

## Amélioration de l'adaptation des cultures à la sécheresse en zone de savane africaine

*Jean-Marc Lacape, Romain Loison, Daniel Foncéka*

**Résumé** Produire des variétés adaptées à une agriculture durable, en particulier plus résilientes face aux contraintes environnementales, représente un défi pour les généticiens. Dans le cas de la sécheresse, et sur la base d'une caractérisation du risque climatique, une approche pluridisciplinaire associant l'écophysiologie et la génétique peut permettre de définir des idéotypes variétaux combinant des caractères adaptatifs utilisables en sélection. La sélection pour une meilleure adaptation à la sécheresse s'appuie à la fois sur l'existence d'une diversité naturelle ou générée par hybridation et sur la mise en œuvre de tests de criblages des caractères adaptatifs. Des exemples de programmes de recherche développés en partenariat par le Cirad sont présentés dans le cas de deux plantes tropicales, le cotonnier et l'arachide. Les atouts du sorgho africain liés à son caractère photopériodique sont évoqués. La valorisation de la diversité génétique passe par une exploration large au-delà des espèces cultivées mobilisant le pool génétique des espèces sauvages apparentées.

### CHANGEMENT CLIMATIQUE ET ADAPTATION DES PLANTES À LA SÉCHERESSE

#### Contexte, diversité des sécheresses

La sécheresse est une contrainte de production majeure pour la production agricole dans les pays du Sud. La réduction globale du volume des pluies peut schématiquement résulter soit d'une réduction de la durée de la saison pluvieuse, soit de l'occurrence plus fréquente de périodes sans pluies en cours de cycle. Il est communément admis que le changement climatique s'accompagne de risques accrus en matière de variabilité interannuelle et de survenue d'événements climatiques extrêmes. Les effets des périodes de sécheresse sur les rendements varient en fonction des plantes, en particulier dans leur mode de développement et de reproduction, avec par exemple des stades critiques de sensibilité différenciés entre plantes à croissance continue d'une part et céréales d'autre part.

## Mécanismes d'adaptation des plantes et amélioration génétique

Dans ce contexte, la sélection variétale et la diffusion auprès des producteurs de variétés améliorées plus adaptées apparaissent comme une solution appropriée, simple à mettre en œuvre, de réduction de l'impact de la sécheresse. Cette réponse par la « semence » doit le plus souvent être raisonnée en combinaison avec une action sur les itinéraires techniques et la conduite de la culture.

Chez les plantes cultivées, la réponse adaptative à la contrainte hydrique est classiquement décrite comme relevant de trois principales stratégies (Blum, 1988) :

- l'échappement (ou *escape*), par ajustement du cycle de développement (voir par exemple le cas du sorgho présenté dans l'encadré 5.1) ;
- l'évitement (ou *avoidance*), correspond à la capacité pour la plante à éviter le dessèchement, typiquement par le contrôle des pertes en eau et/ou le maintien de son absorption ;
- la tolérance, ou aptitude de la plante à surmonter une dégradation de son état hydrique (on parle d'évitement de la déshydratation), par exemple par l'ajustement osmotique.

## Vers l'identification de caractères d'adaptation et la sélection

Le rendement, caractère intégrateur à l'échelle de la plante et de la parcelle ainsi que dans le temps, révèle généralement une faible héritabilité et des composantes d'interaction génotype  $\times$  environnement importantes. Il est donc nécessaire, pour la sélection, de décomposer le rendement en des composantes individuelles plus simples, plus héritables, et pouvant être utilisées comme tests de criblage, c'est-à-dire plus simples à mesurer que le rendement au champ, en corrélation avec celui-ci et pouvant être mis en œuvre sur de grands effectifs. En fonction des espèces, des mécanismes mis en jeu ou des échelles d'observation (organe, plante entière, parcelle), différents indicateurs physiologiques sont préconisés pour une mise en application dans des caractérisations en sélection comprenant des index globaux (index de stress, enroulement des feuilles, etc.), des indicateurs liés à la photosynthèse et aux échanges gazeux, la consommation et l'efficacité de l'utilisation de l'eau, les variables d'état hydrique et l'ajustement osmotique.

La création de variétés plus performantes en conditions de stress hydrique demande la mise en œuvre d'approches pluridisciplinaires (génétique, physiologie, génomique, modélisation, agronomie). Elle se base sur la valorisation d'une variabilité génétique pour le rendement en conditions de stress ou pour des caractères physiologiques impliqués, au sein d'un matériel végétal support. Dans les approches de sélection assistée par marqueurs (SAM), le matériel végétal (populations en ségrégation ou ressources génétiques diversifiées) fait l'objet d'une caractérisation simultanée du génotype à l'aide de marqueurs de l'ADN et du phénotype (en conditions stressé *versus* non stressé). La liaison entre les deux caractérisations permet d'identifier des régions du génome impliquées, ou QTL (*quantitative trait locus*), et de sélectionner les descendances de façon indirecte. Les évolutions récentes en biologie moléculaire et en génomique permettent un changement d'échelle important en matière de dissection génétique des caractères, rendant possible l'analyse de la variation d'expression de milliers de gènes sur de grands nombres d'individus sous diverses conditions de stress (Blum, 2011 ; Mir *et al.*, 2012). Lorsque des gènes candidats sont identifiés, la

### **Encadré 5.1. Adaptation du sorgho au changement climatique : les atouts du sorgho africain.**

*Gilles Trouche, Michel Vaksman*

Le sorgho [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] est une culture importante pour les agriculteurs des régions semi-arides parce qu'il peut maintenir sa production même lorsque les précipitations sont faibles ou erratiques. Cinquième céréale mondiale, il est l'aliment de base pour plus de 500 millions de personnes dans plus de trente pays, principalement en Afrique et en Asie.

Les paysans africains possèdent une longue expérience dans la gestion du régime irrégulier des pluies. Ils ont développé des techniques contre-aléatoires efficaces, dont la plus spectaculaire réside dans l'exploitation du photopériodisme qui est le fruit d'une sélection ancestrale des variétés locales dans ces conditions environnementales difficiles. Le caractère photopériodique permet notamment la synchronisation de la floraison avec la fin de la saison des pluies, qui reste relativement stable d'une année à l'autre, indépendamment de la date de semis. Avec le scénario d'une augmentation des températures moyennes, on s'attend aussi à un accroissement de la variabilité pluviométrique et de la fréquence d'événements extrêmes comme les sécheresses et les inondations. En maintenant une phénologie adaptée, le photopériodisme aura pour conséquences d'atténuer les effets de la variabilité climatique en améliorant à la fois la stabilité de la production et la qualité du grain tout en évitant le développement des moisissures qui se produit lorsque la floraison est trop précoce.

Les cultivars de sorgho africains ouvrent ainsi la voie à la création d'une gamme de variétés spécifiquement adaptées à des environnements variables. Les programmes d'amélioration du sorgho du Cirad intègrent maintenant cette large base génétique pour concilier le potentiel de production des variétés modernes et les qualités propres aux variétés locales.

transformation génétique représente une voie possible de vérification de l'effet des gènes, voire de développement de variétés transgéniques commercialisables (Varshney *et al.*, 2011). Bien que de telles approches, SAM ou transformation génétique, appliquées à l'amélioration des résistances des plantes aux stress biotiques et abiotiques, soient aujourd'hui largement développées, en grande partie par les entreprises semencières du secteur privé, les exemples connus d'applications sont encore peu nombreux.

## **CAS DU COTONNIER**

### **Contexte**

Avec des besoins minimaux en eau de 500 à 600 mm pour couvrir un cycle de 120 à 150 jours, le cotonnier (figure 5.1) est une culture relativement exigeante vis-à-vis des conditions d'alimentation hydrique.

En Afrique de l'Ouest et du Centre, la culture cotonnière est un pilier important des exploitations agricoles par le revenu financier qu'elle génère. Elle est conduite essentiellement en conditions pluviales sur de petites exploitations où elle est en rotation

avec des cultures vivrières. Ces exploitations se trouvent en situation de forte vulnérabilité vis-à-vis des contraintes de production, au premier rang desquelles les aléas de pluviométrie et, dans le cas d'une culture d'exportation comme le coton, vis-à-vis du contexte international (variation des cours mondiaux des matières premières).



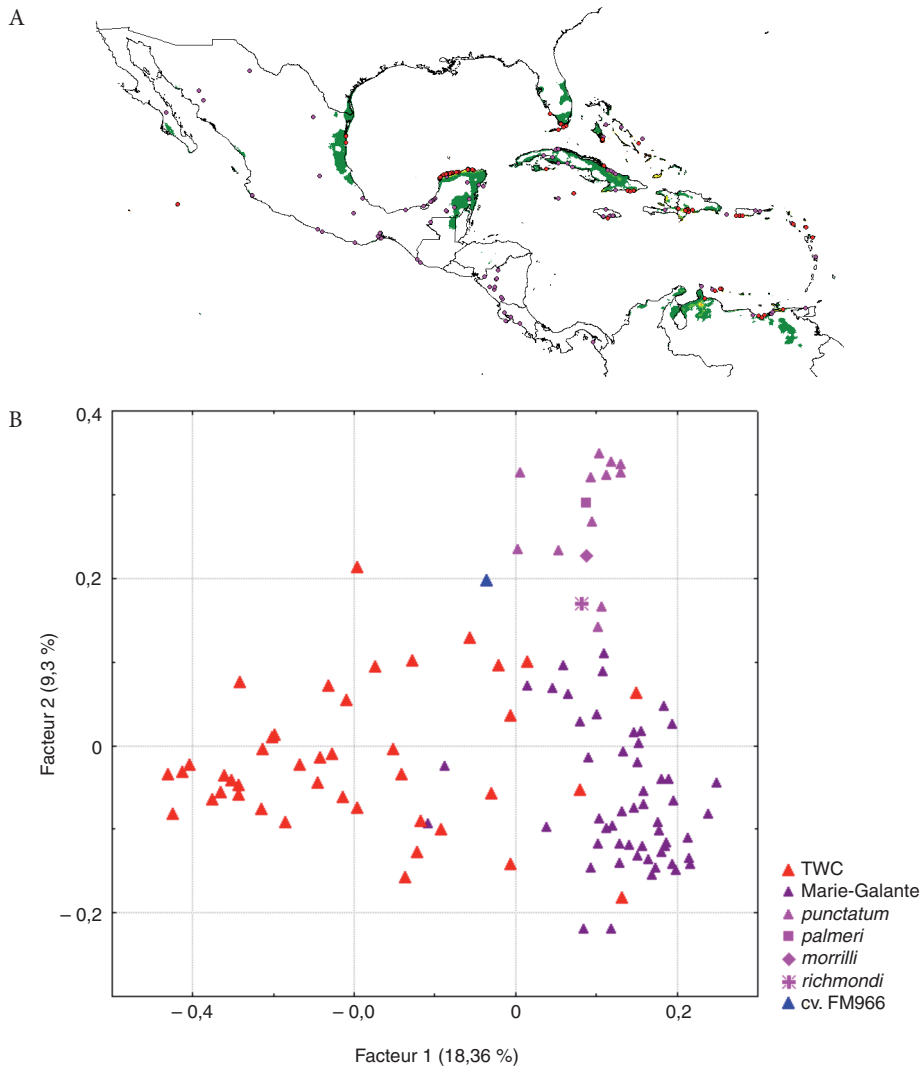
Figure 5.1. Capsules de coton (© J.-M. Lacape/Cirad).

## Questionnements et pistes de recherches au Cirad et dans le monde

### Des ressources génétiques larges dans le genre *Gossypium* : le pool sauvage de *G. hirsutum*

La variabilité existant au sein des espèces du genre *Gossypium* est remarquable par le fait que des formes spontanées se rencontrent à l'état naturel, comme c'est le cas chez la principale espèce de cotonnier cultivée, *G. hirsutum*. Les populations de cotonniers pérennes de *G. hirsutum* de la Mésoamérique et de la Caraïbe ont fait récemment l'objet d'une étude combinée de modélisation écologique de niche et de génétique à l'aide de marqueurs (Coppens d'Eeckenbrugge et Lacape, 2014). Un total de 950 points de données géoréférencées, représentant autant de populations décrites, ont été rassemblés, dont une centaine sont des populations de cotonniers sauvages *sensu stricto* rencontrées sur une quinzaine de localités du Venezuela au Yucatan, en passant par les petites et les grandes Antilles ou la Floride (figure 5.2A). Les autres points forment pour leur majorité le groupe dit « féral » (forme domestiquée retournée à l'état naturel). Ces cotonniers sauvages, que l'on propose de rattacher à la race *yucatanense* de *G. hirsutum*, sont inféodés à des environnements côtiers *a priori* contraints par la disponibilité en eau ou par le stress salin. Ils se positionnent *a posteriori* dans les analyses en composantes principales sur les 19 variables climatiques du volet de modélisation écologique de niche ainsi que dans le volet génétique basé sur

les dissimilarités au niveau des marqueurs, comme une entité homogène et distincte (figure 5.2B). Ce pool de diversité des cotonniers sauvages représente un réservoir potentiel de gènes pour l'amélioration du cotonnier cultivé *G. hirsutum*, en particulier pour des caractères de résistance aux stress du milieu ; avec l'avantage pour ces cotonniers d'appartenir à la même espèce que le cotonnier cultivé, donc faciles à hybrider.



**Figure 5.2.** A. Distribution des populations de cotonniers pérennes de *G. hirsutum* (types sauvages : points rouges ; types féraux de statut intermédiaire : points bleus) de la Mésoamérique et de la Caraïbe et modèle climatique associé aux types sauvages. La couleur de fond représente le niveau d'adaptabilité climatique, depuis les zones marginales (vert foncé) vers les zones de plus en plus favorables (vert clair et couleurs plus chaudes) (d'après Coppens d'Eeckenbrugge et Lacape, 2014). B. Analyse en composantes principales sur les dissimilarités génétiques (26 marqueurs microsatellites) entre 110 génotypes choisis et répartis entre types sauvages (ou TWC, *truly wild cotton*) et féraux (autres catégories) (d'après Coppens d'Eeckenbrugge et Lacape, 2014).

## Exploitation et valorisation de la diversité génétique du compartiment cultivé mondial

Un projet de génétique d'association (dit GWAS, *genome-wide association studies*) pour la réponse au déficit hydrique au sein du *pool* cultivé de *G. hirsutum* est en cours, collaboration entre l'Agence de recherche agricole brésilienne, EMBRAPA, et le Cirad. Ces deux instituts possèdent des banques de semences de variétés de cotonniers recouvrant une importante variabilité (Campbell *et al.*, 2010) qui sera étudiée dans le projet. Un panel de 200 variétés d'origines diverses fera l'objet de caractérisations morphologiques en conditions contrôlées d'une part à l'aide de rhizotrons (analyse du système racinaire, figure 5.3) et d'autre part en utilisant un dispositif de mesures à haut débit de l'Inra à Montpellier (plateforme Phenoarch, pour des mesures automatisées des parties aériennes en conditions hydriques variées). Des génotypages à grande échelle seront réalisés (50 000 marqueurs de type SNP, *single-nucleotide polymorphism*) pour associer les variations à l'échelle du génome aux caractéristiques mesurées. Les premiers résultats des études en rhizotrons au Brésil montrent une variabilité importante des paramètres de croissance racinaire.



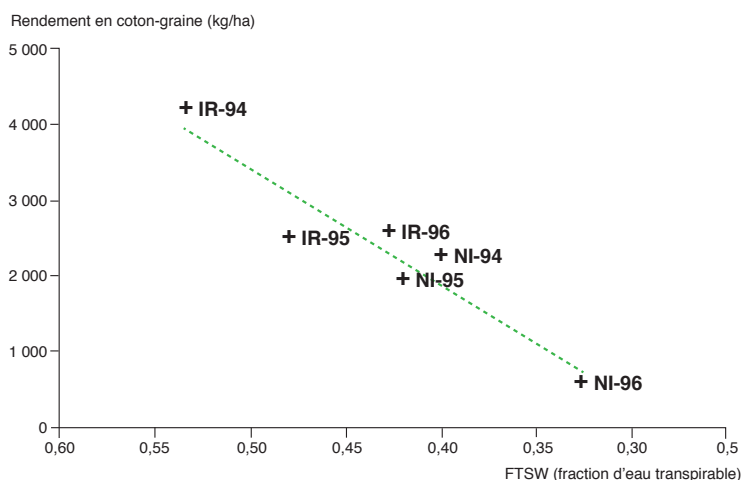
**Figure 5.3.** Vue partielle du dispositif d'études en rhizotrons.

Chaque cotonnier croît dans un espace rempli de terre entre deux plaques de verre. En fin d'expérience, 21 jours après semis, le système racinaire est photographié et traité par analyse d'images (© M. Giband/Cirad).

## Compréhension des mécanismes de réponse

Les travaux sur la physiologie du cotonnier ou sur l'analyse écophysologique de sa réponse au déficit hydrique (Blum, 2011) ont souligné l'importance de la prise en compte de l'état de stress effectif des traitements comparés, par exemple des génotypes comparés. Cette prise en compte peut passer par la caractérisation de la fraction d'eau transpirable du sol (Lacape *et al.*, 1998 ; Lacape et Wery, 1998) (figure 5.4). Dans une seconde étape (Lacape et Wery, 1998), différents modèles conceptuels de décomposition du rendement final (production à l'hectare) permettent une meilleure compréhension et interprétation des écarts observés. De façon simplifiée, deux types de modèles ont été testés : le modèle dit *yield component framework* (modèle de « développement »), considère la dynamique de production et les pertes de sites fructifères (fleurs et fruits) couplées à leur masse, et le modèle dit *biomass production framework* (modèle « biomasse et efficacités »), dans

lequel la production journalière de biomasse totale est rapportée d'une part à l'efficacité d'utilisation de l'eau ou du rayonnement, et d'autre part à l'indice de récolte.



**Figure 5.4.** Relation entre le rendement en coton-graine et la valeur moyenne de la fraction d'eau transpirable du sol (FTSW) pendant la période de floraison utile au cours de trois années d'expérimentation (1994, 1995, 1996). Moyennes de cinq variétés sous deux régimes hydriques ; IR : irrigué, NI : non irrigué (d'après Lacape et Wery, 1998).

### Interactions génotype × environnement

Des travaux récents du Cirad portant sur une analyse historique des principaux cultivars de cotonniers vulgarisés au Cameroun ont mis en évidence une amélioration génétique significative de la qualité des fibres mais pas d'amélioration du rendement (Loison *et al.*, soumis). La connaissance de l'interaction  $G \times E \times Sc$ , entre le génotype (G), l'environnement (E) et le système de culture ( $Sc$ ), sur les caractères morphophysiques impliqués dans l'adaptation au stress hydrique permettrait d'augmenter le rendement (Pettigrew, 2004). L'analyse d'essais en milieu contrôlé à Montpellier et au champ au Cameroun a mis en évidence une transition vers une nouvelle stratégie d'adaptation au stress hydrique du dernier cultivar vulgarisé pour la zone la moins pluvieuse de ce pays (tableau 5.1). Une bonne représentation des différents comportements adoptés face à la contrainte hydrique dans les modèles mécanistes existants permet de bien simuler la croissance et le développement de cotonniers dans des environnements hydriques contrastés. On peut ainsi déterminer les valeurs idéales des paramètres génétiques d'un cultivar pour un contexte agroclimatique et socio-économique donné, c'est-à-dire en définir un idéotype variétal. Enfin, la modélisation se révèle être encore plus pertinente lorsqu'il s'agit de définir les idéotypes variétaux futurs qui devront faire face aux changements climatiques envisagés (Loison *et al.*, soumis).

### Quels sont les apports de la génomique et des biotechnologies ?

Les approches de cartographie génétique de type recherche de QTL chez le cotonnier ont surtout été développées pour la qualité de la fibre. Les quelques travaux

publiés portant sur la détection de QTL liés à la tolérance à la sécheresse (Levi *et al.*, 2009 ; Saeed *et al.*, 2011) ont porté par exemple sur l'ajustement osmotique mais ne permettent pas encore d'envisager des approches de SAM. Les séquençages massifs de gènes exprimés en conditions de stress hydrique (Park *et al.*, 2010), ou la publication récente du génome du cotonnier (Paterson *et al.*, 2012), ouvrent des perspectives vers l'identification de gènes candidats et pour une dissection fine (clonage de QTL).

Enfin, parmi les outils disponibles pour l'amélioration génétique du cotonnier, la technique de transgénèse connaît une mise en application large dans le monde avec la diffusion de variétés de cotonnier transgéniques résistantes aux insectes ou aux herbicides. L'approche de transgénèse du cotonnier appliquée à la recherche de tolérance au stress hydrique a été récemment mise en œuvre dans le cadre d'une collaboration du Cirad avec un partenaire israélien en vue du transfert dans le cotonnier d'un gène de tolérance à la sécheresse de la tomate (Pannetier *et al.*, comm. pers.). L'application de ces résultats est bien entendu fonction de l'acceptabilité sociale des modifications génétiques concernées. D'autres travaux en transgénèse ciblant des gènes et des caractères de tolérance du cotonnier à la sécheresse sont conduits par les multinationales du secteur de la semence (secteur privé), très actives dans ce domaine, mais ces travaux ne sont pas publiés.

**Tableau 5.1.** Principales caractéristiques discriminantes entre une variété récente (IRMA L484) de la région de l'Extrême-Nord au Cameroun et des variétés anciennes, mesurées en conditions hydriques limitantes, et selon deux cadres d'analyse écophysiological (Loison *et al.*, soumis).

Cadre d'analyse	Caractéristiques de la variété récente (IRMA L484) par rapport aux variétés anciennes
RUE	Surface foliaire par plante égale mais avec des feuilles plus petites et plus nombreuses Feuilles plus épaisses avec davantage de chlorophylle Globalement, interception du rayonnement plus faible avec une biomasse produite totale identique Assimilation supérieure par cm <sup>2</sup> de feuille → RUE globale et instantanée supérieures
WUE	Surface foliaire totale égale Transpiration/cm <sup>2</sup> de feuille plus importante Même transpiration totale Biomasse produite totale identique → WUE identique
Production	Même biomasse totale Même indice de récolte Même rendement final (kg/ha de coton-graine)

RUE : efficacité d'utilisation de la radiation ; WUE : efficacité d'utilisation de l'eau.

## CAS DE L'ARACHIDE

### Contexte

L'arachide (figure 5.5) est une culture majeure dans la plupart des régions tropicales et subtropicales. L'arachide cultivée est une plante annuelle, autogame à fructification souterraine. En Afrique, la culture de l'arachide est réalisée pendant la saison des pluies et est soumise aux aléas et à l'irrégularité des événements pluvieux. L'arachide cultivée (*Arachis hypogaea* L.) fait partie des 80 espèces du genre *Arachis* ; elle est allo-tétraploïde issue d'une hybridation entre deux espèces diploïdes de génomes A et B.



L'histoire de la spéciation et de la domestication de l'arachide est à l'origine de la faible diversité dans le compartiment cultivé. Il existe en revanche une grande diversité au sein des espèces sauvages diploïdes, considérant que celles-ci ont évolué depuis des millénaires et ont colonisé des niches écologiques diverses allant des régions semi-arides du nord-est du Brésil aux Andes. Ces espèces sauvages sont une source d'allèles nouveaux et sont utilisables en sélection pour l'amélioration de caractères simples tels que la résistance aux maladies, mais aussi de caractères plus complexes tels que l'adaptation au déficit hydrique et la productivité.



Figure 5.5. Gousses déterrées d'arachide en station à Bambey (© D. Foncéka).

## Questionnements et pistes de recherches au Cirad et dans le monde

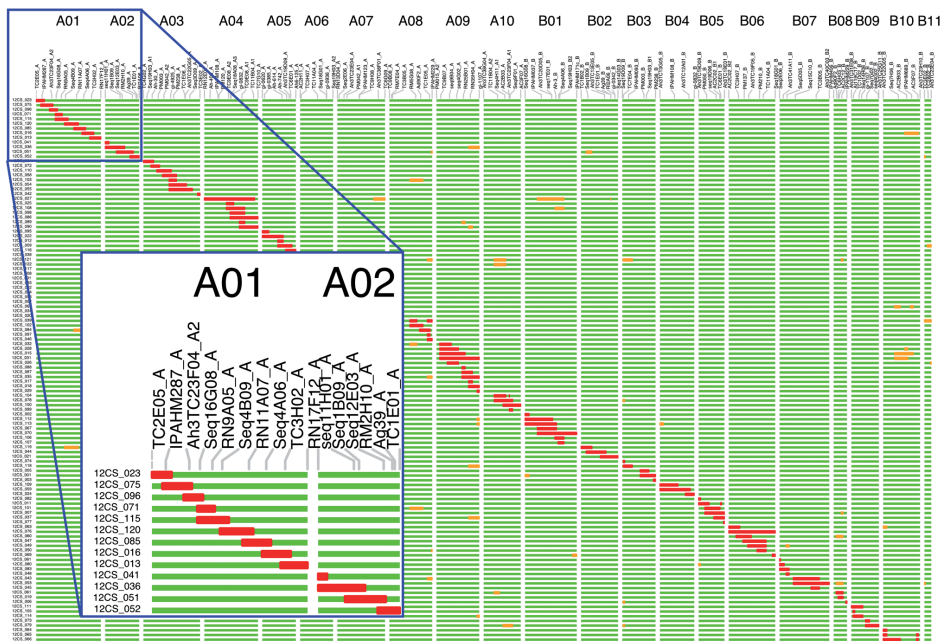
### Vers une stratégie intégrée de sélection pour l'adaptation à la sécheresse de l'arachide

L'amélioration de la tolérance à la sécheresse de l'arachide demeure un des objectifs majeurs des programmes de sélection. Au Sénégal, les travaux de l'Institut sénégalais de recherches agricoles (ISRA) et du Cirad qui ont conduit à la diffusion de nouvelles variétés mettent en œuvre un panel large d'approches de sélection : sélection récurrente à partir de populations à large base génétique, et rétrocroisements pour la réduction de la longueur du cycle des variétés locales, s'appuyant sur des approches pluridisciplinaires (génétique, physiologie, génomique). Ils ont abouti à la définition de recommandations importantes pour une stratégie intégrée de sélection de l'arachide (Clavel *et al.*, 2007). Celles-ci portent en particulier sur le principe de sélection précoce dans des conditions de contrainte hydrique au champ, sur l'utilisation de matériel végétal combinant différents caractères favorables, tels que la stabilité membranaire en conditions de stress hydrique et la précocité, et, quand cela est possible (identification d'un caractère physiologique), sur l'utilisation des marqueurs moléculaires et de la SAM.

### Apport de l'hybridation interspécifique et populations hautement résolutive

Après avoir identifié les espèces diploïdes sauvages ancêtres de l'arachide cultivée tétra-ploïde (Seijo *et al.*, 2004 ; Favero *et al.*, 2006), différentes équipes de recherche dans

le monde (États-Unis, Brésil, le Centre international de recherche sur la culture des zones tropicales semi-arides, ICRISAT, en Inde) ont produit des hybrides synthétiques sauvages tétraploïdes compatibles en croisement avec l'arachide cultivée (Favero *et al.*, 2006). Ce matériel, qui a le même niveau de ploïdie que l'arachide cultivée, est utilisé dans les programmes de sélection pour l'amélioration de caractères d'intérêt tels que la résistance aux maladies. Récemment, le Cirad, le Ceraas<sup>4</sup> (encadré 5.2), le Centre national de recherches agronomiques, CNRA, de Bambey et l'EMBRAPA du Brésil ont développé un programme d'élargissement de la base génétique de l'arachide cultivée sur la base d'un processus maîtrisé et piloté d'introgession assistée par marqueurs moléculaires. Un premier hybride tétraploïde synthétique, qui combine les génomes A et B des deux espèces diploïdes sauvages *A. duranensis* et *A. ipaensis*, a été utilisé en croisement avec la variété Fleur11 pour produire pour la première fois chez l'arachide des populations hautement résolutes, permettant des analyses génétiques fines : population AB-QTL (*advanced backcross-QTL*) et population de lignées CSSL (lignées de substitution de segments chromosomiques). L'analyse de la population AB-QTL a permis de cartographier de nombreux QTL impliqués dans la morphologie de la plante et des gousses ainsi que dans le rendement et ses composantes en conditions normale ou de stress hydrique (Foncéka *et al.*, 2012a). La population CSSL présente un intérêt particulier pour des applications d'analyse génétique et d'amélioration ; elle consiste en



**Figure 5.6.** Représentation schématique du génotype des 122 lignées (en lignes) de la population de CSSL le long des 20 chromosomes (en colonnes). Les régions chromosomiques provenant du parent sauvage sont indiquées en rouge, le reste du génome (en vert) étant celui de la variété cultivée. La partie élargie représente les 13 premières CSSL portant des segments introgressés des 2 premiers chromosomes A01 et A02 (Foncéka *et al.*, 2012b). CSSL : lignées de substitution de segments chromosomiques.

4. Centre d'études régional pour l'amélioration de l'adaptation à la sécheresse.

un ensemble de lignées fixées génétiquement, de constitution génomique très proche du génome cultivé, et intégrant chacune un petit segment chromosomique d'origine sauvage de façon que l'ensemble des segments introgressés représentent la totalité du génome du parent sauvage (figure 5.6) (Foncéka *et al.*, 2012b). La population CSSL a été échangée et est actuellement caractérisée dans plusieurs programmes d'amélioration génétique de l'arachide (Sénégal, Mali, Niger, Malawi, Inde et Brésil) pour servir de matériel de départ pour le transfert de caractères d'intérêt dans d'autres fonds génétiques. Ces populations interspécifiques font actuellement l'objet de plusieurs thèses de doctorat.

## CONCLUSION ET PERSPECTIVES

Face aux grands enjeux liés au changement climatique, l'amélioration de la réponse au déficit hydrique des plantes cultivées par la création de variétés mieux adaptées, est abordée par les sélectionneurs en utilisant différentes approches. Une approche commune, illustrée à la fois dans le cas du cotonnier et de l'arachide, porte sur une meilleure valorisation des apports des espèces sauvages apparentées. Dans tous les cas, la compréhension des mécanismes d'adaptation et l'identification de caractères cibles pour la sélection sont incontournables. Ces problématiques de recherche autour de l'amélioration de l'adaptation à la sécheresse sont au cœur d'initiatives internationales visant à fédérer les efforts et les moyens, dont le Ceraas basé au Sénégal est emblématique (encadré 5.2).

### Encadré 5.2. Le Ceraas au Sénégal.

Le Ceraas, Centre d'études régional pour l'amélioration de l'adaptation à la sécheresse, a été créé en 1989 au Sénégal pour fédérer à l'échelle régionale les efforts de recherche d'un ensemble d'institutions de recherche membres du Conseil ouest et centre-africain pour la recherche et le développement agricoles (Coraf), avec une implication forte et permanente de scientifiques du Cirad. Basé à Thiès, le Ceraas est doté d'infrastructures, laboratoires et dispositifs de terrains permettant de conduire des actions de recherche sur la thématique de l'adaptation à la sécheresse chez les végétaux.

Les actions du Ceraas en recherche finalisée visent à développer une approche pluridisciplinaire associant l'agronomie, la physiologie, la sélection, la modélisation et la génétique moléculaire, afin de l'intégrer dans les programmes de sélection. Les axes scientifiques portent sur la compréhension des bases physiologiques et moléculaires de la réponse des plantes à la sécheresse, sur l'analyse de la diversité des ressources génétiques et leur utilisation dans des programmes de création variétale, et sur l'amélioration des méthodes de prévision des productions agricoles et la modélisation.

La composante de formation diplômante, en partenariat avec les universités et les écoles localement ou internationalement (Cirad, IRD, universités du Nord), ou de type formation par la recherche par l'accueil de chercheurs de la sous-région, ou de type formation modulaire par l'organisation de cours théoriques et pratiques, représente une part importante de ses activités.

Différentes évolutions récentes placent le Ceraas au centre de plusieurs initiatives internationales, à savoir des projets avec la Banque mondiale ou un nouveau dispositif en partenariat avec le Cirad.

## Références bibliographiques

- Blum A., 1988. *Plant Breeding for Stress Environments*, Boca Raton (Florida, USA): CRC Press, 223 p.
- Blum A., 2011. Drought resistance – is it really a complex trait? *Functional Plant Biology*, 38 (10), 753-757.
- Campbell B.T., Saha S., Percy R.G., Frelichowski J.E., Jenkins J.N., *et al.*, 2010. Status of global cotton germplasm resources. *Crop Science*, 50 (4), 1161-1179.
- Clavel D., Baradat P., Khalfaoui J.L., Drame N.K., Diop N., Diouf N., Zuily-Fodil Y., 2007. Adaptation à la sécheresse et création variétale : le cas de l'arachide en zone sahélienne. 2. Une approche pluridisciplinaire pour la création variétale. *OCL – Oléagineux Corps gras Lipides*, 14 (5), 293-308.
- Coppens d'Eeckenbrugge G., Lacape J.M., 2014. Distribution and differentiation of wild, feral, and cultivated populations of perennial upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) in Mesoamerica and the Caribbean. *PLOS ONE*, 9 (9), e107458.
- Favero A.P., Simpson C.E., Valls J.F.M., Vello N.A., 2006. Study of the evolution of cultivated peanut through crossability studies among *Arachis ipaënsis*, *A. duranensis*, and *A. hypogaea*. *Crop Science*, 46 (4), 1546-1552.
- Foncéka D., Tossim H.-A., Rivallan R., Vignes H., Faye I., Ndoye O., Moretzsohn M., Bertioli D., Glaszmann J.-C., Courtois B., Rami J.-F., 2012a. Fostered and left behind alleles in peanut: interspecific QTL mapping reveals footprints of domestication and useful natural variation for breeding. *BMC Plant Biology*, 12 (1), 26.
- Foncéka D., Tossim H.-A., Rivallan R., Vignes H., Lacut E., de Bellis F., Faye I., Ndoye O., Leal-Bertioli S.C.M., Valls J.F.M., Bertioli D.J., Glaszmann J.-C., Courtois B., Rami J.-F., 2012b. Construction of chromosome segment substitution lines in peanut (*Arachis hypogaea* L.) using a wild synthetic and QTL mapping for plant morphology. *PLOS ONE*, 7 (11), e48642.
- Lacape J.-M., Wery J., 1998. Use of model-assisted yield frameworks for the analysis of cotton cultivar response to drought. In: *Gilham F.M. (Ed), 2<sup>nd</sup> World Cotton Research Conference*, Athens, Greece, pp. 555-562.
- Lacape J.-M., Wery J., Annerose D.J., 1998. Relationships between plant and soil water status in five field grown cotton (*Gossypium hirsutum* L.) cultivars. *Field Crops Research*, 57, 29-43.
- Levi A., Paterson A.H., Barak V., Yakir D., Wang B., Chee P., Saranga Y., 2009. Field evaluation of cotton near-isogenic lines introgressed with QTLs for productivity and drought related traits. *Molecular Breeding*, (23), 179-195.
- Loison R., Gérardeaux E., Audebert A., Debaeke P., Soumis, novembre 2014. Morpho-physiological traits conferring drought adaptation among cotton genotypes in Cameroon. *Field Crops Research*.
- Mir R.R., Zaman-Allah M., Sreenivasulu N., Trethowan R., Varshney R.K., 2012. Integrated genomics, physiology and breeding approaches for improving drought tolerance in crops. *Theoretical and Applied Genetics*, 125 (4), 625-645.
- Park W., Scheffler B.E., Bauer P.J., Campbell B.T., 2010. Identification of the family of aquaporin genes and their expression in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *BMC Plant Biology*, 10, 142.
- Paterson A.H., Wendel J.F., Gundlach H., Guo H., Jenkins J., *et al.*, 2012. Repeated polyploidization of *Gossypium* genomes and the evolution of spinnable cotton fibres. *Nature*, 492 (7429), 423-427.
- Pettigrew W.T., 2004. Moisture deficit effects on cotton lint yield, yield components, and boll distribution. *Agronomy Journal*, 96, 377-383.
- Saeed M., Guo W., Ullah I., Tabbasan N., Zafar Y., Rahman M., Zhang T.Z., 2011. QTL mapping for physiology, yield and plant architecture traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) grown under well-watered versus water-stress conditions. *Electronic Journal of Biotechnology*, 14 (3), DOI: 10.2225.
- Seijo J.G., Lavia G.I., Fernandez A., Krapovickas A., Ducasse D., Moscone E.A., 2004. Physical mapping of the 5S and 18S-25S rRNA genes by FISH as evidence that *Arachis duranensis* and *A. ipaënsis* are the wild diploid progenitors of *A. hypogaea* (*Leguminosae*). *American Journal of Botany*, 91 (9), 1294-1303.
- Varshney R.K., Bansal K.C., Aggarwal P.K., Datta S.K., Craufurd P.Q., 2011. Agricultural biotechnology for crop improvement in a variable climate: hope or hype? *Trends Plant Science*, 16 (7), 363-371.