

Le top cross appliqué à l'amélioration génétique du cotonnier

J. Lançon, B. Hau, G. Gawrysiak

J. Lançon et G. Gawrysiak : Institut des savanes (IDESSA), département des cultures industrielles, B.P. 604, Bouaké, Côte-d'Ivoire.
B. Hau : CIRAD département des cultures annuelles, unité de recherche connaissance et amélioration des plantes annuelles,
B.P. 5035, 34032 Montpellier Cedex 01, France.

Résumé

Afin de décrire la variabilité génétique travaillée au sein du réseau africain coordonné par le CIRAD-IRCT, un top cross réalisé avec un testeur commun de 4 variétés ou lignées de cotonnier a été mis en place dans 4 stations de sélection en Afrique de l'Ouest et du centre.

Dans chaque lieu, on a évalué l'aptitude à la combinaison avec le testeur de 4 génotypes extraits du programme local de sélection.

Pour les caractéristiques dont le déterminisme génétique permet de le faire, ces résultats, corrigés de l'effet lieu, ont été regroupés et comparés.

Dans l'ensemble, la variabilité des aptitudes à la combinaison

reste satisfaisante pour les caractéristiques agronomiques et de production, le rendement en fibre à l'égrenage, la couleur de la fibre et la nepposité du fil. Elle est insuffisante dans le cas de la finesse et de l'allongement de la fibre.

Chacun des 4 programmes de sélection a fourni au moins un génotype bien équilibré : U 70 au Tchad, IRMA 1243 au Cameroun, F 135.13 en Côte-d'Ivoire et D 65B au Togo.

L'utilisation du top cross dans le cadre de programmes de croisements coordonnés permet de tirer un meilleur profit de l'organisation en réseau et d'améliorer l'efficacité de chacune des équipes de sélectionneurs.

MOTS-CLES : coton, *Gossypium hirsutum*, top cross, valeur en croisement, multilocal.

Introduction

Dans la stratégie du sélectionneur de plantes autogames, les plans de croisements doivent remplir deux objectifs complémentaires :

- créer de la variabilité génétique en recombinant les génotypes considérés comme favorables ;
- mieux connaître le matériel génétique travaillé.

Chez le cotonnier, la création de variabilité s'appuie généralement sur des croisements simples (LANÇON *et al.*, 1990 ; HAU, 1988), alors que les études de génétique quantitative sont basées sur des croisements diallèles dont on étudie la F1 et les parents (LANÇON *et al.*, 1992 et 1993 ; NGUYEN *et al.*, 1989).

En alternative à ces dispositifs, le top cross consiste à croiser un groupe de géniteurs avec un testeur. Non seulement il permet de créer de la variabilité, mais aussi d'évaluer les génotypes parentaux pour leur aptitude à la combinaison avec ce testeur.

D'ordinaire, il trouve son application dans les programmes destinés à déceler les combinaisons hétérotiques. Il a été utilisé à cette fin lors des premières recherches consacrées aux hybrides de cotonnier (WHITE et RICHMOND, 1963 ; MILLER et LEE, 1964).

Quand le testeur a une base génétique étroite, le top cross ne sert qu'à estimer des aptitudes spécifiques en combinaison. Il n'offre donc pas grand intérêt pour la création de structures variétales à dominante homozygote, comme c'est le cas chez le cotonnier (DESSAUW *et al.*, 1992).

Par contre, avec un testeur ayant une base génétique plus large, le top cross répond mieux aux attentes du sélectionneur de variétés lignées pures, puisqu'il permet de détecter les parents qui présentent de bonnes aptitudes générales en combinaison.

Cet article illustre ce propos en présentant les résultats d'un top cross multilocal destiné à sonder la variabilité du pool génétique *Gossypium hirsutum* utilisé par les sélectionneurs participant au réseau africain du CIRAD-CA (ex-IRCT).

Cette expérimentation a été réalisée par les équipes de sélectionneurs de l'Institut de recherche agronomique du Cameroun (IRA), celles de l'Institut des savanes de Côte-d'Ivoire (IDESSA) et celles au CIRAD de l'institut de recherche du coton et des textiles exotiques (CIRAD-IRCT), au Tchad et au Togo. Elle a été coordonnée par la division de génétique du CIRAD-IRCT.

Matériel et méthode

Dispositif expérimental

Au Cameroun à la station expérimentale de Maroua, en Côte-d'Ivoire à la station de Bouaké, au Tchad à la station de Bébédjia, et au Togo à la station d'Anié-Mono, 4 géniteurs d'élite propres à chacun de ces pays ont été croisés avec 4 parents testeurs. Chaque pays a désigné un des parents.

Dans chacun des 4 pays, les 8 parents, les 16 croisements «testés * testeurs» et les 12 croisements «testeurs * testeurs» ont été comparés au sein d'un dispositif statistique en blocs complets à 4 répétitions.

Matériel parental

Les parents testés

Les parents testés (tabl. 1) ont été choisis par chacun des pays participants pour répondre à un objectif propre :

- géniteurs de bonne qualité technologique et à caractère okra (feuille découpée) au Cameroun ;
- géniteurs glandless exotiques au Togo.

Ces lignées ou variétés ne sont pas obligatoirement originaires du pays qui les a présentées (cas du Togo).

Les géniteurs testés ne constituent pas un échantillonnage satisfaisant des meilleures obtentions de chacun des programmes nationaux d'amélioration variétale. On se gardera donc de porter un jugement de valeur sur la qualité des travaux d'amélioration menés dans chacun des pays participants. Néanmoins, pour faciliter une lecture synthétique des résultats, on a parfois considéré comme une entité chacun des 4 pools génétiques, définis sur leur base géographique.

Les parents testeurs

Les parents testeurs ont déjà été décrits précédemment (LANÇON *et al.*, 1992 et 1993). On se contente ici de rappeler leur origine (tabl. 2).

Variables étudiées

Les variables ont déjà été décrites de manière exhaustive (LANÇON *et al.*, 1992). Rappelons les abréviations utilisées.

TABLEAU 1

Liste des géniteurs testés.
List of the parents tested.

Géniteur	Pays utilisateur	Pays d'origine
IRMA 1243	Cameroun	Cameroun
IRMA 1110 okra	Cameroun	Cameroun
IRMA 731	Cameroun	Cameroun
IRMA 808	Cameroun	Cameroun
ISA 205 B	Côte-d'Ivoire	Côte-d'Ivoire
F 135.13	Côte-d'Ivoire	Côte-d'Ivoire
F 326.4	Côte-d'Ivoire	Côte-d'Ivoire
F 134.12	Côte-d'Ivoire	Côte-d'Ivoire
R 197	Tchad	Tchad
U 70	Tchad	Tchad
T 133	Tchad	Tchad
S 291	Tchad	Tchad
IRMA 1145 glandless	Togo	Cameroun
Z 298 glandless	Togo	Côte-d'Ivoire
D 66 B	Togo	Togo
D 65 B	Togo	Togo

TABLEAU 2

Origine et généalogie des géniteurs testeurs.
Origin and pedigree of the tester parents.

Géniteur	Origine	Généalogie
IRMA 2364	Cameroun	(IRCO 5028 x Pan 3492) x U 563-19
U 195	Tchad	M 327-4 x (Y 1422 x BJA 592)
G 93-3	Côte-d'Ivoire	ISA 205 A x A 415-4
F 264-12	Togo	D 388-8

Variables agronomiques :

CBF, capsules récoltées sur les branches fructifères d'une plante ;
 CBV, capsules récoltées sur les branches végétatives d'une plante ;
 CTOT = CBF + CBV ;
 DIF, temps moyen pour l'apparition en jours après la levée de la première fleur ;
 HTOT (cm), hauteur d'une plante ;
 PCG (g), production d'une plante en coton-graine ;
 PMC (g), poids moyen capsulaire ;
 RDT (g/m²), rendement moyen en coton-graine.

Variables technologiques de la fibre :

CPB, indice de jaune ;
 CRD (%), réflectance ;
 L25 (mm), longueur 2,5 % S.L. ;
 L50 (mm), longueur 50 % S.L. ;
 LUR (%), uniformité ;
 MFM (%), pourcentage de fibres mûres ;
 MHS (mtex), finesse standard ;
 MIM, indice micronaire ;
 SE1 (%), allongement,
 ST1 (g/tex), ténacité stérométrique ;

Variables technologiques du fil :

DAL (%), allongement à la rupture ;
 FIN, nombre de points fins sur 1000 m (Uster) ;
 GRD, grade ;
 GRO, nombre de points gros sur 1000 m (Uster) ;
 NEP, nombre de neps sur 1000 m (Uster) ;
 RKM (km), résistance kilométrique ;
 UPC (%), régularité ;

Variables technologiques de la graine :

GHL (%), taux d'huile dans la graine délintée et déshydratée ;
 GSI (g/100), poids de 100 graines non délintées ;
 LID (g/100), indice de fibre ou poids de fibre porté par 100 graines ;
 RFR (%), rendement en fibre à l'égrenage.

Les résultats statistiques qui dépendent du choix des variables étudiées sont issus de l'analyse multilocale du sous-diallèle 4*4 constitué par les 4 parents communs (LANÇON *et al.*, 1992 et 1993).

Toutes les mesures et cotations au champ ont, lorsque c'était possible, été effectuées sur 5 plantes par parcelle élémentaire dans 3 localités, mais sur 3 plantes seulement au Tchad.

Méthodologie

Les valeurs en combinaison des géniteurs testés avec le groupe des 4 parents testeurs ont été obtenues dans des localités différentes. Elles peuvent être comparées si les effets d'aptitude générale à la combinaison sont en interaction faible avec le milieu. Or, le modèle à effets aléatoires ayant été choisi pour analyser l'étude du croisement diallèle entre les 4 parents testeurs du top cross (LANÇON *et al.*, 1992), on admet que les conclusions sont applicables à la population constituée par les géniteurs testés.

Parmi les caractéristiques étudiées dans toutes les localités, certaines variables agronomiques, le rendement en fibre à l'égrenage, la plupart des variables technologiques de la fibre, la résistance et la nepposité du fil réalisent cette condition. Par contre, pour l'indice micronaire, l'allongement de la fibre et l'indice de jaune, les fortes interactions entre les aptitudes à la combinaison et la localité ne permettent théoriquement pas d'étendre la comparaison à l'ensemble des géniteurs testés.

L'expérience montre, cependant, que l'allongement est une caractéristique fortement héritable à déterminisme génétique largement additif : le résultat trouvé dans l'ana-

lyse précédente (LANÇON *et al.*, 1992) s'explique par la faible variabilité entre les parents testeurs. C'est pourquoi, étant donnée son importance pour la bonne marche en filature, cette variable a été prise en considération dans certaines parties de l'analyse sur les parents testés.

Pour les variables considérées, on peut donc calculer g'_i l'aptitude à la combinaison du géniteur i en croisement avec les 4 testeurs :

$$g'_i = \text{moy. Fl } (i * \text{testeurs}) - \text{moy. Fl } (\text{testeurs} * \text{testeurs})$$

i : géniteur i

Le second terme corrige l'estimation des g'_i de l'effet des localités ; il prend en compte une éventuelle interaction entre hétérosis général et localité, ce qui permet de comparer la valeur en combinaison de tous les parents testés, quel que soit l'emplacement du test.

La corrélation (parent, aptitude à la combinaison générale) est calculée en définissant la valeur propre du parent comme l'écart de ce parent i à la moyenne des 4 parents testeurs dans la localité, et en estimant l'aptitude générale à la combinaison de ce parent par le terme g'_i .

Résultats et discussion

Caractéristiques

Variables agronomiques

Pour la hauteur de la plante (HTOT), les géniteurs qui

diminuent la taille sont les plus nombreux (9) (tabl. 3). Les deux géniteurs les plus efficaces sont ceux qui présentent, en valeur absolue, les aptitudes à la combinaison les plus élevées : ce sont des géniteurs de petite taille sélectionnés au Tchad (U 70) et au Cameroun (IRMA 731).

Pour la charge en capsules (CBV et CBF), l'effet réducteur de taille s'accompagne en général d'une diminution du nombre de capsules portées par les branches végétatives (tabl. 3). Ainsi, 10 géniteurs sur 16 ont également une aptitude à la combinaison avec les parents testeurs négative pour ce caractère.

Le géniteur le plus efficace dans un sens positif (augmentation) est originaire du Tchad (S 291). Les plus efficaces dans un sens négatif sont originaires de Côte-d'Ivoire (F 135.13) et du Togo (D 65 B).

L'aptitude à la combinaison pour le nombre de capsules portées par les branches végétatives n'est pas toujours reliée strictement à l'aptitude à la combinaison pour le nombre de capsules portées par les branches fructifères. Ainsi, dans la moitié des cas, le bilan global des aptitudes à la combinaison est négatif. Il est positif dans l'autre moitié des cas :

- pour 3 géniteurs du Tchad (R 197, U 70, T 133) et 1 géniteur du pool Togo (IRMA 1145gl), le nombre de capsules perdues sur les branches végétatives est inférieur au nombre de capsules apportées sur les branches fructifères ;
- pour 1 géniteur de chacun des 4 pools (IRMA 1243, F 134.12, S 291 et Z 298gl), l'augmentation du nombre de capsules est simultanée sur les deux types de branches.

Il n'existe pas de cas pour lesquels une diminution du nombre de capsules portées par les branches fructifères

puisse être compensée par une augmentation équivalente ou supérieure du nombre de capsules portées par les branches végétatives.

Pour les variables agronomiques, les valeurs moyennes des aptitudes à la combinaison pour chacun des 4 pools génétiques sont présentées au tableau 4. On note surtout que seul le pool tchadien présente un bilan de production positif. Ceux de Côte-d'Ivoire et du Cameroun sont, dans ce contexte, de mauvais géniteurs de production.

Caractéristiques de la graine

Pour le rendement en fibre à l'égrenage (RFR) la moitié des géniteurs testés présentent une valeur en combinaison avec les 4 variétés élites de signe positif (tabl. 3). Les 3 meilleurs géniteurs font partie du pool de Côte-d'Ivoire (F 326.4) et du Togo (Z 298gl et D 65 B).

En moyenne (tabl. 4), les pools génétiques de la Côte-d'Ivoire et du Togo sont les plus favorables pour l'amélioration du rendement en fibre à l'égrenage.

Pour le taux d'huile (GHL), la plupart des géniteurs sont défavorables. Quatre d'entre eux seulement sont améliorateurs (deux sont originaires du Togo et deux de Côte-d'Ivoire dont la lignée F 326.4 (tabl. 3). Les pools du Togo et de Côte-d'Ivoire sont améliorateurs pour le pourcentage d'huile dans la graine (tabl. 4).

TABLEAU 3

Aptitude à la combinaison des géniteurs avec les 4 variétés communes. Variables agronomiques et caractéristiques de la graine.

Combining ability of parents with the four common varieties. Agronomic variables and seed characteristics.

Localité Géniteur	HTOT		CBV		CBF		RFR		GHL	
	A	C	A	C	A	C	A	C	A	C
Cameroun										
IRMA 1243	0,6	6	1,55	2	0,69	7	- 0,61	14	- 0,49	8
IRMA 1110ok	- 3,3	9	1,24	3	- 2,82	15	- 0,51	13	- 0,89	11
IRMA 731	- 10,3	15	- 1,87	14	- 3,28	16	0,08	6	- 1,45	13
IRMA 808	- 8,2	14	- 1,54	12	- 2,08	14	- 0,13	10	- 1,73	15
Côte-d'Ivoire										
ISA 205 B	2,7	4	0,45	5	- 0,66	12	0,52	4	0,19	2
F 135.13	- 6,1	13	- 3,35	16	- 1,63	13	0,00	9	- 0,55	9
F 326.4	- 2,6	8	- 1,53	11	- 0,18	11	0,80	3	0,42	1
F 134.12	4,2	2	0,54	4	0,20	10	0,32	5	- 0,26	7
Tchad										
R 197	- 5,7	12	- 0,81	7	1,15	5	- 0,69	15	- 1,01	12
U 70	- 10,5	16	- 1,60	13	4,25	1	- 0,35	11	- 0,84	10
T 133	- 3,8	11	- 0,95	9	3,09	2	0,07	7	- 2,09	16
S 291	4,6	1	2,50	1	1,44	4	- 0,40	12	- 1,53	14
Togo										
IRMA 1145gl	- 3,5	10	- 0,85	8	1,95	3	0,04	8	0,17	4
Z 298gl	3,2	3	0,05	6	0,49	8	1,04	1	- 0,21	5
D 66 B	1,2	5	- 1,14	10	0,33	9	- 1,11	16	0,19	2
D 65 B	0,1	7	- 2,40	15	0,91	6	0,92	2	- 0,25	6

A. aptitude à la combinaison.

C. classement des géniteurs pour leur valeur en combinaison avec les 4 variétés communes.

A. combining ability.

C. classification of parents based on their combining ability with the 4 common varieties.

TABLEAU 4

Aptitude à la combinaison pour l'ensemble des géniteurs par localité. Variables agronomiques et caractéristiques de la graine.*Combining ability of the set of parents per site. Agronomic variables and seed characteristics.*

Localité	HTOT		CBV		CBF		RFR		GHL	
	Moy.	σ	Moy.	σ	Moy.	σ	Moy.	σ	Moy.	σ
Cameroun	- 5,3	4,91	- 0,16	1,80	- 1,87	1,78	- 0,29	0,32	- 1,14	0,56
Côte-d'Ivoire	- 0,5	4,76	- 0,97	1,85	- 0,57	0,79	0,41	0,34	- 0,05	0,44
Tchad	- 3,9	6,30	- 0,22	1,84	2,48	1,46	- 0,34	0,31	- 1,36	0,56
Togo	0,3	2,81	- 1,09	1,01	0,92	0,73	0,22	0,99	- 0,03	0,24

Moy., moyenne.
 σ , écart type.Moy., mean.
 σ , standard deviation.**Caractéristiques des fibres**

Pour la longueur et l'uniformité, (L25, L50 et LUR), 10 géniteurs sur 16 sont améliorateurs pour la longueur 2,5 % S.L. (tabl. 5). En particulier, la variété IRMA 1110ok à feuille okra du Cameroun, . Deux variétés du pool génétique du Togo (Z 298gl et D 65 B) améliorent également la longueur 50 % S.L. et l'uniformité de la fibre. En moyenne, les pools génétiques de la Côte-d'Ivoire et du Togo sont plus favorables pour l'uniformité de la fibre (tabl. 6). La longueur 2,5 % S.L. est mieux valorisée par le pool du Cameroun.

Pour la ténacité et l'allongement (ST1 et SE1), parmi les 16 génotypes testés, un seul le D 65 B du Togo est améliorateur pour la ténacité (tabl. 5). Quatre géniteurs ont une valeur en combinaison fortement négative : Z 298gl du pool Togo, S 291 et T 133 du Tchad et IRMA 1110ok du Cameroun. Par contre, 12 de ces génotypes présentent des valeurs en combinaison favorables pour l'allongement de la fibre. En particulier, IRMA 1145gl du pool Togo, IRMA 1243 variété du Cameroun et T 133 lignée du Tchad.

Pour la maturité et la finesse standard (MFM et MHS), 3 géniteurs seulement, dont deux originaires de Côte-d'Ivoire (F 326.4 et F 134.12) et un originaire du Togo (D 65 B), sont améliorateurs de maturité (tabl. 5). Ils le sont également pour la finesse standard.

Globalement, les meilleurs pools de géniteurs sont ceux de Côte-d'Ivoire pour la ténacité, la maturité et la finesse, et du Cameroun pour l'allongement (tabl. 6).

Pour la couleur (CRD et CPB), la plupart des géniteurs améliorent la couleur de la fibre, brillance et teinte. On remarque en particulier une variété du Tchad (U 70) et deux variétés du Cameroun (IRMA 808 et IRMA 1145gl, du pool Togo), (tabl. 5). Le pool du Cameroun est supérieur en colorimétrie (tabl. 6).

Caractéristiques du fil

Les géniteurs défavorables sont les plus nombreux pour la plupart des caractéristiques du fil présentées (tabl. 7). La lignée F 326.4 paraît être la mieux équilibrée puisque, à la

différence de F 134.12 (Côte-d'Ivoire), elle améliore la résistance sans effet notable sur la nepposité. Si les géniteurs améliorateurs pour la régularité du fil (UPC) sont peu nombreux, 75 % d'entre eux améliorent la nepposité. En particulier, S 291 du Tchad et la variété Okra du Cameroun IRMA 1110ok.

Dans l'ensemble, le meilleur groupe pour la résistance (RKM) et l'uniformité du fil (UPC) est celui de Côte-d'Ivoire, tandis que celui du Tchad est le plus intéressant pour la nepposité (GRO et NEP) ; encore que cette supériorité soit due à un seul géniteur (tabl. 8).

Valeur des géniteurs**Essai de classement des géniteurs testés**

Les cinq meilleurs géniteurs, si l'on se base sur l'index sommaire établi au tableau 9, sont originaires de chacun des 4 pays participants : U 70 du Tchad, IRMA 1243 du Cameroun, F 134.12 et F 326.4 de Côte-d'Ivoire et D 65 B du Togo.

Certains géniteurs présentent un potentiel améliorateur élevé pour un petit nombre de caractéristiques : U 70 pour ses qualités agronomiques et la couleur de sa fibre, IRMA 1243, S 291 et T 133 pour leur production, Z 298gl pour son rendement en fibre à l'égrenage, S 291 encore pour sa très faible nepposité.

Pour de nombreuses caractéristiques technologiques, aucun géniteur exceptionnel apparaît. Ainsi en est-il de l'uniformité, de la ténacité, de l'allongement, de la maturité, de la finesse de la fibre ou de la résistance kilométrique du fil.

Ceci est dû à la qualité des parents testeurs qui masque celle des parents testés (en maturité). On doit aussi mentionner qu'une grande prudence dans le choix des géniteurs a conduit à écarter les génotypes exceptionnels, mais déséquilibrés (en uniformité et en ténacité). Enfin, comme cela a déjà été évoqué lors de l'analyse du diallele des parents testeurs (LANÇON *et al.*, 1992), il faut penser à une érosion de la variabilité génétique (allongement et finesse) due probablement à une utilisation insuffisante de géniteurs exotiques (tabl. 9).

TABLEAU 5
Aptitude à la combinaison des géniteurs avec les 4 variétés communes. Caractéristiques des fibres.
Combining ability of parents with the four common varieties. Fibre characteristics.

Localité Géniteur	L25		L50		LUR		ST1		SE1		MFM		MHS		CRD		CPB	
	A	C	A	C	A	C	A	C	A	C	A	C	A	C	A	C	A	C
Cameroun																		
IRMA 1243	0,10	8	-0,23	13	-0,98	11	-0,20	6	0,44	2	-6,2	15	8,1	12	1,02	4	-0,02	10
IRMA 1110ok	1,29	1	-0,01	3	-2,21	16	-1,14	14	0,23	6	-7,8	16	3,5	11	1,30	1	-0,07	9
IRMA 731	0,67	2	-0,03	4	-1,24	14	-0,33	8	0,27	5	-3,6	11	0,4	7	0,44	8	-0,14	4
IRMA 808	0,54	3	-0,16	9	-1,47	15	-0,27	7	0,33	4	-5,9	14	3,1	10	1,04	3	-0,20	2
Côte-d'Ivoire																		
ISA 205 B	-0,32	13	-0,05	7	0,53	2	-0,74	12	-0,03	14	-1,2	5	2,9	9	0,02	11	0,31	14
F 135.13	0,21	7	-0,16	9	-0,70	8	0,02	3	-0,05	15	-2,3	7	-0,9	6	0,65	5	-0,10	7
F 326.4	0,39	4	-0,09	8	-0,72	9	-0,09	4	-0,08	16	0,7	1	-8,3	1	-0,64	14	0,36	15
F 134.12	-0,15	12	-0,20	11	-0,24	6	0,05	2	-0,01	13	0,6	2	-5,5	3	-0,50	13	0,07	12
Tchad																		
R 197	-0,69	16	-0,64	16	-1,17	13	-0,67	10	0,03	12	-3,1	9	2,3	8	0,15	10	-0,09	8
U 70	-0,07	11	-0,33	15	-1,07	12	-0,39	9	0,23	6	-3,4	10	-3,6	5	1,23	2	-0,48	1
T 133	-0,61	15	-0,23	13	0,17	5	-0,96	13	0,41	3	-4,5	12	14,4	15	0,23	9	-0,11	5
S 291	-0,37	14	-0,04	6	0,47	3	-1,17	15	0,15	8	-2,9	8	10,6	14	-0,33	12	0,03	11
Togo																		
IRMA 1145gl	0,01	10	-0,22	12	-0,76	10	-0,73	11	0,49	1	-5,0	13	15,9	16	0,65	5	-0,20	2
Z 298gl	0,25	5	0,18	2	0,18	4	-1,45	16	0,04	11	-0,9	4	9,0	13	-0,96	15	0,49	16
D 66 B	0,25	5	-0,03	4	-0,54	7	-0,18	5	0,07	9	-1,5	6	-4,1	4	0,48	7	-0,11	5
D 65 B	0,06	9	0,23	1	0,66	1	0,32	1	0,05	10	0,6	3	-6,0	2	-1,19	16	0,24	13

A. aptitude à la combinaison.

C. classement des géniteurs pour leur valeur en combinaison avec les 4 variétés communes.

A. combining ability.

C. classification of parents based on their combining ability with the 4 common varieties.

TABLEAU 6
Aptitude à la combinaison pour l'ensemble des géniteurs par localité. Caractéristique des fibres.
Combining ability of the set of parents per site. Fibre characteristics.

Localité	L25		L50		LUR		ST1		SE1		MFM		MHS		CRD		CPB	
	Moy.	σ	Moy.	σ	Moy.	σ	Moy.	σ	Moy.	σ	Moy.	σ	Moy.	σ	Moy.	σ	Moy.	σ
Cameroun	0,65	0,49	-0,11	0,11	-1,48	0,53	-0,49	0,44	0,32	0,09	-5,86	1,76	3,78	3,21	0,95	0,36	-0,11	0,08
Côte-d'Ivoire	0,03	0,33	-0,13	0,07	-0,28	0,59	-0,19	0,37	0,04	0,03	-0,53	1,45	-2,96	4,92	-0,12	0,59	0,16	0,21
Tchad	-0,44	0,28	-0,31	0,25	-0,40	0,84	-0,80	0,34	0,21	0,16	-3,49	0,69	5,94	8,13	0,32	0,66	-0,18	0,20
Togo	0,14	0,13	0,04	0,21	-0,12	0,65	-0,51	0,76	0,16	0,22	-1,69	2,35	3,69	10,48	-0,26	0,95	0,11	0,32

Moy., moyenne.

σ, écart type.

Moy., mean.

σ, standard deviation.

TABLEAU 7

Aptitude à la combinaison des géniteurs avec les 4 variétés communes. Caractéristiques du fil.
Combining ability of parents with the four common varieties. Yarn characteristics.

Localité Géniteur	RKM		UPC		GRO		NEP		GRD	
	A	C	A	C	A	C	A	C	A	C
Cameroun										
IRMA 1243	-0,17	8	0,06	5	7,1	8	0,0	13	-0,70	15
IRMA 1110ok	-0,42	11	0,47	14	17,7	12	-94,0	2	5,73	2
IRMA 731	-0,04	7	0,31	10	6,3	6	-70,2	4	3,70	4
IRMA 808	0,06	4	0,05	4	16,7	11	-8,5	12	0,73	13
Côte-d'Ivoire										
ISA 205 B	-0,72	14	0,09	7	12,2	9	10,5	14	-0,42	14
F 135.13	0,02	6	0,06	5	6,8	7	-33,9	5	2,08	7
F 326.4	0,22	2	-0,19	2	-6,1	3	-21,8	7	1,30	9
F 134.12	0,29	1	0,04	3	23,0	13	145,2	16	-6,51	16
Tchad										
R 197	-0,46	12	0,45	12	175,0	16	11,9	15	1,04	11
U 70	-0,70	13	0,15	8	166,5	15	-15,0	10	5,57	3
T 133	-0,38	10	0,46	13	15,5	10	-16,3	9	2,45	6
S 291	-0,24	9	-0,39	1	-85,3	1	-213,7	1	14,32	1
Togo										
IRMA 1145gl	-0,79	16	0,47	14	4,2	5	-75,4	3	2,55	5
Z 298gl	-0,72	14	0,50	16	34,8	14	-18,7	8	1,46	8
D 66 B	0,06	4	0,13	9	-18,7	2	-33,9	5	1,30	9
D 65 B	0,10	3	0,38	11	-1,2	4	-13,6	11	0,83	12

A, aptitude à la combinaison.

C, classement des géniteurs pour leur valeur en combinaison avec les 4 variétés communes.

A, combining ability.

C, classification of parents based on their combining ability with the 4 common varieties.

TABLEAU 8

Aptitude à la combinaison pour l'ensemble des géniteurs par localité. Caractéristiques du fil.
Combining ability of the set of parents per site. Yarn characteristics.

Localité Géniteur	RKM		UPC		GRO		NEP		GRD	
	Moy.	σ	Moy.	σ	Moy.	σ	Moy.	σ	Moy.	σ
Cameroun	-0,14	0,21	0,22	0,20	12,0	6,1	-43,2	46,1	2,37	2,90
Côte-d'Ivoire	-0,05	0,46	0,00	0,13	9,0	12,1	25,0	82,3	-0,89	3,89
Tchad	-0,45	0,19	0,17	0,40	67,9	125,7	-58,3	104,4	5,85	5,96
Togo	-0,34	0,48	0,37	0,17	4,8	22,3	-35,4	28,0	1,54	0,73

Moy., moyenne.

σ, écart type.

Moy., mean.

σ, standard deviation.

TABLEAU 9

Synthèse des valeurs des géniteurs en croisement.
Recap on parent value when crossed.

Géniteurs testés	HTOT	CBV	CBF	CTOT	CFR	L25	LUR	ST1	SE1	MFM	MHS	CRD	RKM	NEP	Total		
															+	=	-
Cameroun																	
IRMA 1243	=	++	+	++	-	=	-	=	(+)	--	-	+	-	=	7	4	6
IRMA 1110ok	+	+	--	-	-	++	--	--	(+)	--	=	+	-	+	7	1	11
IRMA 731	++	--	--	--	=	+	-	=	(+)	--	=	+	=	+	6	4	9
IRMA 808	++	-	--	--	=	+	-	=	(+)	--	=	++	=	=	6	5	8
Côte-d'Ivoire																	
ISA 205 B	-	+	-	=	+	=	+	-	(=)	-	=	=	--	=	3	6	6
F 135.13	+	--	-	--	=	=	-	=	(=)	-	=	=	=	=	1	8	7
F 326.4	+	-	=	-	+	=	-	=	(=)	=	+	-	+	=	4	6	4
F 134.12	-	+	=	+	+	=	=	=	(=)	=	+	-	+	--	5	6	4
Tchad																	
R 197	+	-	+	=	-	-	-	-	(=)	--	=	=	-	=	2	5	8
U 70	++	-	++	++	-	=	-	=	(+)	--	=	++	--	=	9	4	7
T 133	+	-	++	++	=	-	=	-	(+)	--	-	=	-	=	6	4	7
S 291	-	++	+	++	-	=	=	--	(=)	-	-	=	-	++	7	4	7
Togo																	
IRMA 1145gl	+	-	+	+	=	=	-	-	(+)	--	+	+	--	+	6	2	8
Z 298gl	-	=	=	+	++	=	=	--	(=)	=	-	-	--	=	3	7	7
D 66 B	=	-	=	-	--	=	-	=	(=)	-	=	+	=	=	1	8	6
D 65 B	=	--	+	-	+	=	+	=	(=)	=	+	-	=	=	4	7	4

Essai de représentation synthétique de la valeur en combinaison des parents testés

La variabilité des géniteurs testés pour leur aptitude au croisement peut être visualisée par une analyse en composantes principales (A.C.P.) effectuée sur les aptitudes en combinaison avec les géniteurs testeurs. Pour les raisons déjà évoquées précédemment (LANÇON *et al.*, 1992), les variables de microfilature n'ont pas été prises en compte.

L'axe 1 de l'A.C.P. matérialise l'opposition entre les géniteurs de bonne colorimétrie et d'allongement d'une part, et les géniteurs d'uniformité, de maturité ou de rendement en fibre à l'égrenage d'autre part (fig. 1).

L'axe 2 oppose deux caractéristiques principales de la technologie de la fibre, la longueur et la ténacité, au nombre de capsules. On constate des corrélations :
- défavorables entre l'allongement et la maturité ou la finesse, et entre la ténacité et la finesse standard ;
- favorable entre l'uniformité et la maturité.

La figure 2 représente les nuages de points constitués par les projections des valeurs en croisement des géniteurs testés sur les axes 1 et 2 de l'A.C.P., selon leur appartenance à l'un des pools géographiques.

Trois nuages relativement bien individualisés matérialisent les pools génétiques du Cameroun, du Tchad et de Côte-d'Ivoire.

- Le groupe des géniteurs du Cameroun se caractérise par des valeurs négatives sur l'axe 1 (bon allongement, bonne colorimétrie) et moyennes à faibles sur l'axe 2.

- Le groupe des géniteurs du Tchad est intermédiaire entre ceux du Cameroun et de Côte-d'Ivoire pour l'axe 1. Il s'oppose aux deux autres groupes sur l'axe 2 (longueur et ténacité faibles, bonne production).

- Le groupe des géniteurs de Côte-d'Ivoire se caractérise par des valeurs positives sur l'axe 1 (bonne uniformité, bon rendement à l'égrenage et bonne maturité) et moyennes à faibles sur l'axe 2.

- Les géniteurs du Togo sont complètement éclatés le long de l'axe 1 et peu typés sur l'axe 2. IRMA 1145gl et Z 298gl, originaires du Cameroun et de Côte-d'Ivoire, sont proches des nuages des pools génétiques correspondants. Les deux géniteurs originaires du Togo se situent de part et d'autre du nuage du pool de la Côte-d'Ivoire, avec lequel ils présentent une affinité plus nette.

Les aptitudes à la combinaison des parents testeurs, estimées d'après les résultats obtenus dans le regroupement des 4 localités, ont été projetées comme données supplémentaires dans le plan principal défini par l'A.C.P. Bien que légèrement biaisées par rapport aux valeurs en croisement calculées pour les parents testés, leur projec-

tion permet de noter que 3 des 4 géniteurs testeurs se situent, pour les variables prises en compte par ce repère, dans le nuage des géniteurs ivoiriens.

Les préoccupations, ou plus exactement les priorités accordées par certains programmes apparaissent en filigrane : rendement en fibre à l'égrenage en Côte-d'Ivoire, production au Tchad et allongement au Cameroun.

La présence de géniteurs exotiques au sein du pool génétique du Togo en augmente la variabilité.

Comparaison entre valeurs propres et valeurs en combinaison

La hauteur et la production : la corrélation entre la valeur propre des géniteurs et leur valeur en combinaison n'est pas très bonne (tabl. 10). En fait, 3 parents (D66 B du Togo, R 197 du Tchad, et IRMA 731 du Cameroun) ont une aptitude à la combinaison nettement inférieure à celle que laissait présager leur valeur propre. A l'inverse, la variété S 291 semble un meilleur géniteur de production que prévu.

Dans ces conditions, les meilleurs géniteurs ne peuvent être détectés à coup sûr qu'après un test en croisement.

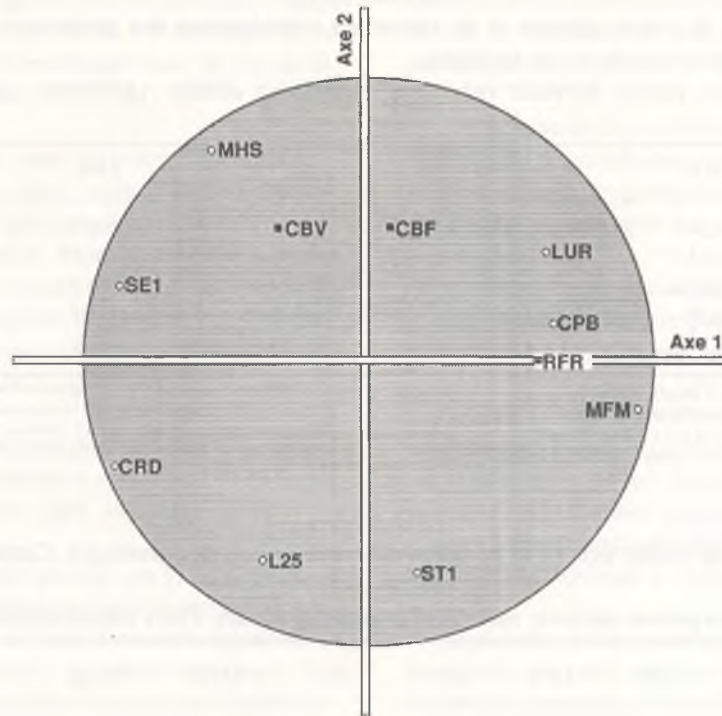
Le rendement en fibre à l'égrenage, la longueur et l'uniformité de la fibre : les corrélations entre la valeur propre des géniteurs et leur valeur en croisement avec les 4 variétés témoins sont d'un niveau moyen (L50 et LUR) à bon (L25 et RFR), (tabl. 10 et 11).

On note pour le rendement en fibre (RFR) à l'égrenage (variété IRMA 808), la longueur 50 % S.L. et l'uniformité (variété S 291), quelques écarts non négligeables entre les classements des géniteurs effectués sur leur valeur propre ou sur leur valeur en croisement. Ceci montre que le test en croisement mérite d'être conservé.

La ténacité, la maturité et la finesse des fibres : le niveau des corrélations entre les valeurs propres et la valeur en croisement des 16 géniteurs testés, calculées sur les valeurs ou sur les rangs, est élevé ; par contre, la corrélation est faible pour l'allongement (tabl. 11).

Pour ces trois caractéristiques (la ténacité, la maturité et la finesse), une bonne valeur propre s'accompagne généralement d'une bonne valeur en croisement et le test n'apporte pas beaucoup de renseignement supplémentaire. Par contre, pour l'allongement, il est nécessaire de détecter les inversions les plus flagrantes (IRMA 808, ISA 205 B ou F 326.4).

La couleur de la fibre et la teneur en huile de la graine : la prédiction de la valeur en croisement à partir de la valeur propre du génotype est bonne pour la réflectance et le taux d'huile (tabl. 10 et 11). Elle est moins précise pour l'indice de jaune.



■ Variables agronomiques

CBF, capsules récoltées sur les branches fructifères d'une plante
 CBV, capsules récoltées sur les branches végétatives d'une plante
 RFR (%), rendement en fibre à l'égrenage

Variables technologiques de la fibre

CPB, indice de jaune
 CRD, réflectance
 L25 (mm), longueur 2,5 % S.L.
 LUR, uniformité
 MFM (%), pourcentage de fibres mûres
 MHS (mtex), finesse standard
 SE1 (%), allongement
 ST1 (g/tex), ténacité stélométrique

■ Agronomic variables

CBF, bolls harvested from the fruiting branches of a plant
 CBV, bolls harvested from the vegetative branches of a plant
 CTOT = CBF + CBV
 RFR (%), fibre yield after ginning

Technological fibre variables

CPB, yellow index
 CRD, reflectance
 L25 (mm), 2.5% S.L.
 LUR, uniformity
 MFM (%), percentage of mature fibres
 MHS (mtex), standard fineness
 SE1 (%), elongation
 ST1 (g/tex), stelometric tenacity

Figure 1
 Analyse en composantes principales sur les parents testés. Cercle des corrélations.
 Principal components analysis on the parents tested. Circle of correlations.

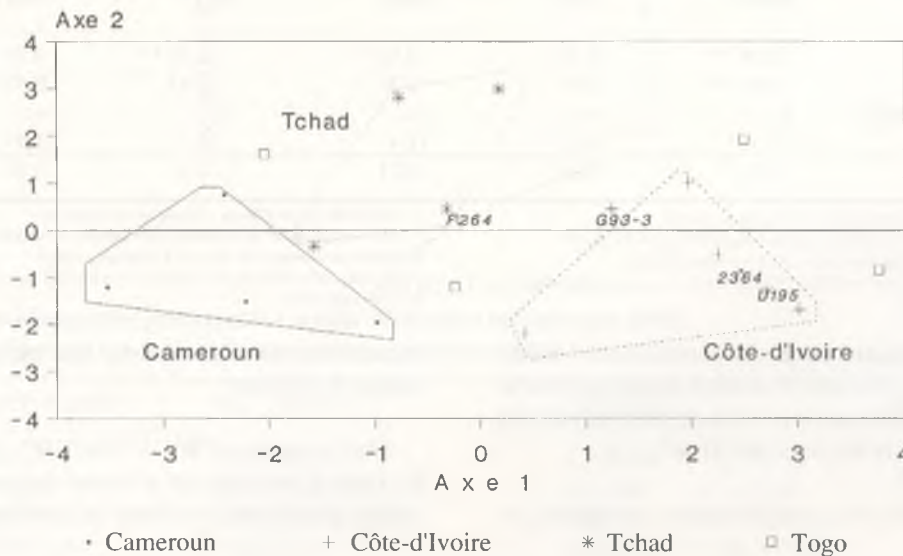


Figure 2
 Parents particuliers. Variabilité des valeurs propres en combinaison. Analyse en composantes principales sur les valeurs des géniteurs.
 Specific parents. Variability of intrinsic values when crossed. Principal components analysis on parent values.

TABLEAU 10

Corrélations entre la valeur propre et la valeur en combinaison des géniteurs. Caractéristiques agronomiques et caractéristiques de la graine.

Correlations between parent intrinsic value and combining ability. Agronomic variables and seed characteristics.

Terme	HTOT	CBV	CBF	RFR	GHL
r	0,54 *	0,60 *	0,44 n.s.	0,80 **	0,87 **
r' (rangs)	0,55 *	0,63 **	0,29 n.s.	0,80 **	0,88 **
Parents communs	0,86 n.s.	0,87 n.s.	0,77 n.s.	0,94 *	n.c.
a	- 2,30	- 0,222	- 0,320	0,369	- 0,271
b	0,537	0,243	0,168	0,643	0,469

r, coefficient de corrélation (15 degrés de liberté).

r', coefficient de corrélation sur les rangs (14 degrés de liberté).

Paramètres de l'équation $AC = a + b \times$ (valeur propre).

(*) Significatif pour $P = 0,05$; (**) pour $P = 0,01$; n.s., non significatif; n.c., non calculé.

r, coefficient of correlation (15 degrees of freedom).

r', rank coefficient of correlation (14 degrees of freedom).

Equation parameters: $AC = a + b \times$ (intrinsic value).

(*) Significantly different at $P = 0,05$; (**) at $P = 0,01$; n.s., not different; n.c., not calculated.

TABLEAU 11

Corrélations entre la valeur propre et la valeur en combinaison des géniteurs. Caractéristiques de la fibre.

Correlations between parent intrinsic value and combining ability. Fibre characteristics.

Terme	L25	L50	LUR	ST1	SE1	MFM	MHS	CRD	CPB
r	0,79 **	0,73 **	0,65 **	0,81 **	0,56 *	0,80 **	0,83 **	0,78 **	0,63 **
r' (rangs)	0,89 **	0,57 *	0,64 **	0,81 **	0,48 n.s.	0,77 **	0,82 **	0,77 **	0,50 *
Parents communs	0,99 **	0,92 *	0,99 **	0,99 **	0,96 *	0,90 *	0,95 *	0,92	0,58
a	- 0,116	- 0,110	- 0,235	- 0,110	0,102	- 1,28	0,16	0,074	- 0,006
b	0,435	0,218	0,286	0,358	0,259	0,289	0,360	0,345	0,353

r, coefficient de corrélation (15 degrés de liberté).

r', coefficient de corrélation sur les rangs (14 degrés de liberté).

Paramètres de l'équation $AC = a + b \times$ (valeur propre).

(*) Significatif pour $P = 0,05$; (**) pour $P = 0,01$; n.s., non significatif; n.c., non calculé.

r, coefficient of correlation (15 degrees of freedom).

r', rank coefficient of correlation (14 degrees of freedom).

Equation parameters: $AC = a + b \times$ (intrinsic value).

(*) Significantly different at $P = 0,05$; (**) at $P = 0,01$; n.s., not different; n.c., not calculated.

TABLEAU 12

Corrélations entre la valeur propre et la valeur en combinaison des géniteurs. Caractéristiques du fil.

Correlation between parent intrinsic value and combining ability. Yarn characteristics.

Terme	RKM	UPC	GRO	NEP	GRD
r	0,68 **	0,32	0,53 *	0,72 **	0,82 **
r' (rangs)	0,66 **	0,44	0,35	0,43	0,51 *
Parents communs	n.c.	n.c.	n.c.	n.c.	n.c.
a	- 0,11	0,17	11,4	- 16,1	1,24
b	0,29	0,14	0,21	0,31	0,35

r, coefficient de corrélation (15 degrés de liberté).

r', coefficient de corrélation sur les rangs (14 degrés de liberté).

Paramètres de l'équation $AC = a + b \times$ (valeur propre).

(*) Significatif pour $P = 0,05$; (**) pour $P = 0,01$; n.s., non significatif; n.c., non calculé.

r, coefficient of correlation (15 degrees of freedom).

r', rank coefficient of correlation (14 degrees of freedom).

Equation parameters: $AC = a + b \times$ (intrinsic value).

(*) Significantly different at $P = 0,05$; (**) at $P = 0,01$; n.s., not different; n.c., not calculated.

Les caractéristiques du fil : la corrélation est bonne pour le grade, moyenne pour le nombre de neps et pour la résistance du fil, faible pour le nombre de points gros et non significative pour l'uniformité du fil (tabl. 12).

En général, pour ces caractéristiques complexes, la

valeur en croisement est donc mal estimée par la valeur propre du géniteur.

Sauf exception (CBV, L25 et UPC), la corrélation sur les rangs n'améliore pas le niveau de corrélation entre les valeurs propres et les valeurs en combinaison.

Conclusion

A partir des hypothèses formulées, cette étude a montré l'intérêt du top cross comme outil de diversification et d'évaluation génétique.

Dans le matériel communément travaillé par les sélectionneurs du réseau du CIRAD-CA en Afrique, la variabilité des aptitudes à la combinaison reste forte pour les

caractéristiques agronomiques et de production, la couleur de la fibre, le rendement en fibre à l'égrenage et la nepposité du fil. Elle est insuffisante dans le cas de la finesse et de l'allongement.

Dans cette expérience, avec un testeur constitué par plusieurs variétés, le top cross permet une estimation satisfaisante de l'aptitude générale à la combinaison des génotypes testés. En général, les estimations des effets génétiques sont moins précises qu'avec un dispositif diallèle. D'autre part, le nombre de géniteurs mis à contribution est supérieur, surtout lorsque la dimension du diallèle augmente (tabl. 13).

Chez le cotonnier, la plupart des variétés vulgarisées ont le plus souvent une ou plusieurs variétés commerciales dans leur ascendance directe (tabl. 14).

Ce n'est pas très étonnant puisque ces variétés présentent généralement un équilibre de qualités agronomiques et technologiques qu'il est difficile d'atteindre rapidement à partir de croisements entre géniteurs nouveaux. Le recours systématique aux variétés connues ou vulgarisées, dans les croisements destinés à créer de la variabilité, tendrait donc à sécuriser les résultats de la création variétale.

Pour le sélectionneur travaillant en réseau, le top cross

réalisé au moyen d'un testeur commun à plusieurs localités permet de confronter ses propres résultats à ceux obtenus par les autres chercheurs.

L'efficacité du dispositif dépend du choix du testeur qui doit remplir les conditions suivantes :

- être composé de géniteurs reconnus et non (ou peu) apparentés, par exemple des variétés exhaustivement testées ou cultivées ;
- être systématiquement utilisé par tous les sélectionneurs ;
- selon la théorie, être le plus récessif possible afin de mieux révéler les géniteurs qui lui sont combinés.

De plus, les échanges d'information entre localités ne concerneront que les caractéristiques pour lesquelles :

- la qualité du parent est aussi bien ou mieux estimée par sa valeur en croisement que par sa seule valeur propre ;
- l'interaction entre l'aptitude générale à la combinaison et le milieu est inférieure à l'effet génétique lui-même.

Ainsi défini, le top cross trouve sa place dans un schéma de création variétale appliqué au cotonnier. Il génère de nombreux croisements, tous efficaces. Il améliore le choix des géniteurs en tenant compte de leur aptitude générale à la combinaison. Il permet de comparer les résultats d'un lieu un autre pour les caractéristiques en faible interaction avec le milieu.

TABLEAU 13

Comparaison du nombre de parents utilisés dans le cadre d'un dispositif diallèle ou d'un top cross avec un testeur à 4 géniteurs.

Comparison of the number of parents used in a diallel or top cross structure with a 4-parent tester.

Nombre de croisements	Nombre de géniteurs	
	Diallèle	Top cross
6	4	5
15	6	7
28	8	11
45	10	15
66	12	20

TABLEAU 14

Généalogie des principales variétés africaines cultivées en 1992.

Pedigree of the main African varieties grown in 1992.

Variété actuelle	Pays obtenteur	Généalogie
ISA 205	Côte-d'Ivoire	L 299.10 * L 231.24 * L 142.9
ISA 268	Côte-d'Ivoire	ISA 205 * A 415.4
GL 7	Côte-d'Ivoire	ISA 205 * ISA BC3
IRMA 1243	Cameroun	Pan 3492 * IRCO 5028 ³
STAM F	Togo	Croisement complexe comprenant T 120.7, SR₁ F4 et L 299.10

Les variétés cultivées en Afrique de l'Ouest et du centre sont en gras.
The varieties grown in West and central Africa are in bold.

Références bibliographiques

- DESSAUW D., GUIBORDEAU P., AZIADEKEY M., 1992.- Section de génétique, rapport annuel. *CIRAD-IRCT-MDR*, Togo, (doc. non publié) 59 p. et annexes.
- HAU B., 1988.- Histoire de la sélection du cotonnier en Côte-d'Ivoire. *Coton Fibres Trop.*, 43, 177-204.
- LANÇON J., CHANSELME J.L., KLASSOU C., 1990.- Bilan du progrès génétique réalisé par la recherche cotonnière au Nord Cameroun de 1960 à 1988. *Coton Fibres Trop.*, 45, 2, 145-167.
- LANÇON J., BACHELIER B., CHANSELME J.-L., DESSAUW D., KLASSOU C., NGUESSAN E., NGUYEN T.-B., OUSMANE E., 1992 et 1993.- Etude multilocale d'un diallèle à quatre géniteurs d'élite sélectionnés au sein du réseau coton africain.
- I.- Variabilité des localités. *Coton Fibres Trop.*, 1992, 47, 4, 251-263.
- II.- Variabilité des parents. *Coton Fibres Trop.*, 1992, 47, 4, 265-276.
- III. - Corrélations entre variables. *Coton Fibres Trop.*, 1993, 48, 1, 5-15.
- IV.- Hétérosis et homéostasie. *Coton Fibres Trop.*, 1993, 48, 1, 17-39.
- LANÇON J., GOZÉ E., HAU B., BACHELIER B., CHANSELME J.-L., DESSAUW D., KLASSOU C., NGUESSAN E., NGUYEN T.-B., OUSMANE E., 1993.- Etude multilocale d'un diallèle à quatre géniteurs d'élite sélectionnés au sein du réseau coton africain. V.- Effets génétiques. *Coton Fibres Trop.*, 48, 4, à paraître.
- MILLER P. A., LEE J. A., 1964.- Heterosis and combining ability in varietal top crosses of upland cotton, *Gossypium hirsutum* L. *Crop Sci.*, 4, 646-649.
- NGUYEN B., N'GUESSAN E., HAU B., 1989.- Etude des croisements diallèles effectués en Côte-d'Ivoire. In Comptes rendus de la 1re conférence de la recherche cotonnière africaine, Lomé, Togo, 31 janvier - 2 février 1989, tome 1, 93-106, *CIRAD-IRCT*, Montpellier, France.
- WHITE T. G., RICHMOND T. R., 1963.- Heterosis and combining ability in top and diallel crosses among primitive, foreign and cultivated American Upland cotton. *Crop Sci.*, 3, 1, 58-63.

A top cross applied to cotton genetic improvement

J. Lançon, B. Hau, G. Gawrysiak

Abstract

In order to describe the genetic variability worked with in the African network coordinated by CIRAD-IRCT, a top cross was set up with four cotton varieties or lines and a common tester, at four breeding stations in West and central Africa.

At each site, the combining ability with the tester of four genotypes from the local breeding programme was assessed.

For the characteristics whose genetic determinism permitted, the results, corrected by the site effect, were grouped together and compared.

On the whole, the variability of combining ability remained

satisfactory for agronomic and production characteristics, ginning yield, fibre colour and neppiness. It was insufficient for fibre fineness and elongation.

Each of the four breeding programmes provided at least one well-balanced genotype: U 70 in Chad, IRMA 1243 in Cameroon, F 135.13 in Côte d'Ivoire and D 65B in Togo.

Using a top cross as part of coordinated crossing programmes makes it possible to draw greater benefit from the network structure and improve the effectiveness of each of the breeding teams.

KEYWORDS: cotton, *Gossypium hirsutum*, top cross, crossing value, multi-site.

Introduction

In the strategy of autogamous plant breeders, crossing plans have to fulfil two complementary aims:

- create genetic variability by recombining the genotypes considered favourable;
- increase knowledge of the genetic material in question.

In cotton, the creation of variability is generally based on single crosses (LANÇON *et al.*, 1990; HAU, 1988), whilst quantitative genetics studies are based on diallel crosses whose F1 and parents are studied (LANÇON *et al.*, 1992 and 1993; NGUYEN *et al.*, 1989).

The top cross can be proposed as an alternative. By crossing a group of parents with a tester, it not only creates variability, but also makes it possible to assess the parental genotypes for their combining ability with the tester.

This is generally applied in programmes intended to detect heterotic combinations. It was used to this end in the first research on cotton hybrids (WHITE and RICHMOND, 1963; MILLER and LEE, 1964).

If the tester has a narrow genetic base, a top cross only serves to estimate specific combining ability. It is of no great use for creating predominantly homozygous varietal structures, as is the case with cotton (DESSAUW *et al.*, 1992).

However, when a tester with a wider genetic base is used, the top cross better fulfils the expectations of breeders working on pure varieties and lines, as it makes it possible to detect the parents that have good general combining ability.

This article illustrates this aspect. It presents the results of a multi-site top cross intended to test the variability of the *Gossypium hirsutum* genetic pool used by breeders involved in the CIRAD-IRCT African network.

This experiment was conducted by the breeding teams from the Institut de recherche agronomique, Cameroon (IRA), the Institut des savanes, Côte d'Ivoire (IDESSA) and CIRAD-IRCT (institut de recherche du coton et des textiles exotiques) in Chad and Togo. It was coordinated by the CIRAD-IRCT genetics division.

Material and methods

Experimental structure

At the Maroua experimental station in Cameroon, the Bouaké station in Côte d'Ivoire, the Bébédjia station in Chad and the Anié-Mono station in Togo, four elite parents from each country were crossed with four tester parents. Each country chose one of the parents.

In each of the four countries, the eight parents, the 16 «tested * tester» crosses and the 12 «tester * tester» crosses were compared within a complete block statistical design with four replicates.

Parental material

The parents tested

The parents tested (table 1) were chosen by each of the participating countries in response to a specific aim:

- parents with okra leaves or good technology in Cameroon;
- glandless exotic parents in Togo.

These lines or varieties did not necessarily originate from the countries that provided them (case of Togo).

The parents tested were not a satisfactory sample of the best products of each of the national varietal improvement programmes. It is therefore important not to make value judgements on the quality of the breeding work carried out

in each of the participating countries. However, to facilitate overall interpretation of the results, each of the four pools was sometimes considered as an entity, defined according to its geographical base.

The tester parents

The tester parents have already been described (LANÇON *et al.*, 1992 and 1993). We shall merely recall their origins here (table 2).

Variables studied

The variables have already been described at length (LANÇON *et al.*, 1992). The following abbreviations are used.

Agronomic variables:
 CBF, bolls harvested from the fruiting branches of a plant
 CBV, bolls harvested from the vegetative branches of a plant
 CTOT = CBF + CBV
 DIF, mean number of days between emergence and the appearance of the first flower
 HTOT (cm), plant height
 PCG (g), seed cotton production of a plant
 PMC (g), mean boll weight
 RDT (g/m²), mean seed cotton yield

Technological fibre variables:

CPB, yellow index
 CRD (%), reflectance
 L25 (mm), 2.5% span length (S.L.)
 L50 (mm), 50% span length (S.L.)
 LUR (%), uniformity
 MFM (%), percentage of mature fibres
 MHS (mtex), standard fineness
 MIM, micronaire index
 SE1 (%), elongation
 ST1 (g/tex), stelometric strength

Technological yarn variables:

DAL (%), breaking elongation
 FIN, number of fine points in 1,000 m (Uster)
 GRD, grade
 GRO, number of thick points in 1,000 m (Uster)
 NEP, number of neps in 1,000 m (Uster)
 RKM (km), kilometric resistance
 UPC (%), regularity

Technological seed characteristics:

GHL (%), oil content of a delinted, dehydrated seed
 GSI (g/100), weight of a hundred non-delinted seeds
 LID (g/100), fibre index, weight of the fibre in 100 seeds
 RFR (%), fibre percentage

The statistical results, which depend on the choice of variables studied, were obtained by a multi-site analysis of the 4*4 sub-diallel made up of the four common parents (LANÇON *et al.*, 1992 and 1993).

When possible, all the field measurements and calculations involved five plants per elementary plot at three sites, except in Chad (only three plants).

Methodology

The combining abilities of the parents tested with the group of four tester parents were obtained at different sites. They can be compared if the interaction between the general combining ability and the environment is weak.

As the random effects model was chosen to analyze the study of the diallel cross between the four tester parents in the top cross (LANÇON *et al.*, 1992), the conclusions are assumed to be applicable to the population made up of the tested parents.

Of the characteristics studied at all the sites, certain agronomic variables, ginning yield, most technological fibre variables, yarn strength and neppiness fulfilled this condition. However, for micronaire, fibre elongation and yellow index, strong interactions between combining ability and site theoretically make it impossible to extend the comparison to all the parents tested.

Experience has shown that elongation is a highly heritable characteristic with largely additive genetic determinism: the result of the previous analysis (LANÇON *et al.*, 1992) can be put down to the low variability between the parents tested. Hence, given its importance for good spinning performance, this variable was taken into account in certain parts of the analysis of the parents tested.

For the variables considered, g'_i , the combining ability of parent i when crossed with the four testers, can be calculated:

$$g'_i = \text{mean F1 (i * testers)} - \text{mean F1 (testers * testers)}$$

i : parent i

The second term cancels out the site effect in the estimate of g'_i ; it takes account of any interactions between overall heterosis and the site, enabling a comparison of the combining ability of all the parents tested, irrespective of the test site.

The correlation (parent, general combining ability) was calculated by defining the specific value of the parent as the deviation of this parent i from the mean for the four tester parents at the site and by estimating the general combining ability of the parent by the term g'_i .

Results and discussion**Characteristics****Agronomic variables**

For plant height (HTOT), the parents that reduce height were the most numerous (9) (table 3). The two most effective parents were those with the highest combining ability in absolute terms: these were the small parents selected in Chad (U 70) and Cameroon (IRMA 731).

For the number of bolls (CBF and CBV), the size-reducing effect was generally accompanied by a reduction in the number of bolls on vegetative branches

(table 3). 10 out of the 16 parents had a negative combining ability with the tester parents for this character.

The most effective parent in a positive sense (increase) was from Chad (S 291). The most effective in a negative sense originated from Côte d'Ivoire (F 135.13) and Togo (D 65 B).

The combining ability for the number of bolls on vegetative branches was not always linked to the combining ability for the number of bolls on fruiting branches. In half the cases, the overall combining ability effect was negative. It was positive in the other half:

- for three parents from Chad (R 197, U 70, T 133) and one from the Togo pool (IRMA 1145gl), the number of bolls lost on the vegetative branches was lower than the number of additional bolls on the fruiting branches;

- for one parent from each of the four pools (IRMA 1243, F 134.12, S 291 and Z 298gl), the increase in the number of bolls was simultaneous on both types of branch.

There were no cases in which a reduction in the number of bolls on the fruiting branches was compensated for by an equivalent or superior increase in the number of bolls on the vegetative branches.

For the agronomic variables, the mean combining ability values for each of the four genetic pools are given in table 4, which shows that only the pool from Chad had a positive production balance. Those for Côte d'Ivoire and Cameroon were, in this context, poor parents as regards production improvement.

Seed characteristics

For fibre yield (RFR), half the parents tested had positive combining ability with the four elite varieties (table 3). The best three parents were from Côte d'Ivoire (F 326.4) and Togo pools (Z 298gl and D 65 B).

On average (table 4), Côte d'Ivoire and Togo genetic pools were the most favourable for improving fibre ginning yields.

For oil content (GHL), most parents were unfavourable. Only four improved the oil content (two were from Togo and two from the Côte d'Ivoire, including F 326.4) (table 3). Taken as a whole, Togo and Côte d'Ivoire pools improved the oil percentage of the seeds (table 4).

Fibre characteristics

For length and uniformity (L25, L50 and LUR), 10 out of the 16 parents improved the 2.5% S.L. (table 5), particularly okra-leaved variety IRMA 1110ok from Cameroon. Two varieties from the Togo genetic pool (Z 298gl and D 65 B) also improved the 50% S.L. and the uniformity of the fibre. On average, Côte d'Ivoire and Togo pools were more favourable for fibre uniformity (table 6). The 2.5% S.L. was valorized more effectively by the Cameroon pool.

For strength and elongation (ST1 and SE1), of the 16 genotypes tested, only one, D 65 B from Togo, improved strength (table 5). Four parents had a highly negative combining effect: Z 298gl from the Togo pool, S 291 and T 133 from Chad and IRMA 1110ok from Cameroon. However, 12 of these genotypes had a favourable combining effect on fibre elongation, particularly IRMA 1145gl from the Togo pool, IRMA 1243 from Cameroon and T 133 from Chad.

For maturity and standard fineness (MFM and MHS), only three parents, including two from Côte d'Ivoire (F 326.4 and F 134.12) and one from Togo (D 65 B) improved maturity (table 5). They also improved standard fineness.

On the whole, the best parent pools are Côte d'Ivoire for strength, maturity and fineness and Cameroon for elongation (table 6).

For colour (CRD and CPB), most of the parents improved fibre colour, brilliance and shade, particularly a variety from Chad (U 70) and two from Cameroon (IRMA 808 and IRMA 1145gl, from the Togo pool) (table 5). The Cameroon pool was superior in terms of colorimetry (table 6).

Yarn characteristics

The parents were generally unfavourable for most of the yarn characteristics assessed (table 7). Line F 326.4 seemed to be the most balance, as contrary to F 134.12 (Côte d'Ivoire), it improved strength with no notable effect on neppiness. Although few parents improved yarn regularity (UPC), 75% of them improved neppiness, particularly S 291 from Chad and the okra variety from Cameroon, IRMA 1110ok.

On the whole, the best group for yarn strength (RKM) and uniformity (UPC) was Côte d'Ivoire, with the Chad group the most valuable in terms of neppiness (GRO and NEP), although this superiority was due to a single parent (table 8).

Parent merits

Attempt at classifying the parents tested

The best five parents, based on the rudimentary index in table 9, originated from each of the four participating countries: U 70 from Chad, IRMA 1243 from Cameroon, F 134.12 and F 326.4 from Côte d'Ivoire and D 65 B from Togo.

Certain parents had a high improving potential for a small number of characteristics: U 70 for its agronomic qualities and fibre colour, IRMA 1243, S 291 and T 133 for production, Z 298gl for ginning yields and S 291 again for its very low neppiness.

For numerous technological characteristics, there were no exceptional parents, e.g. fibre uniformity, strength, elongation, maturity and fineness or the kilometric resistance of the yarn.

This was due to the quality of the tester parents, which masked that of the parents tested (as regards maturity). It is also important to point out that the choice of parents led us to exclude exceptional but unbalanced parents (in terms of uniformity and strength). Lastly, as already mentioned during the analysis of the tester parent diallel (LANÇON *et al.*, 1992), it is reasonable to suggest that genetic

variability (elongation and fineness) was eroded, probably due to insufficient use of exotic genitors (table 9).

Attempt at a synthetic representation of the combining ability of the parents tested

The variability of the parents tested in terms of combining ability can be visualized by a principal components analysis (P.C.A.) of their combining abilities with the tester parents. For reasons already mentioned (LANÇON *et al.*, 1992), microspinning variables were not taken into account.

Axis 1 of the P.C.A. shows the opposition between parents with good colorimetry and elongation and those with good uniformity, maturity or ginning yields (fig. 1).

Axis 2 opposes two main fibre technology characteristics, length and strength, and the number of bolls. Correlations are seen:

- unfavourable between elongation and maturity or fineness and between strength and standard fineness;
- favourable between uniformity and maturity.

Figure 2 shows the dot clusters constituted by projection of the crossing values of the parents tested on axes 1 and 2 of the P.C.A. depending on which geographical pool they belong to.

Three relatively distinct clusters show the Cameroon, Chad and Côte d'Ivoire pools.

- The Cameroon parent group is characterized by negative values on axis 1 (good elongation, good colorimetry) and average to low on axis 2.
- The Chad parent group falls between those from Cameroon and Côte d'Ivoire on axis 1. It is opposed to the other two groups on axis 2 (poor length and strength, good production).
- The Côte d'Ivoire parent group is characterized by positive values on axis 1 (good uniformity, ginning yield and maturity) and average to low on axis 2.
- The Togo parents are entirely scattered along axis 1 and not very grouped together on axis 2. IRMA 1145gl and Z 298gl, which originated from Cameroon and Côte d'Ivoire, are close to the clusters for the corresponding genetic pools. The two parents that originated from Togo fall either side of the Côte d'Ivoire genetic pool, with which they have a more marked affinity.

The combining abilities of the tester parents, estimated from the results obtained by grouping together the four sites, were projected as additional data on the main plane defined by P.C.A. Although slightly biased compared to the crossing values calculated for the parents tested, their projection reveals that three or four of the tester parents fall

within the Côte d'Ivoire parent cluster for the variables taken into account.

The concerns, or more exactly priorities, of certain programmes show through: ginning yields in Côte d'Ivoire, production in Chad and elongation in Cameroon.

The presence of exotic parents within the Togo genetic pool increased its variability.

Comparison between intrinsic values and combining abilities

Height and production: the correlation between the intrinsic value of the parents and their value when crossed is not very good (table 10). In fact, three parents (D 66 B from Togo, R 197 from Chad and IRMA 731 from Cameroon) had a markedly lower combining ability than suggested by their intrinsic value. On the other hand, variety S 291 seemed to be a better parent than expected for improving production.

In view of this, the best parents can only be identified with any certainty through crossing tests.

Ginning yield, fibre length and uniformity: the correlations between the intrinsic value of the parents and their value when crossed with the four control varieties were average (L50 and LUR) to good (L25 and RFR) (tables 10 and 11).

For fibre yield (RFR) (variety IRMA 808), 50% S.L. and uniformity (variety S 291), some considerable deviations were seen between the parent classifications based on their intrinsic value and those based on their combining ability. This shows that the cross test should be maintained.

Fibre strength, maturity and fineness: the level of correlations between the intrinsic value and value when crossed of the 16 parents tested, based on values or ranks, was high; however, the correlation was low for elongation (table 11).

For these three characteristics (strength, maturity and fineness), high intrinsic value was generally accompanied by high value when crossed, and the test did not provide much additional information. However, for elongation, the most obvious inversions had to be detected (IRMA 808, ISA 205 B or F 326.4).

Fibre colour and seed oil content: the prediction of the crossing value of a genotype based on its intrinsic value was good for reflectance and oil content (tables 10 and 11), but it was less accurate for the yellow index.

Yarn characteristics: the correlation was good for the grade, average for the number of neps and for yarn strength, poor for the number of thick points and not significant for yarn uniformity (table 12).

In general, for these complex characteristics, the value when crossed was therefore inaccurately predicted by the intrinsic value of the parent.

Apart from the odd exception (CBV, L25 and UPC), a correlation based on rank did not improve the level of correlation between intrinsic value and combining ability.

Conclusion

Based on the hypotheses put forward, this study showed the merits of the top cross as a tool for genetic diversification and evaluation.

Amongst the material that breeders in the CIRAD-IRCT African network commonly work with, the variability of combining ability remains high for agronomic and production characteristics, fibre colour, ginning yield and yarn neppiness. It is insufficient for fineness and elongation.

In this experiment, with a tester comprising several varieties, the top cross enabled a satisfactory estimate of the general combining ability of the genotypes tested. In general, the estimates of genetic effects were less accurate than with a diallel design. On the other hand, the number of parents used is higher in the latter case, particularly when the extent of the diallel increases (table 13).

In cotton, most of the extended varieties generally have one or more commercial varieties amongst their direct pedigree (table 14).

This is not very surprising, since these varieties generally have a balance of agronomic and technological qualities that it is difficult to achieve rapidly by crossing new parents. The systematic use of known or extended varieties in the crosses gives a higher probability to get good breeding results.

For breeders organized in networks, the top cross design using a tester common to several sites makes it

possible to compare their own results with those obtained by others.

The effectiveness of the methodology depends on the choice of tester, which has to satisfy the following conditions:

- include known and unrelated, or slightly related, parents for example varieties that have been extensively tested or widely grown;
- be used systematically by all the breeders;
- in theory, be as recessive as possible to clearly reveal the genetic value of the parents crossed with it.

Furthermore, exchanges of information between sites will only concern the characteristics for which:

- the quality of the parent is equally or more effectively estimated by its combining ability than by its intrinsic value;
- the interaction between general combining ability and the environment is weaker than the genetic effect itself.

Considering this, the top cross design may be usefully incorporated to a cotton breeding scheme. It generates numerous crosses, all effective. It improves the choice of parents by taking account of their general combining ability. At last, it helps to compare results from one site to another for characteristics that interact little with the environment.

El top cross aplicado a la mejora genética del algodónero

J. Lançon, B. Hau, G. Gawrysiak

Resumen

Con objeto de describir la variabilidad genética estudiada en la red africana coordinada por el CIRAD-IRCT, se realizó un top cross con un genotipo evaluador común de cuatro variedades o líneas de algodónero en cuatro estaciones de selección en África occidental y central.

En cada lugar, se evaluó la aptitud para la combinación con el genotipo evaluador de cuatro genotipos extraídos del programa local de selección.

Para las características cuyo determinismo genético permite hacerlo, dichos resultados se agruparon y compararon después de corregir el efecto lugar.

En general, la variabilidad de las aptitudes a la combinación es satisfactoria para las características agronómicas y de producción, el rendimiento de fibra al efectuarse el desgranamiento, el color de la fibra y la neposidad del hilo. Sin embargo, es insuficiente en lo referente a la fineza y el alargamiento de la fibra.

Cada uno de los cuatro programas de selección suministró por lo menos un genotipo bien equilibrado: U 70 en Chad, IRMA 1243 en Camerún, F 135.13 en Côte-d'Ivoire y D 65B en Togo.

La utilización del top cross en el marco de programas de crecimientos coordinados permite sacar mejor provecho de la organización en red y mejorar la eficiencia de todos los equipos de seleccionadores.