bange, Organisation de recherche scientifique et industrielle du Commonwealth (CSIRO), Australie

La production mondiale du coton sera influencée par les changements climatiques, ainsi que par des effets indirects, tels que la réglementation des ressources en eau. Combattre ces changements et composer avec l'augmentation des coûts signifient que la production durable devra adopter des pratiques combinées qui : augmenteront et / ou maintiendront les hauts rendements et la qualité élevée ; amélioreront un ensemble de rendements de production (l'eau, l'azote, l'énergie, les émissions, etc.) ; chercheront à améliorer le rendement des produits ; ou envisageront d'autres options de culture comme solutions de rechange. La présentation couvre les impacts actuels de ces changements sur les systèmes de production et met en évidence certaines options d'adaptation en mettant l'accent sur le rôle de la plante et la physiologie des cultures pour soutenir ces dernières. La gestion des cultures

et les options de sélection végétale comprennent : les variétés à haut rendement / de haute qualité tolérantes au stress ; l'optimisation de l'eau et de la nutrition ; la manipulation de la maturité des cultures ; les différents moments de plantation ; l'optimisation des sols et de la santé pour la nutrition des cultures ; et le maintien de pratiques de surveillance diligente des plantes adventices, des ravageurs et des maladies afin de permettre une gestion adaptée.

2. Évolution de la qualité de la fibre de coton: Un impératif pour les besoins du marché à la l'avenir

Eric F. Hequet¹, B. Kelly^{1,2}, S. Baker¹, C. Turner³, H. Sari-Sarra³ et S. Gordon⁴

¹Département de sciences des plantes et du sol, Texas Tech University,

²Texas A&M Agrilife Research

³Génie électrique et informatique, Texas Tech University, ⁴CSIRO Australie

(Présenté par Eric F. Hequet)

Le coton Upland, *Gossypium hirsutum* L., occupe le quatrième rang en terme de superficie plantée aux États-Unis, derrière le maïs, le blé et le soja. En réponse à la demande en tissu de coton, la consommation mondiale de fibres de coton a plus que doublé de 1960 à 2011. Bien que la consommation de fibres de coton ait augmenté, le coton a perdu la moitié de sa part de marché au profit de la concurrence des fibres synthétiques.

Alors que les consommateurs demandent des filés et des tissus de coton, la variabilité de la qualité de la fibre de coton en fait une matière première naturelle difficile à transformer en un produit industriel consistant. La variabilité naturelle de la qualité de la fibre du coton peut se traduire par des imperfections dans les filés. Des imperfections dans les filés, à leur tour, entraînent des imperfections dans les textiles finis. En plus de l'incidence sur la valeur des filés et des textiles finis, la variabilité de la fibre de coton a un impact négatif sur la capacité de traitement. En effet, les imperfections du filé se traduisent par des points faibles qui augmentent les ruptures de fil et une productivité plus faible à l'usine.

Développer des variétés de coton avec une meilleure performance de filature et qualité de filé constitue un défi majeur. Comme nous le savons, les obtenteurs de coton ont la tâche de développer des cultivars qui obtiendront de bons résultats sur le terrain, pendant l'égrainage et durant le traitement des textiles. L'une des tâches les plus difficiles consiste à prédire les performances de traitement de la matière première. En effet, la production de filé à partir de chaque entrée dans un programme de sélection n'est pas possible en raison de la quantité limitée de fibre de coton disponibles et du coût prohibitif des essais de filature. Dès lors, comment pourrions-nous prédire la qualité du filé industriel d'une lignée de sélection sans filer la fibre ? La réponse logique à cette question serait : en évaluant attentivement la qualité

des fibres. Malheureusement, la plupart des programmes de sélection n'utilisent des HVI (instrument à haut volume) que pour évaluer les propriétés des fibres. Est-ce suffisant ?

Les sélections basées sur des paramètres de qualité de la fibre doivent être effectuées dans le but d'améliorer la qualité du filé. Il est important de se demander si les paramètres de qualité de fibres fournis par les tests HVI conviennent pour la sélection des lignées de coton d'élite pour l'amélioration des performances de filature. Bien que les mesures HVI soient rapides, elles ne peuvent pas caractériser les variations de la qualité de la fibre de coton parmi les fibres (dans un échantillon). Nous avons démontré que la capture de la variabilité à l'intérieur d'un échantillon est essentielle pour prédire la performance de filature. Le principal outil permettant de mesurer la variabilité de fibre à fibre au sein d'un échantillonnage est le système avancé d'information sur les fibres (AFIS). Il est maintenant bien entendu que, dans le but d'améliorer sa compétitivité par rapport aux fibres synthétiques, la fibre de coton doit présenter une variabilité réduite de sorte qu'elle puisse se comporter de manière plus prévisible à l'usine. Cela peut être réalisé par la sélection pour une meilleure répartition de la qualité de la fibre en utilisant les propriétés des fibres qui ne sont appréhendées par HVI (AFIS).

3. Développement de variétés de coton GM - Défis pour un environnement tropical

Camilo de Lelis Morello, Chercheur dans le secteur du coton, EMBRAPA, Brésil

Des augmentations de la productivité au Brésil ont été réalisées à des différentes périodes dans diverses régions où le coton était historiquement produit. Les environnements (E) dans lesquels le coton a été cultivé ainsi que des pratiques de gestion (M) et de génétique (G) plus les interactions G x E x M expliquent l'accroissement de la productivité réalisé au fil des années, et les programmes de sélection ont contribué de manière significative à la productivité accrue et à la production du coton au Brésil. Les gains génétiques sont obtenus de façon continue par améliorer le germplasma associé aux caractères biotechnologiques. Tout au long du processus de sélection, la connaissance des caractéristiques environnementales et du système de production, et à partir de ceux-ci, la définition des caractères / traits qui sont nécessaires, occupent un rôle stratégique. Considérant que le rendement de la fibre de coton et la qualité des fibres demeurent les principaux objectifs indépendamment du système de production, la sélection générique dans le Cerrado brésilien (les savanes tropicales) nécessite la prise en compte d'un ensemble de caractères très pertinents à se procurer par le biais de l'amélioration conventionnelle. Les maladies sont favorisées en raison de la combinaison d'humidité relative élevée et des températures élevées, des champignons (taches foliaires *Ramularia* et *Ramulosis*), bactériens (bactériose) et viraux (maladie bleue du coton). Les espèces de nématodes, telles que les

nématodes à galles, réniformes et radicales sont également largement distribués dans les zones cotonnières. Les variétés à intervalles de floraison et de maturation courts sont souhaitables dans certaines parties du Cerrado brésilien où les semis ont lieu à la mi-février.

L'adoption de variétés de coton GM a contribué de manière importante à la gestion des plantes adventices et des insectes (vers). La résistance aux chenilles fournie par le caractère biotechnologique est un outil important qui doit être utilisé dans les programmes de gestion intégrée des ravageurs. La température et l'humidité du sol au cours de la période de croissance du coton sont extrêmement favorables aux plantes adventices et la tolérance aux herbicides est un outil très important pour la gestion intégrée des plantes adventices. Le processus menant à l'identification d'un gène utile potentiel à une nouvelle variété de GM est très long, et quelques décisions importantes peuvent influencer l'efficacité et les résultats finaux. L'objectif du processus de conversion GM est d'obtenir une lignée convertie hébergeant les transgènes dans un contexte génétique avec une performance agronomique égale ou supérieure à celle du germoplasme d'élite récurrent. Le choix judicieux des parents récurrents et donateurs, ainsi que le nombre de générations de rétrocroisement devant être effectués ont une grande influence sur la durée et les ressources. Après l'achèvement des générations de rétrocroisement, il est nécessaire de réaliser une autofécondation pour fixer des allèles différentes à l'état homozygote. Dans le cas de l'introgession des événements avec des gènes superposés, dans lequel de nombreux loci sont impliqués, l'identification d'individus ayant la totalité ou la plupart des loci à l'état homozygote après un tour d'autofécondation (plantes F₂) est plus difficile et coûteux. Une stratégie visant à réduire la nécessité de trop grandes populations est le schéma « d'enrichissement F₂ », au sein duquel deux générations successives d'autofécondation sont réalisées.

Les systèmes de production modernes de coton exigent des caractéristiques biotechnologiques qui fournissent des solutions et une plus grande efficacité en matière de lutte antiparasitaire. Toutefois, les caractéristiques biotechnologiques doivent être déployées dans un matériel génétique de haute qualité avec des caractéristiques adaptées à l'environnement et aux systèmes de production.

4. Relever les défis de la production de coton durable sous concurrence en Chine

M.A. Zhiying¹, Weili LIANG¹, Guiyan WANG¹ et Michel FOK²

¹ Université agricole Hebei, Baoding, Chine,

² CIRAD, Montpellier, France

(Présenté par Michel Fok)

Ce rapport donne d'abord un aperçu rapide de l'agriculture en Chine, puis une brève analyse de la production cotonnière en cours de restructuration dans un contexte où le renforcement

de l'agriculture a pris de l'ampleur. Les mesures très récentes, ciblées sur le renforcement de l'agriculture, sont évaluées à travers le prisme de la durabilité, à savoir les trois piliers communément reconnus des aspects sociaux, environnementaux et économiques. Les actions envisagées pour améliorer l'agriculture, avec des implications pour la production cotonnière, ressemblent à un ensemble de défis dont les chances d'être surmontés avec succès sont évaluées par une analyse rétrospective de quelques réalisations liées aux anciens défis.

En Chine, l'agriculture a manqué d'attractivité depuis plusieurs décennies suite à la libéralisation de l'économie. Les familles rurales exploitant de petites exploitations accusent un retard en termes de revenus. Elles souffrent continuellement d'un écart de revenu croissant, bien qu'une partie des salaires augmentent par le biais d'activités non agricoles. Les familles ont abandonné l'agriculture, ce qui rend les terres disponibles pour augmenter la taille des exploitations restantes, tandis que les fortes contraintes de la main-d'œuvre impliquent que la mécanisation d'un plus grand nombre de pratiques culturales est devenue plus cruciale que jamais.

La production de coton, en particulier dans les deux régions de production traditionnelles de la vallée de du fleuve Jaune et la vallée du fleuve Yangtze, est particulièrement touchée par l'évolution susmentionnée de l'agriculture. Le coton est devenu de moins en moins attractif par rapport aux cultures concurrentes, notamment les céréales, en raison du manque de soutien gouvernemental, en plus de l'augmentation du coût de la main-d'œuvre et des engrais, ainsi que ceux des insecticides, en dépit, ou à cause de, presque vingt ans d'adoption du coton biotech.

Les mesures de la politique agricole élaborée en mars 2016 peuvent être associées à chacun des trois piliers de la durabilité. Plus précisément, environ la moitié des mesures correspondent à l'une des trois dimensions sociales, environnementales et économiques, et l'autre moitié se situe entre deux dimensions.

Une analyse rétrospective de quelques innovations comme la technique de transplantation spécifique à la Chine, l'utilisation généralisée des hybrides de coton commerciaux, l'évolution des dispositifs de pulvérisation des insecticides, le développement de machines agricoles adaptées à une agriculture modérée (même si la réalisation d'une percée dans la récolte mécanisée reste à venir) indiquent le succès du processus de développement d'une technologie récurrente basée sur un énorme réseau scientifique et technique, motivé par un important marché potentiel. Au cours des dernières décennies, la Chine a démontré ses capacités à surmonter les défis techniques, mais de nombreux défis à relever, liés aux mesures récemment annoncées, tombent en dehors de la sphère technique (comme la décentralisation des contrats fonciers, les assurances, les garanties de crédit, etc.). Les innovations organisationnelles et institutionnelles sont nécessaires ; elles font appel à une interaction réussie entre les producteurs et les autres intervenants, qu'ils soient publics ou

privés, et devraient différer des procédures verticales de top-down et orientées administrativement.

5. Comprendre le développement de la fibre de coton

Lili Tu, Wenxin Tang, Yang Li, Kai Guo, Nian Liu et Xianlong Zhang, Université de l'agriculture de Huazhong, Chine

(Présenté par Xianlong Zhang)

Une fibre de plus haute qualité permet d'obtenir un textile plus confortable et une meilleure productivité de la filature. Ainsi, la manipulation des processus de développement de la fibre pour améliorer la qualité est un objectif commun pour la sélection et la biotechnologie. Des chercheurs de l'Université agricole de Huazhong ont isolé un gène codant pour un capteur de calcium, le GhCaM7, en fonction de son niveau élevé d'expression par rapport à d'autres GhCaMs dans les cellules de la fibre à l'étape de l'allongement rapide. La surexpression du GhCaM7 favorise l'allongement précoce de la fibre tandis que la suppression du GhCaM7 par ARNi retarde l'initiation de la fibre et inhibe son allongement. Les cellules de fibre de surexpression CAM7 affichent des niveaux accrus de ROS par rapport au type sauvage, tandis que les cellules de la fibre GhCaM7 ARNi ont des niveaux réduits. Le H₂O₂ améliore l'influx de Ca²⁺ dans la fibre et la rétroaction régule l'expression du GhCaM7. Le GhCaM7 peut moduler la production de ROS et peut être considéré comme un lien moléculaire entre le Ca²⁺ et les voies de signalisation ROS au cours du développement précoce de la fibre.

On a constaté une nouvelle α -expansine tronquée, la GbEXPATR, à l'étape d'allongement des fibres dans le Gb. Pour comparer les fonctions d'exportation et la forme normale de longueur complète de ce gène, le GbEXPA2, l'allongement de la fibre, les lignées de coton transgénique avec l'ARNi et la sur-expression de ces deux gènes ont été produits. La composition de la paroi cellulaire et la qualité de la fibre des lignées transgéniques ont été modifiées avec les changements de niveau d'expression GbEXPA2 et GbEXPATR démontrant un rôle pour la α -expansine dans le remodelage de la paroi cellulaire. Notamment le GbEXPATR, qui est dépourvu du domaine 2 de liaison aux glucides, a obtenu un effet marqué sur l'élongation cellulaire en retardant la synthèse secondaire de la paroi cellulaire et, par conséquent, le renforcement de la longueur des fibres, la finesse et la force.

Les micro-ARN (miRNA) jouent des rôles importants dans le développement des plantes. Nous avons construit sept bibliothèques d'ARN de fibre représentant l'initiation, l'élongation et les étapes de la synthèse de la paroi cellulaire secondaire. Le profil de 47 familles de miARN conservées et de sept nouveaux miARN au total ont été effectués en utilisant un petit séquençage d'ARN. De plus, 140 cibles de 30 miARN conservés et 38 cibles de cinq nouveaux miARN ont été identifiées par séquençage de dégradome. Des

analyses histochimiques ont détecté l'activité biologique du miARN156/157 dans le développement de l'ovule et de la fibre. La fonction de suppression du miARN156/157 a entraîné la réduction de la longueur de la fibre mature, ce qui montre que le miARN156/157 joue un rôle essentiel dans l'allongement de la fibre.

L'ascorbate peroxydase (APX) est une enzyme de balayage ROS importante et nous avons constaté que le GhAPX1AT/DT avait encodé un membre du groupe précédemment non réalisé d'APXS cytosoliques (cAPXs) qui avait été exprimé de manière préférentielle lors de la phase d'allongement de la fibre. La suppression de tous les cAPX (IAO) a entraîné une augmentation de 3,5 fois les taux de H₂O₂ dans les fibres et a provoqué un stress oxydatif, ce qui a supprimé considérablement l'allongement de la fibre. La longueur des fibres des lignées transgéniques présentant une surexpression ou une régulation négative spécifique de GhAPX1AT / DT n'a montré aucun changement évident. Toutefois, les fibres de lignées de surexpression ont montré une plus grande tolérance au stress oxydatif. Les gènes exprimés de manière différentielle (DEG) dans la fibre DPA 10 des lignées IAO, identifiés par l'ARN-seq, étaient liés à l'homéostasie redox, aux voies de signalisation, aux réponses au stress et à la synthèse de la paroi cellulaire, et les DEG régulés à la hausse dans les lignées d'IAO étaient également régulés à la hausse dans la fibre DPA 10 et DPA 20 du coton sauvage par rapport au coton domestiqué.

6. Les petites exploitations cotonnières : questions de durabilité

Joe. C. B. Kabissa, Tanzanie

Jusqu'à 80% de la production cotonnière mondiale annuelle est produite sur de petites exploitations par des agriculteurs vivant dans les pays en développement d'Asie, d'Afrique et d'Amérique latine. En Afrique sub-saharienne, la plupart des pays producteurs de coton sont fortement tributaires du coton pour leur développement économique et la lutte contre la pauvreté. Dans les pays en développement, la culture du coton est l'occupation des petits exploitants qui dépendent de la main-d'œuvre familiale pour produire du coton nécessitant un apport relativement faible d'intrants dans des conditions pluviales. Dans la culture du coton, les petits exploitants répondent aux prix et autres incitations, à la fois négatives et positives, et cela a une incidence sur leur possibilité d'accroître la productivité par une meilleure utilisation des intrants achetés. En Afrique sub-saharienne en général, et l'Afrique francophone en particulier, le coût de production du coton est l'un des plus bas au monde. Néanmoins, au lieu d'augmenter, les rendements ont stagné ou sont en déclin et la pérennité de la culture cotonnière est donc menacée. Certains des défis existants et émergents ont été présentés, y compris ce qui doit être accompli dans le contexte du marché mondial du coton.

7. Les 60 premiers millions d'années d'amélioration du coton et ce qui pourrait bien nous attendre

Andrew Paterson, professeur, Université de Géorgie, Athens, États-Unis

Un génome de référence pour le coton sur la base du génome compact de *Gossypium raimondii*, ainsi que des projets de génomes pour le *G. hirsutum*, *G. herbaceum* et *G. longicalyx* et leurs analyses ultérieures, ont apporté de nouvelles connaissances sur les événements clés dans l'histoire de l'évolution du coton, à commencer par une multiplication par cinq de l'ensemble du génome, il y a environ 60 millions d'années, suivi par la fusion des sous génomes A et D il y a environ 1-2 millions d'années, comprenant une riche histoire d'échange intergénomiques qui a doublé la dose des nombreuses allèles cotonnières en marquant les modèles à travers le temps et à travers le génome. Le génome de référence fournit de nouvelles perspectives sur l'évolution de la fibre, y compris de nombreux gènes candidats qui justifient une enquête plus poussée, ainsi qu'une ressource précieuse pour atténuer de nombreux problèmes de longue date dans l'amélioration du coton.

8. Gestion intégrée des ravageurs pour compléter les caractères GM

Keshav R. Kranthi, directeur, Institut central de recherche sur le coton, Inde

L'histoire de la gestion des organismes nuisibles au coton présente un parcours intéressant qui regorge d'exemples de technologies puissantes s'inclinant face au pouvoir de résistance des insectes. Souvent, la gestion des ravageurs est compliquée par les interventions humaines qui perturbent l'écologie naturelle, résultant ainsi au brassage des insectes ravageurs des plus petits au plus grands, et vice versa. Subséquemment, l'arsenal contre les parasites est consolidé en mettant l'accent sur les organismes nuisibles nouvellement émergents. Ces interventions peuvent entraîner d'autres problèmes pour qu'un tel processus transitoire se poursuive de manière cyclique dans le temps. Cette fugacité dans la gestion des organismes nuisibles plonge les agriculteurs dans des situations précaires, en particulier lorsque les technologies performantes les plus récentes commencent à s'effondrer. Les cas des pyréthroides synthétiques, des néonicotinoïdes et du coton biotech sont des exemples clairs de la façon dont à peine une dizaine d'années a été nécessaire pour que les technologies passent de la « phase de désespoir » à la « phase d'exploitation ».

L'Inde est une excellente étude de cas sur la manière dont les nouvelles « technologies de contrôle des parasites » influencent les changements dans la dynamique des ravageurs, justifiant ainsi le développement de nouvelles technologies. Par exemple, les pyréthroides synthétiques ont été introduits en Inde en 1981 pour contrôler les deux principaux insectes

nuisibles, le vers rose de la capsule, *Pectinophora gossypiella* et *Spodoptera litura*. Les deux espèces d'insectes ont été effectivement contrôlées par les pyréthriinoïdes, mais en 1986, deux espèces différentes d'insectes, les chenilles américaines de la capsule *Helicoverpa armigera* et l'aleurode *Bemisia tabaci* ont émergé comme des problèmes majeurs. Le problème était plus grave pour les hybrides de coton américains *Gossypium hirsutum* où l'utilisation de pyréthriinoïde était élevée. L'application d'insecticide s'est intensifiée à raison de 15-30 applications par campagne, ce qui a entraîné des niveaux élevés de résistance aux insecticides chez ces ravageurs. De nouveaux insecticides avec de nouveaux modes d'action ont été introduits. Les deux ravageurs présentaient une forte propension à résister à presque tous les groupes d'insecticides qui avaient été utilisés pour leur contrôle. En 2002, le coton biotech basé sur le Cry1Ac a été introduit en Inde pour contrôler l'*Helicoverpa armigera* résistant à l'insecticide. Les vers roses de la capsule ont développé une résistance à la protéine Cry1Ac du coton Bt en 2008. Le Bollgard II (Cry1Ac + Cry2Ab) a été introduit en 2006 à titre de mesure de contrôle efficace contre le ver rose de la capsule, mais ces derniers ont développé une résistance au Bollgard II en 2014. En 2009, on a signalé que le ver rose de la capsule avait développé une résistance à la protéine Cry1Ac du coton Bt. On présume que les bouleversements écologiques par les pyréthriinoïdes pourraient en avoir été la cause. L'utilisation abusive des pyréthriinoïdes a également entraîné en 1990, la résistance des aleurodes et du ver de la capsule du nouveau monde à presque tous les insecticides recommandés pour leur contrôle.

Le cas de la résistance du ver rose de la capsule au Bollgard II (Cry1Ac + Cry2Ab) exclusivement en Inde en six ans, par contraste à la sensibilité soutenue du ver rose de la capsule aux toxines Cry en Australie, en Chine et aux États-Unis, malgré 19 années de pression de sélection, illustre le problème de « l'intendance technologique incorrecte » en Inde. L'accélération du développement de la résistance des vers roses de la capsule est probablement liée à deux facteurs principaux :

- i. Le déploiement d'une technologie de coton biotech résistant aux insectes seulement dans les « hybrides de coton commerciaux » en Inde contrairement aux « variétés régulières » dans tous les autres pays.
- ii. L'extension de la durée de la culture des hybrides biotech résistants aux insectes en Inde à 2-4 mois après la période normale de six mois, fournit ainsi une source de nourriture continue et facilite ainsi plusieurs cycles et des générations supplémentaires de vers roses de la capsule.

Ces deux facteurs ont intensifié la pression sélective. Il y avait un troisième facteur qui pourrait avoir également accéléré le développement de la résistance. Plus de 1 600 hybrides biotech différentes, de maturité et de durée variables, ont été approuvées pour la culture en Inde, fournissant ainsi des indices attractifs continus et une source régulière de nourriture pour ver rose de

la capsule pendant près de 3-4 mois par an. Le premier facteur est le plus unique pour l'Inde. Les capsules sur les plantes hybrides homozygotes (pour les toxines Bt) contiennent des graines qui séparent les toxines Cry. Par exemple, au moins 25 % des graines de chaque capsule de plantes hybrides Bollgard ne contiennent pas la toxine Cry1Ac. De même, au moins 6 % des graines de chaque capsule de plantes hybrides Bollgard II ne contiennent pas la toxine Cry1Ac ou Cry2Ab. Les larves du ver rose de la capsule qui contiennent des allèles conférant une résistance aux toxines Cry dans un état homozygote (Cry-RR) survivent sur toutes les graines, alors que les stades larvaires généralement avancés qui possèdent l'allèle résistante dans un état hétérozygote (Cry-Rr) survivent au Bt en développement contenant des graines dans les capsules vertes. Les larves survivent d'abord sur les semences non-Bt et les larves plus âgées à l'allèle hétérozygote (Cry-Rr) survivent sur les semences porteuses du Bt, alors que les larves sans allèles résistantes meurent après s'être nourries de graines Bt brutes. Ainsi, l'allèle Cry-R se conserve dans les populations de vers roses de la capsule en raison de la condition unique de ségrégation de la toxine Cry dans les hybrides de coton biotech en Inde seulement et pas dans d'autres pays, où toutes les graines en développement dans les capsules vertes des variétés de coton biotech contiennent des toxines Cry qui tuent les larves hétérozygote (Cry-Rr).

Les néonicotinoïdes ont été introduites dans le milieu des années 1990. L'efficacité de l'imidaclopride en tant que traitement des semences était la plus cruciale pour les hybrides de coton biotech parce que plus de 90 % des hybrides étaient sensibles aux cicadelles, aux aleurodes et aux thrips. Le traitement des semences imidacloprides protège la culture durant les deux premiers mois critiques contre les insectes suceurs de sève. En combinaison avec les toxines Bt, les néonicotinoïdes en tant que traitement des semences ainsi que les pulvérisations foliaires et les nouveaux insecticides, tels que le spinosad, le benzoate emamecting et indoxacarbe, qui ont été introduits au cours de la période 2000-2004 pour le contrôle du ver de la capsule du coton non-Bt, ont fourni un contrôle complet des parasites pendant au moins les cinq premières années qui ont suivi l'introduction des hybrides de coton Bt en 2002/03. Ces technologies ont contribué à la tendance à la hausse des rendements au cours de 2001-2007. Le coton biotech résistant aux insectes s'est répandu très rapidement pour saturer la zone cotonnière dans le pays en 2009/10. En 2007/08, les aleurodes et les cicadelles ont développé des niveaux élevés de résistance à l'imidaclopride et les rendements ont commencé à tendre à la baisse par la suite. En outre, la résistance du ver rose de la capsule au Bollgard-II influe sur la perte de rendement. Dans tous ces cas, la caractéristique commune est l'utilisation aveugle des technologies au mépris des principes de la GIR (gestion intégrée des ravageurs) et de la GRI (gestion de la résistance aux insecticides).

Alors que de nouvelles molécules insecticides et de nouveaux produits biotechnologiques utilisant la biotechnologie peuvent être mis au point constamment, il est important de noter que

ceux-ci ne fournissent que des gains à court terme et doivent être continuellement remplacés, ce qui a un prix. Hormis le supplément de coût pour la culture, l'impact puissant de la matrice des technologies perturbe également les écosystèmes. À plusieurs reprises, ces technologies de lutte contre les ravageurs entrent dans une phase d'efficacité incertaine en raison de la résistance des insectes aux insecticides, ce qui conduit à une sur-utilisation intensive et extensive. Les stratégies de gestion de la lutte antiparasitaire finissent par devenir fragiles.

La mise en œuvre des principes de LAI et de GIR dans le déploiement des « caractéristiques biotechnologiques résistantes aux insectes » est cruciale pour la viabilité à long terme de la gestion des organismes nuisibles. Par exemple, les gènes biotechnologiques résistants aux insectes auraient pu être durables s'ils avaient été déployés dans les variétés de lignées homozygotes pures pour toxines Cry, de courte durée (<150 jours), à maturation précoce et résistant aux cicadelles. Cela aurait évité le recours aux insecticides soit en tant que traitement des semences ou application foliaire pour le contrôle des insectes suceurs ou du ver de la capsule. Les variétés à maturation précoce de courte durée en Inde échappent aux vers de la capsule en raison du décalage entre le pic de l'apparition des vers de la capsule et les pics de la floraison et de la formation des capsules. De plus, les recommandations en matière d'insecticide pour la rotation des groupes chimiques ayant des modes d'action, si nécessaire, sur les cultures de coton biotech auraient abouti à une utilisation moindre des insecticides pour la lutte durable contre les ravageurs et à un retard dans le développement de la résistance aux toxines Bt par les vers de la capsule et de la résistance des insectes suceurs de sève aux néonicotinoïdes.

Rapport sur les interventions de l'ICGI

David M. Stelly, Président de l'Initiative de génomique internationale du coton

Les intervenants de l'Initiative de génomique internationale du coton (ICGI) ont décrit les avancées qui augmentent la puissance, la précision et la pertinence pratique de la recherche sur la génomique du coton et les espèces apparentées. Dans de nombreux cas, les nouvelles technologies ont révélé des complexités supplémentaires au matériel génétique et aux génomes du *Gossypium* – aux niveaux évolutif, taxinomique, structurel, compositionnel, héréditaire, épigénétique et fonctionnel.

La progression rapide de la situation de la génomique du coton était évidente lors de la réunion et contrastait fortement avec la réunion de 2006 à Brasilia – il y a seulement une décennie – quand l'ICGI a commencé à discuter de l'avantage de concentrer les premiers efforts de séquençage du génome commun sur le *Gossypium raimondii*. Comme cela est expliqué dans le livre blanc résultant (2007), cette espèce péruvienne non cultivée et semblable à un arbre, paraît d'un point de

vue agricole être la cible improbable pour le séquençage, mais elle possède le génome le plus petit, et donc, le moins complexe de toutes les espèces de *Gossypium* connue, et est donc, de ce fait, considérée comme le meilleur choix. En 2012, le premier ensemble du génome de haute qualité a été publié pour le *G. raimondii*. Depuis 2006, un grand nombre de SPR et d'autres types de marqueurs d'ADN ont été développés, cartographiés et utilisés pour la caractérisation de germoplasmes, la dissection des caractéristiques et la sélection très limitée assistée par marqueurs. Le développement rapide de cartographie de SNP à haute densité intraspécifique et interspécifique, et l'utilisation globale de dizaines de milliers de SNP sont devenus possibles en 2014, lorsque le tableau CottonSNP63K a été publié. L'année dernière, en 2015, le rapport de deux projets d'assemblage de génome pour le coton cultivé a fait mention d'un grand bond en avant pour le coton. Ces avancées techniques et scientifiques importantes en génomique cotonnière ont précédé la réunion biennale 2016 de l'ICGI organisée conjointement avec la WCRC-6.

- Joshua Udall, venu des États-Unis, a examiné la structure des génomes *Gossypium*, y compris l'utilisation de «homéo-SNP» (divergences d'une base dans la séquence entre les subgénomés A et D) pour faciliter l'analyse informatique des SNP réguliers (divergences d'une base dans la séquence entre les différents individus), et pour faciliter l'analyse informatique comparative entre les génomes des espèces diploïdes et les subgénomés A et D des espèces tétraploïdes. Ces comparaisons seront également susceptibles d'améliorer les ensembles de séquences pour les génomes des diploïdes du génome A.
- David Fang, des États-Unis, a constaté des progrès dans l'utilisation du génotypage par séquençage (GBS) des lignées isogéniques et de l'analyse des ségréants regroupés, dans certains cas, des gènes mutants de la cartographie fine et des QTL d'intérêt. Des applications prospectives pour les populations MAGIC ont été constatées.
- Brian Scheffler, des États-Unis, a parlé d'un cadre physique de marqueur ancré pour le génome AD de coton Upland et une congruence élevée avec échafaudages, l'ensemble largement utilisé du génome D5 et l'un des deux ensembles de génome AD (2015) nouvellement signalés. Le cadre physique intégré devrait faciliter le développement d'un ensemble de génomes de référence de qualité pour le coton Upland.
- Vamadevaiah Hiremath, venu de l'Inde, a démontré par qPCR que 6 facteurs de transcription étaient différentiellement régulés à la hausse dans certains génotypes tolérants à la sécheresse dans les traitements contre le stress hydrique.
- Zhongxu Lin, venu de Chine, a analysé les SSR des *G. hirsutum* / *G. barbadense* de Sea Island dans le BC1 hybride, les populations de BC et F₂ réciproques, et constaté des cas de taux de recombinaison différentiels

chez les parents mâles et femelles, une distorsion de la ségrégation et une ventilation hybride.

Sélection et génomique appliquée

- Lucia Vieira Hoffmann du Brésil a indiqué qu'EMBRAPA préserve et caractérise les cotons indigènes et naturalisés du Brésil. Leur collection comprend environ 1 350 lignées, et l'analyse HVI d'environ 500 accessions a révélé que certaines pourraient constituer des ressources utiles pour l'amélioration de la fibre.
- Maite Vaslin, de Freitas Silva du Brésil, s'est penchée sur la résistance génétique à la maladie bleue du coton (MBC) qui est causée par le virus du nanisme et de l'enroulement de la feuille du cotonnier (CLR DV) et transmis par les pucerons. De nouveaux éléments génétiques et fonctionnels à partir du coton et de l'arabidopsis ont indiqué que la résistance du coton comprend de la CBD2, une transférase arginyle ARNt (ATE) impliquée dans la conduite des protéines ciblées pour la dégradation des protéines.
- Johnie Jenkins, des États-Unis, a décrit le développement d'une population appariée de manière aléatoire, développée à partir de 18 lignées de chromosomes de *G. barbadense* de substitution. Le succès de l'introgession et la complexité ont été validés par une analyse basée sur les marqueurs.
- Muhammad Tehseen Azhar, du Pakistan, a signalé de grandes différences entre les espèces diploïdes de *Gossypium* en fonction de leur sensibilité ou une tolérance au virus de la frisolée de la feuille du cotonnier (CLCuV), basé sur la transmission naturelle et les greffes de *G. hirsutum* infectées par le CLCuV.
- Farshid Talat, venu d'Iran, a rapporté que des génomes chloroplastiques de trois espèces de génome D ont été achevés et comparés les uns aux autres, ainsi que 14 autres espèces de *Gossypium*.

La génomique fonctionnelle

- Shuangxia Jin, de Chine, nous a fait part de plusieurs expériences relatives au système de défense du coton contre l'infestation d'aleurodes et a identifié plusieurs gènes candidats pour le contrôle des ravageurs se nourrissant de phloèmes. L'analyse du transcriptome de cotons résistants et sensibles à l'aleurode (*Bemisia tabaci*) à plusieurs périodes après l'exposition a indiqué que WRKY40 et une protéine de transport du cuivre en tant que gènes moyeux pouvant réguler les défenses du coton à l'infestation d'aleurodes. Le silençage induit par le virus du GhMPK3 a accru la susceptibilité aux aleurodes. Les miARN étaient également la clé du système de défense.
- Vasu Kuraparthi, des États-Unis, a rapporté le clonage positionnel d'un gène du facteur de transcription HD-Zip capable de produire la feuille de gombo. Une suppression de 8-pb dans le promoteur conduit à ce qui est considéré aujourd'hui comme une forme normale de feuille, alors que le type ancestral est le subokra.

- Ayyanagouda Mahantgouda Patil a mené une analyse *in silico* en Inde pour identifier les gènes qui sont significativement régulés à la hausse ou à la baisse, les sites de liaison des facteurs de transcription putatifs et les facteurs de transcription liés au développement de la fibre.
- Uzma Qaisar, du Pakistan, a mené une méta-analyse des données de microréseaux à partir de *G. hirsutum* à fibres longues et courtes et de *G. barbadense* à fibres extra-longues pour identifier plus de 1 400 gènes exprimés de manière différentielle en fonction de la longueur des fibres. Deux ont semblé particulièrement significatifs, le facteur de transcription réactif à l'éthylène, wrinkled-1 (*wri1*), et un traitement enzymatique vacuolaire (*vpe*), le gène qui correspond complètement à la longueur des fibres dans le coton.

Génomique comparative et bioinformatique

- Jing Yu, des États-Unis, a rapporté des améliorations significatives dans les exploitations et les fonctionnalités de CottonGen, la principale ressource mondiale pour les données de génomique cotonnière. Des listes de SNP, des cartes, une page consacrée au CottonSNP63K, les données sur l'ARNSeq et les données sur le GBS ont été ajoutées et sont consultables via la mise en place de la visionneuse de génome JBrowse. La syntenie est visible dans GBrowse-Syn, et de nouvelles voies métaboliques sont disponibles via Pathway Tools. D'autres nouveaux génomes, traits, cartographies et marqueurs de données, ainsi que des outils de recherche nouveaux ou améliorés ont également été ajoutés.
- Daniel Peterson, des États-Unis, a énoncé ses observations et idées générales sur la bioinformatique contemporaine, en particulier lorsque celles-ci se traduisent par des contraintes et des sous-performances. Certaines peuvent être résolues par des actions collectives de chercheurs individuels, tandis que l'amélioration des autres nécessite des ajustements majeurs par le secteur, y compris de nouvelles méthodes qui utilisent mieux les systèmes de calcul intensif à haute performance.
- John Yu, venu des États-Unis, a examiné les progrès récents dans le séquençage des génomes, à partir des espèces diploïdes de génome D et A (D5 et A2), ainsi que des espèces tétraploïdes de génome AD. Un des avantages de disposer de chacun d'eux est qu'une grande partie de l'ensemble du génome AD se prête à la séparation entre les subgénomés A et D de *G. hirsutum*, ce qui facilite le repérage des effets sur les caractéristiques importantes, par exemple, les caractéristiques des fibres.
- Qian-Hao Zhu, d'Australie, a présenté des recherches sur les facteurs de transcription homéodomaine-leucine zipper (HD-Zip) propre au coton. Les HD-Zip sont uniques au royaume des plantes et contribuent souvent à réguler les gènes impliqués dans le développement des plantes et la réponse aux stress abiotiques / biotiques. Plus de 70 HD-Zips se produisent dans le coton Upland. L'expression tend à être spécifique au tissu. Trois d'entre eux présentent une réponse différentielle à l'infection par le *Verticillium*.
- Ishwarappa Katageri, de l'Inde, a rapporté que le séquençage du génome entier de *G. arboreum* et *G. herbaceum* a été utilisé à grande échelle dans l'identification des SNP *in silico*. Il a également fait état d'une première analyse fondée sur le coton SNP63K de 178 *G. hirsutum* x *G. barbadense* RILs afin de cartographier les principaux QTL affectant les caractéristiques clés.

Sélection et génomique appliquée

- Todd Campbell, des États-Unis, a signalé les efforts visant à identifier les sources uniques de la qualité de la fibre. Il a identifié la lignée de germoplasme MD 15 comme source unique de fibre de haute qualité et noté que la qualité de la fibre MD 15 résultait probablement de la ségrégation transgressive sélectionnée au cours de son développement.
- Lili Tu, de Chine, a parlé de la validation phénotypique avancée de plusieurs gènes affectant de manière putative le développement et la qualité de la fibre. Ceux-ci comprennent un capteur de calcium, le GhCaM7, ce qui affecte les voies du signal ROS lors du développement précoce de la fibre, le GbEXPATR, qui est dépourvu de domaine de liaison d'hydrate de carbone et retarde la synthèse de la paroi cellulaire secondaire et améliore ainsi la longueur, la finesse et la force des fibres.
- Amanda Hulse-Kemp, des États-Unis, a parlé du développement des 3 cartes de liaison indépendantes basées sur CottonSNP63k, à partir de 1 F₂ et deux ensembles de populations RIL réciproques de parents communs : « Phytogen 72 » (PHY72) et « Stoneville 474 » (STV474). Elles fournissent collectivement les meilleures cartes intraspécifique développées à ce jour, et deux populations de cartographie RIL immortalisées correspondantes qui constituent une plate-forme portable pour l'avenir de la recherche sur le coton.
- Khezir Hayat, un doctorant venu de Turquie, a décrit le développement et les plans pour un projet de cartographie interspécifique *G. hirsutum* x *G. barbadense* basé sur le SGB.

La durabilité à la WCRC-6

La production durable et son impact sur les pratiques de production de coton ont été l'un des sujets fars de la conférence. Des documents sur l'agronomie cotonnière dans le contexte de la technologie de production durable ont été présentés dans un certain nombre de sessions. Une séance a été consacrée à la « Mesure de la durabilité des systèmes agricoles cotonniers », au cours de laquelle le travail sur les lignes directrices et les paramètres établis par le Panel d'experts sur

la performance sociale, environnementale et économique de la production cotonnière (SEEP) ont été présentés. Deux articles issus des séances plénières (dont les extraits se trouvent ci-dessus) ont abordé la question de la durabilité du point de vue des petits exploitants et la façon de relever les défis de la production durable. Au cours de la séance de clôture, le comité organisateur a présenté un rapport sur la durabilité globale de la conférence qui se distingue des présentations techniques. Les organisateurs planteront 3 600 arbres afin de neutraliser les émissions de gaz à effet de serre générées par l'événement. L'organisation de la conférence a laissé des impacts sociaux, environnementaux et économiques positifs importants à bien des égards. Le comité organisateur a présenté le tableau suivant qui indique les gains durables en termes quantitatifs.



Participation

471 chercheurs provenant de 40 pays et de cinq organisations internationales ont participé à la conférence.

Nombre de participants à la WCRC-6 par pays

Pays	Nbre de participants	Pays	Nbre de participants
Afrique du Sud	3	Kenya	3
Allemagne	1	Mali	3
Argentine	8	Mozambique	5
Australie	24	Myanmar	2
Bangladesh	2	Nigeria	3
Bénin	1	Ouganda	3
Brésil	212	Ouzbékistan	2
Burkina Faso	1	Pakistan	13
Chine	23	Pays Bas	1
Colombie	4	Pérou	4
Egypte	4	Poland	2
Equateur	1	Portugal	5
Espagne	1	Soudan	6
Etats-Unis	58	Syrie	1
Ethiopie	1	Tanzanie	2
France	1	Tchad	1
Inde	37	Togo	1
Indonésie	2	Turquie	11
Iran	6	Vietnam	1
Israël	1	Zambie	2
Organisations internationales :			
CABI		= 1	
CIRAD		= 2	
Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture		= 2	
Agence internationale de l'énergie atomique		= 2	
Comité Consultatif International du Coton		= 2	
Total		= 471	