Amélioration des plantes et évolution de la diversité génétique des plantes cultivées

André Gallais

Membre de l'Académie d'Agriculture

Perte ou non de diversité génétique cultivée due à l'amélioration des plantes ?

La diversité génétique chez les plantes cultivées peut être vue à trois niveaux :

. dans les champs de l'agriculteur (intra et inter-champs)

. à la disposition de l'agriculteur (offre variétale)

. à la disposition des sélectionneurs = ressources génétiques

Deux parties dans notre présentation :

- la diversité dans le champ de l'agriculteur
- la diversité à la disposition de l'agriculteur

I. L'évolution de la diversité génétique dans les champs des agriculteurs

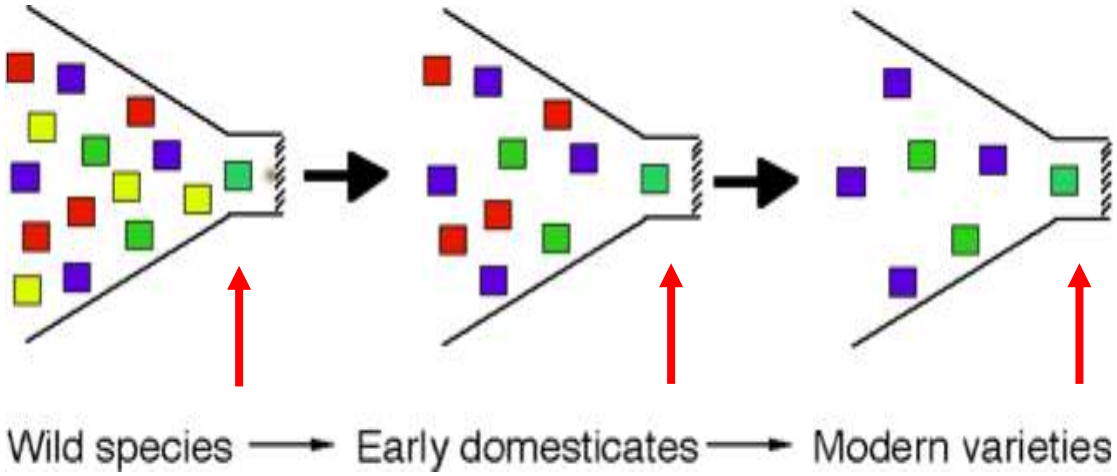
De la domestication, il y a 8000 à 10000 ans, à l'agriculture d'aujourd'hui

…. moins d'espèces cultivées

… de moins en moins de populations par espèce cultivée

… des populations de plus en plus homogènes

Selon Tanksley (2011) trois niveaux de perte de diversité cultivée :



(Intra-champ)

La domestication des plantes, la 1ère cause de perte de diversité il y a 8-10000 ans

Choix d'un nombre limité d'espèces végétales :

350 espèces cultivées /250 000, mais seulement 14 espèces nourrissent le monde et 3 (blé, riz, maïs) contribuent pour 51 % aux calories consommées

Perte de diversité intra-espèce (plus chez les autogames)

30 % chez le maïs, 70 % chez le blé tendre, 80-85 % chez le blé dur

Evolution de la diversité post-domestication, deux grandes étapes

1) d'abord une **sélection « massale »** pendant une longue période
(jusqu'en ~1910 chez le blé, ~1930-1950 pour le maïs)

- développement de populations hétérogènes résultant de la sélection naturelle dans le champ + choix agriculteur

- populations en nombre réduit dans une région
(une seule population, avec des variantes, et pendant longtemps)

Je reviendrai là-dessus en conclusion

2) puis **début de l'amélioration des plantes « scientifique », à la fin du XIXe siècle**

- Chez les céréales autogames à partir de 1870, travaux de L de Vilmorin (1856) en France

. sélection sur descendances (autofécondation) : extraction lignées des popu

. variétés lignées pures dès le début du XXe siècle chez les céréales autogames (blé), mais encore hétérogénéité dans le champ, car fort auto-approvisionnement de l'agriculteur, jusque vers 1960-1970

A partir de 1960-1970, renouvellement plus fréquent des variétés (blé : 55 %)

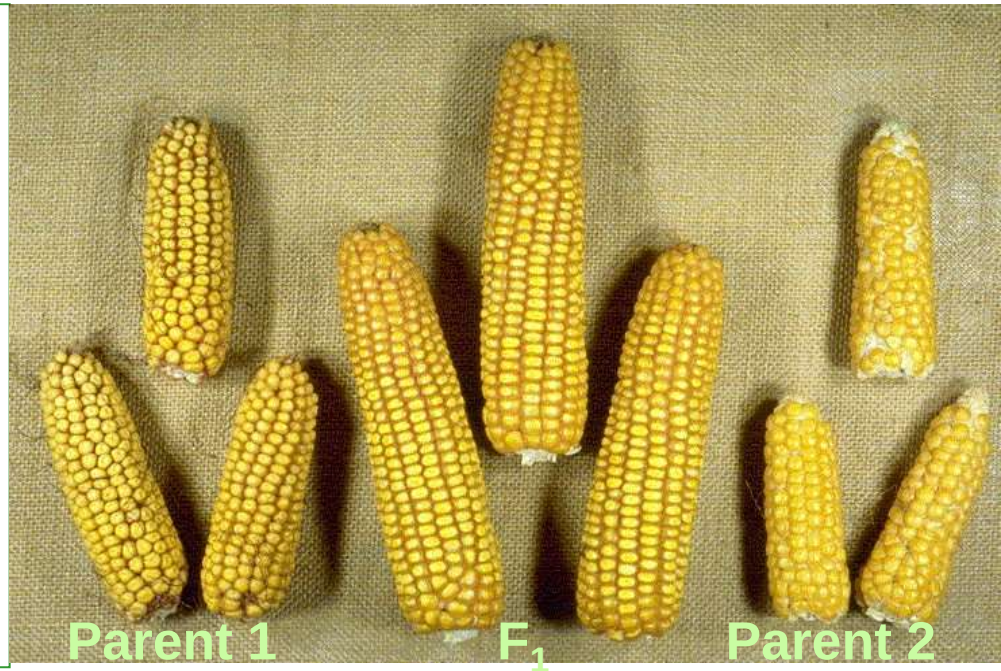
Aujourd'hui, un champ de blé = un génotype

- Chez les plantes allogames : travaux de Shull (1908) chez le maïs, même évolution que chez les plantes autogames, passage des populations hétérogènes à des variétés homogènes, les hybrides simples entre lignées.

Variétés hybrides :
D'abord hybrides doubles ou trois voies au départ, et hybrides simples (croisement de deux lignées).

En France travaux sur le maïs de A. Cauderon, Hybrides doubles 1955, Hybrides simples vers 1980 (Déa)

Hybride simple = un génotype, mais diversité « intra-plante »



Hybride simple

Conséquences : aujourd'hui variétés « monogénotypiques », variétés lignées chez les autogames, variétés hybrides simples (ou faux 3-voies) chez les allogames au début puis chez les autogames (blé, orge, tomate…)

Exception : les plantes fourragères allogames (variétés synthétiques) « populations » à base génétique étroite (6 à 10 fondateurs)

Pourquoi cette évolution vers des variétés homogènes ?

- résultat de l'efficacité des méthodes de sélection

- adaptation au milieu (maladies) ; recherche de différentes qualités (nutritionnelle, technologique…) ; mécanisation de la culture (standardisation) ; adaptation aux techniques culturales ;

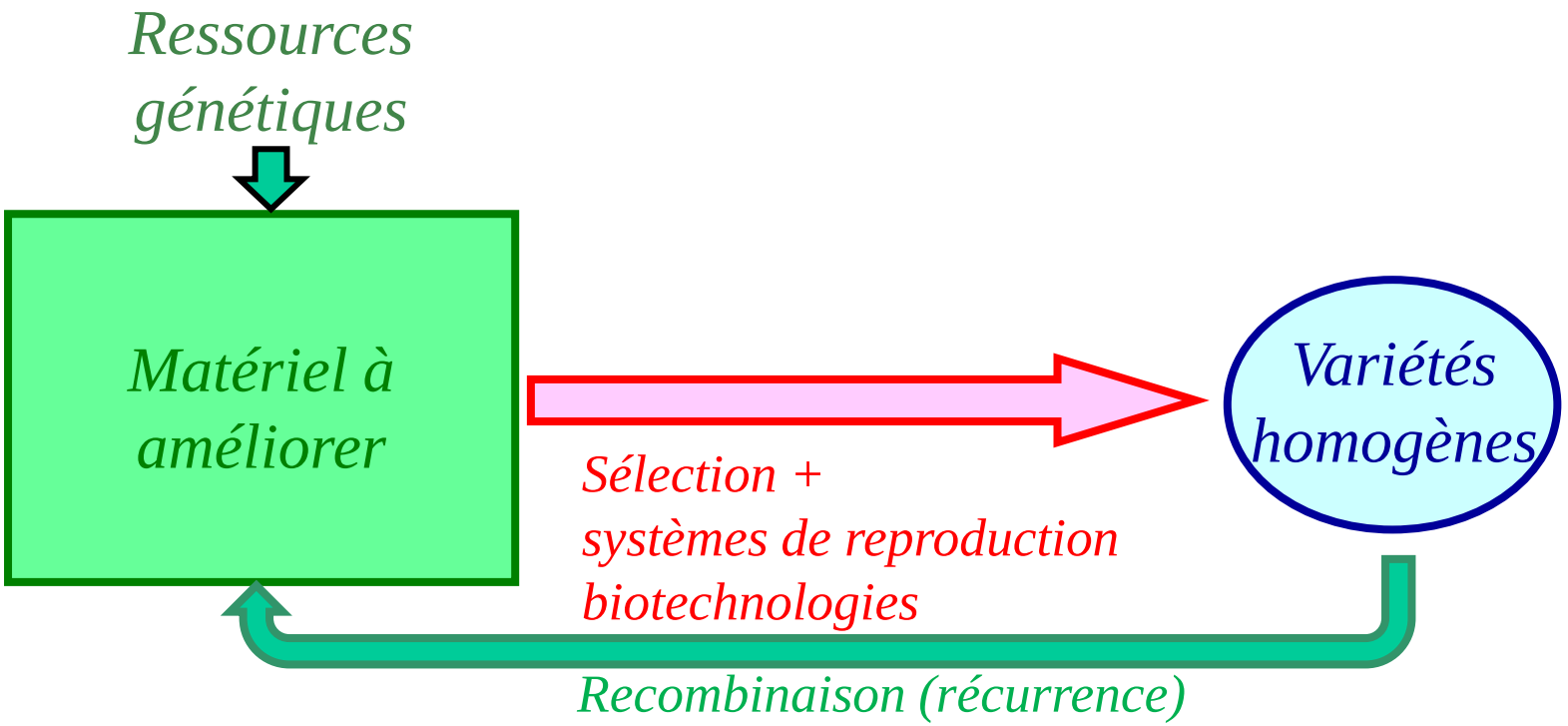
- recherche du rendement maximum dans un milieu donné (rares exceptions), meilleure culture pure > meilleur mélange, ou dans plusieurs milieux avec cumul de gènes d'adaptation **(~ diversité intra-plante).**

	Lignée A Gènes G1	Lignée B Gènes G2	Mélange A + B ~ population	Lignée C Gènes G1 + G2
Milieu 1	100	80	90-95	**100**
Milieu 2	80	100	90-95	**100**
Milieu 1 + 2	90	90	90-95	**100**

- mais aussi aspects réglementaires (DHS) pour l'inscription (CTPS), le contrôle (certification) et la protection des obtentions (COV)

Parallèlement, moins d'espèces cultivées car rotations simplifiées

L'amélioration des plantes actuelle



La création variétale n'est pas une simple « extraction » des meilleurs génotypes des populations

Réunion dans un même génotype de gènes favorables, « dispersés »; pour cela il faut une gestion de la variabilité génétique « utile » (gènes favorables). On peut perdre les gènes défavorables (ex sensibilité aux maladies, au froid, à la sécheresse…)

Système ouvert qui permet progrès et diversité dans espace et le temps

II. Evolution de la diversité génétique entre variétés à la disposition de l'agriculteur

Les indicateurs possibles de la diversité génétique des variétés commercialisables (inscrites au catalogue officiel) :

Nombre de variétés : total (inscrites), commercialisées

Diversité phénotypique (multitraits)

Apparentement (diversité = 1 – coef parenté)

Diversité de l'ADN : Indice de Nei (variance des fréquences alléliques des marqueurs moléculaires), nombre d'allèles

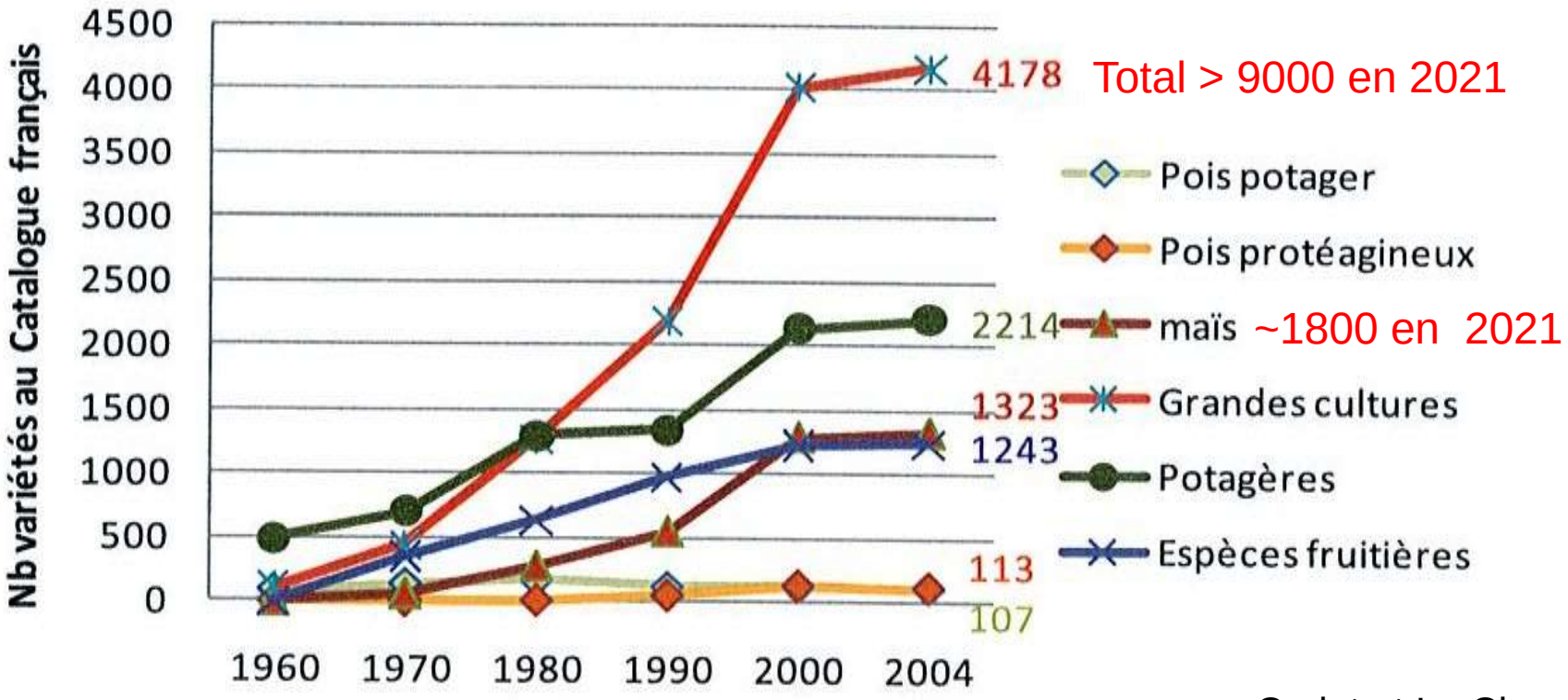
II.1. Le nombre de variétés : augmentation régulière pour toutes les espèces

diversification des types de développement (précocité, type hiver/ptps…)

diversification des usages et qualités (blés panifiables BPS, BPC, Blés biscuitiers BB, BAU)… maïs (ensilage, amidon amylopectine, amylose)

adaptation à différents types de milieux, ex AB. Rôle CTPS.

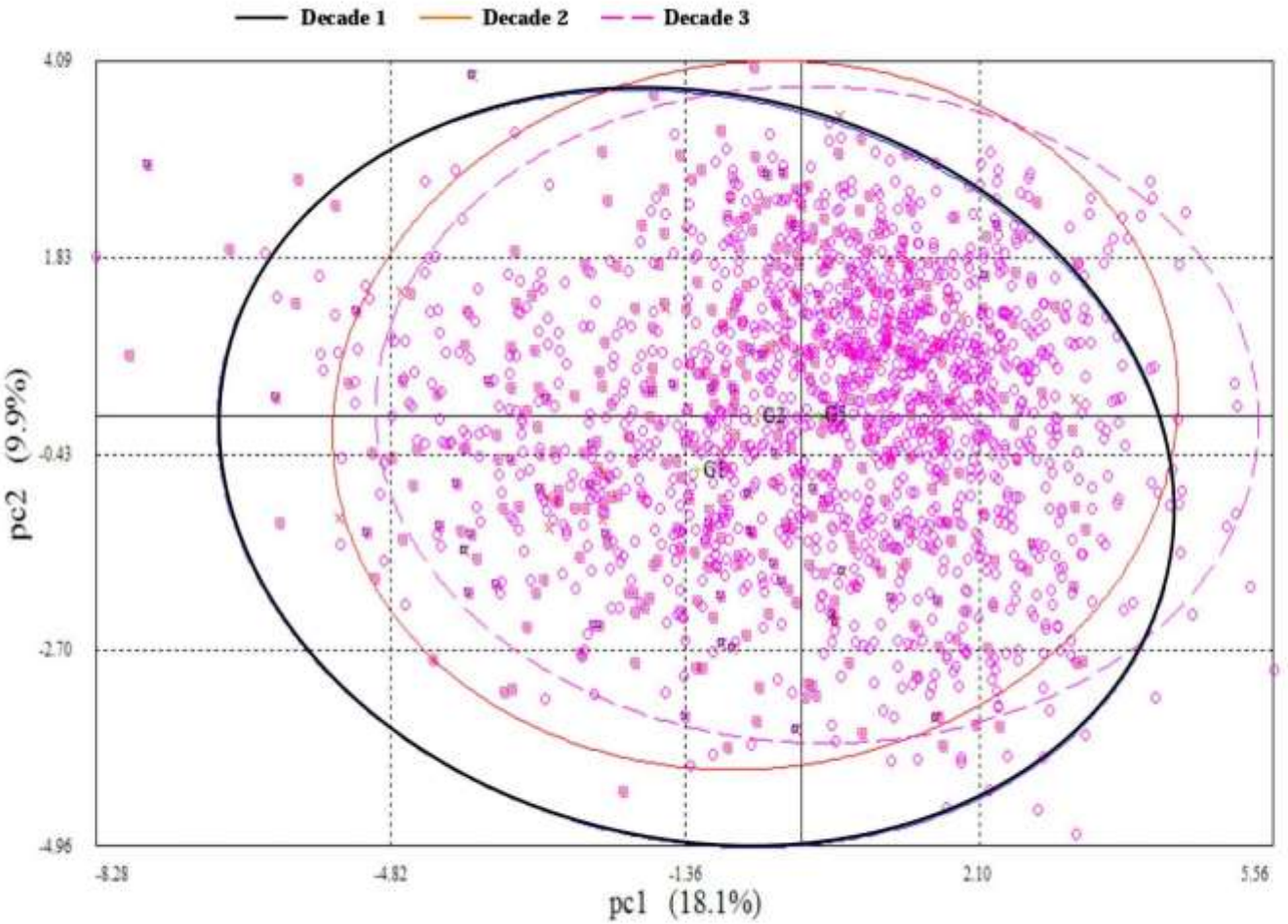
Catalogue : permet gestion de la **diversité phénotypique « utile »**



Total > 9000 en 2021

~1800 en 2021

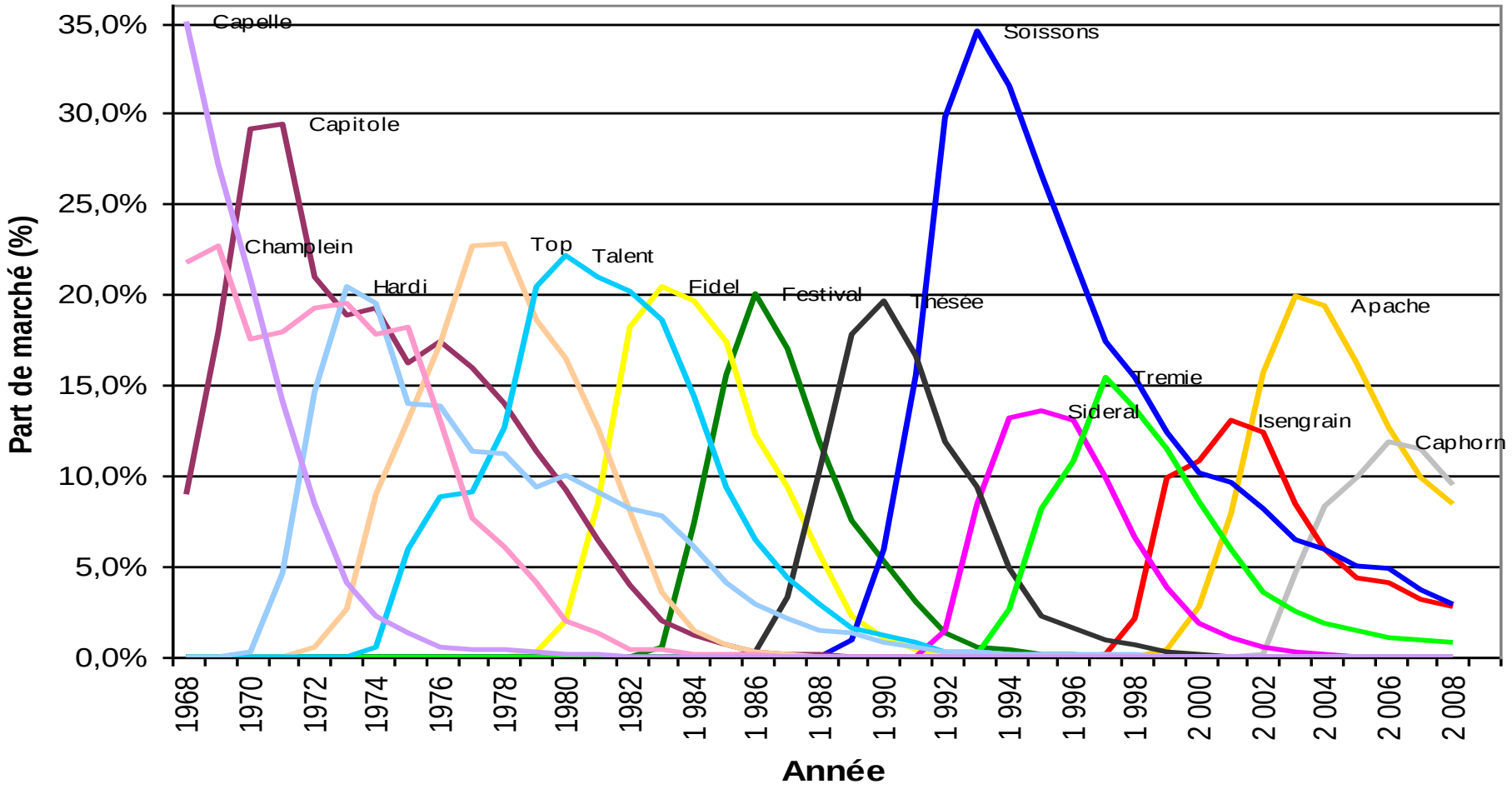
Cadot et Le Clerc, 2010



Diversité phénotypique des lignées de maïs, parents des hybrides au catalogue français

1953-83, 1984-93, 1994-05 Le Clerc *et al*, 2006

Graphe 18 - Parts de marché et cycle de vie de grandes variétés de blé



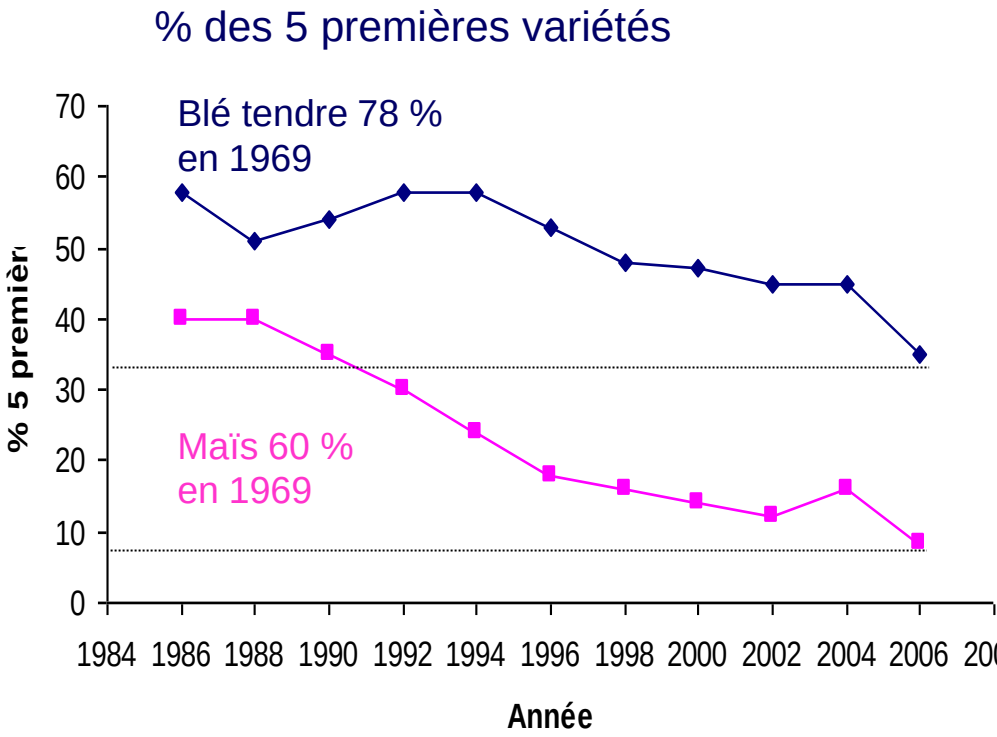
Durée de vie variétés de blé passe de 15 à 6 ans environ
pour le maïs de 10 ans à 4 ans environ
= augmentation de la **diversité temporelle**

Silhol, GNIS, 2010

Augmentation du nombre de bonnes variétés

Augmentation de la diversité des bonnes variétés (d'établissements différents)

Diversité dans une zone donnée



Périodes avec peu de variétés ou avec des variétés apparentées

Ex Blé : variétés à large aire de répartition : blé Capelle (1946), Et. de Choisy (1950)
gènes de nanisme (1970, révolution verte)

Ex Maïs : 1960-1965 75 % des surfaces avec INRA 258 au nord de la Loire
1970-1980, variété LG11, puis variété Déa jusqu'à 25 % du marché
Jusqu'en 1990 85 % des hybrides précoces avec la lignée INRA F2

Ex Colza : premières variétés 0-érucique (1975) et double 0-0 (1990)

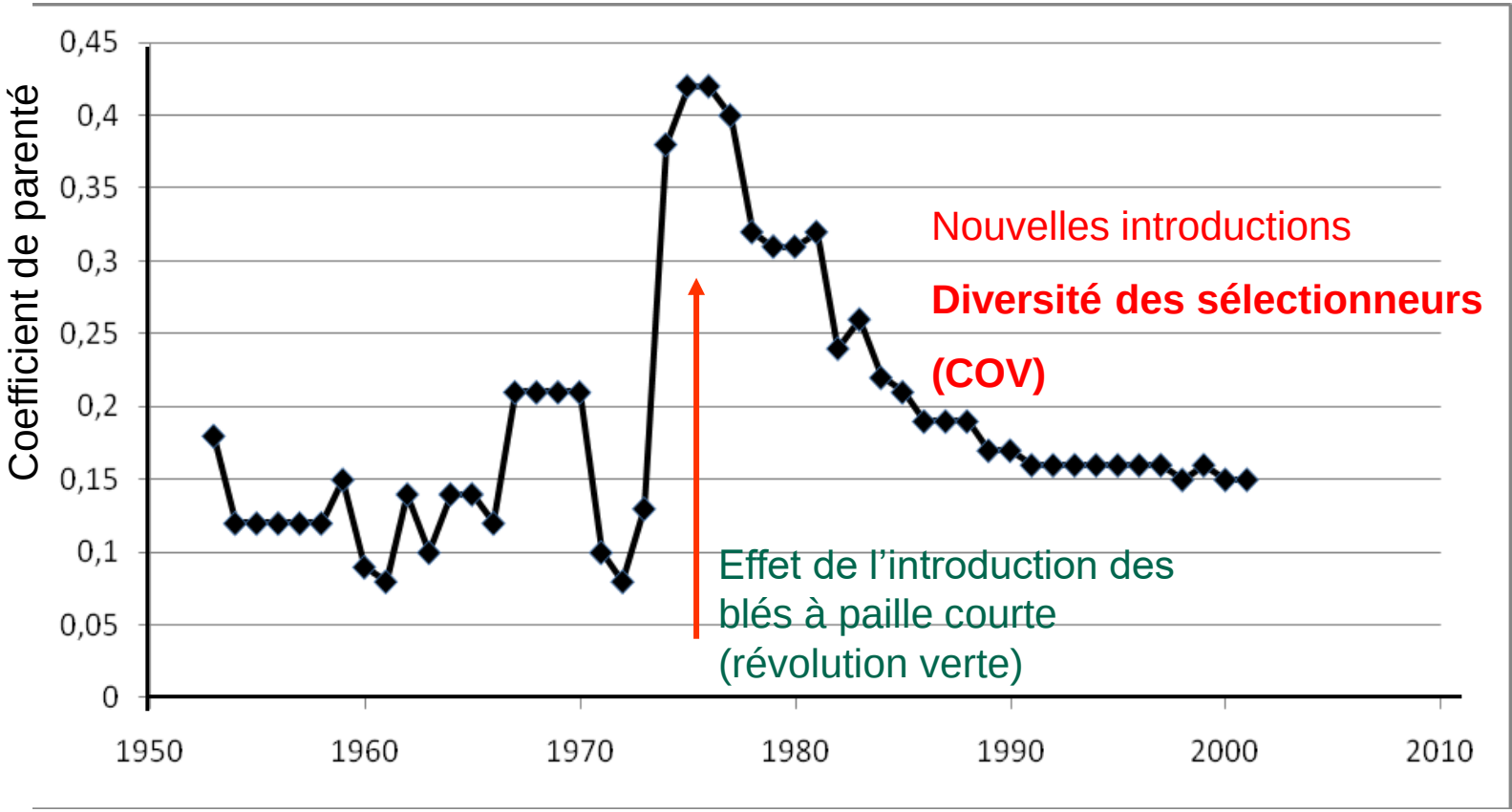
Les innovations importantes entraînent l'apparentement des variétés

Apparentement des variétés dû à des « goulots d'étranglement »

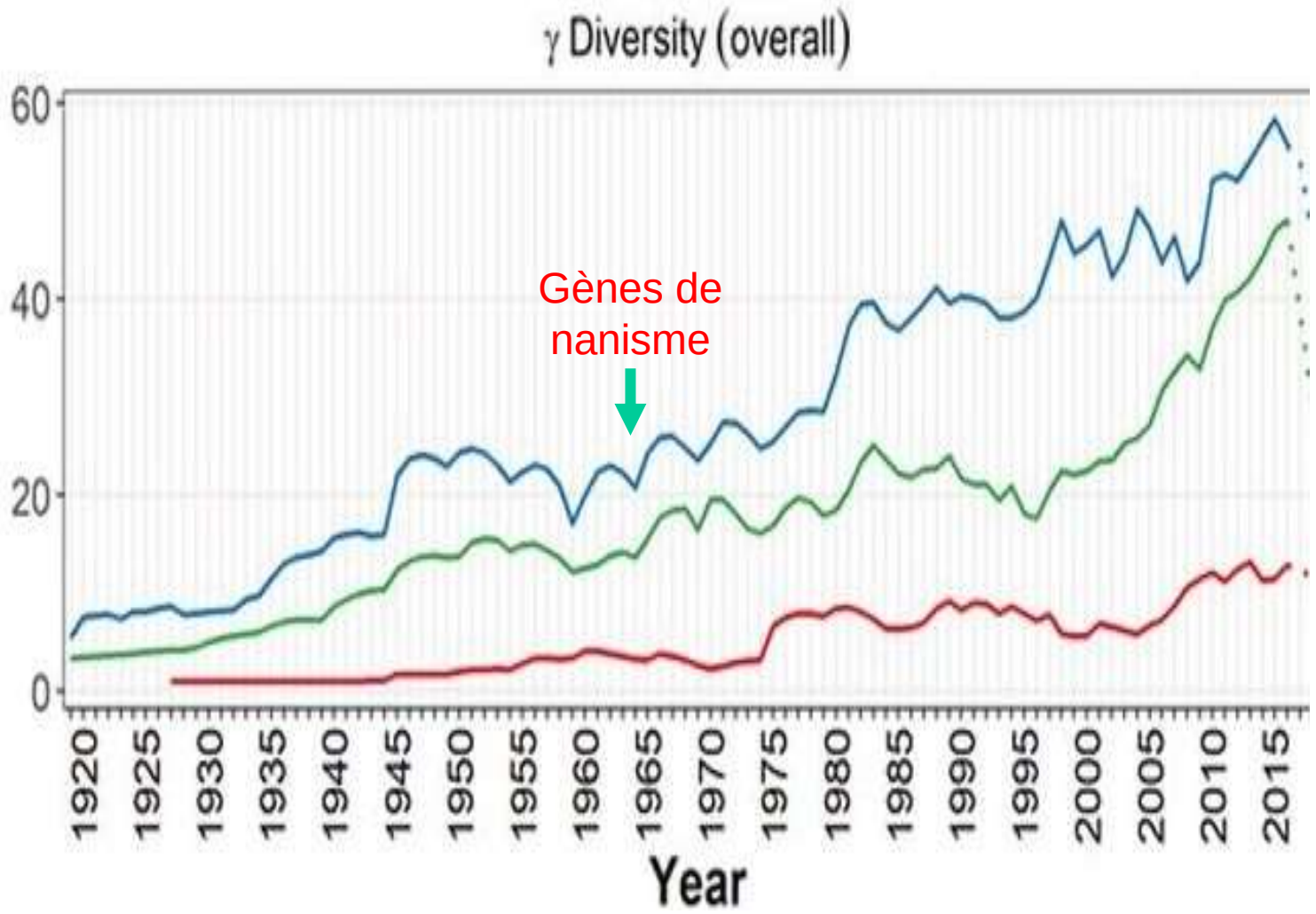
fort apparentement quand « caractère nouveau », mais ensuite diversification (population de sélectionneurs et intra établissement de sélection). Intérêt de la diversité des établissements de sélection

Exemple :

Coefficient moyen de parenté entre les variétés de blé hongroises enregistrées entre 1952 et 2000 (d'après Lang et Bedö, 2004)(Le Buanec, 2010)



Evolution de la diversité phylogénétique* des variétés de blé aux USA de 1919 à 2019 (variétés commercialisées) (Y. Chai *et al*, 2022, PNAS)



Blé d'hiver
31 Mx ha

Blé de printemps
11 Mx ha

Blé dur
2 Mx ha

*diversité liée au nombre équivalent d'ancêtres indépendants (complexité des arbres)

Conclusion de l'étude américaine sur le blé (2022)

"Contrary to commonly held perceptions on the negative impact of modern cropping systems on crop genetic diversity, our results demonstrated a win-win outcome where the widespread uptake of scientifically ***selected varieties increased both crop production and crop diversity****".*

Cela est le résultat de **l'introduction permanente de nouveau matériel génétique.**

Conclusion valable pour d'autres espèces et d'autres pays

Tanksley (2011) : on n'a utilisé que 80-85 % des ressources génétiques utilisables par le sélectionneur (pools primaire et secondaire),
donc importants progrès encore possibles en maintenant la diversité des variétés.

II.3. Evolution de la diversité génétique des variétés étudiée avec les marqueurs moléculaires du génome

Marqueurs = « étiquettes » sur la chaîne d'ADN liées à la séquence des bases

- types de marqueurs : microsatellites (SSR = Single Sequence Repeats)

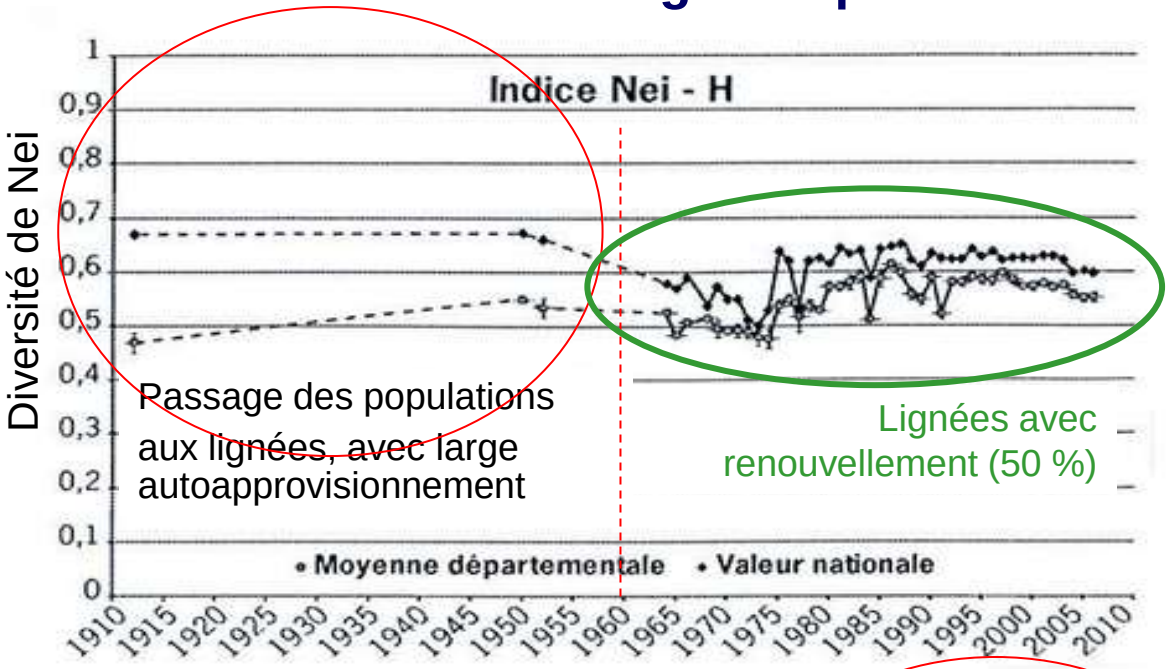
  SNP (single nucleotid polymorphism) grand nombre possible grâce au séquençage du génome

- paramètres : **indice de Nei** (variance des fréquences alléliques) et **nombre d'allèles** aux locus marqueurs

  il faudrait les deux (information différente)

Résultats surtout chez le blé et le maïs, études vers 2010 ou un peu avant ; quelques études plus récentes.

Evolution de la diversité génétique du blé tendre en France



Goffaux *et al*, 2011

1104 variétés, 35 marqueurs SSR

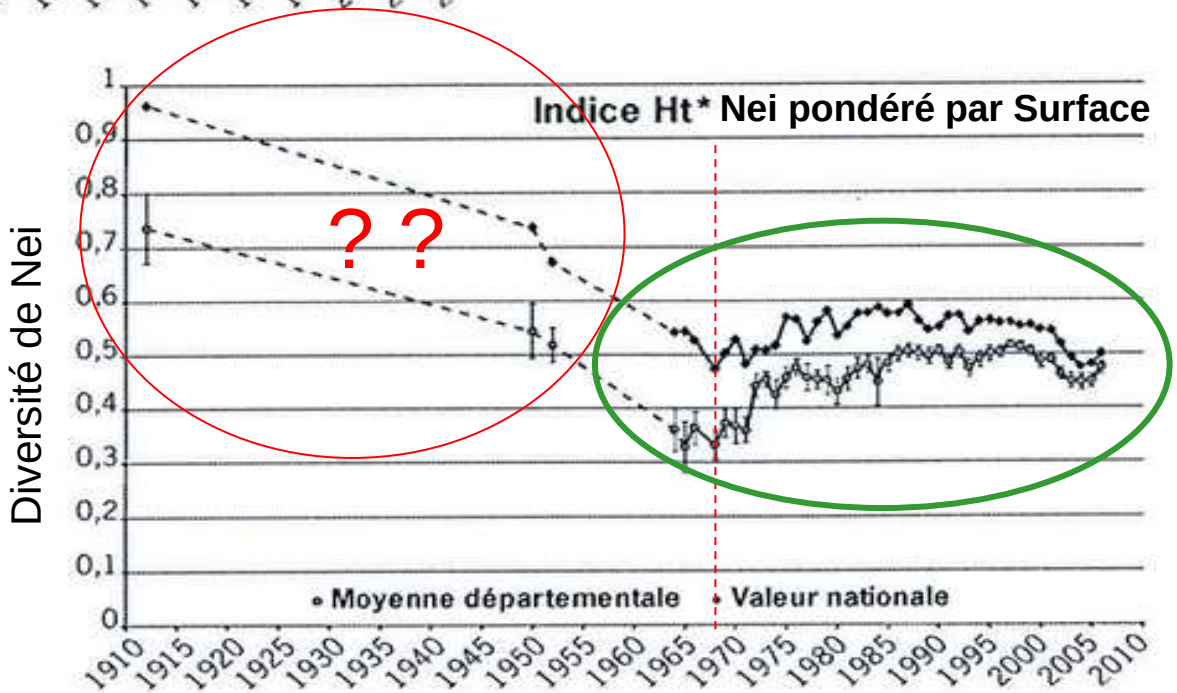
Stabilité entre 1975 et 2010

Avant 1950 ??

Diminution très surestimée en passant des populations aux lignées (Gallais, Lefèvre, 2012)

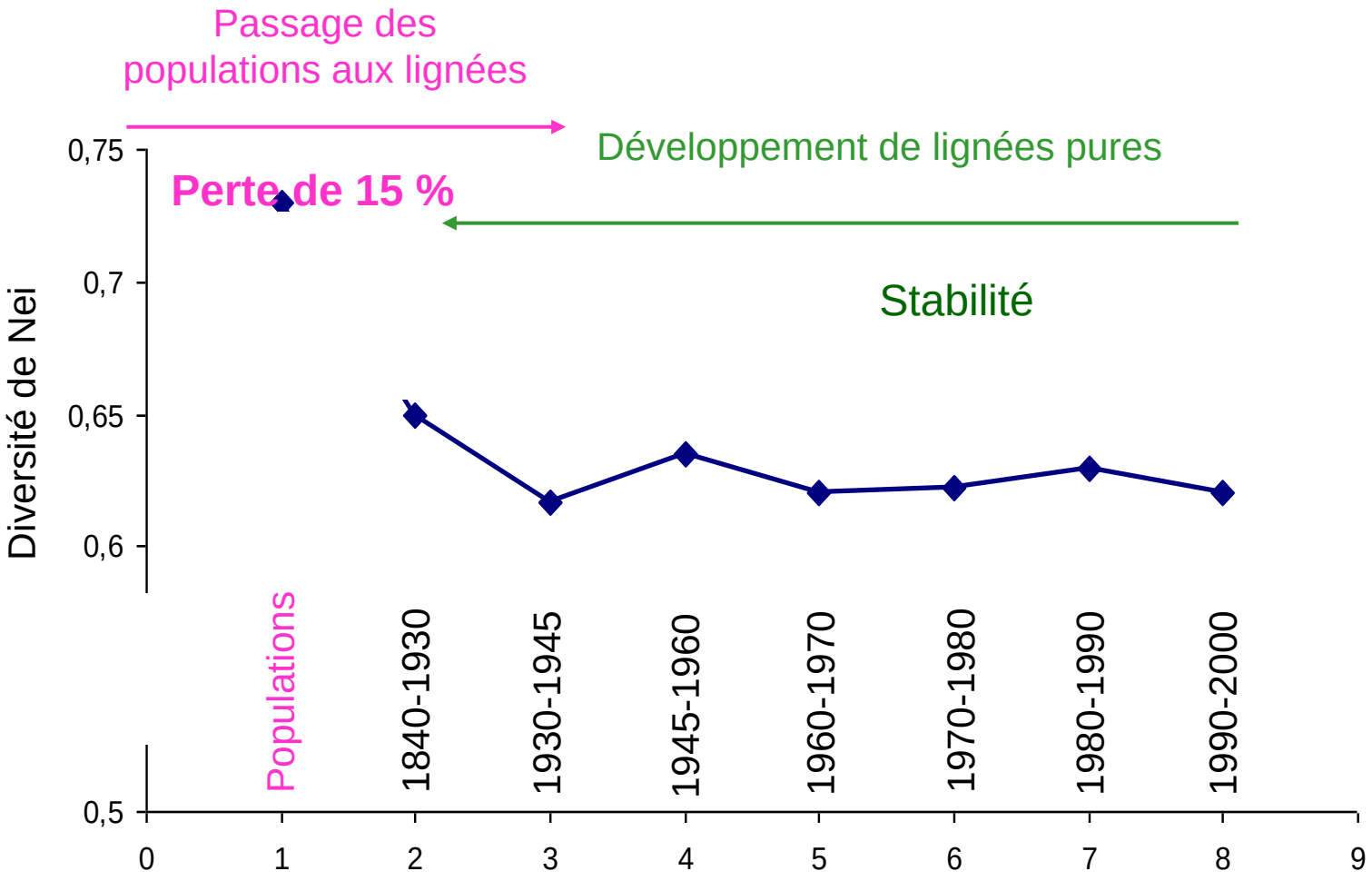
Nombre d'allèles ?

Impact des **allèles nouveaux** ? (**diversité temporelle** ?)



Evolution de la diversité génétique chez le blé tendre en France

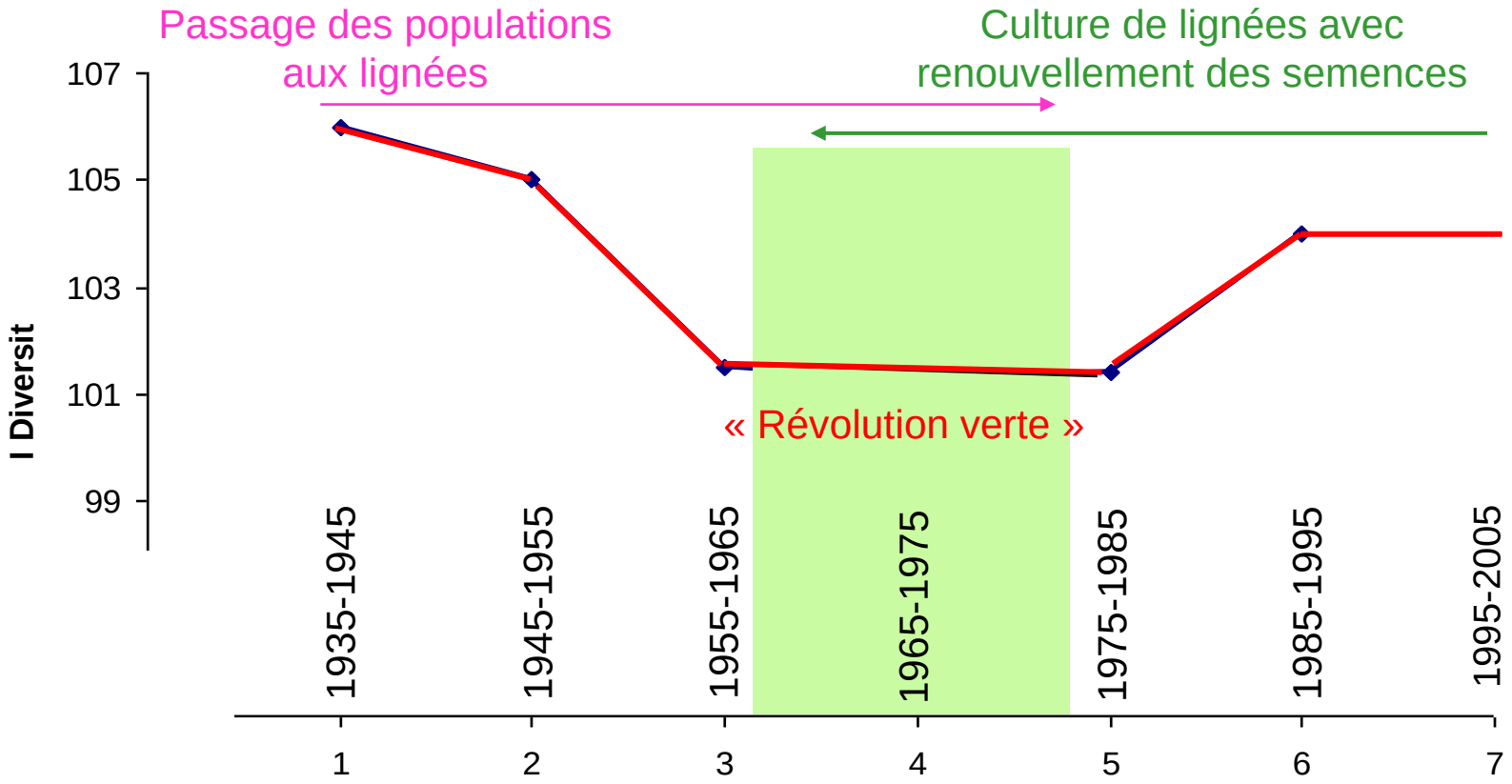
Roussel *et al*, 2004, 559 variétés, 41 SSR



Evolution de la diversité génétique chez le blé tendre en EU

Van de Wouw et al, 2010

30 publications sur le blé



Bilan de la méta-analyse (blé tendre, blé dur, orge (H et P)) :

- diminution de la diversité en passant des populations aux lignées
- effet de la « révolution verte » (gènes de nanisme)
- après 1970 : augmentation, puis stabilité en moyenne

Une étude récente chez le blé aux USA

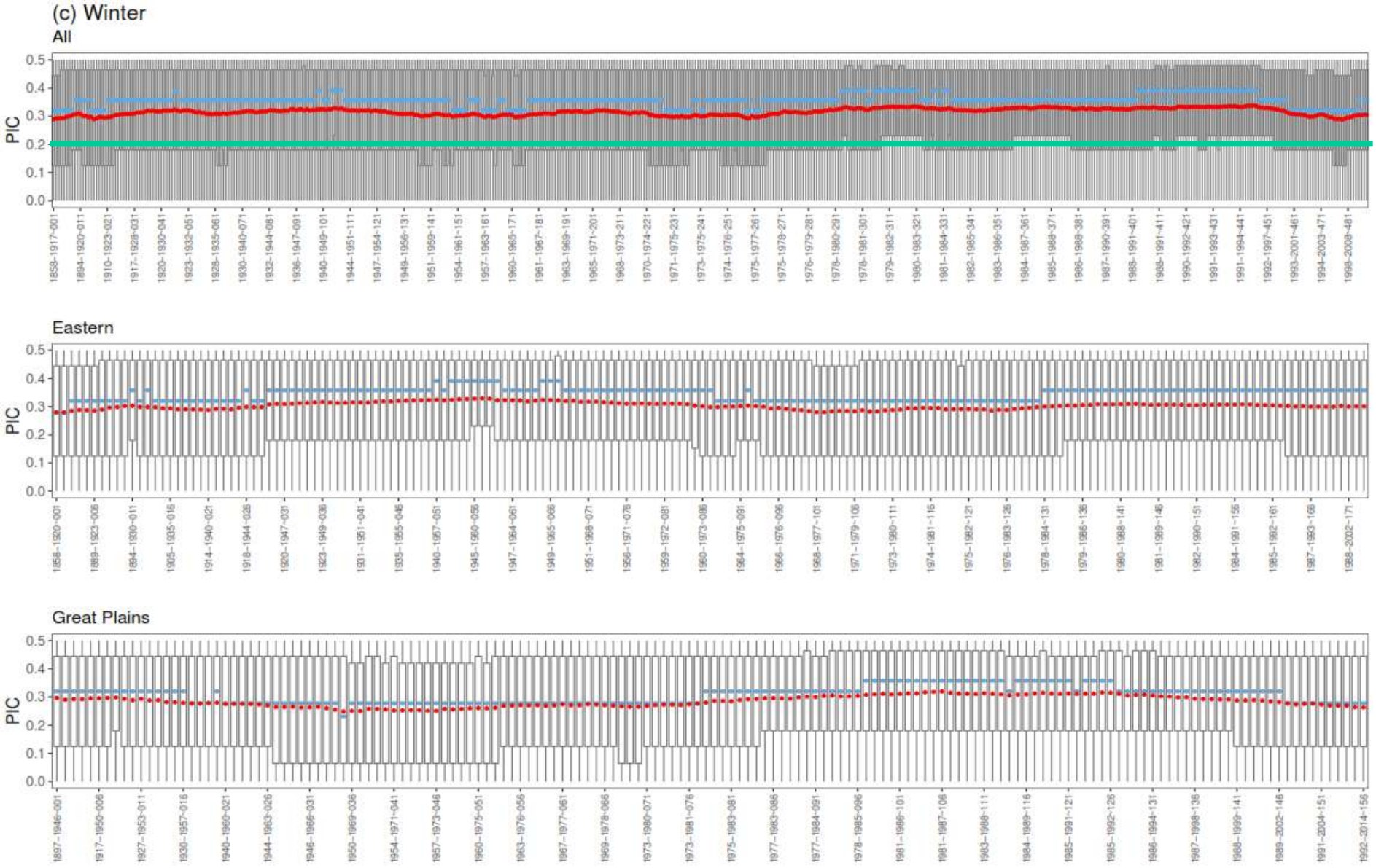
S.R. Sthapit et al « Population structure and genetic diversity of US wheat varieties », 2022, The Plant Genome, 15

754 variétés, de 1855 à 2014 (237 BP, 517 BH)

24000 marqueurs

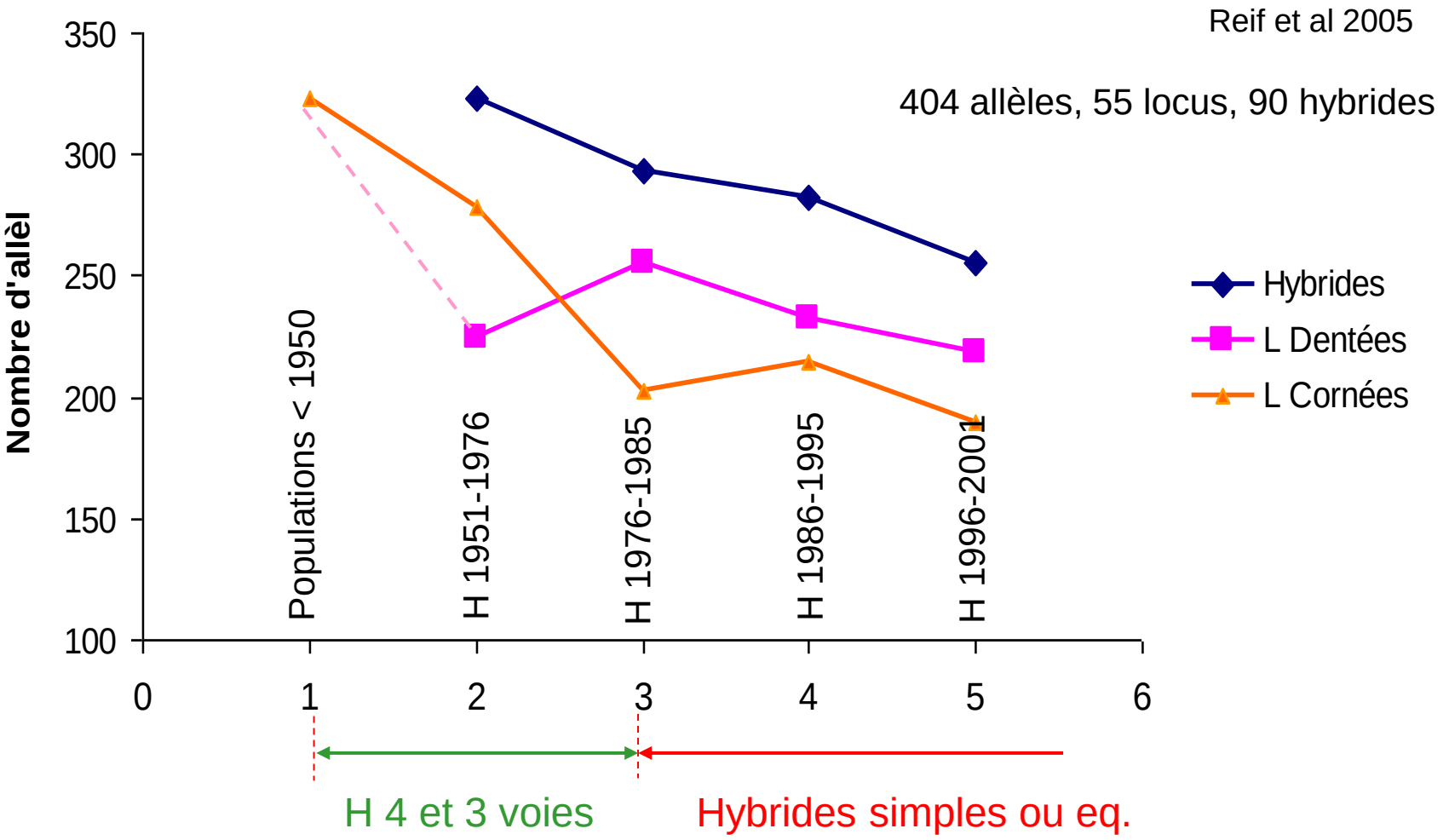
- *Blés d'hiver (soft red winter) : très faible diminution de diversité après 1961*
- *Blé dur et blé tendre d'hiver (soft white winter) : plutôt tendance à augmentation après 1961*

*Bilan : **peu de changement en diversité génétique**, grâce aux **nouvelles introductions (nouveaux allèles)***



Etude américaine diversité (PIC) des variétés de blé d'hiver de 1855 à 2014. rouge = moyenne toutes régions, bleu = médiane

Evolution de la diversité génétique cultivée chez le maïs en Europe

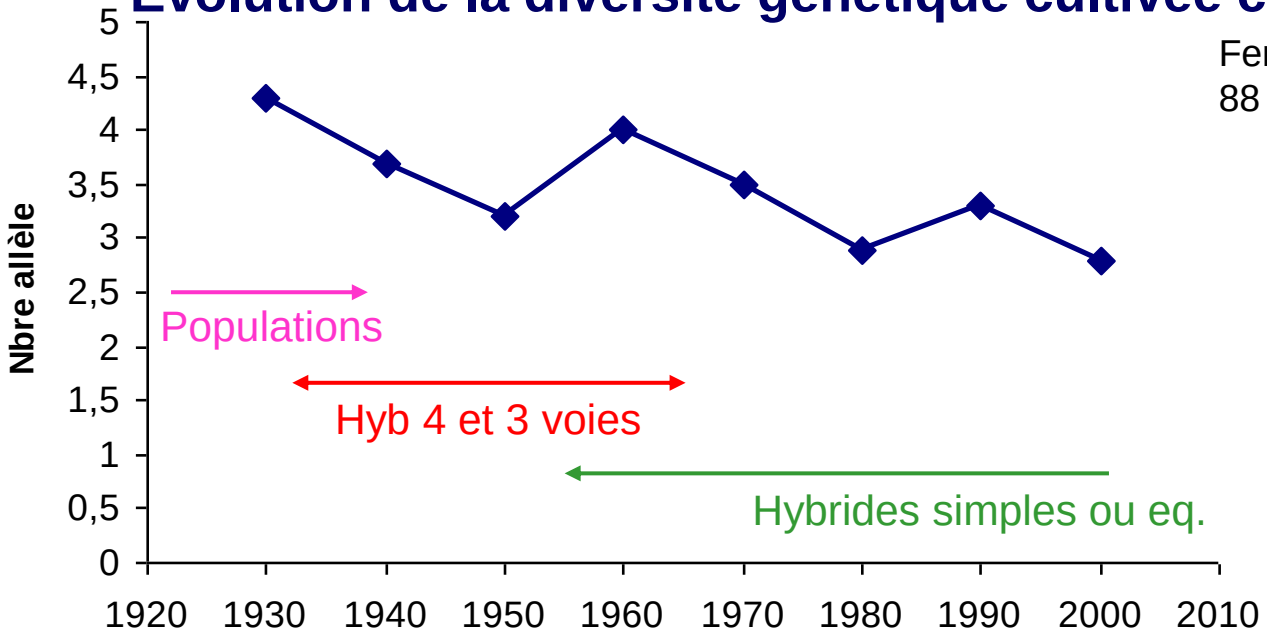


Diminution lente régulière des populations aux hybrides simples

Diversité plus grande au niveau des hybrides (avantage des hybrides)

Evolution de la diversité génétique cultivée chez le maïs aux USA

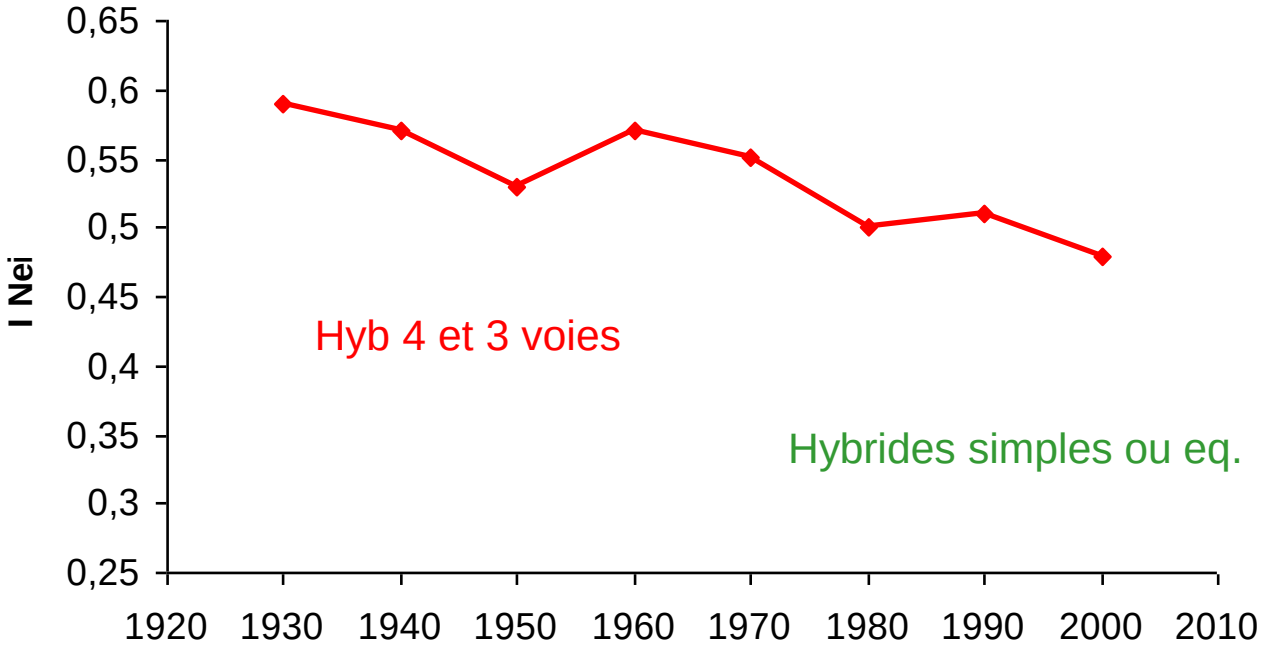
Feng et al, 2006, Matériel Pioneer, 88 lignées, 361 SSR



Même tendance qu'en Europe : diminution régulière

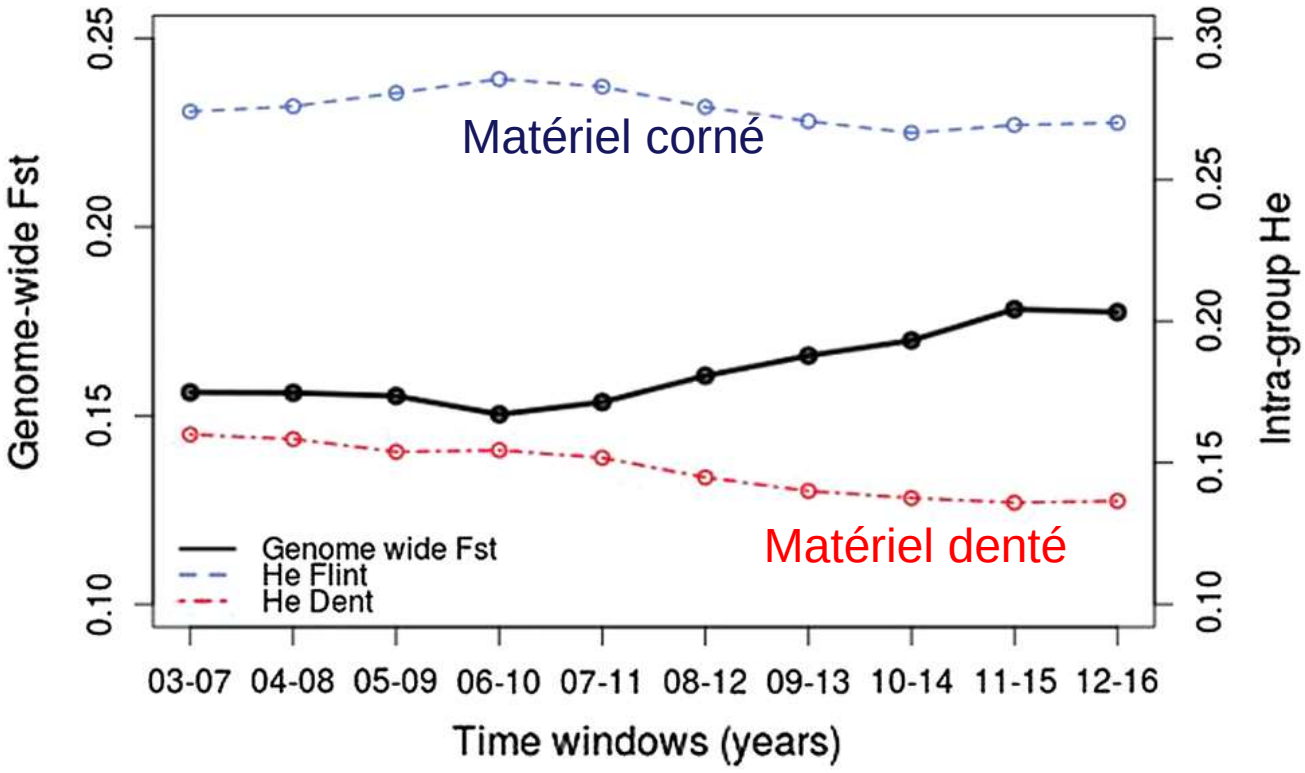
Nombreux allèles nouveaux, 29,7 % dans les variétés récentes

Bernardo (2001), **perte d'allèles** (3,2 vs 4,9) mais **maintien indice Nei**.



Evolution de la diversité génétique chez le maïs précoce sur 10-13 ans

(matériel RAGT, travaux de Allier et al, 2019, TAG, 132)



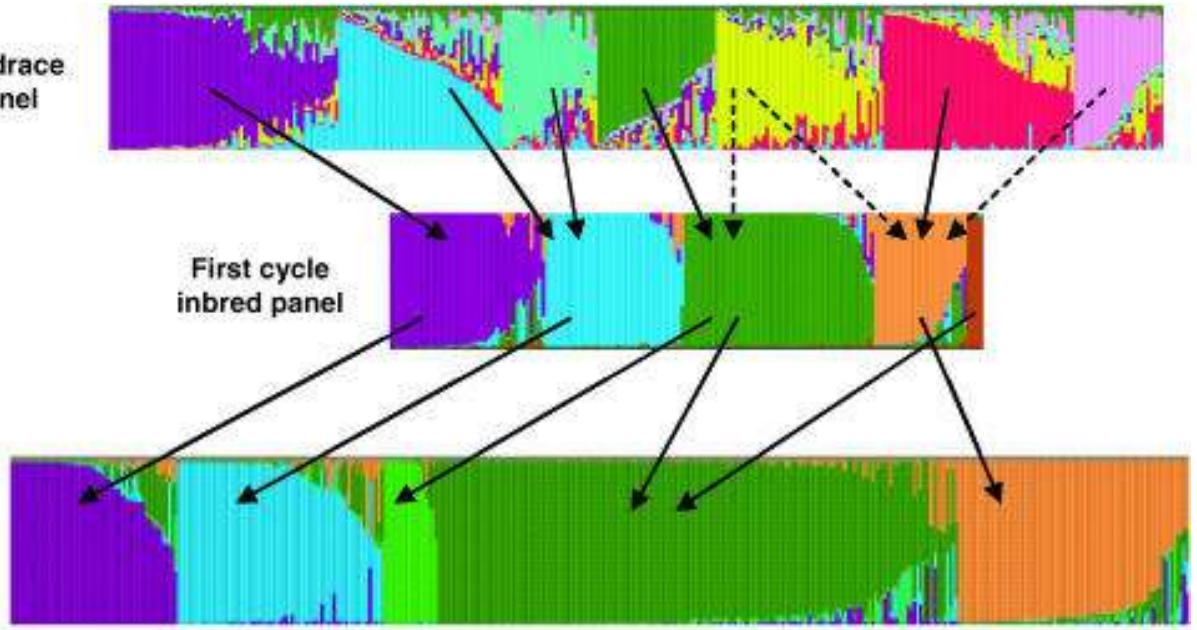
Evolution de la diversité chez le maïs au niveau « mondial » : comparaison populations – lignées de 1er cycle de sélection – lignées récentes)

(Charcosset, Dubreuil, Camus, 2006)

275 populations

153 lignées 1er cycle

220 lignées récentes

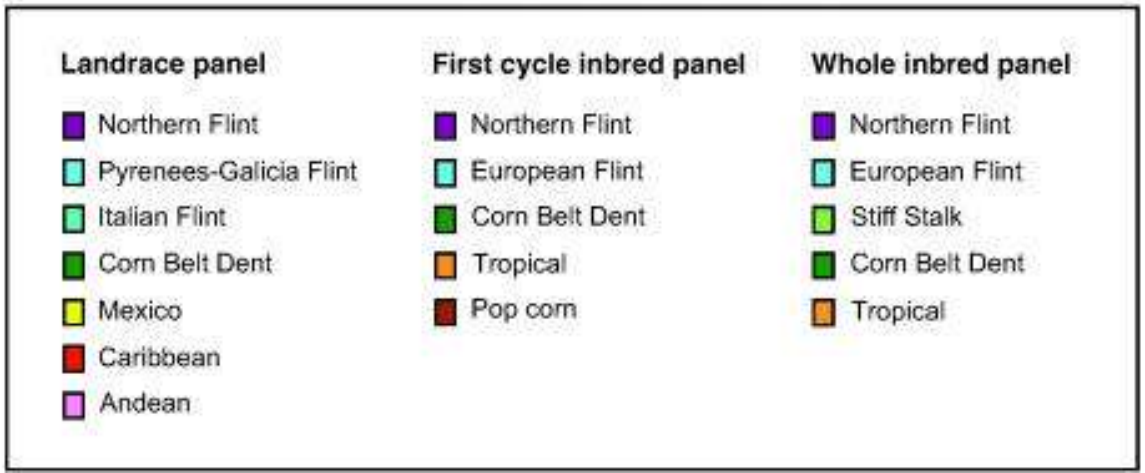


Représentation du génome pour chaque population ou lignées :

1 couleur par origine

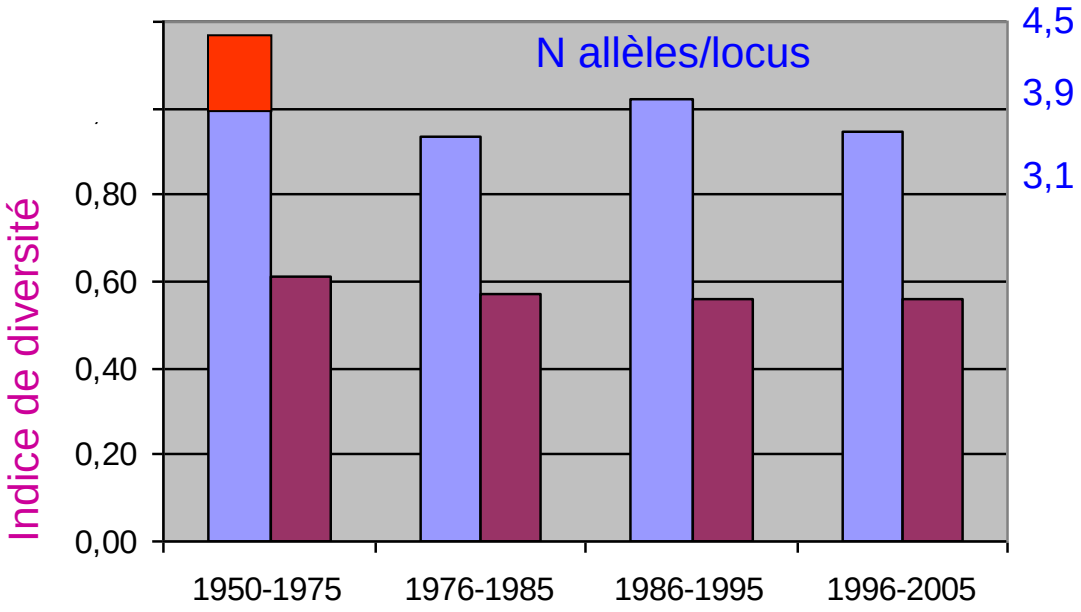
Perte 1,7 allèles, même indice de Nei

Structure conservée (groupes hétérotiques)



Evolution de la diversité génétique chez le maïs (variétés hybrides) en France

Etude GEVES de Le Clerc *et al* (2005, 2006) 133 hybrides, 51 SSR



Allèles rares spécifiques aux populations, perdus

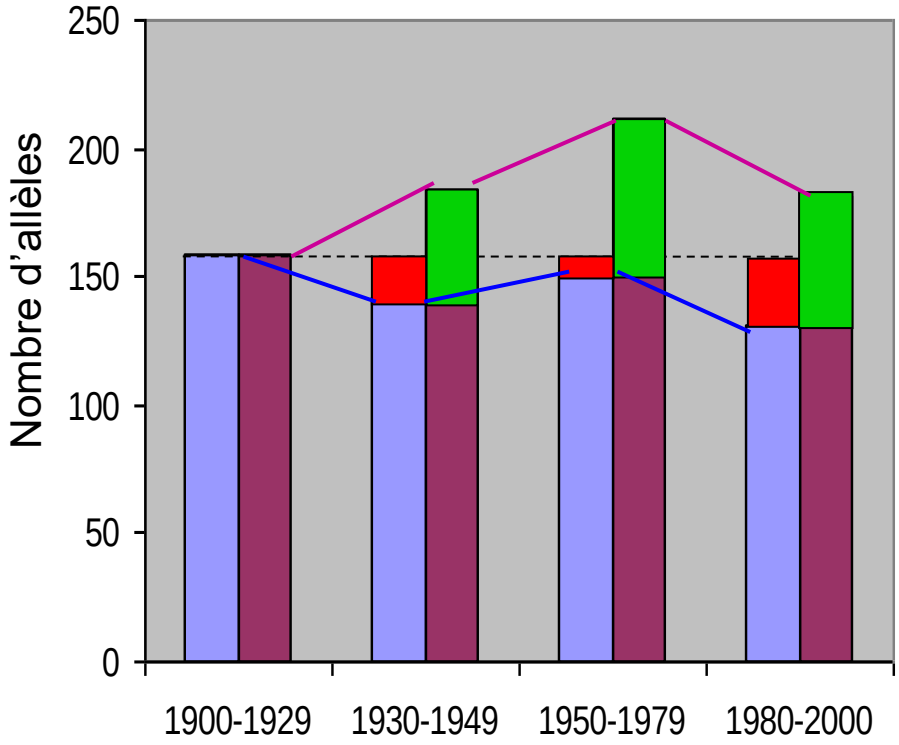
Perte d'allèles rares en passant des populations aux hybrides

Stabilité de la diversité génétique depuis la création de variétés hybrides ; toujours les mêmes groupes hétérotiques.

En fait, **système ouvert : perte d'allèles** et **introduction de nouveaux allèles**

Evolution de la diversité génétique des variétés européennes d'orge

Malysheva-Otto *et al*, 2007. 504 variétés, 35 SSR



Allèles perdus

Allèles nouveaux

Surcompensation de la perte de diversité par les allèles nouveaux

Stabilité de l'indice de Nei, avec tendance à diminution (moins de 10 %)

Mêmes résultats sur le blé et d'autres espèces (tournesol, pois, pomme de terre) : perte d'allèles et apparition de nouveaux allèles.

Impact du développement des PGM sur la diversité des variétés ?

Biodiversité et diversité génétique des variétés PGM

Biodiversité dans le champ. Pour la résistance aux insectes, gain / traitement insecticide (respect faune non-cible). Pour la tolérance à un herbicide total, « perte » qui correspond à un effet désherbage

Diversité génétique des variétés transgéniques égale à la diversité des variétés non-transgéniques (ex évènement Mon810, au total plusieurs milliers de variétés)

Augmentation de la diversité génétique totale (caractères nouveaux)

Conséquence : une accentuation de la concentration des établissements de sélection (/coût élevé des procédures d'homologation d'un événement et effet du blocage ?) avec des conséquences possibles sur la diversité des variétés à la disposition de l'agriculteur (Bonny, Lemarié)

Conclusions (1)

Perte évidente de diversité génétique dans le champ de l'agriculteur en passant des populations hétérogènes aux variétés modernes, homogènes, plus ou moins compensée par une diversité spatiale et temporelle

Il y a **augmentation de la diversité phénotypique « utile » (catalogue)**

Quasi-stabilité de la diversité génétique totale depuis 1975-80 chez les céréales

Tendance à une diminution chez le maïs (15 %)

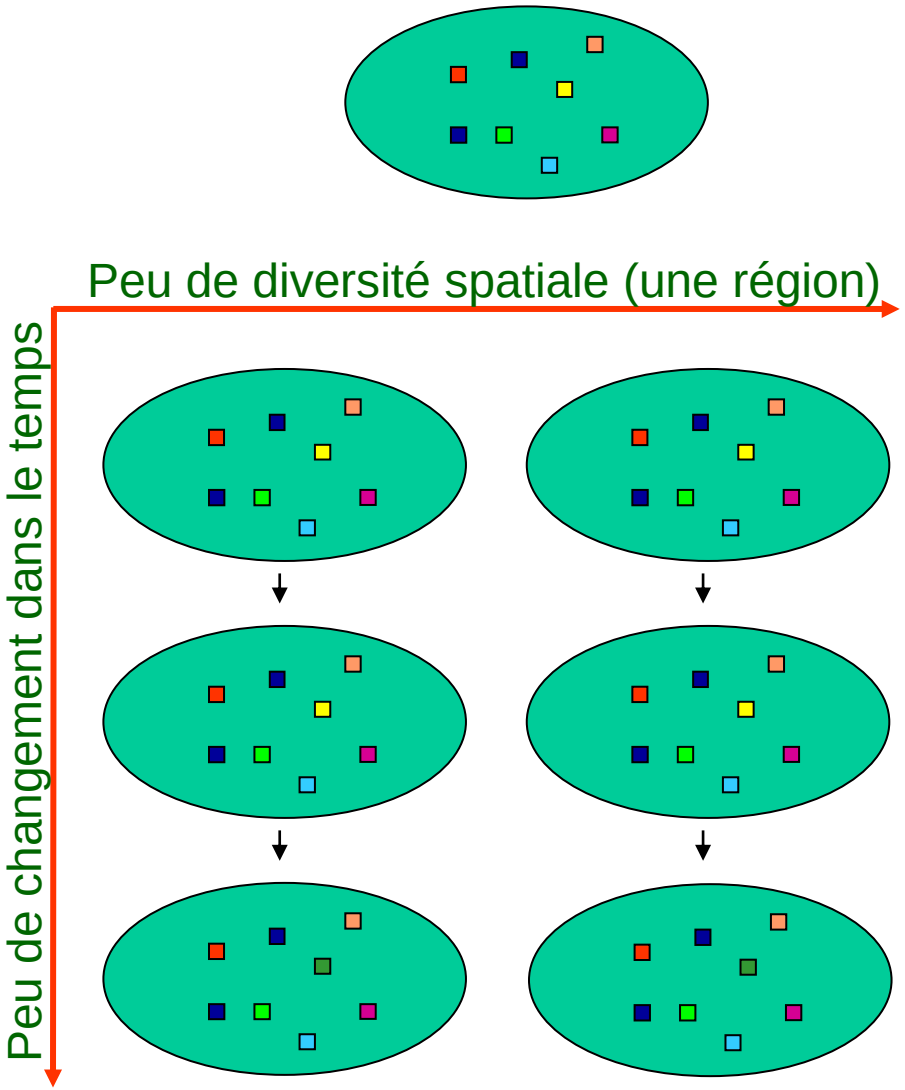
Quelques cas d'augmentation (ex tomate, Schouten et al, 2019).

Système ouvert (flux avec perte d'allèles et introduction d'allèles nouveaux)

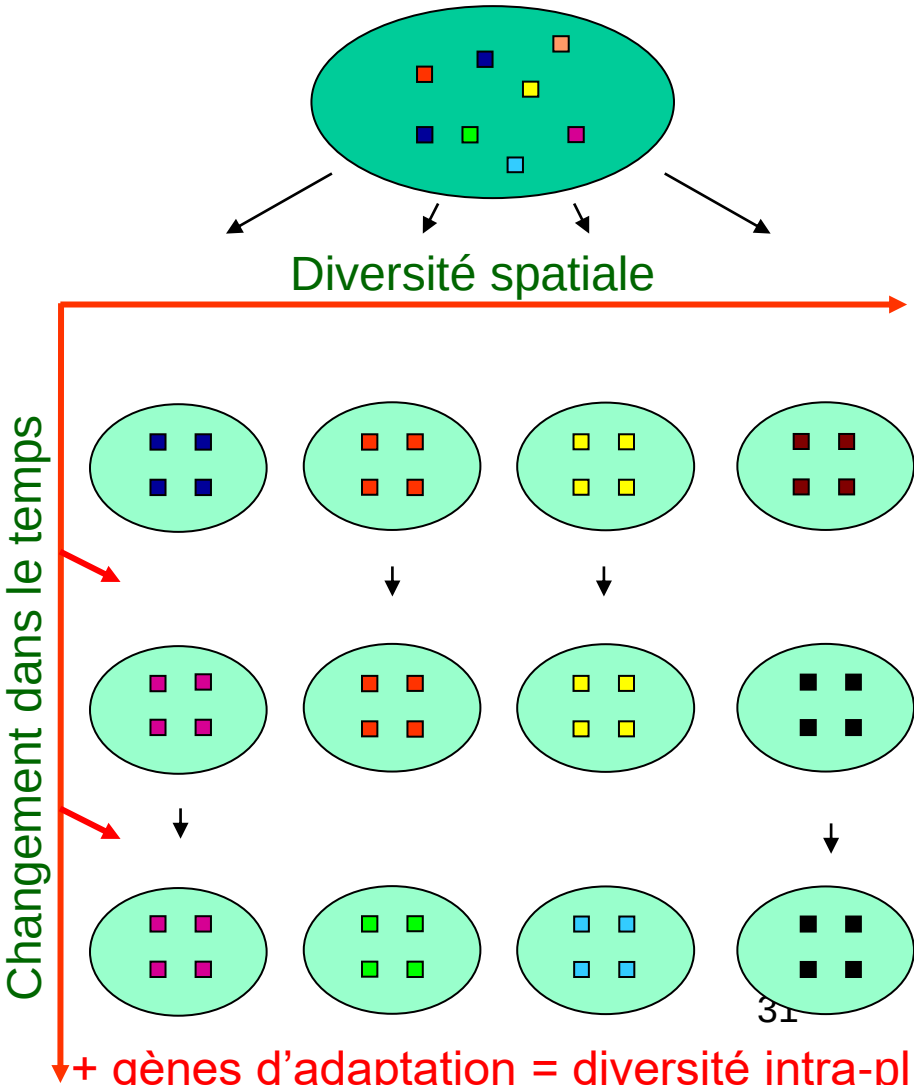
Il faut considérer la **diversité dans le temps et l'espace** voire même la diversité « intra-génotypique » utile (cumul dans un même génotype de gènes d'adaptation par la sélection). Peu ou pas d'études complètes

Bilan évolution de la diversité génétique intra et intervariétale

Culture de populations
avant 1920 (blé) – 1950 (maïs, en France)



Passage des populations aux lignées (blé) ou hybrides (maïs)



Conclusions (2)

Risque de diminution de la diversité ?

Pour le maintien d'une diversité des variétés, à long terme :

- importance de la **gestion des ressources génétiques** et de l'utilisation de ressources nouvelles par les sélectionneurs.

« Réserves » encore larges (80 %). Pb d'accès TIRPAA-Nagoya ? (voir table ronde) et pb de passage des RG au matériel élite. -

- **préserver le COV** qui permet une meilleure utilisation des ressources génétiques « élites », recombinaisons qui entraînent un progrès génétique ; à terme problème des **brevets sur les allèles.**

- intérêt d'une certaine **diversité des sélectionneurs,**

- intérêt des nouveaux outils à la disposition des PME de la sélection ? (sujet du colloque) :

Apports possibles des biotechs (édition du génome) à la diversité cultivée *(juste pour introduire la suite des présentations)*

- Diversification des espèces cultivées

  . amélioration « rapide » des espèces orphelines par apport d'allèles de résistance ou d'adaptation à différents milieux, mais qui le fera ?

- Diversification des variétés dans une espèce

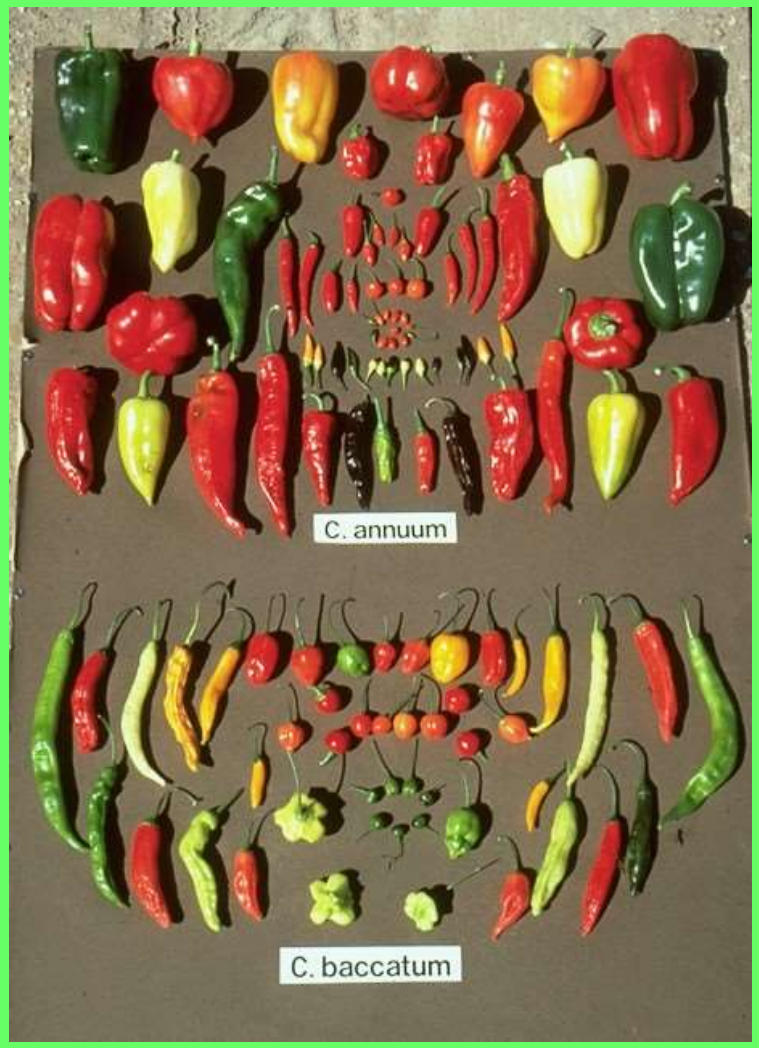
  . Ex : différents types d'usages technologiques, alimentaires
  ex : amidons de maïs, blé « sans » gluten…

- Gestion et utilisation des ressources génétiques

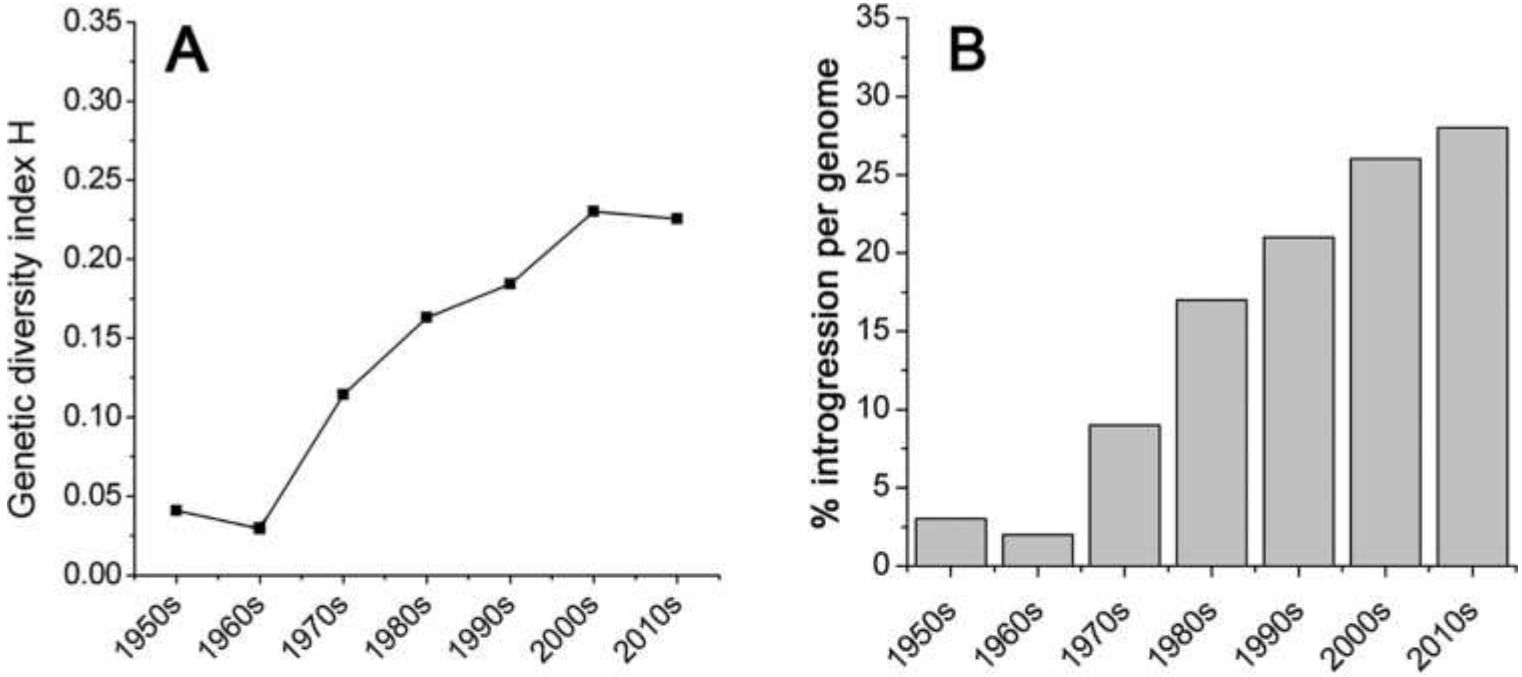
  . gestion et édition d'allèles
  . meilleure utilisation de la variabilité génétique
  . « transfert » ou édition d'allèles dans du matériel élite

Donc impact attendu assez favorable… *suite du colloque*

Merci pour votre attention

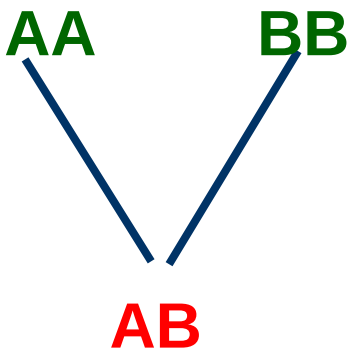


La diversité génétique utilisable par le sélectionneur est encore très large (cf Tanksley)



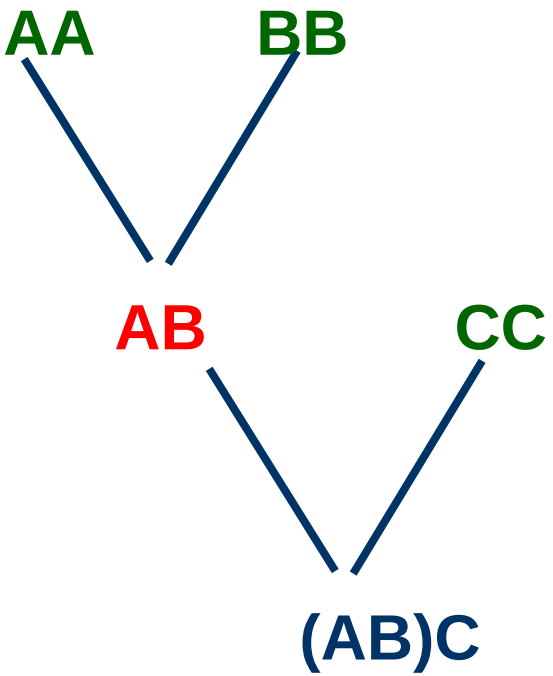
Etude chez la tomate. Schouten et al (2019). 90 variétés, 7700 SNP.

Les différents types d'hybrides entre lignées AA, BB, CC, DD



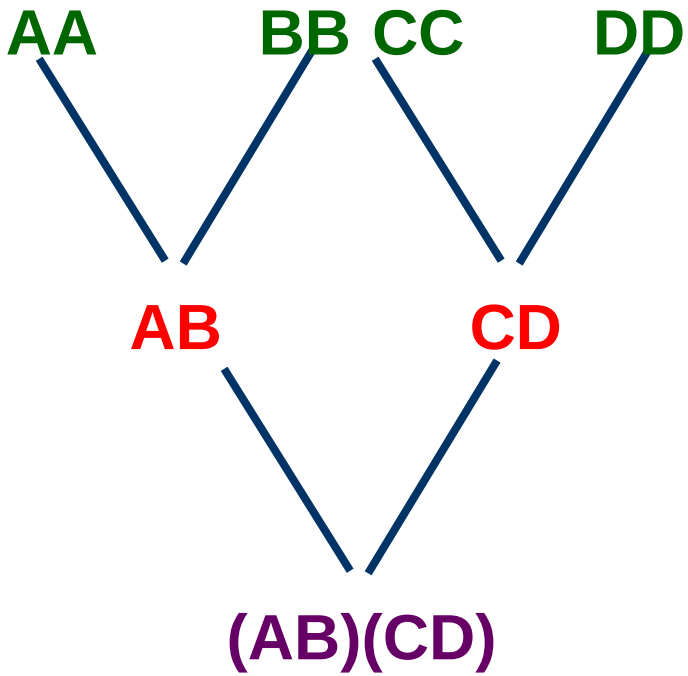
Hybride Simple

à un locus : AB



Hybride Trois Voies

½ (AC, BC)



Hybride Double

¼ (AC, AD, BC, BD)

Homogénéité HS >> Homogénéité HTV > Homogénéité HD

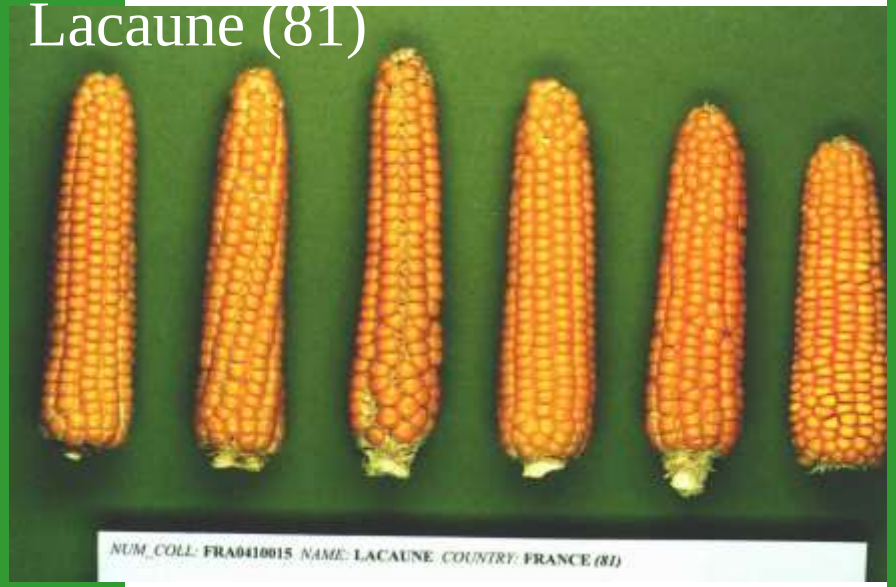
Meilleur HS > Meilleur HTV > Meilleur HD

Perte de diversité intra-hybride

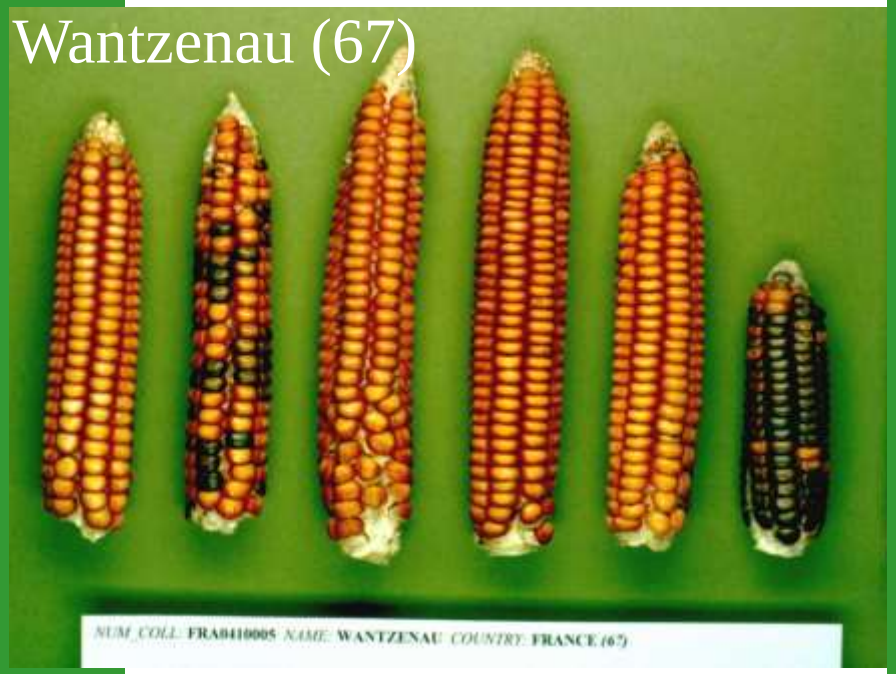
Quelques populations françaises de maïs, utilisées avant 1950

Dubos (40)

Lacaune (81)



Wantzenau (67)



La diversité génétique chez les plantes cultivées

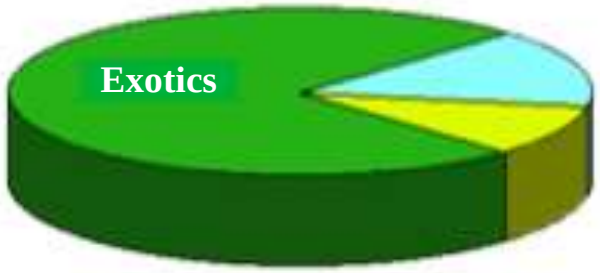
. dans le champ de l'agriculteur

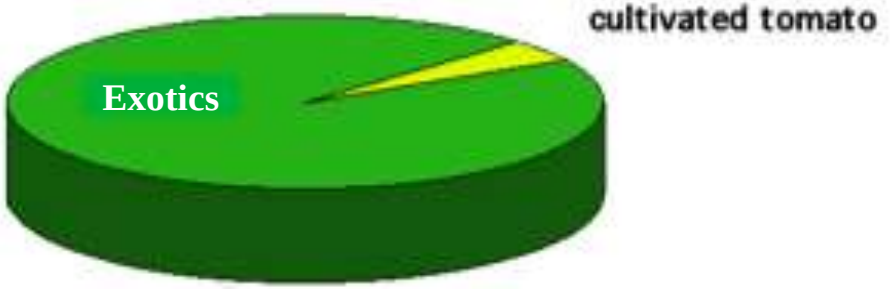
. à la disposition de l'agriculteur (offre variétale)

. à la disposition des sélectionneurs = ressources génétiques

Crop	# Accessions Available
wheat	410,000
rice	250,000
sorghum	95,000
maize	100,000
soybean	110,000
potato	27,000
cotton	30,000
tomato	47,000

« Nearly no contribution of gene banks to modern varieties »





Tanksley (1997, 2011)

Variétés homogènes liées à agriculture intensive ?

Non.

. passage des populations de blé aux lignées (vers 1910-1920)

. passage des populations de maïs aux hybrides (vers 1950)

. Sorgho au Kenya (Haussmann, 2000)

hybrides > populations locales qqs milieu

stabilité hybrides ~ stabilité populations locales

Stabilité variétés modernes ~ populations qqs intensification et productivité supérieure

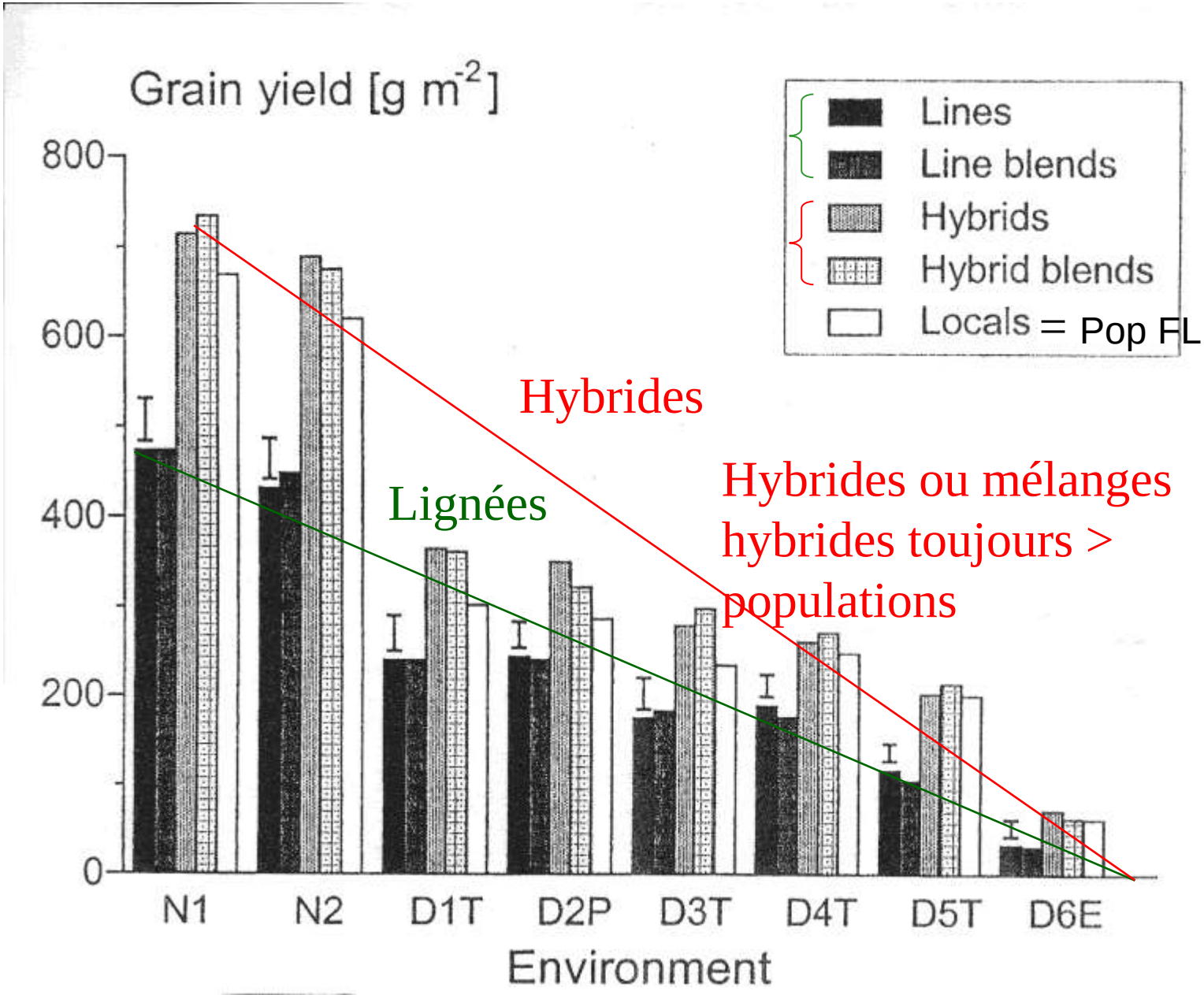
Risque avec des variétés homogènes ?

- risque pathologique ? (contournement des résistances), mais turn-over des variétés (tous les 5-7 ans)

- les solutions pour le risque pathologique

. organisation spatio-temporelle de la diversité des variétés

. les associations de variétés homogènes productives ex du blé

. les résistances durables (polygéniques)

Associations vs monocultures chez le sorgho (*S. bicolor*) selon le niveau de production. Haussman et al. (2000), au Kenya.