

## Distribution de la bactériose du cotonnier au Bénin et sensibilité des variétés locales à ses attaques

V.A. Zinsou<sup>1\*</sup>, L.A.C. Afouda<sup>1</sup>, A. Hougni<sup>2</sup> & S.S. Affomassè<sup>1</sup> & E. Sèkloka<sup>1</sup>

**Keywords:** Bacterial blight- Cotton- Incidence- Severity- Benin

### Résumé

Pour améliorer la production de coton au Bénin, la recherche agronomique développe continuellement de nouvelles variétés résistantes aux bioagresseurs (maladies et ravageurs) et adaptées à la diversité des conditions de culture locales. C'est dans ce cadre que des prospections ont été conduites en 2012 dans les bassins cotonniers du Bénin, prenant en compte 44 sites répartis dans 16 communes, afin de détecter les attaques de bactériose. Deux sites en moyenne ont été prospectés par commune et sur chaque site 30 et 10 plants ont respectivement été inspectés au hasard sur deux diagonales du champ pour déterminer l'incidence et la sévérité de la maladie. Les résultats ont montré que la bactériose est présente sur 41 des 44 sites. Les plus fortes incidences (89,3%) et sévérités (62,6%) moyennes ont été observées dans la zone Alibori-Atacora avec les valeurs d'incidence maximale dans les communes de Banikoara et de Kandi (100%). La zone Plateau-Couffo a enregistré la faible incidence avec une valeur nulle à Kétou. Parallèlement au travail de prospection, un essai de sensibilité de 7 variétés de cotonnier vis-à-vis de trois souches de bactériose sélectionnées pour leur virulence a également été installé en serre à la ferme expérimentale de la faculté d'agronomie en août 2012. Le criblage des variétés a été réalisé selon un dispositif de split plot avec comme facteur principal l'isolat et comme facteur secondaire la variété. Une différence de réaction a été observée entre les isolats et les variétés indiquant l'existence de races du pathogène et de gènes de résistance à celui-ci.

### Summary

#### Distribution of Cotton Bacterial Blight in Benin and Susceptibility of Local Varieties to its Attacks

In order to improve the production of cotton in Benin, Agricultural Research is continually developing varieties resistant to pests and diseases and adapted to the diversity of the local growing conditions. In this framework, surveys were conducted in 2012 in all cotton areas of Benin on 44 sites of 16 districts to detect bacterial blight strains. At least two sites were surveyed per district and on each site 30 and 10 plants were inspected randomly along the two diagonals of a cotton field, respectively for the incidence and severity. The results showed that cotton bacterial blight was present in 41 of 44 sites. The highest means for incidence (89.3%) and severity (62.6%) were observed in Alibori-Atacora area with the maximum incidence in the district of Banikoara and Kandi (100%). The Plateau-Couffo area recorded the lowest incidence with a null value at Ketou. In parallel with the achievement of the survey, a trial on susceptibility of seven varieties of cotton against three bacterial blight isolates selected for their virulence has been carried out under greenhouse conditions at the experimental farm of the faculty of agronomy in august 2012. The screening of varieties has been realized in a split plot design with isolate as principal factor and variety as secondary factor. Differential reactions were observed between isolates and varieties which may indicate the existence of races of the pathogen and resistance genes to it.

<sup>1</sup> Faculté d'Agronomie, Université de Parakou, BP123 Parakou, Bénin.

<sup>2</sup> Institut National des Recherches Agricoles du Bénin, CRA-CF/INRAB, 01 BP 715 Cotonou, Bénin.

\* Auteur correspondant: E-mail: valerien.zinsou@fa-up.bj, valzinsou@gmail.com

Reçu le 16.04.2014 et accepté pour publication le 14.07.2014

## Introduction

La bactériose du cotonnier causée par *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum* (Xam) qui apparaît dans toutes les zones de production du coton à travers le monde (12) est parmi l'une des maladies dévastatrices du cotonnier (*Gossypium hirsutum*). Ses symptômes incluent des taches foliaires anguleuses, des lésions translucides, le noircissement des tiges et des apex et des brûlures foliaires (24). Les pertes en fibre dues à la maladie se situent entre 5 et 35% (12). Au champ on peut enregistrer une perte allant de 20% à 77% lorsque l'infection survient au début du cycle cultural. Elles sont parfois favorisées par les insectes qui lors des piqûres laissent des points d'entrée pour la bactérie. La bactériose favorise la perte de vigueur du plant de cotonnier, mais les problèmes les plus importants sont l'avortement des fleurs et la chute de la branche fructifère (7).

Les pertes liées à la bactériose ne sont pas bien connues en Afrique. Le traitement chimique des semences, les techniques culturales améliorées et les programmes de sélections extensives ont été combinés pour contrôler la maladie (4, 5), conduisant à la mise au point de nombreuses variétés résistantes (2). La spécificité des races existe au sein du Xam et les interactions entre les races du pathogène et les génotypes du cotonnier suivent le modèle conventionnel gène pour gène (10). Grâce au test réalisé sur un groupe de lignées de cotonnier, Xam peut être divisé en 18 races (14) et plus d'une race a été trouvée dans la plupart des pays (12). Une souche très virulente de Xam, la race 20, est apparue en Afrique en 1988, et surmonte les gènes majeurs résistants à la bactériose (B2, B4, B7, Bin, BN et B2B3) et infecte tous les cultivars commerciaux incluant Mebane 101-102B (6, 8). Bien que la souche virulente a été reportée 20 ans plus tôt et a été prévalent créant plus de difficulté dans la sélection des variétés résistantes (1), des actions pathogéniques spécifiques sont encore inconnues (13). Avec l'apparition de nouvelles races, des études ont été menées au Burkina Faso, au Tchad, au Soudan et au Nigéria pour détecter des souches de Xam capables d'attaquer les variétés possédant les gènes de résistance B2-B3 ou B91-B101 (8, 11, 16, 20). Au Bénin, bien qu'aucune étude n'ait été réalisée sur l'existence de race causant de symptômes sur les variétés différentielles, le coton produit n'est pas

loin du Nigéria qui a une frontière commune et où 7 races de Xam ont été trouvées.

Au Bénin, aucune information à notre connaissance n'existe sur les gènes de résistances connus dans les variétés de cotonnier utilisées au Bénin. De 2003 à ce jour, une quinzaine de lignées issues du programme de sélection du Centre de Recherches Agricoles Coton et Fibres de l'Institut National de la Recherche Agricole du Bénin (CRA-CF/INRAB), sont fixées et comparées au témoin H279-1, type variétal particulièrement bien adapté aux conditions pluviales de culture au Bénin (21). Quatre de ces lignées, E 956-2, H 769-5, K 768-3 et H 782-3, (à raison d'une variété par zone cotonnière) se sont révélés meilleurs du fait de leur rendement au champ, de leur rendement fibre à l'égrenage et du coût de la fibre sur le marché international. Mais en absence de toute intervention, la perte de résistance de la variété vulgarisée H279-1 à la bactériose pourrait devenir un problème important. Il urge donc de diagnostiquer la maladie dans les diverses zones de production cotonnière du pays afin de prendre des mesures adéquates prévenant ainsi les dommages de Xam sur le cotonnier, qui peuvent aller jusqu'à la destruction complète du plant, compromettant ainsi toute la production nationale. De plus, le besoin de rechercher des variétés spécifiques et plus adaptées aux conditions des différents milieux et les races au sein des isolats de Xam se fait sentir. La prise en compte de la sensibilité du cotonnier à la bactériose s'avère indispensable.

La présente étude se propose de détecter la bactériose dans les bassins cotonniers du Bénin et d'évaluer la sensibilité de variétés du cotonnier à la bactériose.

## Matériel et méthode

Deux études ont été menées : une prospection visant à quantifier l'importance des attaques de bactériose dans les principales zones cotonnières du Bénin et un essai de criblage de variétés de cotonnier avec trois souches de bactérioses sélectionnées pour leur virulence.

### Etude de la pression de la bactériose dans les principales zones cotonnières du Bénin

#### Sites de prospection

Des prospections ont été effectuées dans 44 champs répartis dans 16 communes des zones de production

cotonnière durant la période végétative du cotonnier au Bénin en Août 2012. Les communes ont été choisies sur la base de leur potentiel de production dans les bassins cotonniers du Bénin (Zone Alibori-Atacora : Banikoara, Kandi, Ségbana, Gogounou, Kouandé, Péhunco, Tanguiéta et Cobly ; Zone Borgou-Donga : Bembèrèkè, Sinendé, Djougou et N'Dali ; Zone Collines : Glazoué et Savalou ; Zone Zou-Plateau-Couffo : Djidja et Kétou). Deux à trois champs ont été sélectionnés par commune. Les champs d'environ 1 ha et distant d'environ 5 à 10 km ont été sélectionnés.

#### Isolats bactériens et préparation de l'inoculum

Trois échantillons de feuilles présentant les symptômes caractéristiques de la bactériose du cotonnier et provenant de 3 différentes zones de production (Niarou/Sinendé, Gogounou et Kpakpazoumè/Glazoué) ont été prélevés sur des plantes présentant des symptômes de fortes attaques de bactériose et conservés sous presse dans des papiers journaux. Les échantillons prélevés de la partie incluant les tissus malades et sains ont été découpés, et environ 2 mm<sup>2</sup> de surface de feuille de chaque échantillon sont rincés à l'eau stérile puis broyés dans 1ml de 0,01M solution de sulfate de magnésium. Le filtrat de l'homogénat a été ensuite dilué 6 fois à 1/10 puis 100 µl de la dernière dilution ont été étalés dans une boîte de Pétri, avec 5 répétitions, sur milieu de culture gélosé amendé de levure et de glucose (levure 10 g/l, glucose 10g/l, peptone 10 g/l, agar 15 g/l). Les boîtes ont été ensuite incubées à 30 °C pendant 48 à 72 heures. Les colonies isolées de *X. axonopodis* pv. *malvacearum* après purification ont été ensuite soumises au test de Gram puis utilisées pour une inoculation artificielle.

Les inocula bactériens ont été préparés en cultivant les 3 isolats à 30 °C pendant 48 h sur milieu puis ensuite suspendus dans la solution de sulfate de magnésium pour obtenir une suspension aqueuse de cellules (OD<sub>600</sub>= 0.2, 108 CFU/ml). Les suspensions sont ensuite infiltrées à l'aide d'une pompe dans des feuilles des variétés de 3 semaines d'âge sous une serre à 21,4-28,5 °C et 67-96% d'humidité relative.

#### Collecte des données

Pour évaluer l'incidence 30 plantes ont été respectivement choisies au hasard sur les deux lignes diagonales de chaque champ. Sur chaque plante on a noté visuellement la présence ou l'absence de la maladie en se basant sur les symptômes caractéristiques (taches anguleuses, huileuses, nervures attaquées, etc). Pour apprécier la sévérité au sein des parcelles élémentaires de la serre, 10 plants ont été observés au hasard sur les deux diagonales de chaque champ. L'évaluation de la sévérité a débuté 7 jours après l'inoculation en serre sur 8 plants et 4 fois à l'intervalle de 7 jours selon la nature et la distribution des symptômes sur la face inférieure des feuilles et suivant l'échelle de notation élaborée par Yehouessi (23) et cité par Ouédraogo (19).

Les valeurs de la sévérité de la bactériose à chaque date d'évaluation ont été utilisées pour calculer la surface sous la courbe d'évolution de la sévérité (AUSPC, Area Under Severity Progress Curve) suivant la formule [I] (24, 25):

$$AUSPC = \sum i. [(S_i + S_{(i-1)})x(t_i - t_{(i-1)})] / 2 \quad [I]$$

S<sub>i</sub>= moyenne de la sévérité à la date t<sub>i</sub> et t<sub>i</sub> correspond aux différentes dates d'évaluation (7, 14, 21, 28).

Afin d'établir la distribution de la bactériose du cotonnier dans les aires de production cotonnière sur une carte, une classification des sites prospectés a été faite à partir des données d'incidences et de sévérités moyennes. Ainsi les sites ont été regroupés en quatre classes pour chacun des paramètres: incidence (1: 0-15%, 2: 15-35%, 3: 35-55%, 4: >55%) et sévérité (1: 0-1,1; 2: 1,1-2; 3: 2-4; 4: 4-5). Les coordonnées géographiques et l'altitude de chaque champ ont été enregistrées à l'aide d'un appareil GPS de type Garmin.

#### Analyse des données

Les données ont été enregistrées avec le tableur Excel (2007). Celles obtenues après la prospection ont été transformées par la formule [II]:

$$P' = \arcsin \sqrt{P} \quad [II]$$

pour avoir une normalisation des données et la stabilisation des variances.

Essai de criblage de sept variétés de cotonnier avec trois souches de bactériose

Matériel végétal

Le matériel végétal étudié est composé des variétés suivantes:

- H279-1: variété conventionnelle locale vulgarisée et traitée selon le programme de traitement vulgarisé en milieu paysan au Bénin.
- E956-2 : variété recommandée pour la zone Alibori et Atacora
- E944-2 : variété locale
- H769-5 : variété recommandée pour la zone Borgou et Donga
- H782-3 : variété recommandée pour la zone Zou Plateau et Couffo
- I875-3 : variété locale
- K768-3 : variété recommandée pour la zone Collines

Dispositif expérimental

L'essai de criblage des variétés a été implanté en août 2012 selon un dispositif en split plot, avec comme facteur principal l'isolat et facteur secondaire la variété, avec 4 répétitions et installé sous serre à 21,4-28,5°C et 67-96% d'humidité relative. Chaque parcelle élémentaire comporte 4 pots de 1,5dm<sup>3</sup> avec des écartements de semis de 0,30 m entre lignes et 0,40 m entre les poquets. Le terreau utilisé a été stérilisé à 65°C pendant 72h. Les semences ont été délintées à l'acide sulfurique. Le démariage a été réalisé à deux plants par pot. Chaque pot a reçu une fumure minérale à raison de 3g de NPKSB (Azote, Potassium, Potassium, Soufre, Bore) trois semaines après semis. L'inoculation des plants par les 3 isolats a été effectuée à l'aide d'une pompe infiltrant 5 semaines après semis. Aucun produit insecticide n'a été utilisé dans la serre.

Analyse des données

L'analyse de variance a été effectuée suivant la procédure du modèle linéaire générale (GLM) de SAS version 7 sur les valeurs d'incidence et de sévérité transformées. Le test de Student-Newmann-Keuls (SNK) a été ensuite utilisé pour séparer les moyennes au seuil de 5% ( $p = 0,05$ ).

## Résultats

Incidence et sévérité de la bactériose du cotonnier dans les zones de production du coton au Bénin

La bactériose du cotonnier était présente sur 41 des 44 sites prospectés dans les bassins cotonniers du Bénin. La distribution des valeurs d'incidence et de sévérité est présentée dans la figure 1. Les plus fortes incidences moyennes (89,3%) ont été observées dans la zone Alibori-Atacora, suivie de la zone Borgou-Donga (72,2%) puis de la zone Collines (31,8%). La zone Zou-Plateau-Couffo a enregistré la plus faible incidence (10,3%) (Tableau 1). L'incidence dans la commune de Kétou est nulle alors que dans les communes de Banikoara et de Kandi, elle est maximale (100%) (Tableau 2). Comme l'incidence, les plus fortes valeurs de sévérité moyennes ont été enregistrées dans la zone Alibori-Atacora (62,6%), suivie de la zone Borgou-Donga (48,8%) puis la zone Collines (8,1%). La zone Plateau-Couffo a enregistré la faible sévérité (2,5%). La sévérité dans les communes de Banikoara, Kandi, Gogounou et Djougou est élevée. De plus, dans les communes où les valeurs d'altitude sont supérieures de fortes valeurs d'incidences et de sévérités ont été enregistrées. Aussi, une corrélation positivement significative ( $P < 0,01$ ) entre l'altitude et l'incidence (0,63); l'incidence et la sévérité (0,78) et entre l'altitude et la sévérité (0,53) a été notée.

Sensibilité de sept variétés du cotonnier à l'infection par *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum*

Les 7 variétés de cottonniers testés ont révélé une sensibilité à la bactériose avec des réactions différentes aux 3 isolats (Tableau 3). Les isolats ont montré des niveaux de symptômes différents sur les variétés testées. Alors que l'isolat UP-GO-S2 est très virulent sur les 7 variétés, l'isolat UP-SN-S2 est aussi très virulent sur la variété K768-3 mais est moins virulent sur les variétés H782-3, E944-2 et I875-3 qui ont donné des valeurs élevées avec l'isolat UP-GO-S2. L'isolat UP-GL-S3 a montré une virulence similaire à l'isolat UP-GO-S2 sur les variétés K768-3 et E956-2 mais s'est révélé moins virulent sur la variété H279-1. Comparant les isolats UP-GL-S<sub>3</sub> et UP-SN-S<sub>2</sub>, les variétés E956-2, E944-2, I875-3 et H782-3 sont plus sensibles à l'isolat UP-

Tableau 1

Incidence et sévérité moyennes de la bactériose dans les bassins cotonniers du Bénin.

| Zones              | Incidence (%) | Sévérité (%)             |
|--------------------|---------------|--------------------------|
| Alibori-Atacora    | 89,3±16,0a    | 62,6±30,5 <sup>2</sup> a |
| Borgou-Donga       | 72,2±22,6b    | 48,8±33,8b               |
| Collines           | 31,8±7,0c     | 8,1±15,8c                |
| Zou-Plateau-Couffo | 10,3±16,4d    | 2,5±9,3d                 |
| F                  | 850,9         | 363,1                    |
| P                  | <.0001        | <.0001                   |

Les valeurs d'incidence et de sévérité sont significativement différentes au seuil de 5% Z=erreur standard.

Tableau 2

Incidence et Sévérité moyenne de la bactériose à différentes altitudes dans 16 communes de production cotonnière.

| Communes  | Zone cotonnière    | Incidence (%)          | Sévérité (%)             | Altitude (m) |
|-----------|--------------------|------------------------|--------------------------|--------------|
| Banikoara | Alibori-Atacora    | 100±0,0 <sup>2</sup> a | 79,4±11,3 <sup>2</sup> a | 292±8,6      |
| Kandi     | Alibori-Atacora    | 100±0,0a               | 79,6±18,1a               | 288,2±22,7   |
| Segbana   | Alibori-Atacora    | 96,5±4,1c              | 66,0±25,6bc              | 302±29,5     |
| Gogounou  | Alibori-Atacora    | 98,6±1,8b              | 74,3±25,5ba              | 318,3±15,5   |
| Pehunco   | Alibori-Atacora    | 79,6±11,0g             | 46,3±31,0e               | 362,6±36,2   |
| Tanguiéta | Alibori-Atacora    | 89,3±4,7e              | 58,5±31,4dc              | 240±2        |
| Cobly     | Alibori-Atacora    | 61,6±21,9i             | 37,0±34,1f               | 213,6±26,8   |
| Kouandé   | Alibori-Atacora    | 70,0±0,0h              | 33,0±27,6f               | 407±26,0     |
| Bembèrèkè | Borgou-Donga       | 75,0±25,2f             | 55,2±37,8de              | 345±11       |
| Sinendé   | Borgou-Donga       | 51,0±9,4j              | 32,7±32,5f               | 342±9,3      |
| Djougou   | Borgou-Donga       | 96,0±0,0d              | 71,4±19,1ba              | 461±25,0     |
| N'dali    | Borgou-Donga       | 89,5±3,5e              | 55,4±25,9de              | 330±16       |
| Glazoué   | Collines           | 35,3±6,6k              | 11,2±20,2g               | 185,6±11,7   |
| Savalou   | Collines           | 28,3±5,5l              | 5,0±8,9hg                | 179,3±14,8   |
| Djidja    | Zou-Plateau-Couffo | 20,6±18,0m             | 5,1±12,7hg               | 130,3±19,0   |
| Kétou     | Zou-Plateau-Couffo | 0,0±0,0n               | 0,0±0,0h                 | 75,3±7,1     |
| F         |                    | 939,8                  | 118,8                    |              |
| p         |                    | <.0001                 | <.0001                   |              |

Les valeurs d'incidence et de sévérité avec les mêmes lettres ne sont pas significativement différentes au seuil de 5% Z=erreurs standards

Tableau 3

Sévérité (AUSPC) de sept (7) variétés de cotonnier à l'infection par trois (3) isolats de Xam.

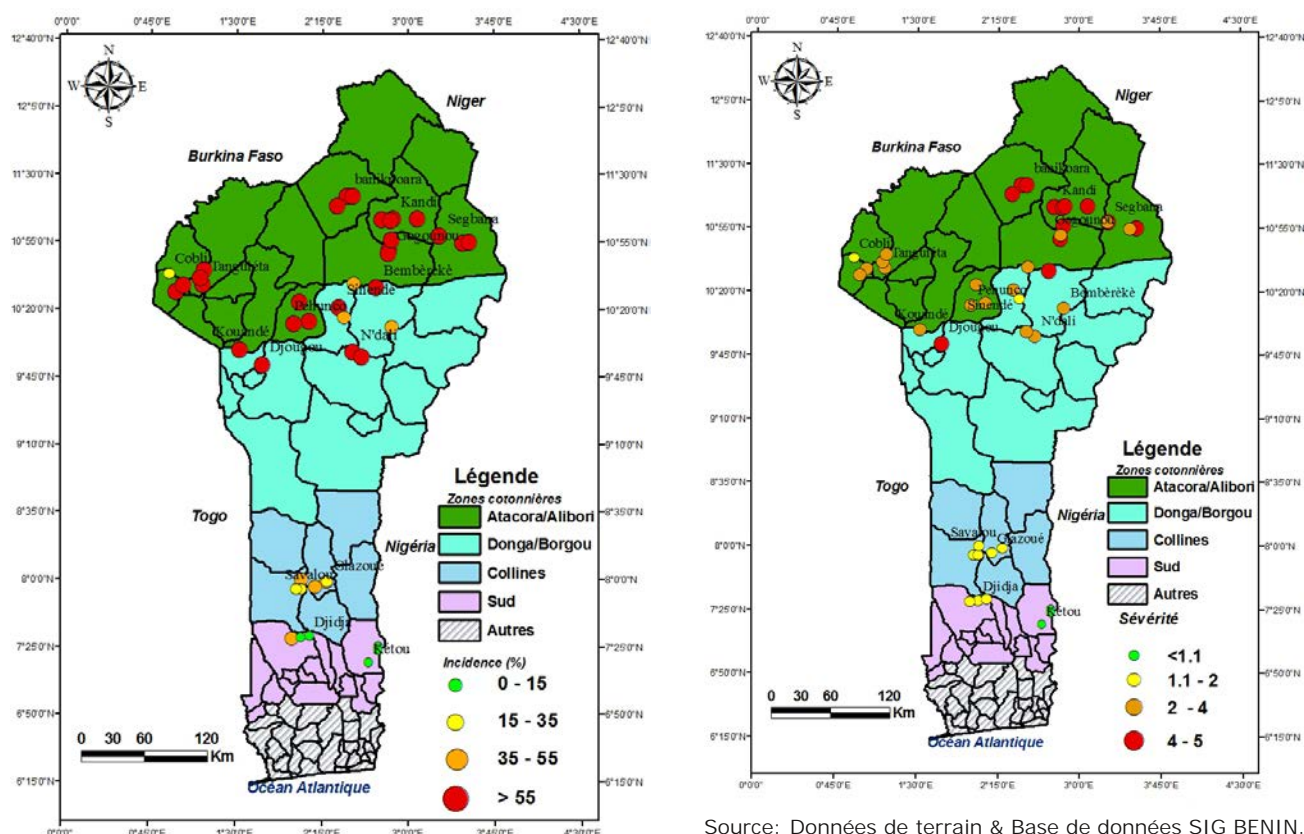
| Variétés | Isolats              |                      |                      |
|----------|----------------------|----------------------|----------------------|
|          | UP-GO-S <sub>2</sub> | UP-GL-S <sub>3</sub> | UP-SN-S <sub>2</sub> |
| K768-3   | 34,5±2,8b            | 31,5±1,5ab           | 34,5±1,5a            |
| E956-2   | 33,0±1,7b            | 33,0±2,1ab           | 23,2±1,8cd           |
| H769-5   | 37,5±1,5b            | 29,2±2,2bc           | 30,0±1,7b            |
| I875-3   | 36,0±0,0b            | 31,5±1,4ab           | 22,5±1,9d            |
| H279-1   | 34,5±1,5b            | 21,7±0,7d            | 24,0±3,2cd           |
| E944-2   | 36,0±0,0b            | 30,0±2,1b            | 19,5±1,5e            |
| H782-3   | 42,0±0,0a            | 33,7±3,3a            | 26,2±0,7c            |
| F        | 3,8                  | 3,6                  | 6,9                  |
| P        | 0,01                 | 0,012                | 0,0004               |

Les valeurs AUSPC avec les mêmes lettres ne sont pas significativement différentes au seuil de 5%.

UP : Université de Parakou ; GO : Gogounou ; GL : Glazoué ; SN : Sinendé ; S<sub>2</sub>: site2 ; S<sub>3</sub>: site3

Figure 1

Cartes de distribution de l'incidence et de la sévérité de Xam dans les bassins cotonniers du Bénin en 2012.



Source: Données de terrain & Base de données SIG BENIN.

Source: Données de terrain & Base de données SIG BENIN.

GL-S<sub>3</sub> qu'à UP-SN-S<sub>2</sub> alors qu'une réaction contraire a été notée avec les variétés H279-1, K768-3 et H769-5.

## Discussion

L'ampleur des valeurs moyennes d'incidence jusqu'à 89,3% et de sévérité jusqu'à 62,6% montre que la bactériose du cotonnier pourrait devenir une importante maladie du cotonnier au Bénin. Les analyses ont révélé un gradient nord-sud en ce qui concerne son incidence et sa sévérité. Les conditions météorologiques y ont été certainement favorables au développement de la bactérie (température 21,4-34,5°C, hygrométrie 60-96% ; pluviométrie 967 mm). *Xanthomonas* est un genre dont le développement exige de fortes conditions d'humidité, avec une température comprise entre 30-33°C (13). Cette condition est bien caractéristique de la zone Nord. La différence d'altitude entre le nord et le sud peut expliquer ce gradient. En effet l'altitude élevée prédispose la plante aux maladies (3). La sévérité de la bactériose enregistrée au Nord Bénin peut s'expliquer par le

fait que le Nord produit régulièrement le cotonnier sur de vastes étendus sans une rotation culturale appropriée et sans destruction immédiate des restes de récolte.

La différence de réaction observée entre les isolats et les variétés étudiées indique l'existence de races et de gènes de résistance. Bien que les réactions ne soient pas très claires, la nécessité d'effectuer d'autres études avec plus d'isolats provenant de différentes zones agroécologiques et un groupe différentiel de cotonniers s'avère indispensable. Les recommandations aux sélectionneurs et aux producteurs de coton dépendent fortement de la résistance des variétés aux races. Par exemple la variété E944-2 est très sensible à l'isolat UP-GO-S<sub>2</sub>, mais est la plus résistante des variétés avec l'isolat UP-SN-S<sub>2</sub>. Ainsi une réaction différentielle a été observée et mérite d'être analysée dans d'autres études. La différence de virulence observée entre les isolats peut s'expliquer par l'existence et de l'émergence dans les champs, des souches naturelles de *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum* pouvant contourner toutes les sources

de résistance dont les associations de gènes majeurs confirment le problème de la bactériose (12). La virulence du genre *Xanthomonas* peut s'expliquer par la synthèse des substances biologiques comme l'acide indolacétique, les bactériocines et de la cytokinine (17). La variation de la sensibilité observée au sein des variétés peut s'expliquer par les caractéristiques génétiques de chaque variété et de l'existence de races de Xam. Aussi les interactions spécifiques entre isolat et variété pourraient expliquer cette différence de sensibilité entre variété (16).

### Conclusion

Les résultats obtenus à travers cette étude montrent que la bactériose du cotonnier est bien présente au Bénin et les grandes valeurs incidence et de sévérité sont obtenues au Nord Bénin. La sévérité de la maladie dépend des conditions de culture et de l'environnement dans chaque zone.

La collection de plus d'isolats provenant de zones agroécologiques différentes est nécessaire et l'identification de races et la réaction à un grand nombre de variétés à des isolats ou des races doit être envisagée. Ainsi, l'application de méthode de lutte intégrée incluant l'utilisation de semences délimitées indemnes de Xam est recommandée.

### Remerciements:

Les auteurs remercient le Conseil Scientifique de l'Université de Parakou et l'Institut National des Recherches Agricoles du Bénin pour le financement de la présente étude.

### References bibliographiques

1. Akello B. & Hillocks R.J., 2002, Distribution and Races of *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum* on Cotton (*Gossypium hirsutum*) in Uganda, *J. Phytopathol.*, 150, 65–69.
2. Bird L.S., Brinkerhoff L.A. & Davis R.G., 1981, Bacterial blight, In *Compendium of Cotton Diseases*, ed, Watkins G.M., pp. 25– 28, St. Paul MN, APS Press.
3. Boisson C., 1984, Mise au point phytopathologique: anthracnose du caféier, O.R.S.T.O.M, fond documentaire 16152, Cote B p 281.
4. Brinkerhoff L.A., 1970, Variation in *Xanthomonas malvacearum* and its relation to control, *Annual Rev. Phytopathol.*, 8, 85–110.
5. Brinkerhoff L.A., Verhalen L.M., Johnson W.M., Essenberg M. & Richardson P.E., 1984, Development of immunity to bacterial blight of cotton and its implications for other diseases, *Plant Dis.*, 68, 168– 73.
6. Chakrabarty P.K., Duan Y.P. & Gabriel D.W., 1997, Cloning and characterization of a member of the *Xanthomonas avr/pth* gene family that evades all commercially utilized cotton R genes in the United States, *Phytopathol.*, 87, 1160–67.
7. El-Nur E., 1970, Bacterial blight of cotton, In: *Cotton growth in the gezira environment*, eds, M.A. Siddig & Hughes L., pp. 179-188, Sudan Agricultural Research Corporation.
8. Follin J.C., Girardot B., Mangano V. & Benetez R., 1988, Nouveaux résultats sur le déterminisme génétique de la résistance foliaire totale du cotonnier (*Gossypium hirsutum*) à la bactériose *Xanthomonas campestris* pv. *malvacearum* (Smith) Dye, races 18 et 20, *Coton et Fibre Trop.*, 43, 167-175.
9. Follin J.C., 1990, Communications sur la bactériose, Réunion des sélectionneurs IRCT. 30 juillet - 4 août 1990, 14 p.
10. Gabriel D.W., Burges A. & Lazo G.R, 1968, Gene for gene interaction of five cloned avirulence genes from *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum*. *Proceedings National Academy Sciences, USA*, 83, 6415-6419.
11. Guibordeau P. & Yehouessi M.T., 1982, Réaction différentielle de la variété J 193 (*G. hirsutum*) après infection artificielle au champ avec deux inoculum d'origines différentes, *Coton et Fibre Trop.*, 37, 2, 225.
12. Hillocks R.J., 1992, Bacterial blight, In *Cotton*

- diseases, ed. RJ Hillocks, pp. 39-85, Wallingford, UK: CAB international Redwood press, Melksham.
13. Huang X., Zhai J., Luo Y. & Rudolph K., 2008, Identification of a highly virulent strain of *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum*, Eur. J. Plant Pathol., 122, 461- 469.
  14. Hunter R.E., Brinkerhoff L.A. & Bird L.S., 1968, The development of a set of upland cotton lines for differentiating races of *Xanthomonas malvacearum*. Phytopathol., 58, 830-832.
  15. Innes N.L. & Brown S.J., 1974, Genetical and environmental variation for resistance to bacterial blight of upland cotton, Heredity, 32, 53-72.
  16. Jaruwat T., 2008, RpfF gene of *Xanthomonas axonopodis* pv. *glycines* involved in the regulation of virulence factor production and epiphytic fitness of bacterial pustule pathogen on soybean leaves, Plant Pathol., 10-14.
  17. Jeger M.J. & Viljanen-Rollinson S.L.H., 2001, The use of the area under the disease progress curve (AUDPC) to assess quantitative disease resistance in crop cultivars, Theor. Appl. Gen., 102, 32-40.
  18. Kranz J., 1988, Measuring plant disease, In: Experimental techniques in plant disease epidemiology, Kranz J. & Rotem J., Eds., Springer, Berlin, ISBN: 978-0-387-18128-8, 35-50.
  19. Ouédraogo S.L., Sanfo D., Somda I. & Tiemtore B.C., 2009, Analyse de l'influence du fonds génétique, des conditions climatiques et du mode de protection phytosanitaire sur l'expression de la bactériose chez différentes variétés de cotonnier au Burkina Faso, Tropicultura, 27, 31-34.
  20. Poswal M.A.T., 1988, Races of *Xanthomonas campestris* pv. *malvacearum* (Smith) Dye, the causal organism of bacterial blight of cotton, in Nigeria, J. Phytopathol., 123, 6-11.
  21. Sekloka E., Lançon J., Goze E., Hau B., Lewicki S. & Thomas G., 2008, Breeding new cotton varieties to fit the diversity of cropping conditions in Africa—Effect of plant architecture, earliness and effective flowering time on late-planted cotton Productivity, Exp. Agric., 44, 197-207.
  22. Shaner G. & Finney R.E., 1977, The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat, Phytopathol., 67, 1051-1056.
  23. Yehouessi M.T., 1988, Protocole de cotation bactériose campagne 1987/1988. S.R.C.F.J. Station de N'Taria B.P. 28. Koutiala, cellule génétique, 3 p.
  24. Zinsou V., Wydra K., Ahohouendo B. & Hau B., 2005, Genotype environment interactions in symptom development and yield of cassava genotypes with artificial and natural cassava bacterial blight infections, Eur. J. Plant Pathol., 111, 217-233.
  25. Zomorodian A., & Rudolph K., 1993, *Xanthomonas campestris* pv. *malvacearum*: cause of bacterial blight of cotton, In: *Xanthomonas*, ed. JG Swings, EL Civerolo, pp. 25–30, London: Chapman & Hall.

V.A. Zinsou, Béninois, PhD, Université de Parakou, Phytopathologiste et Vice-Doyen de la Faculté d'Agronomie, Parakou, Bénin.  
 L.A.C. Afouda, Béninois, PhD, Université de Parakou, Directeur du Centre de Perfectionnement en Sciences Agronomiques et Chef du Laboratoire d'Analyse et de Recherche en Microbiologie, Phytopathologie et Protection des Végétaux, Parakou, Bénin.  
 A. Hogni, Béninois, Doctorat, Sélectionneur et Chef Antenne Nord, Institut National des Recherches Agricoles du Bénin Centre de Recherches Agricoles Coton et Autres Fibres Textiles, Parakou, Bénin.

S. Affomassè, Ingénieur Agronome, Université de Parakou, Assistant de Recherche au LAReM3P, Parakou, Bénin.

E. Sèkloka, Doctorat, Université de Parakou, Faculté d'Agronomie, Sélectionneur, Génétique et amélioration des plantes, Parakou, Bénin.