

Y-a-t-il eu perte de diversité génétique au cours des cent dernières années ?

FICHE QUESTIONS SUR... n° 01.02.Q06

Mots clés : # diversité génétique - # domestication - # indicateur diversité

Depuis de très nombreuses années, il y a un débat sur la perte de diversité des variétés cultivées des principales espèces, du fait des méthodes modernes de sélection.

La plus grande perte de diversité génétique pour l'agriculture a été la domestication, en particulier pour les espèces utilisées en alimentation humaine : sur plusieurs milliers d'espèces, seules cent cinquante sont encore utilisées, et une douzaine seulement procure 80 % de l'alimentation végétale mondiale ; à eux seuls le riz, le blé, le maïs couvrent de l'ordre de 50 % des besoins.

L'affirmation fréquente d'une perte de diversité génétique au cours des cent dernières années est en général fondée sur la mesure du nombre de variétés disponibles pour les agriculteurs. Est-ce un bon indicateur de diversité ? Une des difficultés tient au fait que l'on utilise différents indicateurs : pour caractériser la diversité, les experts en sciences sociales retiennent le nombre de variétés, la proportion des surfaces plantées avec ces variétés et le taux de passage par les agriculteurs d'une variété à une autre. Mais les biologistes utilisent plutôt des indicateurs généalogiques, l'analyse de caractéristiques morphologiques et des indices de fréquence de gènes mesurés par des marqueurs moléculaires. Non seulement ces indicateurs mesurent des phénomènes différents mais, de plus, leurs relations sont souvent faibles. Nous passerons en revue ces différents indicateurs

Le nombre de variétés

C'est souvent le critère utilisé pour indiquer que le passage des variétés locales aux variétés améliorées a provoqué une forte baisse de la diversité génétique ; mais comme il concerne les variétés anciennes, ce critère n'est pas pertinent en raison des synonymies et des homonymies. Il faut donc le prendre, comme marqueur de diversité génétique, avec beaucoup de circonspection si l'on n'a pas d'analyse morphologique ou génétique de ces variétés ; ainsi, lors de la création du *Catalogue blé* en France, en 1933, le nombre de variétés est passé de 562 à 170 après analyses morphologiques.

En revanche, on peut attacher plus de crédit au nombre de variétés "distinctes" inscrites de nos jours : par exemple, il y a au *Catalogue français* 437 variétés de blé tendre d'hiver et 1 171 variétés de maïs ; en 2016, 33 variétés de blé y ont été inscrites. Et parmi les 9 000 variétés du *Catalogue* concernant 250 espèces, on trouve 300 variétés de plantes potagères pour circuits courts et amateurs. La même tendance s'observe à l'international : la base variétale de l'OCDE comprend 49 000 variétés, et le *Catalogue européen* 21 000 variétés légumières et 28 000 variétés agricoles. Si l'on utilise le nombre de variétés, il faut aussi, selon Donald Duvick¹, noter qu'aujourd'hui les agriculteurs ont au moins 3 sources de diversité :

- La diversité dans le temps, illustrée par le changement séquentiel de variétés par l'agriculteur, la mise en marché régulière de nouvelles variétés par les sélectionneurs, et la rotation des cultures ; en France, la durée de vie moyenne des variétés d'espèces agricoles et potagères n'excède pas 15 ans.
- La diversité en place qui, pour une même culture, concerne la culture en mélange de différentes variétés ou la culture de variétés différentes sur les parcelles de l'exploitation.
- La diversité en réserve, qui correspond aux milliers de variétés expérimentales, au grand nombre de matériels très divers des pools de sélection, et aux banques de gènes *ex situ* et *in situ*.

Plantes génétiquement modifiées (PGM) et diversité génétique

Le génie génétique stricto sensu – développé dans les années 1970 sur les bactéries et appliqué avec succès aux plantes au début des années 1980, en permettant le transfert de gènes entre les êtres vivants – est un moyen d'accroître la diversité génétique des plantes cultivées. Cependant, en affectant les nouvelles variétés ainsi obtenues du nom de l'évènement de transformation (exemple : maïs MON 810), certains ont pensé qu'il ne s'agissait que d'une même variété et qu'il y avait donc réduction de la diversité génétique. Il n'en est rien : si cette réduction peut exister au début de l'utilisation, comme dans le cas de l'amélioration

¹ Donald Duvick, ancien directeur de recherches de la société Pioneer et membre de l'Académie des Sciences des États-Unis, a été l'un des leaders de l'amélioration du maïs et de nombreuses autres espèces

variétale classique, très vite de nombreuses variétés différentes sont mises sur le marché. Parmi les nombreux exemples :

- En France, dès 1998, il y avait 6 variétés différentes MON 810 au catalogue, et de nombreuses autres ont été proposées ensuite ; elles ne furent cependant pas inscrites du fait du moratoire décrété par le gouvernement.
- En Catalogne (2016), sur 35 000 ha cultivés avec des PGM MON 810, les agriculteurs ont utilisé 87 variétés différentes.
- En Inde (2017), pour environ 12 millions d'hectares de coton : 205 variétés MON 531 et 309 variétés MON 15985 disponibles.

L'idée que la transgénèse diminue la diversité des variétés cultivées n'est donc pas confirmée.

En plus du nombre de variétés commercialisables, il faut également tenir compte des *banques de gènes*. Très précocement, les sélectionneurs avaient été conscients de l'importance de conserver et de maintenir les ressources génétiques, aussi dès la fin des années 1920, le pionnier Vavilov créa la première *banque de gènes* à Saint-Petersbourg, pour stocker des semences récoltées dans les centres de diversité des cultures. Au cours des années 1930, d'autres pays – notamment Royaume-Uni, Allemagne, Suède et États-Unis – organisèrent des expéditions de collecte, et le matériel recueilli fut mis à la disposition des sélectionneurs.

Les sélectionneurs eux-mêmes maintiennent des banques de gènes. Une enquête menée par l'*Association internationale des sélectionneurs*, en 1996, montrait que 88 % des entreprises semencières consacraient en moyenne 5 % de leur budget de recherche au maintien des ressources génétiques (variétés obsolètes, variétés de pays ou espèces sauvages apparentées aux espèces cultivées), que 80 % participaient à des programmes nationaux, et 31 % à des programmes internationaux. Aujourd'hui, on admet qu'il y a environ 6 millions d'échantillons des espèces les plus importantes dans les banques de gènes, publiques ou privées ; jamais n'y avait-il eu une telle préservation des ressources génétiques. Mais il faut encore que les sélectionneurs puissent y avoir accès pour leurs travaux de recherche et de créations. Svalbard en illustre la démarche.

La banque de gène de Svalbard, ou Svalbard Seed Vault

Depuis 1984, la banque génétique des pays nordiques stockait des échantillons de semences dans une ancienne mine de charbon au Svalbard, où la température de la mine reste à moins 20 degrés, tout en assurant une sécurité à l'abri d'incidents techniques, permettant aux semences d'être conservées vivantes durant plusieurs centaines d'années. L'ouverture des débats sur le *Traité International sur les ressources génétiques pour l'agriculture et l'alimentation* (TIRPAA), dans les années 1990, a fait apparaître l'importance de la conservation des ressources génétiques, mais aussi la faiblesse de certaines banques de gènes. Au début des années 2000, forte de son expérience, la Norvège a proposé de créer une banque de gènes au Svalbard pour assurer la pérennité des collections. Cette proposition, discutée au *Comité sur la politique des ressources génétiques des centres internationaux de recherche en agriculture*² a d'abord reçu un accueil mitigé, car il fallait éviter des frictions avec la FAO. Finalement, le principe fut adopté, et le *Global Crop diversity Trust* fut créé en 2006 par la FAO et *Bioversity International* pour gérer le projet ; les travaux furent essentiellement financés par le gouvernement norvégien, et les installations furent inaugurées en 2008. En 2020, 1 057 151 échantillons d'environ 4 000 espèces y sont stockés, essentiellement pour dupliquer et assurer la sauvegarde d'échantillons d'autres organisations. Le bien-fondé du principe a été démontré : par exemple, l'ICARDA (*International Center for Agricultural Research in the Dry Areas*) a ainsi pu récupérer ses ressources génétiques détruites lors des combats d'Alep en Syrie. Comme dans de nombreux cas, lorsque des travaux d'importance sont effectués, des théories conspirationnistes voient le jour : ainsi, de nombreux articles ont développé l'idée qu'il s'agissait d'une initiative de Monsanto soutenue par Bill Gates, afin de s'appropriier les ressources génétiques mondiales, ce qui est bien évidemment infondé. Cette théorie a été soutenue par l'écologue Pierre Henri Gouyon qui, dans une courte présentation Les Ernest-Le Monde en 2014 (<https://dailymotion.com/video/x218hbg>), a affirmé que : 1° Bill Gates – actionnaire principal de Monsanto – a eu l'idée de la banque de semences de Svalbard ; 2° on n'y met une qu' seule graine par variété ; 3° de toute façon, après dix ans, celle-ci s'arrêtera de germer. Ces trois informations sont bien évidemment inexactes.

Pool de gènes, indicateurs généalogiques et évolution variétale

Autrefois, la sélection était faite par les agriculteurs, dans des pools de gènes limités au disponible dans le village ou dans la région. Olivier de Serre³ conseillait de changer de semences régulièrement : "*prendre du blé du voisin pour semer n'est pas le changement que j'entends, car se serait toujours en revenir là, que de semer comme du votre propre : mais il faut en envoyer quérir loin de vous, une ou deux journées, afin que la diversité [...] vous satisfasse en cet endroit*". La situation a changé drastiquement depuis le développement de l'amélioration des plantes, fin XIX^e, avec l'extension de l'hybridation et, par exemple, la commercialisation du premier blé *hybrid Dattel* en France. Les croisements, d'abord intraspécifiques, ont ensuite été étendus aux espèces apparentées, puis à tout le monde vivant grâce à la transgénèse.

Concernant les indicateurs généalogiques classiques, quelques exemples montrent l'évolution récente :

- En France, les sélectionneurs devaient donner l'information sur les parents des variétés qu'ils souhaitaient

² Bernard Le Buanec, auteur de cette fiche, a été membre de cet organisme

³ in *Le théâtre d'agriculture et mesnage des champs- Second Lieu*, chapitre IV "*Des semences*"

inscrire au *Catalogue national des variétés commercialisables*. Le nombre de parents utilisés dans les programmes de sélection, comparés au nombre de variétés inscrites, a été relativement stable entre 1930 et 1960, mais s'est significativement accru dans les années 1970 et 1980.

- En 1995, un chercheur du CYMMIT⁴ a effectué une approche de la diversité des blés en Inde et aux États-Unis, pour juger de la diversité des cultures dans chaque pays. La comparaison pondérée calculée – tenant compte du coefficient de parenté des variétés inscrites et de la part de marché des variétés les plus cultivées – démontre que les options des agriculteurs ont une très grande importance sur la diversité, mais qu'il n'y a pas perte de diversité des variétés disponibles.

Une étude de l'évolution du pedigree d'hybrides de maïs cultivés dans le *Corn belt* des États-Unis entre 1930 et les années 1990, montre l'apparition régulière de nouveaux parents : 35 % dans les années 1940, 36 % dans les années 1960, et 20 % dans les années 1980, avec augmentation des parents d'origine exotique et disparition de parents utilisés les années antérieures ; le coefficient de parenté est resté très bas jusqu'aux années 1960, de l'ordre de 0,05 % puis a cru pour atteindre 0,17% dans les années 1990. De même, de nombreuses autres études montrent l'absence de perte de diversité généalogiques pour beaucoup espèces.

Marqueurs moléculaires et suivi de la diversité génétique

La biologie moléculaire a révolutionné l'approche de la sélection variétale. Dès les années 1980, les marqueurs moléculaires ont été de plus en plus utilisés pour étudier la diversité génétique, mais comme pour les autres méthodes, il faut rester prudent du fait de possibles biais statistiques ou méthodologiques possibles. Les exemples ci-dessous permettent de se rendre compte des résultats dans différentes situations.

- Les variétés de la *Liste recommandée du Royaume-Uni* (orge de printemps depuis 1920, blé d'hiver depuis 1930, et colza depuis 1973) ont été analysées par deux techniques (AFLP ou RFLP) et phénotypiquement ; les conclusions sont : *"les données de l'étude démontrent que l'amélioration moderne des plantes, le droit d'obtenteur et la liste recommandée n'ont conduit à aucun rétrécissement significatif du niveau général de diversité des cultures au Royaume-Uni au cours des 60 à 70 dernières années"*.

- Au cours des années 1970, il y a eu un rétrécissement de la diversité à la disposition des agriculteurs, explicable par des adaptations rapides aux changements des techniques culturales et des idéotypes variétaux (tels blés à paille courtes ou colza sans acide érucique). Cependant après ce rétrécissement, on a assisté à une augmentation rapide de nouvelles variétés (cohérente avec ce qui a été vu pour le blé en Inde, et pouvant être comparée à l'évolution constatée après un syndrome de domestication, à une autre échelle de temps).

- Dans le cadre du projet *Gediflux* de l'Union Européenne, l'évolution de la diversité de 4 cultures majeures (blé, orge, maïs et pomme de terre), au cours des 50 dernières années, a été analysée en utilisant divers marqueurs ADN, concluant par : *"la diversité génétique de l'orge n'a pas changé de façon quantitative au cours de la période considérée, avec plus de diversité trouvée aujourd'hui dans les variétés les plus commercialisées. De même la diversité génétique est plus grande dans les variétés de blé les plus commercialisées et, globalement, une augmentation de la diversité a été notée. Une augmentation initiale de la diversité a été notée pour le maïs en Allemagne, suivie par une diminution. La diversité génétique du maïs en France montre des variations qualitatives plutôt que quantitatives, mais aucune diminution globale n'a été trouvée. Pour les pommes de terre, aucune perte d'allèle n'a été observée, et plusieurs marqueurs sont présents seulement dans les variétés mises en marché après 1970. Il n'y a pas eu d'érosion génétique au cours des 60 dernières années, mais au contraire une légère augmentation de la diversité globale. Ceci peut être dû à l'introgression de caractères de résistance aux maladies provenant de variété sauvages"*. Ici encore, d'autres exemples, montrant qu'il n'y a pas eu perte de diversité génétique, peuvent être donnés.

- L'analyse de la variation de diversité génétique de 504 variétés d'orge cultivées en Europe au XX^e siècle, regroupées en 4 périodes de 30 ans (20 ans pour la dernière période), montre que si 24 des 159 allèles du premier groupe ont disparu dans le dernier groupe, 51 nouveaux allèles y ont été trouvés. Les résultats montrent que l'effort de sélection, ainsi que les systèmes de mise à disposition des variétés, n'ont pas provoqué de perte quantitative de diversité au cours des 4 périodes considérées.

- Pour la betterave à sucre, le programme AKER a été mis en place dans le cadre des investissements d'avenir pour la période 2011-2020 ; il propose d'élargir la base génétique des variétés actuelles, grâce à la découverte de nouveaux allèles favorables, et a donc débuté par une analyse génomique précise de

⁴ Centro Internacional de mejoramiento de maíz y trigo, organisation espagnole pour l'amélioration du maïs et du blé

l'ensemble de la section *Beta Vulgaris* du genre *Beta* dans laquelle la betterave à sucre (*Beta vulgaris* subsp. *vulgaris* convar. *vulgaris* var. *altissima*) est classée. Ainsi, 29 000 marqueurs SNP ont été testés sur le secteur sauvage, sur les sorties variétales de la recherche publique américaine, sur le matériel de sélection disponible chez le sélectionneur partenaire du projet (Florimond Desprez), et sur les variétés élités des principaux sélectionneurs mondiaux. Les premiers résultats obtenus montrent que 40 plantes suffisent à représenter la variabilité allélique totale de la section *Beta vulgaris*. De même 15 plantes permettent de conserver toute la variabilité complémentaire au sein du compartiment des betteraves à sucre cultivées.

Il est remarquable d'observer que très peu d'allèles sont caractéristiques des betteraves sauvages (44 SNP sur 29 000 testés), et que la diversité, au sens richesse, est présente dans le matériel de sélection et les élités. Les travaux intenses de sélection, qui en deux siècles ont permis de passer d'une production de 700 kg de sucre à l'hectare à 15 t et à des teneurs en sucre de la betterave de 7 % à 18 %, n'ont donc pas provoqué d'érosion de la diversité génétique des betteraves cultivées.

- Sur des blés européens, américains et australiens, de nombreuses études, effectuées au cours des dernières années, indiquent qu'il n'y a pas eu de perte significative de diversité au cours des périodes étudiées.

- 75/ variétés de blé de printemps du nord de l'Europe, objets d'un programme intense d'amélioration, ont été analysées à l'aide de microsatellites ; les résultats suggèrent que leur diversité génétique a été augmentée par l'amélioration des plantes entre 1900 et 1940, qu'il y a eu ensuite diminution de 1940 à 1960, et de nouveau augmentation à partir de 1960, toujours par le biais de l'amélioration des plantes. Au cours de ces périodes, la perte de certains allèles a été compensée par l'introduction de nouveaux.

- Une étude sur les blés de force de printemps canadiens montre (par marqueurs microsatellites) une perte de diversité entre 1845 et 2004, attribuée à l'amélioration des plantes. Elle serait due à une forte pression de sélection vers les aspects qualitatifs, à la demande du marché, dans un matériel génétique étroit.

- Il y a peu d'études sur les plantes maraîchères. Deux publications récentes, l'une sur la tomate et l'autre sur la laitue, montrent qu'il n'y a pas eu de perte de diversité génétique pour ces deux espèces ; au contraire, les programmes de recherche de résistance aux maladies ont augmenté la diversité dans le cas de la tomate.

Un débat récent

En 2011-2012, une équipe de chercheurs a établi un nouvel indicateur intégratif pour évaluer la diversité génétique des cultures, et l'a appliqué à la culture du blé en Eure et Loire, de 1878 à 2006.⁵

Contrairement à toutes les études précédentes, les auteurs concluent que ce nouvel indicateur révèle une forte homogénéisation de la diversité génétique du blé tendre cultivé sur le territoire français au cours du XX^e siècle, surtout entre 1912 et la fin des années 1960. Ils indiquent cependant que leur étude ne démontre pas *stricto sensu* qu'une érosion de la biodiversité cultivée (au sens de perte d'allèles) est en cours. Ces résultats ont été repris dans la version du livre Bordas SVT de 2012⁶ indiquant "*Ainsi, le nombre de variétés ne cesse d'augmenter, mais la diversité génétique intra et inter variétale ne cesse au contraire de diminuer*". Toutefois la valeur scientifique cet indicateur fait l'objet d'un débat⁷ : son application peut conduire à des conclusions erronées !

Bernard LE BUANEC, membre de l'Académie d'Agriculture de France

novembre 2020

Ce qu'il faut retenir : Il est donc possible de dire qu'il n'y a pas eu de pertes de diversité génétique au cours des cent dernières années du fait de l'amélioration des plantes.

Il faut cependant encourager les agriculteurs à utiliser plusieurs variétés différentes sur leurs exploitations, et ainsi contribuer à améliorer la diversité en place, telle que la définissait Donald Duvick.

Pour en savoir plus : Bernard LE BUANEC : *Dix questions sur les semences*, Académie des Technologies, 2020

⁵ Goffaux R, Goldringer I, Bonneuil C, Montalent P, Bonnin I : *Quels indicateurs pour suivre la diversité génétique des plantes cultivées? Le cas du blé tendre cultivé en France depuis un siècle*. Rapport FRB, série expertise et synthèse, 2011 ; et Bonneuil C, Goffaux R, Bonnin I, Montalent P, Hamon C, Balfourier F, Goldringer I : *A new integrative indicator to assess crop genetic diversity*, *Ecological Indicators*, 2012 vol 23, 280-289.

⁶ Collection Claude Lizeaux et Denis Baude : *SVT Terminale S, Programme 2012*, Bordas, p271

⁷ Gallais A, Lefèvre F : *A new integrative indicator to assess crop diversity ? About the publication of Bonneuil and al 2012*, *Ecological indicators* 23, 280-289.in *Ecological Indicators* vol 116, 2020