



HAL
open science

Animation de la discussion suite à la session d'ouverture : nouveaux enjeux environnementaux, économiques et sociaux

Isabelle Bonnin

► To cite this version:

Isabelle Bonnin. Animation de la discussion suite à la session d'ouverture : nouveaux enjeux environnementaux, économiques et sociaux. Colloque FRB : Les Ressources Génétiques (RG) face aux nouveaux enjeux environnementaux, économiques et sociétaux, Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité (FRB). FRA., Sep 2011, Montpellier, France. hal-02804820

HAL Id: hal-02804820

<https://hal.inrae.fr/hal-02804820>

Submitted on 5 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Les **Ressources Génétiques**

face aux nouveaux enjeux
environnementaux,
économiques et sociétaux

//////////////// 20.21.22 SEPTEMBRE 2011 //////////////////

➤ LE CORUM - MONTPELLIER



Sous le Haut Patronage du Ministère de l'Agriculture, de l'Alimentation, de la Pêche, de la Ruralité et de l'Aménagement du Territoire.



Les **Ressources**
Génétiques
face aux nouveaux enjeux
environnementaux,
économiques et sociétaux

////////// **20.21.22 SEPTEMBRE 2011** //////////

➤ LE CORUM - MONTPELLIER



COLLOQUE

LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES FACE AUX NOUVEAUX ENJEUX ENVIRONNEMENTAUX, ÉCONOMIQUES ET SOCIÉTAUX

Sous le Haut Patronage du

Ministère de l'Agriculture, de l'Alimentation, de la Pêche, de la Ruralité et de l'Aménagement du Territoire

© FRB, 2011

ISBN : 978-2-9539194-4-8 (IMPRIMÉ)

ISBN : 978-2-9539194-5-5 (PDF)

DIRECTEUR DE PUBLICATION : **X. Le Roux**

COORDINATION : **E. Charvolin-Lemaire, M. Le Jars, C. Adda, R. Goffaux**

RESPONSABLE DU COLLOQUE : **I. Bonnin**

PHOTOGRAPHIES : © **INRA/F. Rousselle-Bourgeois ■ INRA/J. Guinberteau ■ INRA/J.C. Druart ■ INRA/C. Nicolas ■ INRA/M.**

Dupont-Nivet ■ INRA/F. Carreras ■ INRA/H. Labri ■ INRA/A.H.Cain ■ INRA/Bressoud ■ INRA/B. Nicolas ■ INRA/D.

Duclos ■ FRB/Pellegrin ■ H. Baker ■ GEODE-ADAM ■ CNRS/C. Fréillon ■ E.Ieciak ■ O. Delvaux ■ INRA/D. Blancard

■ C. Blanc ■ iStockphoto.com/Mike Barret ■ iStockphoto.com/Katarzyna Mazurowska ■ Cemagref-Grenoble/G.

Loucougaray

DESIGN GRAPHIQUE : **MH Design / Maro Haas**

IMPRIMÉ PAR : **SEP sur du papier 100% recyclé**



SOMMAIRE

1] LE MOT DU PRÉSIDENT	7
2] LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES EN ACTION AVEC LA FRB	8
3] LES PARTENAIRES	10

4] PROGRAMME DU MARDI 20 SEPTEMBRE		RÉSUMÉS
9H00-10H00	Accueil des participants	
10H00-10H30	Ouverture du colloque : N. Trift (MAAPRAT), A-Y. Le Dain (Région Languedoc-Roussillon), P. Duncan (FRB)	
SESSION D'OUVERTURE. NOUVEAUX ENJEUX ENVIRONNEMENTAUX, ÉCONOMIQUES ET SOCIAUX – SALLE EINSTEIN		
10H30-11H00	Evolution du concept, des enjeux et des choix pour les ressources génétiques du domaine végétal, dans le contexte international – A. Charrier (Supagro)	11
11H00-11H15	Un exemple d'évolution de l'état des Ressources Génétiques : le cas du blé tendre cultivé en France depuis un siècle – R. Goffaux (FRB)	12
11H15-12H00	Les nouveaux facteurs de changements et conséquences sur la mobilisation des RG végétales – J. David (Supagro) et animales – I. Hoffmann (FAO)	12
12H00-12H30	Discussion : animation I. Bonnin (FRB)	
12H30-14H00	<i>Pause déjeuner</i>	
SESSION 1. ÉVOLUTION DE LA DIVERSITÉ INFRA SPÉCIFIQUE FACE AUX CHANGEMENTS ENVIRONNEMENTAUX – SALLE EINSTEIN		
14H00-14H15	Introduction – Y. Vigouroux (IRD)	13
14H15-14H30	Diversité des composantes physiologiques et moléculaires de la tolérance à la salinité chez les agrumes – R. Morillon (CIRAD) – AAP BRG 2007-2008	13
14H30-14H45	FRENETIC : Diversité génétique et fonctionnelle au sein d'un complexe d'espèces <i>Fraxinus excelsior L. et Fraxinus angustifolia Valh.</i> Importance de l'hybridation dans une perspective de changement climatique et de gestion forestière – R. Joseph/C. Damesin (Univ. Paris-Sud) – AAP FRB 2009	15
14H45-15H00	Développement de marqueurs SNP pour la détection de signatures moléculaires de la sélection naturelle dans un génome fongique – C. Neema (AgroParisTech) – AAP BRG 2007-2008	16
15H00-15H30	<i>Pause</i>	
15H30-15H45	ATROPHY : Adaptation des arbres TROPicaux aux changements climatiques : signal PHYlogénétique le long de deux gradients tropicaux – J. Chave (CNRS) – AAP FRB 2009	17
15H45-16H00	GENEFRAG : Flux de gènes en populations fragmentées : conséquences sur la diversité génétique chez deux espèces d'intérêt patrimonial et menacées en Nord-Pas-de-Calais, la betterave maritime (<i>Beta vulgaris ssp. maritima</i>) et le <i>Silene penché</i> (<i>Silene nutans</i>) – JF. Arnaud (Univ. Lille I) – AAP Nord-Pas-de-Calais 2010	17
16H00-16H30	Discussion : animation J-L. Pham (Agropolis Fondation)	
SESSION POSTERS – HALL BERLIOZ		
16H30-18H30	Collation « régionale » dans l'espace Poster	18

5] PROGRAMME DU MERCREDI 21 SEPTEMBRE		RÉSUMÉS
SESSION 2. NOUVELLES APPROCHES ET NOUVEAUX OUTILS POUR L'ÉTUDE ET LA GESTION DES RG – SALLE EINSTEIN		
9H00-9H15	Introduction – P. Baret (Univ. Louvain)	58
9H15-9H30	Evaluation du maintien de la biodiversité par gestion dynamique à la ferme : développement d'un indicateur intégrant la diversité de la parcelle au paysage (Exemple du blé) – I. Goldringer (INRA) – AAP BRG 2007-2008	58
9H30-9H45	Analyse et optimisation de la complémentarité entre la cryobanque nationale et les dispositifs de gestion <i>in situ</i> des populations animales – C. Danchin-Burge (Institut de l'élevage) – AAP BRG 2007-2008	61
9H45-10H00	INVALEX : Nouvelle méthode pour l'étude de la dynamique de l'invasion du complexe <i>Alexandrium tamarense</i> (Dinoflagellé) en Méditerranée. – E. Masseret (Univ. Montpellier II) – AAP FRB 2009	63
10H00-10H15	Nouvelles approches et outils pour une gestion des ressources génétiques au sud : Une exploitation de la diversité du riz africain (<i>oryza glaberrima steud</i>). Dans un programme d'amélioration variétale pour les paysans africains M Sié (AfricaRice)	63
10H15-10H45	Pause	
10H45-11H00	Des bactéries résistantes à l'arsenic, aux enzymes métaboliques : diversité fonctionnelle d'un écosystème contaminé par l'arsenic – F. Ploetze/P. Bertin (Univ. Strasbourg) – AAP BRG 2007-2008	63
11H00-11H15	Le développement de scénarios pour la gestion et la préservation de la biodiversité et des ressources génétiques – L. Doyen (CNRS) – Programme Modélisation et Scénarios de la biodiversité	66
11H15-12H00	Discussion : animation I. Olivieri (Univ.Montpellier II)	
12H00-14H00	Pause déjeuner	
TABLES RONDES – SALLE EINSTEIN Animation D. Conaré		
14H00-15H30	Questions et enjeux scientifiques émergents ou à faire émerger Introduction par F. Lefèvre (INRA, CS de la FRB), avec la participation de P-L. Gastinel (Institut de l'Élevage), J. Ronfort (SupAgro-INRA), M. Sié (AfricaRice), agrophysiologiste (<i>sous réserve</i>), microbiologiste (<i>sous réserve</i>)	67
15H30-16H00	Pause	
16H00-17H30	Enjeux liés aux discussions actuelles dans les Conventions Internationales et Traités Introduction par S. Aubertie (FRB), avec la participation d'A-F. Adam-Blandon (INRA), Représentant entreprise (<i>sous réserve</i>), D. Manzella (TIRPAA FAO), D. Morandeu (MEEDDTL), O. Niangado (Fondation Syngenta Mali)	67
18H00-22H30	Départ en car du Corum à 18h00 pour une soirée de gala	
6] PROGRAMME DU JEUDI 22 SEPTEMBRE		RÉSUMÉS
9H00-9H15	Introduction – G. Willcox (CNRS) – Salle Einstein	68
SESSION 3. GESTION DES RG À LA FRONTIÈRE DOMESTIQUE/SAUVAGE – SALLE EINSTEIN		
9H15-9H30	Etude génétique fine et recherche de signatures de sélection dans la population bovine Borgou – S. Thevenon (CIRAD) – AAP FRB 2009	68
9H30-9H45	GENESALM : Analyse des pratiques génétiques concernant le repeuplement des espèces salmonicoles et propositions de schémas de leur maîtrise – P. Berrebi (CNRS) – AAP BRG 2005-2006	68

9H45-10H00	Argyrosat : Première bases génétiques pour la domestication maîtrisée du maigre <i>Argyrosomus regius</i> – P. Haffray (SYSAAF) – AAP BRG 2007-2008	70
10H00-10H15	Evolution des contraintes environnementales et conservation de la diversité génétique des populations de lagopède alpin (<i>Lagopus muta pyrenaica</i>) et de Perdrix grise des Pyrénées (<i>Perdix perdix hispaniensis</i>) – J. Boissier (Univ. Perpignan) – AAP BRG 2007-2008	71
10H15-10H45	Pause	
SESSION 4. LES NOUVELLES UTILISATIONS DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE – SALLE EINSTEIN		
10H45-11H00	DIVALOR : Valorisation de la diversité bactérienne des sols et de son service écologique rendu : application à la protection de cultures légumières afin de limiter l'utilisation de produits phytosanitaires toxiques – D. Faure (CNRS) – AAP FRB 2009	73
11H00-11H15	Valoriser la biodiversité spécifique et variétale à l'échelle de la parcelle agricole pour limiter l'utilisation des intrants chimiques et leurs impacts – S. Saint-Jean (AgroParisTech) – AAP LU/FRB 2010	73
11H15-11H30	BAGAM : Biofilms Amazonien issus de la biodiversité Guyanaise pour Applications en pile Microbiennes – F. Robert (Univ. Des Antilles et de la Guyane) – AAP FRB 2009	74
11H30-12H15	Discussion : animation E. Verrier (AgroParisTech)	
12H15-14H00	Pause déjeuner	
SESSION 5. ACTEURS ET GOUVERNANCE DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES – SALLE EINSTEIN		
14H00-14H15	Introduction – M. Antona (CIRAD)	74
14H15-14H30	Droit international et usages locaux de la biodiversité agricole au Nord Vietnam – F. Thomas (IRD) – AAP BRG 2007-2008	74
14H30-14H45	Approche ethnologique de la conservation <i>ex situ</i> au Brésil et au Chili – L. Emperaire (IRD) – AAP BRG 2007-2008	76
14H45-15H00	NETSEED : Approche interdisciplinaire de la gestion des systèmes de semences, réseaux sociaux d'échange de semences – D. McKey (Univ. Montpellier II) – FRB CESAB 2010	78
15H00-15H15	The Governance of Seed Systems: Key to New and Useful Genetic Variation – M. Bellon (CGIAR)	78
15H15-15H45	Discussion : animation A. Charrier (SupAgro)	
15H45	Clôture du colloque	

7] INDEX DES AUTEURS 79

COMPOSITION DU COMITÉ DE PROGRAMME

Jean Beigbeder (Promaïs, COS de la FRB) • **Philippe Bertin** (Univ.Strasbourg) • **Isabelle Bonnin** (FRB) • **Jacques David** (SupAgro) • **Emmanuel Jamet** (Actilait, COS de la FRB) • **François Lefevre** (INRA Avignon, CS de la FRB) • **Stéphane Patin** (Races de France, COS de la FRB) • **Jean-Louis Pham** (IRD/Agropolis Fondation) • **Étienne Verrier** (AgroParisTech, CS de la FRB)

COMPOSITION DU COMITÉ D'ORGANISATION

Cécile Adda (FRB) • **Isabelle Bonnin** (FRB, Responsable du colloque) • **Eléonore Charvolin-Lemaire** (FRB) • **Thomas Delarboulas** (FRB) • **Claude-Anne Gauthier** (FRB) • **Robin Goffaux** (FRB) • **Jean-Pierre Labouisse** (Arcad, Cirad-Agropolis Fondation) • **Marine Le Jars** (FRB) • **Frédérique Marie** (FRB) • **Jean-Louis Pham** (IRD/Agropolis Fondation)



LE MOT DU PRÉSIDENT DE LA FRB

Au même titre que les espèces ou les écosystèmes, les ressources génétiques sont une composante à part entière du tissu vivant de la planète et trouvent donc naturellement leur place au cœur du champ d'action de la Fondation pour la recherche sur la biodiversité (FRB). À la FRB nous œuvrons pour mettre en valeur et faire émerger les interactions entre la recherche sur la biodiversité sauvage et sur la biodiversité domestique, lien indispensable pour relever les défis scientifiques de la préservation et de la gestion durable de la biodiversité dans son ensemble. Héritière du Bureau des ressources génétiques (BRG) et de l'Institut français de la biodiversité (IFB), la FRB s'attache depuis 2008 à construire ce rapprochement.

Il est essentiel de reconnaître les spécificités du domaine ressources génétiques pour mieux construire ensemble. La diversité de gènes mais aussi d'individus, de populations, de connaissances et savoir-faire associés, font partie du concept. Les ressources génétiques co-évoluent avec l'Homme et concernent les acteurs et les problématiques relevant d'enjeux sociaux, économiques et culturels majeurs. Ce patrimoine génétique représente pour l'homme de véritables « ressources » pour l'agriculture, l'alimentation, la médecine, l'industrie et pour bien d'autres activités. La domestication d'espèces par l'Homme lui a permis, par exemple, d'accéder à tout un ensemble de services (agro)écosystémiques et ce, bien avant que le terme de service ne soit consacré. Alors que la FRB développe une approche science-société pour l'ensemble du grand domaine biodiversité, notons que dans le champ des ressources génétiques, il existe historiquement une très grande confluence entre acteurs scientifiques et porteurs d'enjeux.

Ainsi, depuis trois ans, la FRB prend en compte les particularités des ressources génétiques et met en place des actions qui leur sont propres, à l'image des expertises et études sur les indicateurs de suivi de la diversité génétique des plantes cultivées ou encore sur l'accès et le partage des avantages (APA) notamment en

outre-mer. Ce dernier sujet est particulièrement d'actualité depuis l'adoption du protocole de Nagoya en 2010. Par ailleurs, elle porte des grands programmes fédérateurs pour la communauté biodiversité dans lesquels les ressources génétiques trouvent leur place en bénéficiant des moyens et du dynamisme déployés. C'est tout particulièrement le cas du dispositif RG-scope qui voit le jour grâce à l'effet levier de l'ECOSCOPE qui vise à mettre en réseau et en cohérence les observatoires de recherche sur la biodiversité et vient d'être labellisé SOERE (systèmes d'observation et d'expérimentation au long terme pour la recherche en environnement) par l'AllEnvi (Alliance nationale de recherche pour l'environnement). Par ses actions, la FRB désire également accompagner l'intégration des ressources génétiques au sein des programmes nationaux et internationaux de recherche en biodiversité (ONB/SINP, Geobon, Lifewatch...).

Une phrase de Paul Valérie résume bien l'état d'esprit de notre fondation : **« Parce que la diversité est synonyme de richesse... Mettons en commun ce que nous avons de meilleurs et enrichissons-nous de nos mutuelles différences ».**

Je souhaite que ce colloque, au-delà de la restitution des résultats des projets de l'AAP BRG 2007/2008 soit l'occasion de faire un point sur les nouveaux enjeux environnementaux, économiques et sociétaux auxquels les ressources génétiques doivent faire face. Nous pourrions discuter en profondeur des acquis depuis la création de la FRB, identifier quelques priorités pour les années à venir et baliser le chemin pour y arriver.

Patrick DUNCAN
Président de la FRB



LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES EN ACTION AVEC LA FRB

Issue du regroupement du BRG et de l'IFB, la FRB s'est donnée pour mission de replacer la biodiversité dite domestiquée au cœur des questions de biodiversité, souvent entendue au sens de biodiversité sauvage, tout en prenant en compte les spécificités du domaine des ressources génétiques. La FRB soutient donc la recherche, gestion et expertise sur les ressources génétiques, et l'interfaçage science-société dans ce domaine, à travers des actions portant sur l'ensemble du champ biodiversité ou ciblées spécifiquement sur les ressources génétiques.

LA FRB, UNE STRUCTURE QUI FACILITE L'INTERFAÇAGE DU DOMAINE DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES AVEC LE RESTE DU DOMAINE BIODIVERSITÉ

- Un des 5 collèges du Conseil d'orientation stratégique, COS, de la FRB est dédié aux gestionnaires et acteurs socio-économiques des ressources génétiques (soit 8 titulaires sur 40, et 28 structures sur la centaine ayant rejoint le COS). Le représentant du collège ressources génétiques siège ainsi au conseil d'administration de la FRB. De même, le conseil scientifique de la FRB qui comprend 20 membres, compte 4 experts du champ ressources génétiques. Ainsi, la FRB est un lieu privilégié de dialogue et de co-construction entre les différents acteurs scientifiques et de la société sur les ressources génétiques et avec leurs homologues travaillant sur les autres champs de la biodiversité.

- **Le réseau FRB englobe et met en réseau un grand nombre d'acteurs ressources génétiques et biodiversité. Par exemple, plus de 800 acteurs** scientifiques sont ainsi déjà identifiés parmi les 5000 référencés dans la base de données nationale des acteurs recherche de la biodiversité mise en place par la FRB.



GRÂCE À LA FRB, LES RG BÉNÉFICIENT DES MOYENS DE GRANDS PROGRAMMES FÉDÉRATEURS ET D' ACTIONS STRATÉGIQUES SUR LA BIODIVERSITÉ

Les acteurs des ressources génétiques, scientifiques ou porteurs d'enjeux, se mobilisent dans le cadre des programmes FRB :

- **Des programmes phares** : la FRB développe de nombreux programmes comme « Modélisation et scénarios de la biodiversité » ou le « CEntre de Synthèse et d'Analyse de la biodiversité – CESAB ». Pluriannuels, dotés de financements de plusieurs millions d'euros, ils

Part des projets portant sur les RG et la diversité infraspécifique financés dans les appels à projets FRB

- FRB 2009 – 12/56 = **21 %**
- Scénarios 2010 – 1/4 = **25 %**
- CESAB 2010 – 1/4 = **25 %**
- LU 2011 – 1/3 = **33 %**
- Nord-Pas-de-Calais 2010 – 3/10 = **30 %**

- **La communauté ressource génétique, à travers le COS et les organismes de recherche est partie prenante de l'étude en cours à la FRB sur l'élaboration d'un mécanisme national de mobilisation de l'expertise de tous les acteurs dans le cadre de la mise en place de la plateforme intergouvernementale science-politique sur la biodiversité et les services écosystémiques (IPBES).**

LA FRB DÉVELOPPE DES ACTIONS SPÉCIFIQUES SUR LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES

- La FRB lance le projet **RGSCOPE** : la communauté RG a pu configurer un dispositif qui lui est spécifique en bénéficiant de l'effet levier du programme ECOSCOPE. Le RGSCOPE mettra en réseau les dispositifs de suivi et de caractérisation des ressources génétiques et les métadonnées associées via un portail informatique national. Développé en lien avec le projet ARCAD d'Agropolis Fondation, le RGSCOPE permettra

de renforcer la visibilité des dispositifs existants, structurer les réseaux d'informations sur les ressources génétiques et leur suivi en termes de diversité et de gestion, et de faire connaître ce patrimoine domestique national à l'échelle internationale.

- ▶ 4 études clés ont été ou sont actuellement conduites par la FRB pour les ressources génétiques. Elles apportent des éléments de réponse là où des clarifications sont attendues par la société civile, la recherche et les acteurs des RG.

DES COLLOQUES ET ANIMATIONS FRB SUR LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES

- ▶ **Des colloques nationaux** dédiés aux ressources génétiques : en octobre 2008 à Strasbourg, « Les ressources génétiques à l'heure des génomes » ; et en septembre 2011 à Montpellier, « Les ressources génétiques face aux nouveaux enjeux environnementaux, économiques et sociétaux. »
- ▶ Des réunions annuelles d'information sur les ressources génétiques animales et végétales. Afin d'avancer sur ses actions, la fondation organise régulièrement des réunions thématiques regroupant des membres des réseaux de gestion et de recherche sur les ressources génétiques, divers acteurs du COS et des représentants des pouvoirs publics.
- ▶ Des réunions de travail ad hoc, comme par exemple pour la construction du projet RGSCOPE.

DEPUIS MAI 2011, UNE CONVENTION CADRE EXISTE ENTRE LE MAAPRAT ET LA FRB, DONT LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES CONSTITUENT UN ASPECT IMPORTANT

Les domaines d'appui de la FRB au MAAPRAT identifiés sont :

- ▶ la recherche, ainsi que les études, expertises et états des lieux notamment sur (i) la caractérisation des ressources génétiques et de leur diversité, (ii) les stratégies de conservation de ces ressources et le renouvellement et l'optimisation des collections, y compris les aspects juridiques liés à l'obtention et à l'exploitation des ressources génétiques, et (iii) la valorisation des ressources génétiques ainsi que l'économie de leur conservation
- ▶ l'enseignement agricole
- ▶ la veille scientifique, juridique et réglementaire, au plan national et international, sur la gestion et la

conservation des ressources génétiques terrestres et marines

- ▶ la caractérisation et la mobilisation de l'expertise française sur la biodiversité agricole (ressources génétiques, agrobiodiversité, forêt, relation agriculture et biodiversité...)
- ▶ le développement et la mise en synergie des dispositifs d'observation, de suivi et de conservation de la biodiversité agricole dans toutes ses dimensions
- ▶ l'accompagnement à la préparation et la mise en œuvre des accords internationaux sur la biodiversité et les ressources génétiques végétales, animales et microbiennes, terrestres et marines
- ▶ l'animation nationale des acteurs dans le domaine des ressources génétiques végétales, animales et microbiennes, notamment par l'organisation de journées d'animation ainsi que de colloques et d'ateliers de prospectives
- ▶ la participation à la réflexion sur les évolutions juridiques et réglementaires nécessaires et un appui en vue de l'élaboration des positions françaises arrêtées dans les enceintes interministérielles.

APA en Outre-Mer

Pertinence et faisabilité juridique et institutionnelle d'un dispositif d'accès et de partage des avantages en outre-mer, portant sur les ressources génétiques et connaissances traditionnelles associées dans le cadre de la mise en œuvre nationale du Protocole de Nagoya – 2010

INDICATEURS

Quels indicateurs pour suivre la diversité génétique des plantes cultivées ?

Le cas du blé tendre cultivé en France depuis un siècle

Le Concept des RG

« Ressources génétiques » : histoire de l'évolution d'un concept en relation avec celui de « biodiversité »

Le statut des RG

Quelles sont les conséquences de l'absence de statut juridique des RG ?

Mise en place d'une expertise collégiale pour éclairer les décisions politiques



LES PARTENAIRES

LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES EN LANGUEDOC-ROUSSILLON

Les ressources biologiques d'intérêt agricole et alimentaire ont toujours été un domaine tout à la fois assumé et négligé par les institutions publiques françaises : les collections existent, les scientifiques les entretiennent, des conservatoires paysans et institutionnels en assument régulièrement la jouvence, chacun à sa place fait son travail au mieux des moyens dont il dispose.

Aujourd'hui, l'enjeu économique et sociétal que représentent ces collections commence à être perçu au-delà du seul cercle des spécialistes, et ce d'autant plus que les outils modernes de la biologie moléculaire et de la génomique permettent d'en explorer la diversité et d'en évaluer scientifiquement la qualité et la valeur agronomique. Les ressources génétiques sont au cœur de l'avenir des agricultures du monde, tempérées, méditerranéennes ou tropicales, et peuvent permettre d'optimiser la production agricole en l'adaptant aussi bien aux contraintes édaphiques et climatiques qu'aux habitudes culturelles et aux goûts alimentaires des multiples

communautés humaines. Leur diversité est une richesse à l'aune de la variété des sociétés humaines.

A Montpellier, siège d'Agropolis, un vaste projet intitulé ARCAD (Agropolis Resource Center for Crop Conservation, Adaptation and Diversity) a émergé, fortement impulsé par la Région Languedoc-Roussillon. Il permettra d'offrir des conditions de haut niveau pour leur stockage, leur conservation et leur exploration et d'assumer une gestion organisée, visible et puissante de ce patrimoine rare et de grande valeur. Point nodal au cœur d'un réseau national et international qui se structure, ARCAD compte parmi les grands projets portés aujourd'hui par le Contrat de Projet Etat-Région du Languedoc-Roussillon.

Anne-Yvonne Le Dain

Vice-Présidente du Conseil Régional Languedoc-Roussillon Enseignement supérieur, Recherche, Innovation, TIC et Pôles de compétitivité.



ARCAD : UN CENTRE DE RESSOURCES SUR L'AGROBIODIVERSITÉ À MONTPELLIER



Quatre institutions de recherche travaillant sur les sciences de la plante, le Cirad, l'Inra, l'IRD et Montpellier SupAgro ont signé en octobre 2009 un accord de consortium pour la mise en œuvre d'un important projet d'étude et de conservation de l'agrobiodiversité : Arcad (Agropolis Resource Center for Crop Conservation, Adaptation and Diversity). Arcad associe de nombreux partenaires français et étrangers (CNRS, universités, SNRA, centres du CGIAR) pour des activités de recherche et de formation, fortement orientées vers le Sud et la Méditerranée.

Objectif : Développer à Montpellier un centre de ressources sur l'agrobiodiversité : ressources biologiques, technologiques, scientifiques et pédagogiques.

La composante scientifique d'Arcad bénéficie pour 4 ans (2009-2013) d'un financement de 3 M€ par Agropolis Fondation (2009-2013) et de l'apport en personnels permanents et plateaux techniques des institutions partenaires. A Montpellier, plus de 70 personnes sont impliquées. Les équipes du consortium ARCAD contribuent au projet dans les domaines de la génomique, de la génétique des populations, de la bio-informatique et de l'anthropologie.

Arcad cherche principalement à analyser l'histoire évolutive et les modalités de la domestication et de l'adaptation des plantes cultivées méditerranéennes et tropicales afin de mieux exploiter et conserver leur diversité génétique, structuré en 8 sous-projets. Trois sous-projets de recherche portent sur la phylogénomique comparative d'une dizaine d'espèces cultivées et de leurs ancêtres sauvages, sur l'adaptation des

plantes au changement climatique et sur la diversité et les dynamiques d'évolution des céréales en Afrique. Quatre sous-projets d'appui portent sur le traitement bioinformatique des données générées par les projets de recherche, la génétique d'association, la cryoconservation des ressources génétiques, la création et la gestion d'une banque d'ADNs. Un dernier sous-projet organise des modules de formation de niveau doctoral et post-doctoral. Des formations en bioinformatique, sur l'analyse pluridisciplinaire de l'agrobiodiversité ont ainsi été organisées, à Montpellier mais aussi au Maroc.

A moyen terme, grâce au soutien financier de la Région Languedoc-Roussillon, un projet immobilier permettra d'établir sur le site de la Lavalette un espace dédié à la conservation des ressources génétiques, à la recherche et à la formation. Cette réalisation donnera une visibilité internationale et une pérennité à ce centre de ressources sur l'agrobiodiversité qui fédère les potentiels de recherche des grands établissements scientifiques de Montpellier.

Arcad souhaite ainsi jouer un rôle moteur dans le dispositif français de conservation et de recherche sur les ressources phytogénétiques, et s'implique fortement dans les initiatives visant à renforcer ce dispositif.

Arcad est partenaire du colloque FRB 2011 sur les Ressources Génétiques et souhaite la bienvenue à Montpellier à tous ses participants.

Contact : arcad@agropolis.fr / www.arcad-project.fr

MARDI 20 SEPTEMBRE 2011

EVOLUTION DU CONCEPT, DES ENJEUX ET DES CHOIX POUR LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES DU DOMAINE VÉGÉTAL, DANS LE CONTEXTE INTERNATIONAL

– A.Charrier (SupAgro)

Les Hommes ont de tout temps utilisé des ressources naturelles de la biodiversité et ont développé, depuis le Néolithique, l'usage agricole d'une partie de la biodiversité par la domestication, la reproduction et la sélection pour des adaptations environnementales et des usages variés.

Le concept de Ressources génétiques (Frankel, 1967) a d'abord été développé pour les plantes cultivées, dans le cadre de l'accompagnement de la Révolution Verte, et associé à la conservation des cultivars traditionnels locaux considérés comme Patrimoine commun de l'humanité (PCH) et ressource en libre accès (Engagement international sur les ressources phytogénétiques, FAO, 1983).

L'émergence du concept de biodiversité (Wilson, 1986) a déplacé le débat vers la protection des milieux naturels et la conservation de tous les organismes vivants. La « Convention sur la diversité biologique » (CDB, Rio 1992) reconnaît la souveraineté des Etats-parties sur leurs ressources naturelles et le droit de propriété. Ces biens (ressources biologiques et génétiques) sont soumis à un régime contractuel d'accès et de partage des avantages (APA), dans une logique de concession contractuelle d'exploitation. La mise en cohérence de l'Engagement initial FAO avec la CDB a conduit à l'adoption du Traité International sur les ressources phytogénétiques (Rome, 2001) fondé sur un système multilatéral d'accès facilité, avec des règles communes de gestion d'une liste restreinte de plantes cultivées, c'est à dire à la mutualisation du patrimoine génétique et des avantages.

La construction de ces concepts a accompagné les formidables avancées des connaissances en sciences de la vie des 50 dernières années (écologie, génétique, biotechnologies, génomique...), ainsi que l'évolution de nos rapports au vivant et la prise de conscience par l'opinion publique de l'intérêt écologique, économique et éthique de la biodiversité.

La gestion des ressources biologiques est encadrée par les politiques publiques des Etats signataires des engagements pris en application des conférences internationales marquantes qui jalonnent ces trois dernières décennies: Rome 1983, Rio de Janeiro 1992, Marrakech 1995, Rome 2001 et Nagoya 2010. Ainsi, la valorisation des ressources biologiques et génétiques est associée aux modalités de protection de l'activité inventive (brevet, COV) par les accords ADPIC de l'OMC sur la Propriété Intellectuelle. De plus, un accord de principe a été adopté à Nagoya sur des règles APA coordonnées et opérationnelles afin de dépasser les difficultés rencontrées dans leur application.

Cette rétrospective apportera un éclairage sur l'évolution du concept de ressources génétiques végétales et le cadre des conventions internationales. Parmi les questions en débat, nous aborderons :

- l'évolution des rapports « ressources génétiques-biodiversité », en lien avec leurs usages, leur statut, les acteurs, les communautés scientifiques concernées, ... ;
- la complémentarité et l'évolution des modalités de conservation (*ex situ* / *in situ*) et de valorisation selon la nature des ressources (objets biologiques, information génomique, bases de données), et les progrès des connaissances et des technologies ;
- la prise en compte des différentes « valeurs » associées à la ressource résultant de son exploitation directe, de ses potentialités en sélection ou des services rendus au niveau des écosystèmes ;
- l'impact de la protection juridique sur l'accès et la valorisation des ressources génétiques.

Pour conclure, on s'interrogera sur la problématique des «biens publics mondiaux» (BPM) et les options permettant de relever le défi de l'interdépendance des Hommes du point de vue de la conservation et de la valorisation de la Biodiversité, particulièrement dans le domaine de la sécurité alimentaire d'une population mondiale en croissance rapide, tout en respectant la relation Homme-Nature et les diversités socioculturelles locales.



UN EXEMPLE D'ÉVOLUTION DE L'ÉTAT DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES : LE CAS DU BLÉ TENDRE CULTIVÉ EN FRANCE DEPUIS UN SIÈCLE

– R. Goffaux (FRB)

La FRB a pour mission de promouvoir les activités de synthèse des connaissances en matière de recherche sur la biodiversité. Parmi d'autres actions, elle encourage la mise en cohérence des systèmes de recherche pour l'observation, la caractérisation et la gestion de la biodiversité, y compris dans sa composante domestique. Dans ce contexte, disposer d'indicateurs ad hoc permettant de suivre l'état de la diversité génétique d'espèces cultivées ou élevées est un véritable défi. À partir d'un ensemble d'indicateurs relevés dans la littérature et appliqués au cas du blé tendre cultivé depuis un siècle dans les départements français, la FRB a réalisé un tableau de bord de l'état de la diversité du blé tendre *in situ*, c'est-à-dire mis en culture au champ par les agriculteurs. L'application de ce tableau de bord montre l'intérêt du couplage des données sur le nombre de variétés cultivées, sur leur diversité génétique et des surfaces sur lesquelles elles sont cultivées. Ce tableau de bord est un formidable outil pour éclairer les décideurs sur les actions visant à maintenir aux échelles nationale et territoriale, la diversité de ces ressources pour l'agriculture et l'alimentation de demain.

Goffaux R, Goldringer I, Bonneuil C, Montalent P & Bonnin I (2011). 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 synthèses, 2011, 44 pages.



LES NOUVEAUX FACTEURS DE CHANGEMENTS ET CONSÉQUENCES SUR LA MOBILISATION DES RG

– I. Hoffmann (FAO) et J. David (SupAgro)

Les ressources génétiques des plantes cultivées, quel paradigme choisir entre exploitation minière et travail évolutif ?

Jacques David

Montpellier Supagro, UMR AGAP, 2 pl. Viala, 34060 Montpellier Cedex 2, France

Mél : jacques.david@supagro.inra.fr

Le ^{XX}^{ème} siècle a certainement été un des siècles les plus perturbateurs. Nombre de grandes variables en situation d'équilibre dynamique supposé ou en évolution lente ont basculé vers des états instables, indissociables d'une notion de progrès. Ces progrès portent en eux des germes de crises, dont certaines ont commencé à éclore (démographie, changements climatiques), d'autres sont encore à venir (épuisement des ressources naturelles : abiotiques mais aussi biotiques). Déjouer ces crises ou en réduire les effets seront les enjeux de ce siècle.

Comme la médecine et les technologies industrielles, l'agriculture a connu une forte évolution et des modes millénaires de co-évolution entre l'Homme et les organismes domestiqués ont été bouleversés : profondément là où l'apparition de filières de production ont fait apparaître de nouveaux acteurs spécialisés, au sein d'entreprises souvent d'envergure internationale, vraisemblablement en cours et de manière accélérée dans des zones de production qualifiées de traditionnelles. Ainsi, une ressource naturelle accumulée et gérée par les agriculteurs de manière plus ou moins consciente, continue et dynamique en fonction des contraintes nouvelles des milieux, non nécessairement optimale en terme de production, c'est-à-dire la diversité génétique des plantes cultivées, a-t-elle pris le statut de ressources génétiques, préservées *ex situ* et associées à une vision patrimoniale, non renouvelable, perdant la plupart de ses attributs évolutifs. Les récents progrès des technologies d'étude de l'ADN, le raffinement des outils de description des valeurs adaptatives des plantes en conditions de stress, voire le développement des techniques de transformation génétique par recombinaison homologue font de ce patrimoine un Eldorado renouvelé pour l'amélioration des plantes. Une exploitation minière des ressources génétiques est donc à l'œuvre sur des espèces phares comme le maïs, le riz ou le blé, pour répondre à un large panel de questions posées par les besoins du développement agricole.

Pour autant, une vision plus dynamique de la diversité, confortée par l'évolution des méthodes en génétique des populations pour disséquer, comprendre et pourquoi pas maintenir et piloter la capacité adaptative des plantes domestiques permet de dépasser la notion de patrimoine et d'envisager des ressources génétiques plus durables. Cette voie semble plus ardue que la précédente mais mérite qu'on y porte de l'attention. Pour compléter l'analogie de classification des ressources génétiques comme valeur patrimoniale, il faudrait qualifier cette création de valeur adaptative comme le résultat d'un travail évolutif.

L'exposé posera quelques repères et pistes de réflexions pour engager la discussion sur ce thème.

SESSION 1

ÉVOLUTION DE LA DIVERSITÉ INFRA SPÉCIFIQUE FACE AUX CHANGEMENTS ENVIRONNEMENTAUX

Introduction: Yves Vigouroux (IRD)

L'évolution et la persistance des populations dépendent de nombreux facteurs dont la migration et l'adaptation. Face aux changements environnementaux, les populations font parfois face à une fragmentation accrue de leur habitat, mais parfois aussi à la possibilité de coloniser de nouveaux milieux. La capacité de migration et son évolution influencent directement la possibilité de la persistance des espèces et des populations, leur capacité à s'adapter aussi. Un des développements majeurs de ces dernières années est l'identification croissante des bases génétiques de l'adaptation des populations. L'identification de ces gènes offre et offrira de nouvelles opportunités de recherche pour comprendre l'évolution temporelle des populations et la variabilité spatiale de la sélection. Les exposés de cette session illustrent ces différents processus.

Raphaël Morillon (CIRAD),

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

DIVERSITÉ DES COMPOSANTES PHYSIOLOGIQUES ET MOLÉCULAIRES DE LA TOLÉRANCE À LA SALINITÉ CHEZ LES AGRUMES

Raphaël Morillon¹, François Luro², ¹UPR Multiplication végétative, CIRAD, ²Unité GEQUA, INRA

Objectifs du projet :

Les objectifs globaux du projet étaient d'analyser les liens entre la diversité phénotypique (tolérance au stress salin), la diversité allélique et d'expression de gènes candidats pour la tolérance des agrumes à la salinité. Notre projet se déclinait en trois objectifs spécifiques :

- Analyse de la diversité physiologique sous condition de stress salin et de la diversité allélique de gènes candidats sur un échantillon représentatif de la diversité moléculaire des agrumes (core collection) établi à partir de la diversité allélique des marqueurs neutres (SSR génomiques)
- Analyse de la diversité d'expression des gènes candidats en condition de stress/non stress pour un représentant de chacun des 3 taxons de base et un *Poncirus*.
- Etude du co-positionnement des gènes candidats avec les QTLs de tolérance au stress salin identifiés sur une population F2 créée à partir des génotypes présentant les comportements les plus tranchés vis-à-vis du stress salin : mandarinier Cléopâtre et *Poncirus trifoliata*.

Caractérisation de la diversité de comportements au sel de génotypes d'agrumes.

Le comportement physiologique d'un panel de variétés appartenant aux trois taxons de base chez les agrumes vis-à-vis d'un stress salin modéré (NaCl, 75mM) a été analysé. Nous avons observé que les vitesses de croissance ou bien encore la photosynthèse pouvaient être très différentes en fonction des variétés. Par contre, pour une même variété tous les arbres présentaient le même comportement démontrant que les différences observées étaient bien d'ordre génétique et non provoquées par une possible variation de conditions de culture. Pour chaque paramètre il a donc été possible d'attribuer une valeur moyenne à chaque variété. Une ACP de la diversité de comportement relatif aux témoins montre que deux entités distinctes apparaissent distinctement: celle correspondant à des variétés ou espèces ayant accumulé des ions chlorure et sodium à fortes doses (au niveau des feuilles) de même que des composés phénoliques ; dans ce groupe on trouve tous les cédratiers, le citrange Carrizo et les limettiers Mexicain et Brazil Sweet (Fig. 1). Le cédratier Main de Bouddha et le limettier Mexicain présentent des conductances stomatiques élevées et une croissance réduite. Dans le deuxième groupe on trouve les citronniers, les mandariniers, les pamplemoussiers, le combava, la lime Rangpur, le bigaradier et les pomelos. Ce groupe se singularise essentiellement par une moindre accumulation des ions mais aussi par une activité photosynthétique plus importante que les variétés du premier groupe. Sur le plan génétique

on peut conclure que la bipartition reflète le degré d'apparentement de certaines espèces secondaires. Par exemple le bigaradier a un comportement assez proche de ses deux parents supposés (mandariniers et pamplemoussiers). Le citronnier probablement issu d'un croisement à l'origine entre un bigaradier et un cédratier aurait hérité du comportement du bigaradier tandis que les limettiers Mexicain et Brazil Sweet auraient hérité du cédratier reconnu comme leur parent paternel. Le limettier Rangpur, contrairement aux autres limettiers, présente un apparentement avec les mandariniers. De façon intéressante, les pomelos présentaient un comportement singulier qui s'est manifesté par une chute totale des feuilles au bout de deux mois de stress, suivie par la formation de nouvelles feuilles. Il est possible que ce comportement soit un mécanisme de défense que l'on peut qualifier de résilience et qui consiste à se débarrasser des feuilles ayant accumulé des ions toxiques pour les arbres et à fabriquer de nouvelles feuilles pour maintenir la photosynthèse et la croissance des plants. Ces résultats suggèrent qu'il serait possible de trouver de nouvelles sources de tolérance au sein des groupes mandariniers et pamplemoussiers dans la mesure où ils renferment une forte diversité génétique.

Etudes de diversité de gènes candidats impliqués dans la tolérance au sel.

- Le séquençage direct de 18 gènes impliqués dans la tolérance au stress salin (osmorégulation, transport des ions ou détoxification cellulaire) sur 5 génotypes haploïdes et 43 génotypes diploïdes représentatifs de la diversité a été réalisé. Près de 800 amplifications par PCR ont été réalisées et environ 650 séquences se sont révélées exploitables. Pour, un nombre limité de génotypes le séquençage a été illisible en raison de la présence d'une délétion ou d'une insertion dans l'un des deux allèles. De même, au sein des séquences des gènes des différents génotypes, il a pu être mis en évidence la présence de SNP. La fréquence de SNPs et d'indels pour 1000 nucléotides étaient respectivement de 26.6 and 2.0. La présence d'indels s'est révélée plus fréquente au niveau intergénérique et a permis de discriminer les génotypes du genre Citrus de ceux du genre Poncirus pour 7 gènes sur 12. A partir des résultats obtenus lors de l'analyse des taxons de base, plusieurs gènes ont été sélectionnés pour étudier la diversité au sein de la collection de référence. Une illustration de l'analyse d'un gène AoC est présentée sur la figure 2. L'illustration de cette structure traduit fidèlement les hypothèses de phylogénie des agrumes où il y aurait trois espèces ancestrales au sein du genre Citrus à l'origine de la plupart des espèces cultivées. Néanmoins elle ne coïncide pas totalement avec celle observée à partir de la physiologie des plants stressés ce qui suggérerait une non implication de la variation de séquence dans le comportement physiologique. Des analyses d'expression sont envisagées afin de vérifier cette conclusion ainsi que des analyses QTL et leur positionnement sur une carte génétique.
- Positionnement des gènes candidats impliqués dans la tolérance au stress salin sur une population F2
- Le mandarinier Cléopâtre (*C. reshni* Hort. Ex Tan.) est connu pour être tolérant au stress salin tandis que le Poncirus trifoliata est connu pour y être très sensible. Nous avons donc réalisé une population F2 obtenue à partir d'un hybride (mandarinier Cléopâtre x Poncirus trifoliata) afin de pouvoir localiser les QTLs de tolérance. Dans un premier temps, à l'aide de marqueurs SSR, seuls les génotypes zygotiques ont été retenus. Quatre-vingt-dix neuf génotypes ont été retenus et 135 marqueurs SSRs ont été utilisés pour réaliser la carte génétique de l'hybride F1. L'analyse de ségrégation nous a conduit à l'obtention d'une première carte génétique sur laquelle quatre gènes candidats, connus pour être impliqués dans la tolérance au stress salin et présentant des « indels » permettant de différencier les allèles respectivement hérités des parents Poncirus et mandarinier Cléopâtre, ont été cartographiés. Cette carte génétique est un premier élément pour l'analyse des QTL de la tolérance au stress salin chez les agrumes. Cette analyse QTL sera poursuivie au Pakistan dans le cadre d'un partenariat avec le chercheur qui a initié ce travail. La population F2 sera donc prochainement envoyée au Pakistan ou elle sera multipliée par bouturage avant d'être analysée.

Participation à des congrès :

- Hussain, S, Morillon, R, Palazzo, O, Costantino, G, Dubois, A, Curk, F, Ollitrault, P, Luro F. Genetic strategy for identification of genes involved in citrus salt stress tolerance: status of genome mapping program. XVIIIth EUCARPIA General Congress 9-12 September 2008, Valencia, Espagne.
- Hussain, S, Mouhaya, W, Costantino, G, Urban, L, Froelicher, Y, Ollitrault, P, Morillon, R, Luro F. Genetic and physiological behavior of citrus genetic resources to salt stress tolerance. Eco-physiological effects of plant responses to stress – September 16-19 september 2009 Cracovie, Pologne.

Articles :

- Hussain, S, Luro F, Costantino G, Ollitrault P, Morillon R. Physiological analysis of salt stress behavior of citrus species and genera: low chloride accumulation is an indicator of salt tolerance. Soumis pour publication.
- Hussain S, Morillon R, Costantino G, Ollitrault P, Luro F. Citrus diversity investigated in relation to their physiological salt stress tolerance behaviors. En préparation.

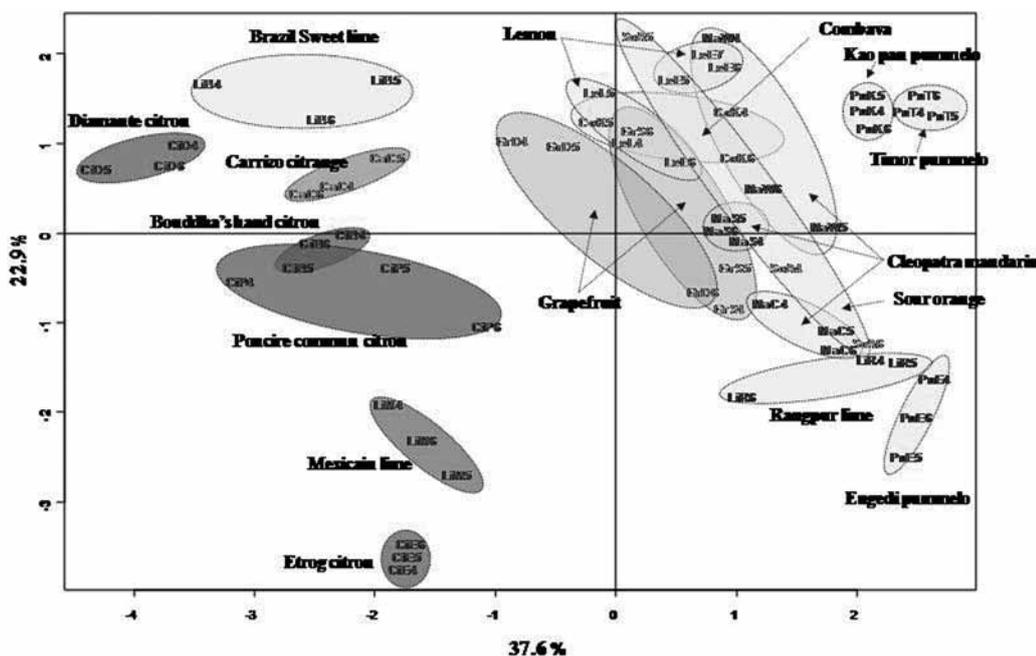


Figure 1 : PCA correspondant aux variétés d'agrumes. Les deux premiers axes représentent 61% de la diversité calculée à partir des paramètres physiologiques mesurés en situation de stress salin. Les cercles représentent les répétitions pour chaque génotype.

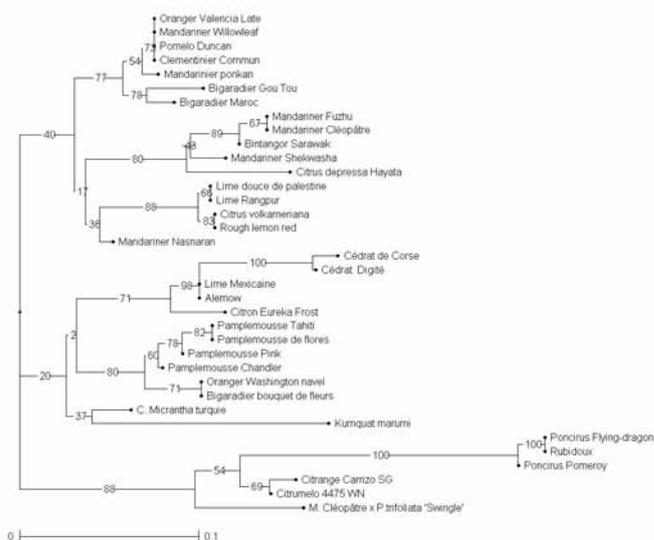


Figure 2 : L'analyse du gène AOc codant une Ascorbate Oxydase montre que le pomelo Duncan (grapefruit Duncan) et le bigaradier Maroc (Sour Orange) ont chacun hérité d'un haplotype de mandarinier et d'un haplotype de pamplemoussier. Le citronnier Eureka et le limettier Mexicain ont d'autre part hérité d'un haplotype de mandarinier et d'un haplotype de cédratier (citron). Parmi les hybrides intergénériques, le Citrange Carrizo, l'hybride Mandarinier Cléopâtre x *Poncirus trifoliata* 'Swingle' et le Citrumelo 4475 ont hérité tous deux d'un haplotype de mandarinier et d'un haplotype de Poncirus tandis que le Citrange C35 a quant à lui, hérité respectivement d'un haplotype de pamplemoussier et d'un haplotype de *Poncirus*.



Claire Damesin (Université Paris Sud)

>> Appel à projets FRB 2009

FRENETIC : DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE ET FONCTIONNELLE AU SEIN D'UN COMPLEXE D'ESPÈCES *FRAXINUS EXCELSIOR* L. ET *FRAXINUS ANGUSTIFOLIA* VALH. IMPORTANCE DE L'HYBRIDATION DANS UNE PERSPECTIVE DE CHANGEMENT CLIMATIQUE ET DE GESTION FORESTIÈRE

La capacité des arbres à faire face aux variations climatiques est une information essentielle pour la gestion forestière. Dans ce cadre, nous proposons d'étudier un complexe d'espèces de frênes et leurs hybrides par une caractérisation à la fois génétique et fonctionnelle de leur adaptation à une contrainte climatique (stress hydrique). i) La diversité fonctionnelle associée à la diversité génétique sera étudiée à l'échelle de populations réparties en France. ii) Pour caractériser la diversité génétique adaptative, l'expression des gènes associée à la mise en place d'un stress hydrique sera suivie.

MARDI 20 SEPTEMBRE 2011

////////////////////////////////////
Claire NEEMA (AgroParisTech)

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

DÉVELOPPEMENT DE MARQUEURS SNP POUR LA DÉTECTION DE SIGNATURES MOLÉCULAIRES DE LA SÉLECTION NATURELLE DANS UN GÉNOME FONGIQUE

Neema C¹, Gout L.¹, Ducasse A.², Walker A-S.², Gautier A.², Amselem J.²

¹AgroParisTech, UR BIOGER-CPP ;

²INRA, UR BIOGER-CPP, Thiverval-Grignon, France

Le développement de marqueurs SNP (Single Nucleotide Polymorphism) connaît un essor croissant depuis quelques années pour de nombreuses espèces étudiées en biologie, et ce depuis l'accès aux séquences complètes de génomes. Ces marqueurs, lorsqu'ils sont développés à l'échelle du génome entier, sont des outils puissants pour l'étude des recombinaisons, des réarrangements génomiques, et des liens de parenté génétique entre individus et entre populations. En santé des plantes, ces marqueurs peuvent être utilisés pour le suivi épidémiologique des populations pathogènes, essentiel pour mieux comprendre leur dynamique et leur évolution face aux pressions de sélection (fongicides, plante hôte,...). *B. cinerea* est un modèle biologique intéressant pour développer ce type d'approche. En effet, le séquençage complet du génome d'une souche (T4) de *B. cinerea* a été réalisé récemment par le Centre National de Séquençage à Evry et celui d'une seconde souche (B0510), par le Broad Institute (USA) et Syngenta. L'alignement des génomes de ces deux souches a permis d'identifier plus de 56.000 SNP dont 22.315 sont localisés dans des gènes (13708 SNP synonymes et 8707 SNP non synonymes). L'analyse par gène a mis en évidence que plus de 7900 gènes présentent au moins un polymorphisme SNPs et que moins de 10 SNPs sont observés dans 82% de ces gènes. L'analyse des patrons de mutation a permis d'identifier un set de gènes présentant potentiellement des signatures de sélection purifiante ou de sélection positive.

Un ensemble de 144 SNPs localisés dans les séquences exoniques de gènes potentiellement neutres et de gènes de résistance à des fongicides, a été sélectionné. Ils sont répartis le long des 14 plus grands métacontigs du génome de la souche T4 de *B. cinerea*, ce qui couvre environ 75% du génome séquencé. Une collection mondiale d'environ 450 souches de *B. cinerea* a été constituée. Ces souches proviennent de zones géographiques différentes et ont été préférentiellement isolées de vigne. Par ailleurs, l'étude a également concerné 4 populations (40 individus dans chaque population) ayant subi différentes pressions de sélection fongicides. Le génotypage des souches de *B. cinerea* a été réalisé en utilisant la technologie SNPlex (Applied Biosystems) par le CEA/CNG d'Evry en collaboration avec l'équipe de D. Brunel (INRA, GAP). Ces souches ont également été caractérisées à l'aide de marqueurs microsatellites et leur profil de résistance à des fongicides a été déterminé.

124 marqueurs SNPs se sont révélés être polymorphes dans au moins une population. L'analyse des patrons de polymorphisme a révélé des différences de niveaux de variabilité pour ces marqueurs entre les différentes populations géographiques (tableau 1). Ainsi la proportion de loci SNP polymorphes, le nombre moyen d'allèles par locus ainsi que la proportion d'haplotypes uniques sont variables entre les différentes populations. De plus l'analyse par marqueur SNP et par population indique une variabilité du niveau de polymorphisme entre les différents pays. Ces données suggèrent donc que les marqueurs SNPs développés permettent de différencier les populations et que certains SNPs pourraient être plus spécifiques de certaines populations. L'analyse de la variabilité génétique révélée par les 124 SNPs indique un niveau de différenciation entre les populations faibles mais significatifs ($\phi_{ST} = 0,055$; $P=0.001$).

	Nombre de souches	Proportion de loci polymorphes	Nombre moyen d'allèles/locus	Hexp.	Proportion d'haplotypes uniques
Afrique du Sud	25	0,78	1,78	0,23	0,73
Australie	23	0,77	1,70	0,19	0,82
Chili	26	0,68	1,71	0,22	0,86
France	139	0,97	1,97	0,20	0,88
Hongrie	29	0,82	1,82	0,22	0,94
Israël	26	0,95	1,95	0,27	0,92

Tableau 1 – Statistiques de polymorphisme des SNPs dans des populations de *Botrytis cinerea*

Nos résultats montrent l'intérêt des marqueurs SNP pour la détection de signatures moléculaires de la sélection naturelle dans un génome fongique. L'objectif maintenant est d'analyser la structure génétique de ces populations prélevées à une échelle mondiale et de localiser des gènes (ou des régions génomiques) soumis à pression de sélection (résistance à différents fongicides, pouvoir pathogène) dans le génome par des approches de génétique d'association. Cette étude sera menée sur des souches caractérisées pour leur agressivité différentielle sur des cultivars de tomate.

Communications :

* Gout L., Gautier A., Ducasse A., Amselem J., Pradier J. M., Neema C. 2009. Recherche de gènes soumis à sélection positive chez *Botrytis cinerea*, 7^{ème} Colloque National de la Société Française de Phytopathologie, Lyon, France, 8-11 juin (poster)

* Gout L., Ducasse A., Walker A-S., Gautier A., Amselem J., Neema C. 2009. Caractérisation de la variabilité génétique de populations mondiales de *Botrytis cinerea*. Journées Mycologie, Jean Chevaugéon Aussois, 2010 (poster)



Jérôme CHAVE (CNRS)

>> Appel à projets FRB 2009

ATROPHY : ADAPTATION DES ARBRES TROPICAUX AUX CHANGEMENTS CLIMATIQUES : SIGNAL PHYLOGÉNÉTIQUE LE LONG DE DEUX GRADIENTS TROPICAUX.

La réponse des espèces d'arbres tropicaux aux changements climatiques reste mal connue. Une approche consiste à explorer comment les traits fonctionnels varient le long des gradients climatiques contemporains. Nous proposons d'évaluer le potentiel d'adaptation aux changements climatiques des lignages de plantes en nous appuyant sur des projets de recherche en cours. Nous contrasterons les changements concertés des traits fonctionnels et de la similarité phylogénétique le long de deux gradients climatiques en Amérique du Sud : Bolivie et Sud-Est du Brésil.,



Jean-François ARNAUD, AAP Nord-Pas-de-Calais 2010 (Univ. Lille I)

>> Appel à projets Nord-Pas-de-Calais

GENEFrag : FLUX DE GÈNES EN POPULATIONS FRAGMENTÉES : CONSÉQUENCES SUR LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE CHEZ DEUX ESPÈCES D'INTÉRÊT PATRIMONIAL ET MENACÉES EN NORD-PAS-DE-CALAIS, LA BETTERAVE MARITIME (*BETA VULGARIS* SSP. *MARITIMA*) ET LE SILENE PENCHÉ (*SILENE NUTANS*).

Le projet GENEFrag vise à évaluer l'amplitude de la fragmentation des habitats chez deux espèces végétales inféodées au littoral du Nord-Pas-de-Calais et d'intérêt patrimonial, la betterave maritime (*Beta vulgaris*) et le Silene penché (*Silene nutans*).

Cette évaluation permettra d'approfondir la connaissance de la diversité génétique des populations, de sa structuration et de sa dynamique spatiale et temporelle, indispensable à la mise en place de procédures de gestion durables.

Plus précisément ses objectifs sont de

1. caractériser les flux de gènes entre populations fragmentées pour chacune de ces deux espèces et les relier avec les caractéristiques de l'habitat,
2. comprendre l'importance relative des deux vecteurs possibles de dispersion (graines et pollen) dans l'établissement des flux de gènes entre les populations,
3. déterminer les conséquences éventuelles de la fragmentation et des ruptures d'échanges génétiques en termes de diversité génétique et de succès reproducteur individuel dans les populations naturelles,
4. identifier les populations menacées et proposer des stratégies de gestion des sites naturels du Nord-Pas-de-Calais.

Le programme de travail se compose de quatre phases :

- des missions de terrain, de repérage, de caractérisation des populations, d'échantillonnages et de prélèvements,
- des analyses moléculaires : génotypage des individus, travail en serre pour une évaluation des niveaux d'autofécondation et achèvement d'une banque de marqueurs ADN,

MARDI 20 SEPTEMBRE 2011

- des analyses statistiques des données de diversité génétique,
- l'établissement d'un indice de fragilité pour chacune des populations au regard de la diversité génétique, des niveaux de fragmentation et de rupture de flux de gènes.

Les résultats permettront de proposer des mesures de gestion adaptée au cas par cas selon l'isolement géographique, la structure du paysage et la résilience de l'habitat à la dispersion des pollinisateurs.

SESSION POSTER

PROJETS FINANCÉS PAR LE BRG OU LA FRB

ARCHEVIR : MÉTAGÉNOME ET DIVERSITÉ DES VIRUS D'ARCHÉES (ARCHÉOVIRUS) HYPERHALOPHILES (LAC ROSE, SÉNÉGAL)

>> Appel à projets FRB 2009

T. SIME-NGANDO

Laboratoire Microorganismes : Génome et Environnement - UMR CNRS 6023, Bât. Biologie A, 24 avenue des Landais, BP 80026 63171 Aubière Cedex. France.

Les virus aquatiques suscitent aujourd'hui un intérêt croissant dans le cadre général des sciences de l'environnement et de l'évolution adaptative de la vie cellulaire. Cependant, les études concernant surtout les milieux marins tempérés et notre connaissance de la diversité virale reste globalement rudimentaire. L'observation de formes virales atypiques dans un lac hypersalé tropical justifie la présente demande, dont le but est l'étude exploratoire et la caractérisation d'une ressource génétique virale méconnue, les virus d'archées hyperhalophiles (lac Rose ou *Retba* en *Wolof*, Région de Dakar, Sénégal, Afrique).

////////////////////////////////////

VARIABILITÉ DE CARACTÈRES D'INTÉRÊT CHEZ DES ESPÈCES DU GENRE *AGARICUS* PRENANT EN COMPTE LES DONNÉES DE PHYLOGÉNIE ET DE DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE ACQUISES SUR UNE COLLECTION DE RÉFÉRENCE.

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

P. Callac*, J.-M. Bessière, E. Creppy, J. Guinberteau, E. Huang, J.-M. Savoie, R. W. Kerrigan, M. Largeau, S. Moukha, A.M.P. Navaro Rodriguez L.A Parra, S. Rapior.

* INRA, UR 1264, Mycologie et Sécurité des Aliments, B.P.81 – 33883 VILLENAVE D'ORNON Cedex –France, E-mail: callac@bordeaux.inra.fr

S'appuyant largement sur la collection de souches et l'herbier du germoplasme des agarics à Bordeaux (CGAB), la taxinomie et la reconstruction phylogénétique du genre *Agaricus* ont offert l'opportunité d'évaluer la variabilité de caractères d'intérêt tels que les composants volatils chez les agarics, la température de fructification chez les variétés de *Agaricus bisporus* (le champignon de Paris), les propriétés thérapeutiques chez des spécimens provenant de populations éloignées de *Agaricus subrufescens*. Les résultats en phylogénie et taxinomie ainsi que ceux ces caractères sont présentés tour à tour.

Le genre *Agaricus* est monophylétique. Les espèces d'agarics des régions tempérées se répartissent dans huit sections dont six sont monophylétiques : *Xanthodermatei*, *Bivelares*, *Chitonioides*, *Agaricus*, *Arvenses*, et *Minores*. L'actuelle section *Sanguinolenti* regroupe probablement trois sections ; enfin, la section *Spissicaules* demeure la moins bien connue. L'analyse phylogénétique de chaque section est basée sur le polymorphisme des séquences ITS1+2

de l'ADN ribosomique nucléaire qui sont par ailleurs très performantes pour caractériser les espèces du genre. Les reconstructions phylogénétiques des sections *Xanthodermatei*, *Bivelares*, et *Chitonioides* sont achevées. La section *Xanthodermatei* comporte 21 espèces toutes toxiques ou supposées toxiques. La section *Bivelares* qui contient *Agaricus Bisporus*, est divisée en deux nouvelles sous-sections ; trois espèces et une sous-espèce nouvelles sont décrites portant le nombre de taxons dans cette section de 6 à 10. La section *Chitonioides* comporte 7 taxons dont 6 sont rares ou peu fréquents. Les autres sections sont toutes en cours d'étude.

Les odeurs des espèces du genre *Agaricus* sont variées : anis, amande amère, caoutchouc, iodoforme, phénol, moisi, et bien sûr l'odeur du champignon de Paris avec ses variantes plus ou moins fruitées. Pour connaître la composition de l'extrait total en ses composés organiques volatils (COV), le champignon frais est soumis à une analyse spécifique par Chromatographie Gazeuse couplée à la Spectrométrie de Masse. Nous avons étudié 13 espèces appartenant à cinq sections. Chez quatre espèces testées de la section *Xanthodermatei* le phénol varie de 84 à 96% de la fraction volatile, on trouve aussi du catéchol (1 à 4%) et de l'hydroquinone (1 à 5%). Ces COV expliquent la toxicité et l'odeur de phénol plus ou moins prononcée caractérisant les espèces de cette section. Ils sont absents chez toutes les autres espèces étudiées y compris *A. litoralis* (= *A. spissicaulis*) de la section *Spissicaules* qui est pourtant reportée comme ayant une odeur phénolique ou d'armoire à pharmacie (iodoforme) ; cela peut être attribué aux 1,6% de gaiacol que nous détectons chez cette espèce et seulement elle. La section *Spissicaules* est hétérogène : *A. variegans* produit du nerolidol (33%, odeur boisée) qui n'explique pas son odeur de caoutchouc ; *A. bresadolanus* présente un pourcentage élevé de benzaldéhyde qui explique son odeur d'amande amère. Cette odeur est commune à quelques espèces de la section *Spissicaules* et à toutes les espèces des sections voisines *Minores* et *Arvenses*. Chez les trois espèces testées (*A. subrufescens*, *A. silvicola* et *A. arvensis*) de la section *Arvenses*, le benzaldéhyde et son produit de réduction, l'alcool benzylique, représentent à eux deux 80 à 97%. Ces COV sont faiblement représentés dans la section *Xanthodermatei* (< 2%) et moyennement représentés dans les sections *Chitonioides* et *Bivelares* (50 à 60%). Chez *A. bernardii* de la section *Chitonioides*, l'odeur de moisi n'est pas expliquée, alors que chez *A. bisporus* de la section *Bivelares*, l'odeur de référence de champignon résulte de composés en C8 (25%) dont plus particulièrement l'octen-3-ol. En conclusion, les odeurs comme les COV ont une valeur taxinomique cruciale dans le genre ; leur métabolisme, et leur rôle potentiel restent à étudier.

Pour une espèce cultivée, la température maximum de fructification est un facteur qui limite l'aire de production ou élève le coût énergétique si la température doit être artificiellement abaissée. Les souches commerciales de champignon de Paris sont cultivées à 16-19°C et ne fructifient pas à 25°C. L'aire naturelle connue de répartition de cette espèce s'étend des régions boréales aux régions tropicales. Par le passé, nous avons décrit trois variétés interfertiles: la var. *burnettii* est hétérothallique et limitée à une population isolée dans le désert Californien de Sonoran ; la var. *eurotetrasporus* est une lignée homothallique disséminée en Europe ; la var. *bisporus* est pseudohomothallique et distribuée au moins en Amérique du Nord et en Eurasie. Notre collection comporte plus de 600 souches sauvages d'Amérique du Nord et d'Eurasie. Nous avons testé pour 114 d'entre elles le caractère d'aptitude à produire des sporophores matures à 25°C (aptitude FHT = ability to fruit at higher temperature). Tous les isolats testés de la var. *burnettii* sont FHT+ alors que ceux de la var. *eurotetraqsporus* sont FHT-. Chez la var. *bisporus*, ce caractère apparaît variable et non corrélé au climat ou à l'habitat. Chaque population possède une proportion d'individus FHT+. Cette proportion est plus élevée dans les populations Nord Américaines que dans les populations Européennes. L'équilibre apparemment maintenu entre souches FHT+ et FHT- dans les populations tempérées est discuté. Quelques souches de *A. bisporus* var. *bisporus* ont un rendement appréciable à 25°C et sont donc potentiellement valorisables pour les pays chauds ou en été dans les régions tempérées.

A. subrufescens (= *A. bazei* = *A. braziliensis*) est une espèce de la section *Arvenses* largement cultivée et utilisée en Amérique et en Asie pour ces propriétés médicinales. Toutes les souches commerciales proviennent d'Amérique, principalement du Brésil. Nous avons étudié la variabilité génétique et la biologie de cette espèce dont il existe une population Européenne peu connue. Nous avons obtenu les premiers hybrides entre une souche de référence Américaine (Brésil) et un isolat Européen (France). Nous avons testé la toxicité alimentaire et les caractères d'intérêt potentiellement thérapeutiques sur ces deux souches parentales. Trois types de tests de toxicité ont été réalisés sur souris et rats: le test d'évaluation de la tolérance et de l'innocuité; test de toxicité aiguë voie orale (le test OCDE 423, test limite) après administration des poudres de champignon. Aucun effet toxique n'est observé dans les trois tests et le test OCDE 423 indique une DL50 > à 5g/Kg de poids corporel. Ces champignons peuvent être classés non toxiques pour le consommateur. Cependant, une hypoactivité motrice est observée seulement avec les suspensions de poudre de la souche d'origine Brésilienne. L'absence apparente de toxicité n'exclue pas la présence de substances actives. L'étude s'est poursuivie par la recherche d'effets anti-cancérogène et anticancéreux chez l'animal. La recherche des effets anti-cancérogène a été effectuée avec des rats F344 initiés avec une solution d'amines hétérocycliques

aromatique. Les rats ont été ensuite traités par des suspensions de champignon chaque jour pendant 12 semaines. Les analyses anatomopathologiques des foyers précancéreux dans le tissu intestinal montrent une protection quasi complète (>95 %) chez les animaux qui ont reçu la souche de champignon d'origine Brésilienne et moindre pour la souche Française (>55 %). Un effet anticancéreux est ensuite recherché en utilisant le modèle souris Balb/c après implantation d'une leucémie murine (cellules L1210). Aucun effet anticancéreux n'a été observé, tous les animaux étant morts. Selon l'hypothèse publiée de la stimulation du système immunitaire par les bêtaglucanes, les concentrations d'extraits de champignon devraient être augmentées. Des tests *in vitro* sur deux types lignées cellulaires neuroblastome (Neuro-2A) et hépatome (HepG-2) ont été réalisés. Les tests n'ont révélé aucune cytotoxicité en utilisant le test du MTT ou le test du rouge neutre avec les concentrations d'extraits utilisées et déduites des expériences *in vivo*. En conclusion, sur le plan thérapeutique, la souche Brésilienne est plus efficace que la Française mais, par ailleurs sur le plan cultural, nos essais montrent que la souche Française est bien plus productive. Il est à sélectionner des hybrides cumulant les avantages de chacun des parents.

Article publié :

R. W. Kerrigan, P. Callac and L. A. Parra. 2008 New and rare taxa in *Agaricus* section *Bivelares* (*Duploannulati*). *Mycologia*:276-292

Article soumis:

M. L. Largeveau, P. Callac, A.-M. Navarro-Rodriguez, J.-M. Savoie
Diversity in the ability of *Agaricus bisporus* wild isolates to fruit at high temperature (25 °C)

Rapport de fin d'étude:

Eric Huang. 2009. Cycle de reproduction et biodiversité chez *Agaricus subrufescens*. Stage de Master 2 Science, Technologie, Santé. Spécialité Microbiologie-Immunologie. Parcours Professionnel Biotechnologies Fongiques.



GESTION INTÉGRÉE DES IGNAME SAUVAGES DE L'AFRIQUE DE L'OUEST : CAS DE DIOSCOREA PRAEHENSILIS AU BÉNIN

>> Restitution appel à projets BRG 2003-2004

H. Chair¹, P.O. Duroy², O. Akpovo³, E. Ahohuendo³, P. Cubry¹, C. Agbangla³, B. Sinsin³, A. Dansi³ et J.L. Pham⁴

¹ UMR Amélioration Génétique et Adaptation des Plantes, Montpellier, F-34398 France

² UMR Biologie et Génétique des Interactions Plante-Parasite, Montpellier, F-34398 France

³ Université d'Abomey-Calavi, 01BP526 Cotonou, Benin.

⁴ UMR Diversité et Adaptation des Plantes Cultivées, Montpellier, France

En Afrique de l'Ouest, dans les agro-écosystèmes traditionnels, les ignames cultivées (*Dioscorea rotundata*) sont propagées par voie végétative, sont soumises à la sélection par les paysans et sont sensibles aux risques environnementaux et anthropiques. Ces facteurs menacent leur diversité génétique. Des travaux récents ont montré que les ignames sauvages *D. abyssinica*, dans les régions de savane, et *D. praehensilis*, dans les forêts humides, et les hybrides entre ignames cultivées et sauvages sont introduits dans le compartiment cultivé par les paysans grâce à la pratique de l'ennoblissement, contribuant ainsi à maintenir voire à enrichir la diversité génétique du pool cultivé. A 2.5%, le Bénin a un des taux les plus élevés de déforestation dans le monde. C'est pourquoi, la conservation génétique *in situ* des ignames sauvages est essentielle, surtout pour l'espèce *D. praehensilis* dont l'habitat forestier dans le sud est le plus menacé à cause d'une forte pression anthropique. Pour lutter contre la déforestation, des programmes de conservation ont été établis, mais ne tiennent pas en compte spécifiquement les ignames sauvages.

L'objectif de ce projet était de déterminer si la protection des forêts contribue à une conservation efficace de *D. praehensilis*. Pour atteindre cet objectif, une approche pluri-disciplinaire combinant des études socio-économiques et génétiques a été menée. Cinq forêts ont été choisies réparties dans 2 zones climatiques: Ewe et Agoua sous climat soudano-guinéen et Lama, Niaouli et Pahou sous climat guinéen. Les forêts sont sous des modes de gestion différents : Ewe est sacrée, Agoua est classée mais a subi des déforestations abusives, Lama, la plus protégée et documentée du Bénin, est également une forêt classée, Niaouli est protégée et située dans un centre de recherche, enfin, Pahou est classée mais très peu documentée.

Enquêtes auprès des gestionnaires et utilisateurs des forêts et inventaire de *D. praehehensis*

Des enquêtes socio-économiques ont été menées dans les cinq forêts. L'étude s'est intéressée à déterminer i- le mode de gestion actuel des forêts prospectées, ii- l'abondance de cette espèce dans les sites prospectés, iii- le niveau de connaissance de *D. praehehensis* par les communautés locales, iv- et l'importance et la conservation de *D. praehehensis*. Les études ont permis d'identifier les structures responsables de la gestion des forêts, le mode de protection ainsi que les espèces forestières prédominantes. Les degrés de conservation de l'habitat sont très variables. Les paysans et les gestionnaires identifient bien les ignames. Il existe une disparité dans la répartition de l'espèce et de son exploitation par les populations locales. Une forte pression anthropique et animale est exercée sur cette espèce dans les forêts de la Lama et de Niaouli.

Impact du mode de gestion des forêts sur la diversité génétique de *D. praehehensis*

Nous avons cherché à comprendre comment les stratégies de gestion actuelles ont façonné la diversité génétique des *D. praehehensis*. Nous avons caractérisé la diversité et la différenciation génétiques de *D. praehehensis* dans les 5 forêts. Nos résultats (Tableau 1, Figure 1) ont montré que le mode de gestion des forêts a un impact majeur sur la diversité génétique des ignames qu'elles abritent.

La population la mieux conservée a été échantillonnée dans la forêt d'Ewe qui a un statut sacré et est gérée par la communauté locale. Une telle gestion est vraisemblablement responsable d'une conservation efficace de la diversité génétique de *D. praehehensis*.

La forêt de Pahou qui se trouve à la limite sud du Bénin, où les agriculteurs ne pratiquent pas l'ennoblissement, contient une population à l'équilibre quoique ayant subi un ancien goulot d'étranglement. Ceci serait dû à une faiblesse du mode de conservation dans le passé. Malgré un mode de protection plus efficace, les analyses indiquent un isolement et l'absence de flux de gènes qui peuvent conduire à une dérive génétique dans l'avenir.

Des accessions assignées à d'autres forêts ont été identifiées dans les forêts de Lama et Niaouli. L'hypothèse la plus probable, est l'effet anthropique dû à une introduction des ignames sauvages dans le compartiment cultivé à travers la pratique de l'ennoblissement puis migration des tubercules vers le centre du pays suite aux migrations humaines. Sous les politiques de reboisement et de protection, ces tubercules auraient pu être abandonnés dans les anciens champs et retournés à l'état sauvage. La présence d'accessions d'autres forêts ont eu des conséquences sur la diversité génétique des populations de *D. praehehensis* locales.

Enfin, nos résultats ont également montré, quand les effets anthropiques sont exclus, une forte structuration vraisemblablement due aux effets climatiques passés qui sont connus pour avoir conduit à la fragmentation de l'habitat dans cette région du Dahomey Gap.

Article, communication et rapports du projet :

- H. Chair, P.O. Duroy, P. Cubry, Sinsin B and J.L. Pham (2011) Impact of past climatic and recent anthropogenic factors on wild yam genetic diversity. *Molecular Ecology*, Volume 20, Issue 8, Pages 1612-1623.
- H. Chair, P.O. Duroy, O. Akpovo, E. Ahohuendo, C. Agbangla, B. Sinsin, A. Dansi and J.L. Pham (2009) Towards an

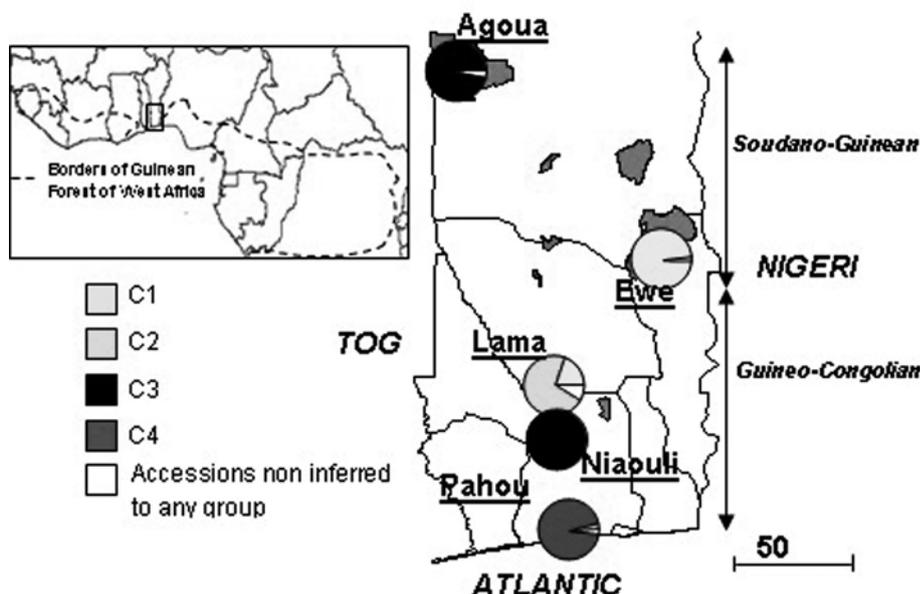


Figure 1 Map of Benin forests in the centre and southern of Benin covered by the survey where *Dioscorea praehehensis* samples were collected, showing the average proportion of the genome inferred by Structure to be drawn from each of the four clusters.

MARDI 20 SEPTEMBRE 2011

efficient *in situ* conservation of wild yams: a case study on *Dioscorea praehensilis* in Benin. 15th Triennial Symposium of the International Society for Tropical Root Crops. 2-6 November 2009. Lima, Perou. *Communication orale* a reçu le "Pat Coursey Award for Yam research".

- P.O. Duroy (2008) Etude de la diversité génétique de *Dioscorea praehensilis* dans cinq forêts du sud du Bénin. *Rapport Master 1* BGAE (Biologie, Géologie, Agroressources et Environnement). Montpellier.
- A. Adomou & Y. Cakpo (2006) Présélection des sites pour la conservation *in situ* de *Dioscorea praehensilis* au Bénin. *Rapport*.
- O. Akpovo (2006) Etude des possibilités de conservation participative *in situ* des ignames sauvages dans les forêts humides du sud Bénin : Cas de *Dioscorea praehensilis* dans la forêt communautaire d'Ewè-Adakplamé (Kétou). *Rapport pour l'obtention du Diplôme d'Ingénieur Agronome*. Faculté des Sciences Agronomiques. Université d'Abomey-Calavi. Bénin.
- E. Ahohuendo (2006) Identification des facteurs culturels, socio-économiques et écologiques de la conservation participative *in situ* des espèces d'ignames sauvages *Dioscorea praehensilis* et *Disocorea burkilliana* dans la forêt classées de Pahou (Ahozon). *Rapport pour l'obtention du Diplôme d'Ingénieur Agronome*. Faculté des Sciences Agronomiques. Université d'Abomey-Calavi. Bénin.

Table 1 Genetic diversity parameters of *D. praehensilis* within the forests according to a priori and genetic groups

	Forests	N	A _t	A	A _R	A _F	He	Ho	Fis
Climatic area									
	Agoua	30	69	7.67	6.39	0.95	0.72	0.45	0.37
Sudano-Guinean	Ewè	59	101	11.22	7.43	1.86	0.75	0.72	0.05
	Lama	36	95	10.56	8.18	1.29	0.82	0.52	0.37
Guineo-Congolean	Niaouli	14	40	4.44	4.36	0.23	0.6	0.4	0.33
	Pahou	39	65	7.22	5.59	1.66	0.56	0.45	0.21
Genetic Groups									
C1	Ewe&Lama	65	102	11.33	8.68	2.92	0.75	0.71	0.06
C2	Lama	27	64	7.11	6.79	1.18	0.72	0.5	0.32
C3	Agoua&Niaouli	43	70	7.78	6.83	1.5	0.71	0.43	0.4
C4	Pahou	37	60	6.67	6	1.85	0.54	0.45	0.17
NC		6	nc	nc	nc	nc	nc	nc	nc

N number of accessions collected in each group, A_t total number of alleles, A_F number of private alleles (present in a single group), A mean number of alleles, A_R allelic richness for each group based on a minimum number of gene copies, He expected heterozygosity, Ho observed heterozygosity, Fis intragroup fixation index, NC: non-classified accessions and nc parameter not calculated (due to the reduced number of accessions within group).

////////////////////////////////////

DIVERSITÉ MOLÉCULAIRE DE LA RÉGION CHROMOSOMIQUE CONTRÔLANT LA RÉSISTANCE À LA ROUILLE FOLIAIRE DANS LES COLLECTIONS DE PEUPLIERS

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

P. Faivre Rampant¹, A. Bresson¹, V. Jorge², A. Dowkiw², R. El-Maki², V. Segura², V. Guerin², F. Bitton¹, I. Le clainche¹, A. Canaguier¹, C. Guichard¹, C. Aluome^{1,2}, M.C. Lepaslier³, R. Bounon^{1,3}, A. Berard, D. Brunel³, S. Vincent⁴, N. Moehbili⁵, D. Steinbach⁵, B. Chalhoub¹, C. Bastien²

¹ INRA/URGV 2 rue Gaston Crémieux 91057 Evry cedex
² INRA/ UAGPF 2163 avenue de la Pomme de Pin 45075 Orléans cedex 2
³ INRA/EPGV 2 rue Gaston Crémieux 91057 Evry cedex
⁴ IG/CNS 2 rue Gaston Crémieux 91057 Evry cedex
⁵ INRA/URGI Route de Saint Cyr 78026 Versailles

Les peupleraies cultivées subissent depuis plus de 20 ans des pertes économiques majeures liées aux attaques répétées de rouilles foliaires à *Melampsora larici-populina*, agent pathogène endémique en Europe. Deux gènes de résistance appelés R1 et Rus ont été mis en évidence respectivement chez *P. deltoides* et *P. trichocarpa* (Dowkiw et Bastien 2004, Jorge et al., 2005). Le premier R1 est un gène de résistance qualitative, il est contourné par le facteur de virulence 1. Le second Rus est un gène majeur qui contrôle le caractère de taille des fructifications lors de

l'interaction compatible. R1 et Rus colocalisent avec des QTLs de résistance exprimés en conditions contrôlées et au champ. La présence de l'allèle Rus conduit à une réduction significative de l'infection. Ces deux gènes sont localisés sur le chromosome 19. Dans une autre expérience, un locus de résistance qualitative, appelé Mer, hérité de *P. deltoïdes* clone S9-2, contourné par la virulence 7 a été cartographié sur le chromosome 19 (Cervera *et al.*, 2001, Pinon et Frey, 2005). Le projet consistait à

- Identifier des gènes candidats positionnels par une approche de cartographie fine
- Evaluer, dans les populations naturelles de *P. nigra* le niveau de polymorphisme nucléotidique de ces gènes

1-IDENTIFICATION DES GÈNES CANDIDATS POSITIONNELS

Cartographie génétique et physique du locus Rus

Les travaux de cartographie génétique et de marche sur le chromosome ont été menés conjointement à l'aide d'une population en ségrégation de 1415 individus (*P. deltoïdes* clone 73028-62 x *P. trichocarpa* clone 101-74) et d'une banque BAC de l'individu *P. trichocarpa* 101-74, hétérozygote Rus/rus. La séquence du génome *P. trichocarpa* clone Nisqually a été exploitée pour le développement de marqueurs (<http://www.phytozome.net/poplar>). La zone d'intérêt couvre une distance de 9.5 cM et une longueur physique de 1.7Mb. Le gène Rus est localisé dans un intervalle de 0.8 cM. La carte physique de l'haplotype Rus comprend 2 contigs de clones BAC. Le premier constitué de 32 BAC à une longueur de 1 Mb, le second constitué de 40 BAC à une longueur de 700 Mb. La carte physique de l'haplotype rus est aussi caractérisée par deux contigs de BAC (30 et 9 BAC). La comparaison des cartes physiques révèle une différence de longueur entre les deux haplotypes d'au moins 350kb située entre R1 et Rus (Bresson *et al.*, 2011). Nous avons ainsi caractérisé un des plus gros super cluster de gènes de résistance chez les plantes, constitué de 3 clusters de gènes de résistance NBS-LRR et d'un cluster de STK. Chaque cluster de gènes de résistance comprend un seul type de gènes : TIR-NBS-LRR ou BED-NBS-LRR. A partir de ces données, nous avons sélectionné deux BAC chevauchants porteurs de Rus et un BAC porteur de l'allèle rus (Bresson *et al.*, 2011).

Les marqueurs les plus proches ont été utilisés pour la recherche de points de recombinaison liés au locus par analyse de 731 individus supplémentaires. Vingt et un individus recombinants permettent de valider et préciser la position de RUS. Sept gènes de résistance potentiels ont été annotés, deux montrent un site d'adressage au noyau.

Cartographie fine du gène R1, exploitation de la synténie *P. trichocarpa*, *P. deltoïdes*

Avec la même démarche que celle décrite ci-dessus, le locus R1 hérité du parent *P. deltoïdes* a été cartographié dans un intervalle de 0.66 cM. La projection de la carte génétique fine sur la carte physique et la séquence du génome V2.0 montre une bonne conservation de l'ordre des marqueurs entre les deux espèces *P. deltoïdes* et *P. trichocarpa*. D'après l'annotation présente sur l'assemblage V2.0, R1 est localisé dans le cluster riche en gènes BED-NBS-LRR.

Localisation des gènes Rus, R1 et Mer

Les séquences des marqueurs proches du locus Mer tirés du travail de Zhang *et al.*, 2001; ont été alignés sur le génome de Nisqually. Mer est présent dans un intervalle de 390 kb, flanqué par deux marqueurs génétiques séparés de 1cM. Cet intervalle chevauche un cluster riche en gènes de type TIR-NBS-LRR et le cluster de BED-NBS-LRR où se trouve localisé R1.

2-IDENTIFICATION DU POLYMORPHISME AU SEIN DE GÈNES CANDIDATS

Cinquante et un candidats ont été sélectionnés d'après les résultats précédents auxquels 5 gènes candidats expressionnels ont été ajoutés (Duplessis, communication personnelle). Pour chaque gène candidat, les amorces ont été dessinées préférentiellement dans les exons en s'appuyant sur l'annotation V1.0 du génome. Les fragments de gènes ont été séquencés en Sanger. Vingt et un individus *P. nigra* ont été sélectionnés pour représenter au mieux la variabilité géographique des individus en collection. Les séquences obtenues ont été alignées avec le logiciel Genalys (<http://software.cng.fr/>) et les SNP ont été ensuite lus manuellement. En moyenne, un SNP toutes les 90 bases a été trouvé. Les SNP ont été intégrés dans la base GnpSNP (<http://urgi.versailles.inra.fr/>). Sur les fragments de gènes sélectionnés, les séquences de vingt deux d'entre eux ont pu être exploitées pour l'élaboration d'un SNPlex (18 candidats positionnels, 4 candidats expressionnels). Ce SNPlex est utilisé pour génotyper six cent individus dans le but de conduire un premier essai de génétique d'association.

- Bresson A, Jorge V, Dowkiw A, Guerin V, Bourgain I, Tuskan G, Schmutz J, Chalhoub, Bastien C, Faivre Rampant P. Qualitative and quantitative resistances to leaf rust finely mapped within two NBS-LRR-rich genomic regions of

chromosome 19 in poplar, 2011, New Phytologist, *In press*.

- Bresson A, Jorge V, Dowkiw A, Guerin V, Bastien C, Faivre Rampant P. Genomic targeting and Mapping of Rus, a QTL controlling rust resistance In *Populus trichocarpa*. Plant and Animal Genomes XVI, San Diego, USA, Jan. 2008 (poster).
- Paolucci I, Faivre Rampant P, Bresson A, Le Paslier MC, Berard A, Brunel D, Thareau V, Jorge V, Bourgait I, Dowkiw A, Guerin V, Schlub S, Bastien C. SNPs Detection On Candidate Genes In Populus Species. Plant and Animal Genomes XVI, San Diego, USA, Jan. 2008 (poster).
- Paolucci I, Faivre Rampant P, Bresson A, Bounon R, Le Paslier MC, Chauveau, A, Brunel D, Thareau V, Jorge V, Bourgait I, Dowkiw A, Guerin V, Bastien C. From *Populus trichocarpa* genome sequence To SNP discovery in *P. nigra*. Plant and Animal Genome San Diego, USA Jan. 2009 (poster)
- Bresson A, Jorge V, Dowkiw A, Bourgait I, Guerin V, Bastien C, Faivre Rampant P. Genetic and physical mapping of Rus, a major QTL controlling rust resistance in poplar. IUFRO, Tee Biotechnology conference, June 2009 (poster)
- Jorge V, Nucleotide polymorphisms in *Populus* species: discovery and comparative Third UPRA meeting on Plant Integrative Biology, Nancy, Nov. 2009 (communication orale)



FISHCONNECT : PRÉDICTION DE LA CONNECTIVITÉ DES POISSONS ENTRE LES AIRES MARINES PROTÉGÉES EN RÉPONSE À DIFFÉRENTS SCÉNARIOS DE CHANGEMENT CLIMATIQUE: IMPLICATION POUR LA GESTION DES RÉSERVES ET INTERACTION AVEC LA PÊCHE.

>> Appel à projets FRB Modélisation et scénarios de la biodiversité 2010

Stéphanie Manel, Université Provence, UMR 151 LPED Marseille

Les Aires Marines Protégées (APM) sont utilisées au niveau mondial pour préserver les habitats et la biodiversité. Elles sont aussi considérées comme de bons outils pour gérer les activités de pêche en évitant la surpopulation par le biais de la dispersion. Toutefois, des incertitudes subsistent sur la stratégie optimale à adopter pour maintenir les populations régionales. Ce challenge est accru dans un contexte de changement climatique, qui va vraisemblablement modifier la distribution géographique des espèces et leur capacité de dispersion. La dispersion des poissons entre les réserves dépend du paysage (actuel) et des caractéristiques biologiques (survie, niche climatique), et doit être estimée dans un contexte de connectivité fonctionnelle. Les effets des changements climatiques sur la dispersion des organismes marins entre les réserves a largement été négligé jusqu'à présent en raison de la difficulté à estimer cette dispersion. La génétique du paysage offre un contexte idéal pour résoudre ces limitations et développer une approche de modélisation qui simule l'effet du changement global sur la connectivité génétique dans un paysage complexe. Ces prédictions seront effectuées à partir d'une base de données GIS très complète contenant les caractéristiques du paysage, la distribution des poissons, les projections des changements climatiques et la localisation des réserves marines dans la mer méditerranéenne. Les résultats seront quantifiés en termes de changement de diversité génétique et de variation de l'isolement entre les APMs, en plus de la variation de l'aire de distribution en réponse au changement climatique. Ce travail va permettre de proposer la première étude macroécologique de connectivité entre les réserves liant les distributions des espèces, la génétique du paysage et le changement global avec des implications pratiques pour la gestion des réseaux des APMs et de la pêche, basée sur des « Gap analysis » et des méthodes de sélection de réserves.



FYNBOS : GEO-METAGENOMICS: DECIPHERING THE SPATIAL BIODIVERSITY OF PLANT VIRUSES ASSOCIATED WITH THE UNIQUE FYNBOS ECOSYSTEM OF SOUTHERN AFRICA AND ITS NEIGHBOURING AGRO-ECOSYSTEM.

>> Appel à projets FRB 2009

Philippe Roumagnac

Le projet FYNBOS a pour but de caractériser la diversité virale présente au sein d'un écosystème sauvage, le fynbos du Cap1, et au sein des agrosystèmes qui le jouxtent. L'approche de géo-métagénomique proposée se traduira par des analyses qualitatives et quantitatives de la diversité virale dans les deux habitats, par l'estimation de paramètres évolutifs et démographiques et par la cartographie spatiale de tous les phytovirus présents. Outre son aspect

exploratoire, ce travail de caractérisation aidera à mieux cerner l'impact de l'agriculture sur la diversité phytovirale d'un écosystème sauvage.



DIVERSITÉ DE LA PHÉNOLOGIE DU BOURGEON APICAL CHEZ LE CHÊNE : GÉNÉTIQUE QUANTITATIVE ET DES POPULATIONS D'UN CARACTÈRE ADAPTATIF MAJEUR EN TEST DE PROVENANCES

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

Sophie Gerber^{1,2}, Brigitte Musch³, Stefanie Wagner^{1,2}, Alexis Ducouso^{1,2}

¹ INRA, UMR 1202 BIOGECO, 69 route d'Arcachon, F-33612 Cestas, France

² Université de Bordeaux, UMR 1202 BIOGECO, 69 route d'Arcachon, F-33612 Cestas, France

³ ONF-DR, Conservatoire Génétique des Arbres Forestiers, centre INRA, 2163 avenue de la pomme de pin, BP 20619 Ardon F-45166 Olivet, France

Les tests de provenances des espèces forestières constituent des outils de choix pour comprendre la structure des différences génétiques de caractères impliqués dans la réponse adaptative des arbres à des changements climatiques passés ou futurs. Ce projet visait à évaluer et comparer les niveaux de diversités phénotypique (de la phénologie du bourgeon apical) et génotypique de chênes sessiles en tests de provenances.

Nous avons échantillonné les arbres de la tranche 4 du test de provenances de chêne sessile de la forêt domaniale de Sillégny (Moselle), plantée en 1993 (arbres de 14 ans en 2007). Ce test comprend 64 populations issues de l'ensemble de l'aire de répartition.

Pour l'analyse phénotypique, 12791 individus ont été mesurés pour les caractères de croissance et 1583 individus ont été caractérisés pour la phénologie.

La phénologie a été suivie en utilisant l'échelle BBCH (Meier 2001), adaptée pour l'occasion au chêne. Les plants ont été évalués en 5 passages (14 avril au 14 mai). Le caractère étudié est la somme des stades phénologiques d'un individu (phet).

Les autres caractères analysés ont été les suivants, notation du débourrement à 3 ans (deb), hauteurs totales à 4 et 10 ans (ht4, ht10), circonférence à 1,30 (circ130), hauteur de la première branche vivante (htbv), nombre de branches (nbb), nombre de fourches (nbfou), note de forme (form).

Pour l'analyse génétique, parmi les 64 provenances, 52 populations (Allemagne (15) Autriche (2) Danemark (2), France (29), Grande Bretagne, Géorgie, Pologne, Turquie, voir Figure 1), soit 1271 individus au total, ont été caractérisées pour 12 locus microsatellites nucléaires (Guichoux *et al.*, 2011) et pour leur haplotype chloroplastique (Petit *et al.* 2002)

Les caractères quantitatifs montrent une forte différenciation entre les populations ($0,065$ (htbv) < QST < $0,839$ (deb)). La phénologie est fortement corrélée ($r = 0,5$) avec la latitude d'origine de la provenance. Ces valeurs de QST sont beaucoup plus élevées que les différenciations observées pour les marqueurs microsatellites nucléaires (FST), qui, calculées par paire de provenances, sont très faibles : entre 0 et 0,12 (0,012 en moyenne, avec un écart-type de 0,02). Ces différenciations contrastées entre caractères phénotypiques et marqueurs génétiques avaient déjà été observées chez les chênes (Zanetto & Kremer 1995)

Les provenances apparaissent homogènes pour les haplotypes cytoplasmiques, et cohérentes avec le type attendu selon la carte d'Europe des cytotypes. Les provenances de Géorgie et de Turquie (Gourdjani, Bolu (Ayikayasi)), extrêmes sur la carte (Figure 1), montrent également des cytotypes originaux.

Les populations ont été regroupées par classification hiérarchique ascendante avec la distance de Mahalanobis (dissimilarités) pour trois caractères (phénologie (phet), hauteur (ht10) et forme (form)). La provenance géorgienne se distingue de toutes les autres ; des populations nordiques (Danemark, Holstein et Basse Saxe) et des populations du nord-est de la France et du sud-est de l'Allemagne constituent deux autres groupes distincts.

Les marqueurs nucléaires structurent également les provenances (Figure 2), avec à nouveau les provenances géorgiennes et turques en position extrême. Une analyse d'affectation des individus aux espèces a mis en évidence la particularité de ces deux provenances par rapport à toutes les autres (arbres différents des chênes sessiles ou des chênes pédonculés), alors que l'ensemble des individus pouvait être attribué à l'espèce sessile, sauf 26 individus, de type pédonculé (2% des individus analysés). L'une des deux provenances autrichiennes (Hainback), est également nettement différente des autres dans le dendrogramme. Le reste des provenances est moins nettement différencié, avec association de pays différents par exemple. Si l'on constitue des groupes à partir de ce dendrogramme, on constate que les phénologies moyennes diffèrent entre les groupes, mais pas les autres caractères.

Les deux classifications obtenues avec les caractères phénotypiques d'un côté et génétiques de l'autre apparaissent disjointes, sauf pour quelques provenances.

L'évaluation des niveaux de diversité et de la structuration spatiale de la phénologie et des marqueurs moléculaires neutres dans les tests de provenances et la confrontation des variabilités phénotypiques et génétiques conduisent à des images différentes des populations. À l'échelle de l'aire de distribution européenne des chênes, les différences observées se structurent de façon contrastée. La gestion et la conservation des ressources naturelles doivent considérer les informations différentes fournies par les descripteurs étudiés.

Références

- Guichoux, E., Lagache, L., Wagner, S., Léger, P. & Petit, R. (2011). Two highly validated multiplexes (12-plex and 8-plex) for species delimitation and parentage analysis in oaks (*Quercus* spp.), *Molecular Ecology Resources* 11 : 578-585.
- Meier U. (2001). Stades phénologiques des mono-et dicotylédones cultivées, BBCH Monographie, 2^{ème} Édition. Centre Fédéral de Recherches Biologiques pour l'Agriculture et les Forêts.
- Petit, R., Csaikl, U., Bordacs, S., Burg, K., Coart, E., Cottrell, J., van Dam, B., Deans, J., Dumolin-Lapegue, S., Fineschi, S., Finkeldey, R., Gillies, A., Glaz, I., Goicoechea, P., Jensen, J., Konig, A., Lowe, A., Madsen, S., Matyas, G.,

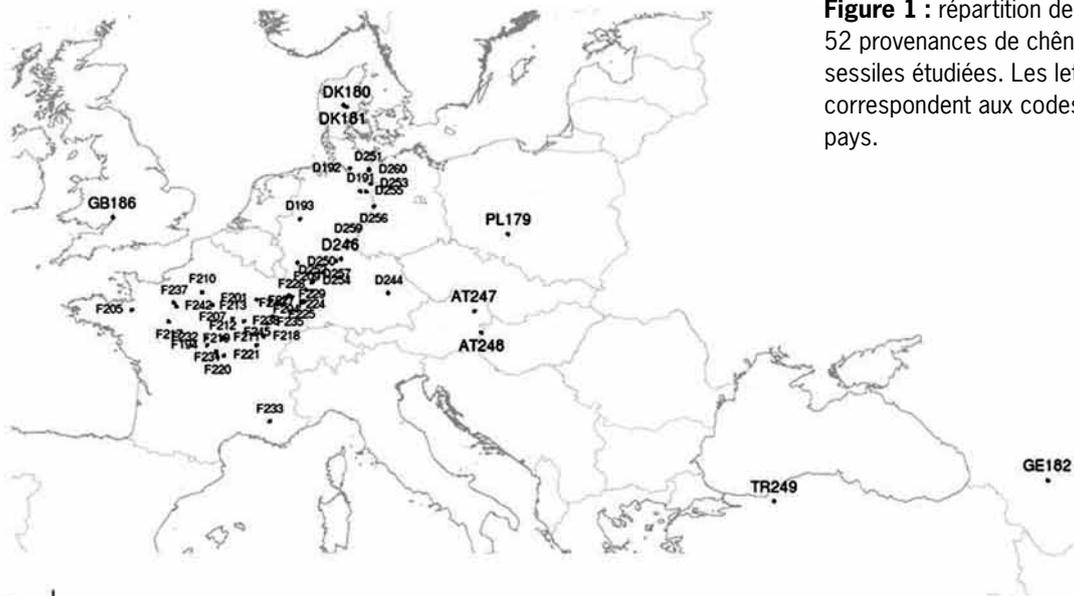


Figure 1 : répartition des 52 provenances de chênes sessiles étudiées. Les lettres correspondent aux codes des pays.

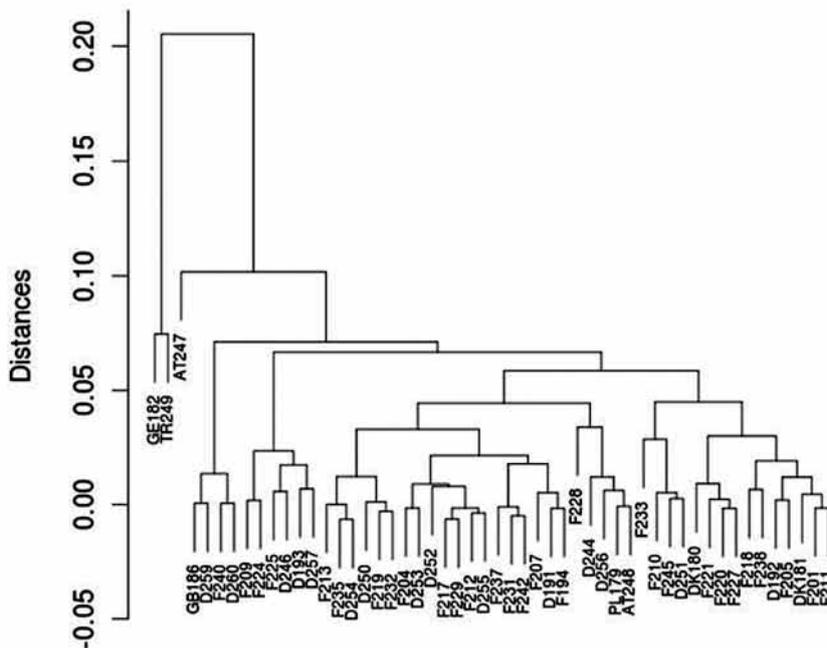


Figure 2 : dendrogramme des 52 provenances de chênes sessiles issu des *F_{ST}* calculés à partir des 12 locus microsatellites. Arbre construit avec la méthode de classification de Ward.

- Munro, R., Olalde, M., Pemonge, M., Popescu, F., Slade, D., Tabbener, H., Turchini, D., de Vries, S., Ziegenhagen, B. & Kremer, A. (2002). Chloroplast DNA variation in European white oaks: Phylogeography and patterns of diversity based on data from over 2600 populations, *Forest Ecology and Management* 156 : 5-26.
- Zanetto, A. & Kremer, A. (1995). Geographical structure of gene diversity in *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. I. Monolocus patterns of variation, *Heredity* 75 : 506-517.

////////////////////////////////////

DIVERSITÉ NUCLÉOTIDIQUE DE QUELQUES GÈNES IMPLIQUÉS DANS LA FORMATION DES CROSSING-OVERS À L'ÉCHELLE D'UNE COLLECTION DE VARIÉTÉS DE COLZA (*BRASSICA NAPUS*)

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

Eric Jenczewski, INRA Versailles.

La recombinaison méiotique est un des principaux mécanismes gouvernant la dynamique de la diversité au sein des ressources génétiques et l'utilisation raisonnée que l'on peut en faire. La recombinaison est à la fois une source de variabilité héritable au sein des populations et une force évolutive régissant la distribution de la diversité et l'efficacité de la sélection naturelle ou artificielle. Si les déterminants moléculaires responsables de l'initiation et de la résolution des événements de recombinaison méiotique sont de mieux en mieux connus chez les plantes, grâce notamment à l'espèce modèle *Arabidopsis thaliana*, on sait peu de chose sur l'évolution et la diversité de ces gènes. Dans ce contexte, notre projet visait à isoler et cartographier les gènes de colza orthologues/paralogues à quatre gènes (MUS81, MSH4, SRS2, MLH3) impliqués dans la formation des crossovers chez *Arabidopsis thaliana*, puis à analyser la diversité de ces gènes dans une collection de variétés de colza choisies pour être représentative de la diversité de l'espèce.

Le colza ayant une origine polyphylétique, nous avons tout d'abord cherché à retracer les différentes « lignées maternelles » chez cette espèce. Pour cela nous avons procédé à l'étude de la diversité nucléotidique de l'ensemble des variétés considérées en séquençant deux régions intergéniques du chloroplaste (ndhCU23-trnVL23 et rbcLATU22-accDATL22). Cette approche nous a permis de classer les variétés de colza en deux groupes, qui pourraient correspondre à deux événements de domestication différents. Par ailleurs nous avons pu montrer que la diversité chloroplastique est significativement corrélée à la diversité des comportements méiotiques (mesurés en Métaphase I de méiose sur des haploïdes produits à partir de chaque variété). Ce résultat suggère que les variations intra-spécifiques du niveau de recombinaison chez des haploïdes de colza pourraient être liées à des origines multiples de polyploidization/domestication (Cifuentes et al., 2010).

Les génomes A et C du colza et de ses progéniteurs sont entièrement tripliqués suite à un événement de d'hexaploidie ancien (11-12 millions d'années). Chaque gène de colza pourrait donc être présent en six copies à moins que celles-ci n'aient été éliminées lors du processus de diploidisation qui fait suite à un événement de polyploidie. Nous avons déterminé le nombre de copies de chacun des 4 gènes étudiés dans le génome du colza en criblant une banque BAC de colza (variété Darmor-bzh) représentant 12 équivalents génomes. Nous avons caractérisé la séquence de chaque clone, en séquençant 2-3 produits PCR par clone, pour identifier ceux qui sont redondants (on attend en moyenne 12 clones pour chaque copie) puis entrepris de reconstruire la séquence pleine longueur de chaque copie. Nous avons montré pour que les gènes MUS81, MSH4, et MLH3 n'étaient présents qu'en deux copies dans le génome du colza (une sur le génome A et une sur le génome C) alors que les régions correspondantes sont présentes en 6 copies en moyenne. Seules les copies « orthologues » à SRS2, dont il a été montré, après le démarrage du projet, qu'elle n'avait vraisemblablement pas de fonction méiotique (R. Mercier, com pers), sont présentes en plus grand nombre (au moins 4). Ces résultats suggéraient que les gènes méiotiques dupliqués sont préférentiellement éliminés suite à un événement de polyploidie. Cette conclusion, si elle était étayée, était particulièrement originale car les gènes impliqués dans la recombinaison méiotique se sont diversifiés après des duplications très anciennes concomitantes à l'apparition des eucaryotes. Seraient-ils devenus « résistants aux duplications ». Nous avons donc réorienté quelque peu les priorités définies dans le projet initial pour tester cette hypothèse sur un plus grand nombre des gènes méiotiques pour lesquels nous avons à nouveau trouvé moins de copies qu'attendu par hasard.

Nous avons positionné les copies retenues des gènes méiotiques considérés sur le génome du colza ce qui nous a notamment permis de constater que : (1) les copies A et C du gène MLH3 ne sont pas localisées sur des chromosomes homéologues mais dans des régions dupliquées préalablement à la divergence entre les progéniteurs du colza et (2) les copies de MUS81 ne sont pas dans des régions orthologues à celle portant MUS81 chez *Arabidopsis thaliana*.

Des comparaisons de séquences ont également montré que les copies « perdues » sont éliminées par des délétions précises, et non pas par pseudogénéisation. Ces résultats montrent qu'il y a eu une dynamique complexe de pertes des copies au cours du temps et ils ont permis d'établir que seule la copie A du gène MLH3 pourrait être un bon candidat pour un des QTLs de recombinaison identifié préalablement au projet.

Nos résultats ont enfin confirmé que les copies retenues présentent des séquences très apparentées (près de 95-98% de similarité de séquences) ce qui est surprenant lorsque ces copies ne sont pas des homéologues. Les analyses, toujours en cours, du niveau de polymorphisme de quelques copies (en particulier pour MLH3) montrent un très faible niveau de polymorphisme entre ces séquences ce qui est cohérent avec le fait que les copies dupliquées ont été éliminées.

Publications occasionnées par le projet :

- M. Cifuentes, F. Eber, M.O. Lucas, M. Lode, AM Chèvre and E. Jenczewski (2010) Repeated polyploidy drove different levels of crossover suppression between homeologous chromosomes in Brassica napus allohaploids *The Plant Cell* 22: 2265-2276
- M. Cifuentes, M. Tagliaro-Jahns, F. Salzac, H. Belcram, C. Marquis, S. Vautrin, B. Chalhoub, H. Bergès and E. Jenczewski. Do the multiple QTLs controlling meiotic crossovers in Brassica napus allohaploids originate from ancient and recurrent polyploidy events? En préparation



DIVERSITÉ DES INTERACTIONS ENTRE GESTION DE POPULATIONS ANIMALES LOCALES ET VALORISATION DE CELLES-CI.

Projet SOQRAL (Signes Officiels de Qualité et Races Locales)

>> Restitution appel à projets BRG 2005-2006

Rémi Bouche (†)¹, Annick Audiot^{2,6}, François Casabianca¹, Nathalie Couix², Claire Gaillard³, Nathalie Girard², Julie Labatut², Adeline Lambert-Derkimba^{1,5}, Etienne Verrier⁴, **Anne Lauvie**¹

¹ INRA, LRDE, Quartier Grossetti, 25250 Corte

² INRA, UMR AGIR, BP52627, 31326 Castanet-Tolosan Cedex

³ Agrosup Dijon, 26 bd Dr Petitjean, BP 87999, 21079 Dijon Cedex

⁴ AgroParisTech, INRA, UMR GABI, 16 rue Claude Bernard, 75231 Paris 05

⁵ Affiliation actuelle : INRA/CIRAD/Supagro UMR SELMET

⁶ Affiliation actuelle : INRA UE St Laurent-de-la-Prée

Les populations animales locales sont de plus en plus souvent mobilisées dans des projets de valorisation de produits, aussi bien par des démarches officielles (avec signes collectifs et cahiers des charges) qu'au travers de démarches individuelles (vente directe). De telles démarches peuvent contribuer à pérenniser la ressource génétique mais également être vues comme une source potentielle de perturbations dans sa gestion. Il est ainsi nécessaire d'appréhender la diversité des types d'interaction entre gestion des races locales et développement de Signes Officiels de Qualité (SOQ). Ce fut l'objet du projet SOQRAL (Signes Officiels de Qualité et Races Locales), qui a comporté trois étapes rapportées ci-dessous.

1. Cartographie des situations d'interaction entre gestion de race et valorisation de produits.

Cette première étape visait à comparer les trajectoires d'interaction « gestion de races » – « valorisation de produits » dans onze situations représentant différentes espèces, différentes filières et différentes régions. L'analyse a été effectuée à dire d'experts, en utilisant une même grille pour chacune des situations.

Cette étude a permis de dégager des grands types en fonction de la nature des interactions entre les collectifs porteurs du projet autour de la race ou du projet de valorisation : un seul collectif, collectifs distincts avec de fortes interactions, collectifs distincts interagissant peu.

Ce travail souligne que lorsque l'on veut comprendre les dynamiques de valorisation des races, il convient de ne pas limiter les investigations aux seules AOP mais de considérer également les autres dynamiques de SOQ, territorialisées ou non, les dynamiques individuelles de valorisation de produits référés à des races locales, les dynamiques de patrimonialisation autour de la race et les dimensions auxquelles elles renvoient (culturelles, paysagères etc.), et enfin la valorisation via des systèmes d'élevage spécifiques.

2. Méthodes et outils de représentation des dynamiques organisationnelles et de représentation des savoirs : propositions à partir de l'étude d'un cas.

L'étude approfondie de la sélection des races ovines laitières des Pyrénées a permis d'identifier quatre régimes de sélection qualifiés de communautaire, entrepreneurial, intensif, et exploratoire. Des difficultés d'institutionnalisation du régime intensif sont également révélées. L'étude de ce cas permet de souligner la non-neutralité et les effets inattendus des instruments scientifiques et techniques de la sélection animale. Elle a permis d'approfondir l'analyse de l'activité de qualification des animaux et de préciser en quoi sa gestion peut être un élément clé en termes de coopération entre acteurs locaux. Des voies de construction de consensus sont à explorer par la mobilisation d'outils participatifs.

3. Méthode d'identification des conditions d'expressions des influences des projets AOP sur la gestion des races concernées.

L'analyse a porté sur la situation des races bovines laitières des Alpes du Nord : races Abondance, Tarentaise et Montbéliarde en lien avec les AOP Reblochon, Beaufort, Abondance et Tome des Bauges. Elle a permis de contribuer à expliciter les conditions d'expression des influences des projets AOP sur la gestion des races concernées. Ce travail a mis en avant deux types de facteurs explicatifs : l'existence d'interactions entre les collectifs (race vs. produit) et l'existence de marges de manœuvre des éleveurs dans leurs pratiques de choix de ces reproducteurs, de conduite du troupeau et d'alimentation.

L'ensemble de ces résultats permettent de souligner que la gestion des races locales et leur valorisation renvoie à de multiples enjeux au delà de celui de la gestion des ressources génétiques. Le défi est de bien prendre en compte la diversité des points de vue, pour aboutir à la mise en œuvre de projets partagés. La place des territoires dans l'organisation de la gestion est elle aussi soulignée, et constitue d'ailleurs un des points saillants de la loi d'orientation agricole de 2006. Ces éléments intéressent directement la constitution des collectifs de gestion au sein des Organismes de Sélection et la nécessité de disposer, au sein des instances dirigeantes de la diversité de points de vue portés par les acteurs du territoire sur l'avenir de la race.

Publications accessibles :

- Labatut J., Aggeri F., Astruc J.-M., Bibé B., Girard N., 2009, The active role of instruments in articulating knowing and knowledge : The case of animal qualification practices in breeding organizations. Learning Organization, Special Issue on Practice-Based Studies, Vol 16, N°5.
- Lambert-Derkimba A., Minéry S., Barbat A., Casabianca F., Verrier E., 2010, Consequences of the inscription of local breeds in PDO cow cheese specifications for the genetic management of the herds. Animal, 4, 1976-1986.



CONVERSION EXPÉRIMENTALE DU PATHOGENE DE PLANTE RALSTONIA SOLANACEARUM EN SYMBIOTE DE LÉGUMINEUSE : DYNAMIQUE ET GÉNÉTIQUE DE L'ADAPTATION.

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

Catherine Masson-Boivin, Laboratoire des Interactions Plantes Micro-organismes (LIPM), UMR CNRS-INRA 2594/441, BP 52627, 31326 CASTANET TOLOSAN CEDEX.

Résumé

Les plantes de la famille des légumineuses et les bactéries du sol appelées rhizobia forment une symbiose d'importance écologique majeure, qui se traduit par la formation sur la racine de nouveaux organes, les nodules, dans lesquels les bactéries internalisées fixent l'azote de l'air au bénéfice de la plante. Les rhizobia n'appartiennent pas à un groupe taxonomique homogène mais sont dispersés dans différents genres parfois très éloignés des alpha- et bêta-protéobactéries^{1,2}. De nombreuses données indiquent que le transfert horizontal de plasmides/ilots symbiotiques vers des bactéries non symbiotiques serait à l'origine de cette distribution phylogénétique atypique^{3,4}. Cependant les mécanismes adaptatifs permettant aux génomes receveurs d'exprimer le potentiel symbiotique acquis par transfert ne sont pas connus. Pour analyser les mécanismes adaptatifs conduisant à la symbiose, nous avons entrepris d'évoluer un pathogène de plante, *Ralstonia solanacearum*⁵, en symbiote de légumineuse par une approche d'évolution expérimentale⁶.

R. solanacearum est un pathogène extracellulaire de plus de 200 espèces de plante⁵ tandis que *Cupriavidus taiwanensis* est le symbiote intracellulaire de la légumineuse *Mimosa pudica*². Dans un premier temps, le plasmide symbiotique pRalta (0,5Mb) du rhizobium *C. taiwanensis* LMG19424 portant les gènes nod et nif essentiels à la

nodulation et à la fixation d'azote sur *Mimosa pudica* a été introduit chez *R. solanacearum* GMI1000, générant une bactérie chimère incapable de noduler la légumineuse *Mimosa pudica*. Pour isoler des clones exprimant le potentiel symbiotique, le *Ralstonia* chimère a été inoculé de façon répétée à des milliers de plantules de *M. pudica*. Trois nodules ont été obtenus indépendamment à partir desquels 3 clones ont été isolés. Ces clones re-nodulent *M. pudica* mais ne fixent pas l'azote de l'air. Dans un second temps, les trois clones évolués ainsi que leur ancêtre commun ont été re-séquencés par la technique Illumina et/ou 454. Les données ont été mappées sur le génome de référence (composé du génome de GMI1000⁷ et du pRalt de *C. taiwanensis*⁸) (collaboration C. Médigue, Génoscope) et les mutations (SNPs, délétions, indels) identifiées (projet RalstoEvolScope, <http://www.genoscope.cns.fr/aggc/mage>). Parmi toutes les mutations répertoriées, trois mutations affectant le pathway de virulence contrôlé par HrpG ont été identifiées comme jouant un rôle clé dans l'adaptation à la symbiose. Il s'agit d'une mutation stop dans le gène *hrcV*, qui code pour une protéine structurale du système de sécrétion de type trois (T3SS), dans un clone, et d'une mutation stop du gène *hrpG*, un régulateur global de la virulence chez *R. solanacearum*, dans les deux autres clones. L'inactivation de *hrcV* ou de *hrpG* dans le *Ralstonia* chimère ancestral rend en effet cette souche capable de noduler *M. pudica*. En dernier lieu, une analyse cytologique détaillée du processus infectieux des mutants et des clones *hrcV* et *hrpG* nous a permis d'analyser leur rôle dans l'adaptation à la symbiose. Alors que le *Ralstonia* chimère est incapable d'induire la formation de cordons d'infections racinaires (étape précoce de l'infection), les mutants et clones *hrcV* (T3SS-) forment des cordons d'infection et de véritables nodules. Cependant ces mutant/clone sont incapables d'infecter les cellules du nodule, suggérant qu'un ou plusieurs effecteurs du T3SS sont impliqués dans le blocage de la nodulation et de l'infection précoce. Les mutants/clones *hrpG* sont non seulement capables de noduler *M. pudica* mais également de former des cordons d'infection, et également d'envahir massivement les cellules végétales, indiquant que des fonctions HrpG-dépendantes T3SS-indépendantes exercent un contrôle sur l'infection intracellulaire.

Nous avons montré que, suite au transfert d'un plasmide symbiotique de rhizobium, un pathogène typique de plante, *R. solanacearum*, évolue rapidement des capacités de nodulation et d'infection sous pression de sélection de la plante. L'acquisition de ces propriétés constitue la première étape du processus évolutif d'une coopération réciproque. Nos résultats prédisent donc que la sélection par la plante de changements adaptatifs a joué un rôle crucial dans l'évolution des rhizobia. C'est la combinaison de ces deux événements, transfert latéral et modifications génomiques, qui rend compte de la grande biodiversité des rhizobia. L'inactivation d'un seul gène, le régulateur global de la virulence *hrpG*, a permis la transition pathogénie-symbiose. Cette donnée supporte l'existence d'un continuum entre pathogénicité et mutualisme et renforce l'hypothèse que les régulateurs sont les cibles préférées de l'évolution. Nos travaux mettent en lumière l'intérêt de l'évolution expérimentale couplée au re-séquencage pour l'étude des mécanismes évolutifs conduisant à la symbiose, ainsi que pour l'analyse du contrôle de la nodulation et de l'infection.

¹ Moulin, L., Munive, A., Dreyfus, B. & Boivin-Masson, C. Nodulation of legumes by members of the beta-subclass of Proteobacteria. *Nature* **411**, 948-950 (2001).

² Chen, W. M. et al. Legume symbiotic nitrogen fixation by beta-proteobacteria is widespread in nature. *Journal of Bacteriology* **185**, 7266-7272, doi:10.1128/jb.185.24.7266-7272.2003 (2003).

³ Masson-Boivin, C., Giraud, E., Perret, X. & Batut, J. (Trends in Microbiology, 2009).

⁴ Sullivan, J. & Ronson, C. Evolution of rhizobia by acquisition of a 500-kb symbiosis island that integrates into a phe-tRNA gene. *Proc Natl Acad Sci USA* **95**, 5145-5149 (1998).

⁵ Genin, S. & Boucher, C. Lessons learned from the genome analysis of *Ralstonia solanacearum*. *Annual Review of Phytopathology* **42**, 107-134, doi:10.1146/annurev.phyto.42.011204.104301 (2004).

⁶ Buckling, A., Maclean, R. C., Brockhurst, M. A. & Colegrave, N. The Beagle in a bottle. *Nature* **457**, 824-829, doi:10.1038/nature07892 (2009).

⁷ Salanoubat, M. et al. Genome sequence of the plant pathogen *Ralstonia solanacearum*. *Nature* **415**, 497-502 (2002).

⁸ Amadou, C. et al. Genome sequence of the beta-rhizobium *Cupriavidus taiwanensis* and comparative genomics of rhizobia. *Genome Research* **18**, 1472-1483, doi:10.1101/gr.076448.108 (2008).

Articles produits :

- Masson-Boivin C., Giraud E., Perret X. and Batut J. 2009. Establishing nitrogen-fixing symbiosis with legumes: how many rhizobium recipes? *Trends in Microbiology*, 17:458-466.
- Marchetti M, Capela D, Glew M, Cruveiller S, Chane-Woon-Ming B, Gris C, Timmers T, Poinot V, Gilbert L B., Heeb P, Médigue C, Batut J and C. Masson-Boivin. 2010. Experimental evolution of a plant pathogen into a legume symbiont, *PloS Biology* 8(1):e1000280
- Marchetti M., Catrice O., Batut J. and Masson-Boivin C. 2011. *Cupriavidus taiwanensis* bacteroids in *Mimosa pudica* indeterminate nodules are not terminally differentiated. *Appl. Env. Microbiol.* 77 :2161-2164.

////////////////////////////////////
SPÉCIALISATION DES VECTEURS ET DIVERSIFICATION DES GENES FONCTIONNELS: LE CAS DE LA TIQUE DES OISEAUX MARINS *IXODES URIAE* ET DE LA BACTERIE *BORRELIA BURGdorFERI* SENSU LATO, AGENT DE LA MALADIE DE LYME

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

Karen D. McCOY

MIVEGEC, UMR CNRS 5290, IRD 224, UM1-UM2,
 Centre IRD, 911 Avenue Agropolis, BP 64501, 34394 Montpellier

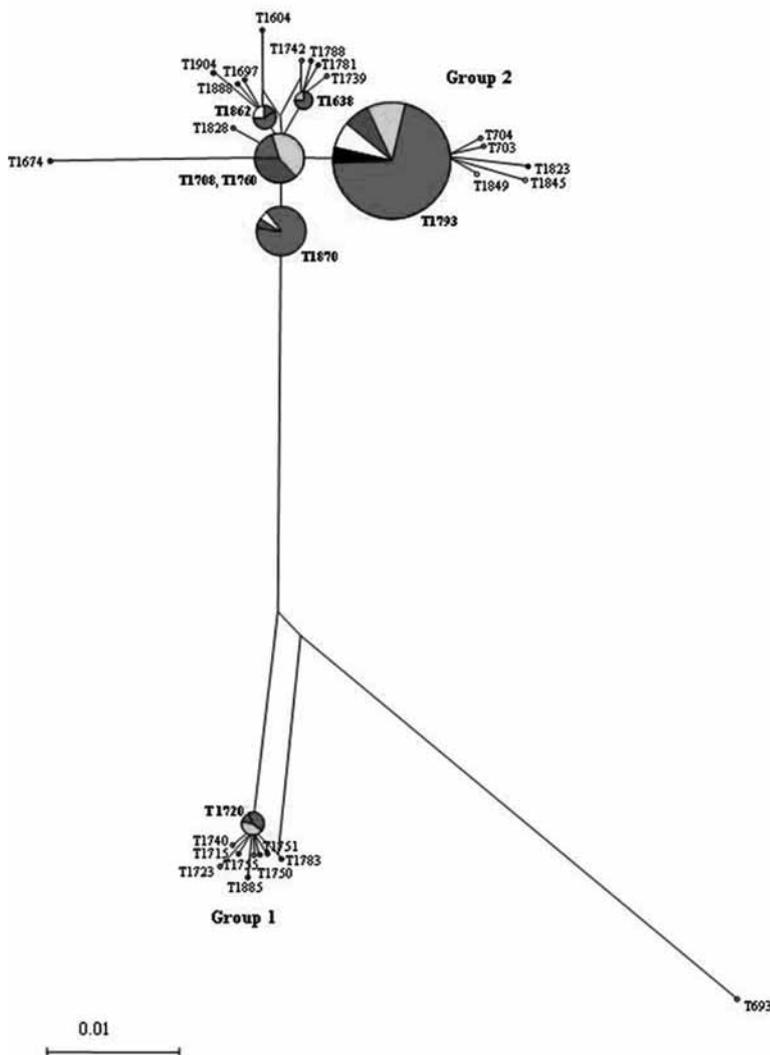
Le rôle des vecteurs dans l'évolution des micropathogènes est souvent négligé. Néanmoins, la spécialisation du vecteur pour un type d'hôte peut entraîner un isolement entre populations du microparasite (effets en cascade) et pourrait donc affecter la variation génétique de ces derniers avec des conséquences majeures vis-à-vis des processus de coévolution et d'épidémiologie des maladies associées. Au cours de ce projet, nous avons testé cette hypothèse en examinant la diversité et la structure des bactéries du cycle marin de la borréliose de Lyme, un cycle qui implique différentes espèces d'oiseaux marins coloniaux et leurs races spécifiques de la tique *Ixodes uriae*. L'analyse d'un gène conservé (*FlaB*) a révélé la présence de trois espèces du complexe *Borrelia burgdorferi* sensu lato chez *I. uriae* et une forte prévalence globale chez les tiques (~26%). Des anticorps contre ces bactéries ont été trouvés chez la grande proportion de leurs hôtes oiseaux (jusqu'à 93% de séropositivité). Conformément aux prédictions, nos résultats sont cohérents avec un isolement de la borrélie en fonction des races d'hôte de tiques au sein des colonies d'oiseaux. Néanmoins, chez l'espèce bactérienne dominante *Borrelia garinii*, il n'a pas été trouvé de divergence globale en fonction des races de tique pour des gènes neutres ou fonctionnels. Il semble donc que la présence des races de tiques entraîne un isolement dans la circulation locale des pathogènes, mais que des échanges homogénéisent les souches de bactéries à des échelles spatiales plus importantes (Fig. 1). Nos données ont révélé également des échanges entre cycles marin et terrestre, un facteur important à prendre en compte pour comprendre l'évolution et l'épidémiologie de la borréliose de Lyme. Par ailleurs, des analyses dans ce système parallèle, impliquant le vecteur principal de la borréliose pour l'homme, la tique *Ixodes ricinus*, suggèrent que l'évolution des divergences associées à l'hôte chez les tiques est potentiellement fréquente. Il semble donc essentiel de vérifier la structuration locale des vecteurs et leur statut dans le continuum spécialiste-généraliste afin de mieux appréhender les systèmes à vecteurs et l'épidémiologie des maladies concernées.

Ce projet a soutenu le début d'un programme de recherche qui continue de se développer actuellement et qui a permis des avancées importantes dans notre compréhension de la structuration des tiques et la circulation de maladies associées. Il a contribué à la production directe de dix publications scientifiques dans des revues internationales, d'un article de vulgarisation, d'une communication dans les médias dans le cadre de l'Année Polaire Internationale et de nombreuses communications lors de congrès internationaux et nationaux. Ces travaux ont conduit à de nombreux transferts scientifiques: apprentissage de nouvelles techniques en biologie moléculaire et en statistiques, déposition de séquences dans une base de données en libre accès, mise en place de collaborations nationales et internationales et formations d'étudiants.

Publications du projet

- Dietrich, M, E. Gomez-Diaz, T. Boulinier, K.D. McCoy. 2008. Local distribution and genetic structure of tick-borne pathogens: an example involving the marine cycle of Lyme disease. **Proceedings of the Vth Congress of the European Association of Acarologists** P. 33-42.
- Duneau, D., T. Boulinier, E. Gomez-Diaz, A. Petersen, T. Tveraa, R.T. Barrett, & K.D. McCoy. 2008. Prevalence and diversity of Lyme borreliosis bacteria in marine birds. **Infection, Genetics & Evolution** 8: 352-359.
- Gómez-Díaz, E., P.F. Doherty Jr., D. Duneau, & K.D. McCoy. 2010. Cryptic vector divergence masks vector-specific patterns of infection: an example from the marine cycle of Lyme borreliosis. **Evolutionary Applications**. 3: 391-401.
- Gómez-Díaz, E., T. Boulinier, N. Sertour, M. Cornet, E. Ferquel, and K. D. McCoy. (In press) Genetic structure of marine *Borrelia garinii* and population admixture with the terrestrial cycle of Lyme borreliosis. **Environmental Microbiology**.
- Kempf, F., T. DeMeeûs, C. Arthanau, B. Degeilh & K. D. McCoy 2009. Assortative mating in *Ixodes ricinus*, the European vector of Lyme borreliosis. **Journal of Medical Entomology**. 46(3): 471-474.
- Kempf, F., T. Boulinier, T. DeMeeûs, C. Arthanau, & K.D. McCoy. 2009. Recent evolution of host-associated divergence in the seabird tick *Ixodes uriae*. **Molecular Ecology** 18: 4450-4462.
- Kempf, F., K.D. McCoy & T. deMeeûs. 2010. Population structure, Wahlund effects and sex biased dispersal in *Ixodes ricinus*, the European vector of Lyme borreliosis: new tools for old data. **Infection, Genetics & Evolution**. 10: 989-997.

MARDI 20 SEPTEMBRE 2011



- Magalhães, S., M.R. Forbes, A. Skoracka, M. Osakabe, C. Chevillon & K.D. McCoy. 2007. Host race formation in the Acari. **Experimental and Applied Acarology** 42: 225-238.
- McCoy, K.D. 2008. The population genetic structure of vectors and our understanding of disease epidemiology. **Parasite** 15, 444-448.
- McCoy, K.D., D. Duneau & T. Boulinier. 2008. Spécialisation de la tique des oiseaux marins et diversité des bactéries du complexe *Borrelia burgdorferi sensu lato*, agents de la maladie de Lyme : effets en cascade dans les systèmes à vecteur. **Actes du BRG 7** : 277-291
- Staszewski, V., K.D. McCoy, & T. Boulinier. 2008 Variable exposure and immunological response to Lyme disease *Borrelia* among North Atlantic seabird species. **Proceedings of the Royal Society of London B**. 275: 2101-09.

Figure 1 : Réseau de 'split' des haplotypes des borrelies montrant les relations génétiques entre les séquences de la flagelline (FlaB). La taille du cercle est proportionnelle au nombre d'individus tiques infectées par la même séquence et les haplotypes majeurs sont en gras. L'espèce hôte oiseau associée à chaque tique infectée est indiqué en couleur (rouge: macareux moine *Fractercula arctica*, vert: guillemot de Troil *Uria aalge*, bleu: mouette tridactyle *Rissa tridactyla*, noir: pingouin torda *Alca torda* et blanc: fulmar *Fulmarus glacialis*). Voir Duneau et al. (2008) pour plus de détails.



MIGRAMD : MICROBIAL biogeoGRaphy of Acid Mine Drainage : a study of genetic diversity and species diversity from an evolutionary perspective

>> Appel à projet FRB 2009

Béatrice Lauga

Equipe Environnement et Microbiologie UMR CNRS-IPREM 5254 Université de Pau et des Pays de l'Adour, IDEASBP 1155

La biogéographie des communautés bactériennes de drainages miniers acides (DMA) sera utilisée pour étudier l'impact des fortes contraintes physico-chimiques de ces écosystèmes sur la biodiversité microbienne. Deux niveaux seront explorés : un inventaire taxonomique utilisant les méthodes du pyroséquençage couplé au bar-coding révélera au maximum la diversité spécifique alors que le séquençage de gènes fonctionnels jouant un rôle important dans l'écosystème permettra de déceler l'étendue de la diversité génétique en relation avec la pression de sélection imposée par les propriétés de ces habitats.

EVOLUTION DU SYSTÈME DE REPRODUCTION ET DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DANS UN DISPOSITIF DE NÉODOMESTICATION DU TOURNESOL (*HELIANTHUS ANNUUS*)

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

Marie-Hélène Muller, INRA Montpellier

Dans une perspective d'élargissement massif de la base génétique du tournesol cultivé, un dispositif de « néodomestication » a été mis en place. Ce dispositif repose sur le brassage entre des formes sauvages et domestiques de l'espèce sur plusieurs générations, accompagné de pressions de sélection douces pour un retour vers un phénotype domestique. Il doit permettre l'intégration au sein du pool génétique cultivé de la diversité génétique potentiellement intéressante présente dans la forme sauvage, tout en conservant les caractères agronomiques de la forme domestique. Cette méthode de valorisation des ressources génétiques se veut une alternative aux stratégies d'introgression ciblée classiquement utilisées en amélioration des plantes. Dans ce contexte, nous nous sommes intéressés aux premières générations d'évolution d'une population issue de croisements initiaux entre des plantes de 77 populations sauvages d'*H. annuus* et 3 lignées cultivées. Pendant trois générations, elle a été conduite avec des effectifs de plus de 2000 plantes, en isolement et en inter croisements libres, et sous une sélection douce contre la ramification. Trois générations supplémentaires ont été produites, avec une pression de sélection plus forte portant sur le poids de mille grains et la teneur en huile (Figure).

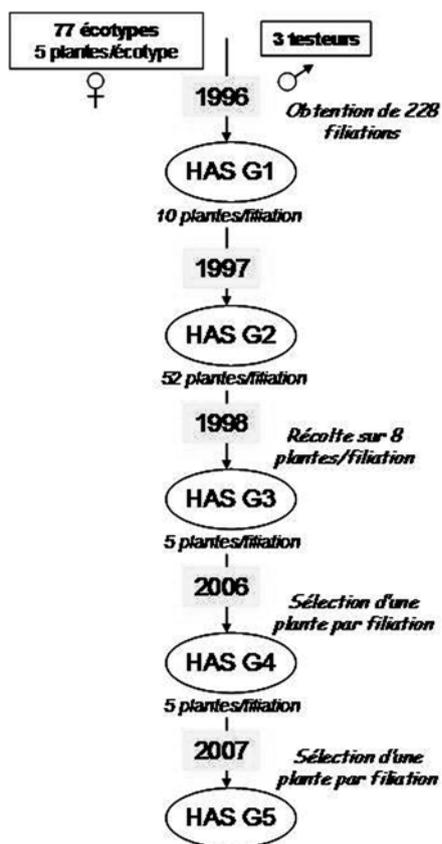


Figure : Schéma simplifié de l'histoire des premières générations de la population de néodomestication.

Les objectifs du projet et ses principaux résultats sont les suivants:

(I) Faire un état des lieux de la diversité présente dans la génération de départ.

L'analyse de données phénotypiques collectées sur des plantes des populations parentales et sur les descendances des premiers croisements (génération G1, donnant accès à la valeur en croisement) confirme l'importante diversité phénotypique présente dans les populations sauvages d'*Helianthus annuus*. Ces populations sont issues d'environnements très divers, et l'analyse de l'association entre la variation pour certains caractères phénotypique et des variables climatiques suggère l'importance de l'adaptation locale (Nooryazdan et al. 2010, Nooryazdan et al. 2011). Dix individus de chacune de ces populations ont été génotypés pour 17 locus microsatellite. L'analyse de la structuration génétique est en cours afin d'être contrastée avec les données phénotypique et de dégager la part d'adaptation locale et de phénomènes neutres (dérive et divergence des populations) dans la diversité très importante qui a été révélée.

(II) Caractériser l'évolution accomplie sur les premières générations

Les données phénotypiques sur les quatre premières générations, bien que collectées à des années différentes permettent de dessiner quelques tendances (Serieys et al., 2008). Chaque génération ayant été

semée sans traitement de levée de dormance, la dormance des graines a été rapidement éliminée de la population. On observe de plus une forte diminution du pourcentage de plantes ramifiées (de 100% à 24%), et l'augmentation du poids de mille grains. Les phénotypes restent cependant très sauvages et le progrès limité pour les autres traits. Seule une analyse comparée en environnement commun de différentes générations permettra de quantifier proprement la réponse à la sélection, ainsi que d'avoir accès à l'architecture génétique (héritabilité, corrélations génétiques) des caractères sélectionnés.

La comparaison de la diversité génétique estimée dans les populations sauvages et dans un échantillon de la génération 3 révèle une réduction significative de cette diversité, essentiellement imputable à la première génération de croisements (Tableau).

MARDI 20 SEPTEMBRE 2011

	77 populations sauvages	G0	G3
<i>n</i>	770		184
<i>A</i>	30.5 (12.8)		20 (7.24)
<i>H_e</i>	0.871 (0.099)	0.758 (0.100)	0.726 (0.091)

Tableau : Statistiques de diversité moyennes sur 17 locus microsatellites. *n* : taille de l'échantillon ; *H_e* : hétérozygotie attendue ; *A* : nombre d'allèles différents par locus. Les valeurs de *H_e* en G0 ont été obtenues en calculant les fréquences alléliques moyennes attendues à l'issue du croisement entre les populations sauvages et les lignées cultivées.

(III) Identifier et caractériser les paramètres conditionnant l'évolution de cette population, et notamment ceux relatifs au système de reproduction.

Nous avons produit des descendances auto-et allofécondées à partir de plantes-mères issues de la génération 3 et avons mis en place une expérimentation afin d'estimer l'effet de l'autofécondation sur la valeur sélective des plantes. Une quantité importante de données a été collectée et celles-ci ont d'abord dû être interprétées pour construire des prédicteurs de la fitness et de la production totale de graines. La majorité des caractères analysés présente un effet famille et une dépression de consanguinité moyenne significatifs. Cependant, ces résultats ne sont que préliminaires et généraux et se poursuivent par l'estimation des composantes de la variance génétique pour chaque trait dans cette population partiellement consanguine. L'analyse des données génotypiques collectées en G3 permettra non seulement d'estimer les taux d'alogamie réalisés, mais aussi de connaître le coefficient de consanguinité des mères des individus expérimentaux. Enfin, nous avons pratiqué des autofécondations contrôlées sur des plantes issues des différentes manipulations/croisements afin de valider et compléter les hypothèses proposées sur les bases génétiques du système d'auto-incompatibilité qui ségrége dans la population.

L'enjeu important de l'ensemble de ces travaux sera d'intégrer les résultats obtenus (taille efficace, dépression de consanguinité, autofertilité et stérilité-mâle, taux d'autofécondation, réponse à la sélection) afin de modéliser l'évolution attendue de la population et de proposer des méthodes raisonnées de conduite et de valorisation des populations en néodomestication (gestion des pressions de sélection, des effectifs et des croisements)

Références

- Nooryazdan H, Serieys H, Bacilieri R, David J, Bervillé A (2010) Structure of wild annual sunflower (*Helianthus annuus* L.) accessions based on agro-morphological traits. *Genetic Resources and Crop Evolution* **57**, 27-39.
- Nooryazdan H, Serieys H, David J, Bacilieri R, Bervillé AJ (2011) Construction of a crop-wild hybrid population for broadening genetic diversity in cultivated sunflower and first evaluation of its combining ability: the concept of neodomestication. *Euphytica* **178**, 159-175.
- Serieys H, Nooryazdan H, Kaan F, et al. (2008) *Helianthus annuus* natural populations to increase the whole genetic diversity of domesticated sunflower: the concept of neodomestication, 741-746.
- Hamidreza Nooryazdan, « Étude du comportement agronomique de populations de tournesol sauvage et sauvage x domestique en préliminaire à un programme de néodomestication du tournesol », thèse de l'Université Montpellier II. 2009



PICOPOP : DIVERSITÉ ET ADAPTABILITÉ DES ESPÈCES PICOPLANCTONIQUES DANS LE GOLFE DU LION

>> Appel à projets FRB 2009

Gwenaël Piganeau

Observatoire Océanologique de Banyuls sur mer - Laboratoire Arago
 Av. de Fontaule - BP 44

Contrairement à la diversité interspécifique, la diversité intraspécifique des espèces eucaryotes du plancton est encore très mal connue. La réduction des coûts de séquençage permet maintenant d'avoir accès aux séquences de ces organismes dans un cadre populationnel. Ce projet a pour objectif de caractériser la diversité intraspécifique du picophytoplancton dans le Golfe du Lion, par une approche de génomique des populations, en collaboration avec le centre de séquençage du JGI (US). Ces données permettront d'inférer la taille de ces populations en milieu naturel, et donc leur adaptabilité.

MÉCANISMES ÉVOLUTIFS DE LA BIODIVERSITÉ DE LA BACTÉRIE PHYTOPATHOGÈNE *RALSTONIA SOLANACEARUM*

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

Philippe Prior, CIRAD-Systèmes Biologiques UMR C53

Peuplement Végétaux et Bioagresseurs en Milieu Tropical.

Le projet s'attachait à comprendre les mécanismes évolutifs moteurs de biodiversité dans le pathosystème complexe *R. solanacearum*. Afin d'évaluer le rôle des transferts horizontaux de gènes dans l'évolution des ressources génétiques chez *R. solanacearum*, la fréquence des transferts ainsi que la taille et la nature de l'information génétique échangée par transformation *in vitro* mais également *in planta* entre différents phylotypes de cette bactérie ont été étudiées. De même, nous proposons d'évaluer les facteurs physiologiques et génétiques de la bactérie et de la plante qui pourraient influencer ce brassage génétique au sein des populations de *R. solanacearum*. Cette problématique a été abordée par les étapes suivantes : (1) La reconnaissance et description de situations épidémiologiques modèles où la co-infection de différents phylotypes est observée à l'état naturel, au champ, dans différentes combinaisons souches de *R. solanacearum* x fond génétiques hôtes impliqués x évolution de l'infection (latence ou flétrissement). (2) La détermination de la compétence pour la transformation naturelle dans les différents phylotypes et l'évaluation de la divergence génomique entre phylotypes ont constitué les premières étapes de validation de notre modèle d'étude. (3) La taille, la nature et la fonction de l'information génétique transmise entre phylotypes ont été déterminées par hybridation génomique comparative sur « puces à ADN ». (4) L'influence de la plante hôte sur les brassages génétiques a été évalué par inoculation du pathogène à une collection de plantes sensible ou résistantes à *R. solanacearum*. (5) Enfin, l'impact de ces transferts horizontaux de gènes (TGH) sur l'évolution de la biodiversité chez *R. solanacearum* et sur l'émergence de nouvelles souches pathogènes a été évalué *in planta* dans des fonds génétiques résistants *ad hoc* afin d'estimer le risque de contournement de la résistance causé par les TGH.

Conclusions

Les données bibliographiques et nos travaux soutenus par le BRG ont démontré que *R. solanacearum* peut être considéré comme un agent pathogène en évolution rapide pouvant aboutir à l'émergence de nouveaux pathotypes et l'élargissement de sa gamme d'hôtes. En effet, parallèlement aux processus d'évolutions qui ont contribué à la création des différents clades constituant le complexe d'espèces *R. solanacearum*, l'aptitude ubiquitaire à transformer naturellement (capter et intégrer de l'ADN exogène) chez ces clades (Coupat *et al.*, 2008) laisse supposer que ce processus de transferts horizontaux de gènes (THG) pourrait être considéré comme l'un des mécanismes moteurs de l'évolution de ce pathogène. La taille et la nature de l'information génétique échangée entre différents clades, déterminées grâce à l'hybridation des génomes de transformant sur la puce méta-génomique, ont démontré des acquisitions de régions d'ADN de plus de 30 kb. De plus, le transfert de gènes codant pour des effecteurs de type III et impliqué dans la virulence a été établi ainsi que son impact sur la pathogénie de la souche réceptrice. En effet, l'augmentation de la virulence et de l'agressivité du transformant Psi07 RSc2124 en comparaison à la souche type Psi07 peut être attribuée à l'acquisition de 30 kb d'ADN comportant trois effecteurs de type III. Enfin, la capacité de *R. solanacearum* à échanger de l'information génétique dans des conditions *in planta* n'a pu être démontré, car les stratégies expérimentales ne seraient pas suffisamment sélectives pour la détection des événements de transfert de gènes que l'on estime très rare dans les conditions naturelles.

Valorisation scientifique

Publications scientifiques avec comité de lecture

- Coupat, B., Chaumeille-Dole F., Fall S. Prior P., Simonet P., Nesme X. and F. Bertolla. 2008. Natural transformation in the *Ralstonia solanacearum* species complex: number and size of DNA that can be transferred. *FEMS Microbiol Ecol* 66 : 14-24 (IF 3,6).
- Coupat-Goutaland, B., D. Bernillon, A. Guidot, P. Prior, X. Nesme, and F. Bertolla. 2011. *Ralstonia solanacearum* virulence increased following large inter-strain gene transfers by natural transformation. *Molecular Plant Microbe Interactions* 24 (4):497-505 (IF 4,2).
- Guidot, A., B. Coupat, S. Fall, P. Prior, and F. Bertolla. 2009. Horizontal gene transfer between *Ralstonia solanacearum* strains detected by comparative genomic hybridization on microarrays. *ISME Journal* 3 (5):549-562 (5,03)

Participation à des congrès

- **Coupat B.**, A. Guidot, S. Fall, P. Prior, X. Nesme et F. Bertolla. Transformation naturelle dans le complexe d'espèces *Ralstonia solanacearum* : détection d'événements de transferts multiples d'ADN et d'ADN de grande taille. 8^{ème} Rencontres plantes-Bactéries. 14- 18 janvier 2008. Aussois, France. (Communication orale).

- **Coupat-Goutaland B.**, A. Guidot, D. Bernillon, P. Prior, X. Nesme and F. Bertolla. Increasing aggressiveness of the phytopathogenic bacteria *Ralstonia solanacearum* by gene transfer. International Conference on Plant Pathogenic Bacteria. June, 7-11 2010. Île de La Réunion, France. (Communication orale).
- Guidot A., B. Coupat, S. Fall, P. Prior, et F. Bertolla. Transferts horizontaux de gènes entre souches de *Ralstonia solanacearum* détectés par hybridation génomique comparative sur puces à ADN. 8^{ème} Rencontres plantes-Bactéries. 14- 18 janvier 2008. Aussois, France (Posters).
- Coupat B., A. Guidot, P. Prior, X. Nesme et F. Bertolla. Emergence de nouveaux pathotypes chez *Ralstonia solanacearum* : rôle des transferts horizontaux de gènes. 7^{ème} colloque national de la SFP. 8-11 juin 2009. Lyon, France (Posters).
- Coupat B., A. guidot, P. Prior, X. nesme and F. bertolla. involvement of horizontal gene transfer in the emergence of new pathotypes of *Ralstonia solanacearum*. XIV international Congress on MPMI. 9 au 23 juillet 2009. Quebec, Canada (Posters).
- Coupat-Goutaland B., A. Guidot, P. Prior, X. Nesme et F. Bertolla. Emergence de nouveaux pathotypes chez la bactérie phytopathogène *Ralstonia solanacearum* : rôle des transferts de gènes. 9^{ème} Rencontres plantes-Bactéries. 18- 22 janvier 2010. Aussois, France.
- Coupat-Goutaland B., Bernillon D., Guidot A., Prior P., Nesme X., Bertolla F. *Ralstonia Solanacearum* Virulence Increased Following Large Inter-Strain Gene Transfers By Natural Transformation. 11th Symposium On Bacterial Genetics And Ecology. 29 Mai-2 Juin 2011, Corfou, Grèce.



DYNAMIQUE ET STRUCTURATION DES DIVERSITÉS AMÉLIORÉE ET SPONTANÉE D'UNE GRAMINÉE FOURRAGÈRE À L'ÉCHELLE DE LA PARCELLE ET DU PAYSAGE AGRICOLE

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

Jean-Paul Sampoux

INRA, Centre INRA Poitou-Charentes

Les graminées fourragères constituent un bon modèle pour étudier la dynamique et la structuration des diversités améliorée et spontanée à l'échelle de la parcelle et du paysage agricoles. Dans les unités paysagères à forte activité d'agriculture-élevage, une partie des surfaces en prairies est en effet semée avec des variétés issues de la création variétale moderne. Il peut s'agir de surfaces installées en prairies de façon définitive ou sur lesquelles alternent des cultures annuelles et des prairies temporaires exploitées pendant quelques années. Par ailleurs, des surfaces plus ou moins importantes, peu propices au travail du sol, sont maintenues en prairies permanentes et abritent la diversité spontanée des graminées fourragères. La durée d'exploitation des prairies semées sur plusieurs années offre un champ temporel conséquent pour l'action des pressions de sélection environnementales et le déploiement de flux de gènes. Chez les graminées, allogames et anémophiles, des flux de gènes par voie pollinique sont attendus sur des distances de l'ordre de grandeur des dimensions d'un paysage agricole. Des flux de graines sont également possibles par diverses voies (transport de fourrage entre parcelles, anémochorie et zoochorie). Enfin, la capacité de reproduction clonale des graminées par tallage offre une troisième voie de flux de gènes à courte distance. Les variations des pressions de sélection environnementales sur de courtes distances et la portée limitée des flux de gènes peuvent ainsi conduire à la mise en place d'une structuration spatiale de la diversité à une échelle infra-parcellaire dans les prairies permanentes, mais aussi dans les prairies semées depuis plusieurs années.

Nous avons développé un projet dont le but était de contribuer à la connaissance de la dynamique et de la structuration, à l'échelle du paysage agricole, des diversités améliorée et spontanée d'une graminée fourragère, le ray-grass anglais. Ce projet visait à répondre aux questions suivantes :

- Dans quelle mesure la diversité améliorée, semée pour l'établissement de nouvelles prairies, évolue t'elle, en moyenne et en variance, sous l'effet des pressions de sélection locale ? Peut-elle ainsi acquérir une certaine valeur écotypique ?
- Existe-t-il une structuration spatiale de la diversité à l'échelle infra-parcellaire dans le cas de la diversité semée et dans celui de la diversité spontanée ? Quelles sont les contributions des variations de pression de sélection environnementale et de la portée des flux de gènes à ces structures spatiales ?
- Peut-on mettre en évidence des flux de gènes par voie pollinique et par voie de graines entre diversité semée et diversité spontanée ?

Le paysage d'étude choisi, d'environ un demi-kilomètre carré, se composait d'une mosaïque de parcelles avec environ 35% de la surface en prairies temporaires semées, 55% en prairies permanentes, et 10% en cultures annuelles.

Les variétés de ray-grass anglais semées dans les prairies temporaires étaient diploïdes ou tétraploïdes, alors que la diversité naturelle des prairies permanentes était en général diploïde. L'âge des prairies semées variait de 4 ans à 20 ans. Un échantillonnage de 4500 plantes a été réalisé en septembre 2008. Cet échantillonnage a été réalisé en prélevant une plante de ray-grass anglais à chaque nœud d'une grille au pas de 10 mètres sur 80% de la surface de la zone d'étude, et au pas de 20 mètres sur quelques prairies permanentes périphériques. Les plantes échantillonnées ont été clonées, puis repiquées en parcelle expérimentale avec répétition en avril 2009. Pour chaque variété semée, nous nous sommes procuré un lot de semence commerciale équivalent à celui utilisé par l'agriculteur. Cent plantes de chacun de ces lots ont été implantées en parcelle expérimentale dans le même dispositif que celui des plantes échantillonnées dans le paysage d'étude. Sur l'ensemble des plantes du dispositif expérimental, différents traits phénotypiques ont été observés de l'automne 2009 à l'hiver 2010 (abondance du tallage, longueur et largeur des feuilles, dormance hivernale et estivale, précocité d'épiaison, nombre et taille des épis, tolérance aux maladies, abondance de la biomasse aérienne à chaque saison). Le niveau de ploïdie de chaque plante a été contrôlé en cytométrie de flux en 2010. Les plantes collectées dans le paysage d'étude et les plantes issues des lots de semence commerciaux ont génotypées (SSR et AFLP) en 2009 et 2010 avec 7 marqueurs microsatellites et deux couples d'enzymes de restriction pour le génotypage AFLP.

L'analyse des données a débuté en 2011 une fois toutes les informations nécessaires (phénotypiques, cytologiques, génétiques) recueillies. A partir de cet ensemble de données, nous tentons d'établir une classification des plantes échantillonnées, de mettre en relation les différentes classes avec les parcelles d'origine et la nature de la diversité (diversité naturelle, variétés). La probabilité d'appartenance de chaque plante aux différentes classes est calculée afin de réassigner les plantes à la diversité naturelle ou aux variétés. A partir de ce travail de réassignation, nous tenterons de mettre en évidence des flux de gènes entre parcelles par voie pollinique et par voie de graines. La comparaison des données phénotypiques et génétiques recueillies sur les plantes de variétés échantillonnées dans le paysage et issues de lots de semences permettra de caractériser les pressions de sélection environnementale s'exerçant sur la diversité semée. La structuration spatiale de la diversité semée et de la diversité naturelle pourra être évaluée et modélisée à l'échelle de la parcelle et du paysage. Une première analyse des données phénotypiques montre une tendance à l'augmentation de la fréquence de plantes de phénotype "spontané" dans les prairies semées avec l'âge de ces prairies (Figure 1).

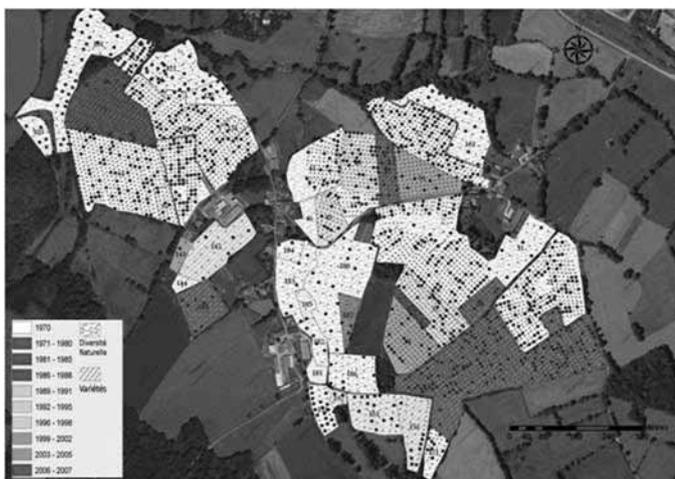


Figure 1 : Distribution spatiale du phénotype naturel de ray-grass anglais pour la vigueur au stade végétatif dans un paysage de Charente limousine constitué de parcelles de prairies permanentes et de parcelles de prairies semées.



SENTIMIEL : DES ABEILLES ET DES HOMMES: SAVOIRS LOCAUX NATURALISTES, APICOLLECTE ET CHANGEMENT GLOBAL

>> Appel à projets FRB 2009

Edmond Dounias et Geneviève Michon

UMR CEFE - Département Interactions, Ecologie et Sociétés
 Michon (geneviève) : Centre IRD de Montpellier

Aujourd'hui menacée, l'abeille nous alerte sur les atteintes que l'homme inflige aux écosystèmes terrestres. En étudiant les savoirs et pratiques des collecteurs de miel du Sud, leur perception des changements en cours et leurs stratégies adaptatives, ce projet tentera :

- d'explorer les interrelations entre développement, biodiversité et changement climatique ;
- de mobiliser les savoirs locaux naturalistes à travers un réseau d'initiatives intervenant sur des chantiers géographiques complémentaires ;
- de s'appuyer sur ce premier réseau pour concevoir un projet de plus grande envergure.

MARDI 20 SEPTEMBRE 2011



IDENTIFICATION ET SUIVI DES BACTÉRIES ET GÈNES IMPLIQUÉS DANS L'ALTÉRATION DES MINÉRAUX ET LA FERTILITÉ DES SOLS FORESTIERS

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

Uroz, S.^{1,2}, Turpault, M-P.², Oger, P.³, Collignon, C.^{1,2}, de Boer, W.⁴, Leveau, J.⁴, Höppener-Ogawa S.⁴, Van der Berg, M.⁴, and P. Frey-Klett¹

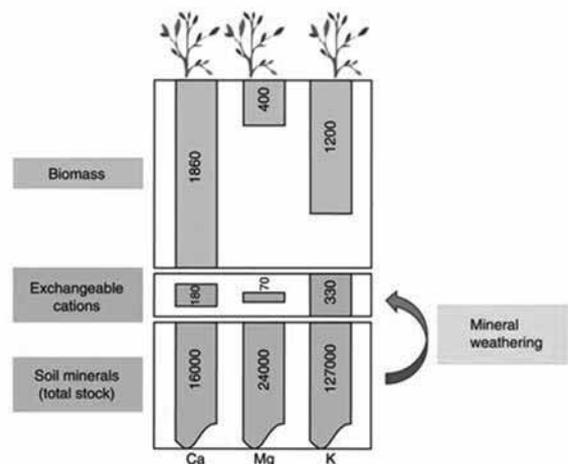
¹ INRA, UMR1136 'Interactions arbres microorganismes', Centre INRA de Nancy, 54280 Champenoux ;

² INRA, UR1138 BEF 'biogéochimie des écosystèmes forestiers', Centre INRA de Nancy, 54280 Champenoux ;

³ Laboratoire « Sciences de la Terre » UMR CNRS 5570 Ecole Normale Supérieure de Lyon, 46 Allée d'Italie 69364 Lyon cedex 7, (France) ;

⁴ Centre for Terrestrial Microbial Ecology, P.O. Box 40, 6666 ZG Heteren (The Netherlands)

La disponibilité des nutriments est un paramètre fondamental qui régit la fertilité d'un sol et le fonctionnement d'un écosystème. Dans l'écosystème forestier et particulièrement les forêts des régions tempérées, qui ne subissent aucun apport en nutriments inorganiques de la part de l'Homme et où la matière organique est stable, les arbres doivent puiser ces nutriments à partir des ressources présentes dans leur environnement à savoir les minéraux du sol. L'étude des stocks des éléments tels que le potassium dans des forêts types (figure ci-contre) révèle un écart important entre la quantité accumulée dans les arbres et la quantité disponible directement accessible aux racines de ces arbres. Cette différence ne peut être expliquée que par une altération des minéraux du sol. La libération des nutriments à partir minéraux devient dès lors un facteur déterminant pour le bon fonctionnement de l'écosystème et implique des processus d'altération associant des paramètres abiotiques et biotiques de l'environnement.



Comprendre ces processus est un enjeu essentiel aussi bien au niveau de la recherche fondamentale qu'appliquée. En effet, dans le contexte actuel de recherche de bio-énergies alternatives et d'intensification des prélèvements de nutriments des écosystèmes (récolte des rémanents, rotation), la compréhension des mécanismes et des acteurs de l'altération des minéraux devrait permettre de proposer des solutions adaptées de gestion des forêts. Les processus abiotiques, qui interviennent sur la vitesse de dissolution des minéraux, sont assez bien connus (le pH, la quantité de solution, la surface des minéraux, la constante d'altération de ces minéraux) et décrits notamment pour certains minéraux modèles comme la kaolinite, la muscovite ou la phlogopite (Brantley *et al.*, 2006). Cette dissolution abiotique des minéraux ne peut pas expliquer à elle seule le bilan observé. La composante biotique, et tout particulièrement microbienne (bactéries et champignons) du sol accentue la dissolution des minéraux et joue donc un rôle important dans la fertilité des sols, la nutrition et à la santé des plantes (Robert et Berthelin, 1986 ; Leyval *et al.*, 1990 ; Wallander et Wickman, 1999 ; Banfield et Nealson, 1997).

C'est pourquoi nous avons proposé dans le cadre de ce projet de tester l'hypothèse selon laquelle les bactéries des genres *Burkholderia* et *Collimonas* colonisant la mycorhizosphère et la minéralosphère (zone d'influence des minéraux du sol et compartiment jamais encore décrit) sont particulièrement efficaces pour altérer les minéraux. Pour vérifier cette hypothèse, nous étudierons en priorité 1) la diversité spécifique des microorganismes colonisant la mycorhizosphère, ainsi que la surface des minéraux (la minéralosphère) et 2) les mécanismes microbiens majeurs de l'altération minérale ainsi que certains gènes impliqués, qui sont encore inconnus.

Le criblage de collections bactériennes pour la fonction altération a notamment révélé que les souches appartenant au genre *Collimonas* étaient particulièrement efficaces pour altérer la biotite ainsi que pour solubiliser le phosphore quelque soit leur origine (dunes, terre de bruyère, toundra, forêt acide et boréale). Les quantifications réalisées par PCR quantitatives sous différentes essences d'arbre ont montré des variations saisonnières. En automne, significativement plus de bactéries ont été détectées sous chêne et hêtre (quelque soit la niche) que sous épicéa, et significativement plus de *Collimonas* ont été détectés dans la rhizosphère que dans le sol nu. Au printemps, au contraire, aucune

différence significative en terme de quantité pour les communautés totales ainsi que pour les *Collimonas* n'a été observée, et ce quelque soit la niche ou l'essence d'arbre considérée. Les analyses de diversité réalisées sur la base du gène 16SrRNA dans différentes niches des sols forestiers (sol, rhizosphère et minéralosphère) ont révélé un enrichissement des genres *Burkholderia* et *Collimonas* au niveau des racines du chêne, ainsi qu'à la surface de minéraux enterrés dans le sol. L'analyse bioinformatique de ces données a par ailleurs permis de mettre en évidence plusieurs points : i) que les sols forestiers étaient caractérisés par une très importante diversité, ii) que des échantillons distants de plusieurs mètres, étaient caractérisés par des groupes phylogénétiques similaires, iii) que certains groupes phylogénétiques étaient significativement plus présents dans la rhizosphère que dans le sol. (Uroz *et al.*, 2010 ; Uroz *et al.*, sous presse). Enfin, une recherche de gènes impliqués dans la capacité à altérer les minéraux a été réalisée sur deux souches altérantes : la souche Ter331 de *Collimonas* (souche dont le génome a été séquencé par le laboratoire Hollandais) et la souche PML1(12) de *Burkholderia*. Plusieurs mutants ont été obtenus et les insertions ont été caractérisées après séquençage. Ces zones ne présentent aucune homologie avec des gènes déjà connus. La caractérisation des gènes est en cours.

Littérature citée :

- Banfield, J.F. and Nealson, K.H. 1997. Geomicrobiology: interactions between microbes and minerals. Reviews in Mineralogy, Vol.35.
- Brantley S.L. 2006. Reaction kinetics of primary rock-forming minerals under ambient conditions. Treatise on geochemistry. 5 :73-108.
- Leyval *et al.* 1990. Weathering of micas in the rhizospheres of maize, pine, beech seedlings influenced by mycorrhizal, bacterial inoculation. Symbiosis. 9 : 105-109.
- Robert, M., and Berthelin, J., 1986, Role of biological and biochemical factors in soil mineral weathering, in Huang, P.M., and Schnitzer, M., eds., Interactions of Soil Minerals with Natural Organics and Microbes, Special Publication 17: Madison, Wisconsin, Soil Science Society of America, p. 453-498.
- Uroz, S., Buée, M., Murat, C., Frey-Klett, P. and Martin, F. (2009) Pyrosequencing highlights the contrasted bacterial diversity in forest soil. *Environ. Microbiol. Rep.* 2: 281-288.
- Uroz, S., Turpault, M-P., Delaruelle, C., Pierrat, J-C., Mareschal, L. and Frey-Klett, P.(2011) Diversity of bacterial communities colonizing minerals in forest soils. *Geomicrobiology Journal*, In press
- Wallander, H. and Wickman, T. 1999. Biotite and microcline as potassium sources in ectomycorrhizal and non-mycorrhizal *Pinus sylvestris* seedlings. *Mycorrhiza*, 9 : 25-32.

Productions occasionnées par le projet :

1. Articles scientifiques :

- **Uroz, S., Calvaruso, C., Turpault, M-P and Frey-Klett, P. (2009)** The microbial weathering of soil minerals: Ecology, actors and mechanisms. *Trends in Microbiology*. 17:378-387.
- **Uroz, S., Calvaruso, C., Turpault, M.P., de Boer, W., Leveau J.H. and Frey-Klett, P. (2009)** Novel bacteria harbouring efficient mineral-weathering ability, a widespread functional trait of the genus *Collimonas*. ***Soil Biol & - Biochem.*** 41 : 2178–2186.
- **Leveau, J.H.J., Uroz, S. and de Boer, W. (2009)** The bacterial genus *Collimonas*: mycophagy, weathering, and other adaptive solutions to life in oligotrophic environments. ***Environ. Microbiol.*** 12:281-292
- **Uroz, S., Buée, M., Murat, C., Frey-Klett, P. and Martin, F. (2009)** Pyrosequencing highlights the contrasted bacterial diversity in forest soil. ***Environ. Microbiol. Rep.*** 2: 281-288.
- **Uroz, S., Turpault, M-P., Delaruelle, C., Pierrat, J-C., Mareschal, L. and Frey-Klett, P.(2011)** Diversity of bacterial communities colonizing minerals in forest soils. ***Geomicrobiology Journal***, In press

2. Participations aux colloques nationaux ou internationaux (communication orale et poster).

- Rhizosphere congress Second edition – Montpellier (2007)- (oral) “Mineral weathering by mycorrhizosphere bacteria : Linking roots to rocks”
- Workshop MicroEnGen III (2007)- Microbial Environmental Genomics (Oral, invité) “Mineral weathering by mycorrhizosphere bacteria : Linking roots to rocks”
- Workshop Geomycology – Uppsala (2008) (Oral, invité) “Mineral weathering in forest soils : what are the respective roles of bacteria and fungi? ”
- 13th ISME congress, (Seattle, USA) (Oral) Uroz, S., Turpault, M-P., Frey-Klett, P., Calvaruso, C., Collignon, C., Lepleux, C., Oger, P., Leveau, J., and W. de Boer. Mineral weathering by forest soil bacterial communities : from function to diversity.



IMAGERIE DYNAMIQUE DES MODIFICATIONS CELLULAIRES ET TISSULAIRES INDUITES PAR LES TRAITEMENTS DE CRYOCONSERVATION.

>> Restitution appel à projets BRG 2005-2006

Anthony Gallard, Stéphane Dussert, Agnès Grapin, Jacques Escoute, **Jean-Luc Verdeil**

- 1- UMR GenHort. Agrocampus Ouest, Centre d'Angers, 2 rue Le Nôtre, 49045 Angers
- 2- UMR DIADE, IRD, 911 Av. d'Agropolis, B.P 64501, 34398 Montpellier
- 3- Laboratoire d'histologie et d'imagerie cellulaire végétale, UMR AGAP PHIV-MRI. CIRAD, Av. Agropolis, 34398 Montpellier
agnes.grapin@agrocampus-ouest.fr, dussert@ird.fr, verdeil@cirad.fr

Le Projet porté par le pôle d'innovation « Montpellier Rio Imaging » proposait le développement de techniques d'imagerie en temps réel et en trois dimensions pour caractériser, cartographier et quantifier les modifications cellulaires et tissulaires induites par la cryoconservation des organes végétaux. Deux types de microscopie de dernière génération ont été explorés : la microscopie en temps réel ou « Real time Microscopie » et la microscopie multiphotonique. La microscopie RTM basée sur le principe optique du fond noir permet de visualiser des cellules vivantes sans aucune coloration avec une résolution de 100 nm. La microscopie multiphotonique utilise un laser infrarouge de faible et permet d'imager en profondeur des échantillons épais (250 à 500 microns). La première phase du projet a consisté à étudier la faisabilité du suivi du matériel végétal directement sous l'objectif au cours des procédés de cryoconservation. Les contraintes optiques (vibrations, condensation de vapeur d'eau) n'ont pas permis une observation satisfaisante sur platine réfrigérée à -180°C des tissus en cours de congélation et/ou congelés. A l'inverse, nous avons pu concevoir une chambre de culture pour l'observation des tissus en RTM et microscopie. La méthodologie développée a été appliquée dans la deuxième phase du projet, à des apex de *Pelargonium* cryoconservés par « droplet vitrification » et à des graines de caféiers.

Sur le pélagonium, les effets de la solution de charge (LS) et de la solution cryoprotectrice (PVS2) ont pu être suivis dans l'espace et le temps.

Les apex ont été visualisés en microscopie multiphotonique grâce au marquage des membranes avec le fluorochrome FM4-64 à 12,5µM pendant 4h. Les observations en Real Time microscopy ont été faites à partir de coupes d'apex, frais de 30 µm d'épaisseur réalisées au vibratome, puis placées dans une chambre conçue à cet effet dans laquelle il est possible d'injecter les différentes solutions.

> Effets de la solution cryoprotectrice PVS2 sur les apex caulinaires :

Les représentations tridimensionnelles obtenues à partir des plans optiques permettent de bien distinguer le méristème (au centre) et les trois primordia. Sur le même apex, PVS2 a provoqué une rétraction des tissus se traduisant par la présence de rides et de sillons d'effondrement sur les différentes parties de l'apex. Suite au traitement dans PVS2, le volume de l'apex ne représente plus que 90% environ du volume initial. Les films réalisés en RTM montrent que PVS2 provoque une rétraction extrêmement rapide des tissus sur eux-mêmes. Un suivi dynamique et une quantification au cours du temps de la rétraction a été réalisée par analyse d'image. L'essentiel de la rétraction a lieu dans les deux premières secondes qui suivent l'injection de PVS2. L'étude a montré que PVS2 agit sur la paroi des cellules méristématiques.

> Effet séquentiel de la solution de charge LS puis de PVS2 sur les apex de pélagonium :

Au cours de la cryoconservation par vitrification, PVS2 est rarement employé seul. Le plus souvent une solution de charge (LS) est utilisée. Les représentations tridimensionnelles en microscopie laser et la quantification des volumes ont montré qu'après injection de LS puis de PVS2, une rétraction importante est observée (le volume de l'apex représente alors 80% du volume initial. En revanche, contrairement aux apex traités avec PVS2 seul, il n'a pas été observé de déformation particulière des méristèmes après action séquentielle de LS puis PVS2. La microscopie en temps réel montre l'absence de déformation par PVS2, lorsqu'ils sont prétraités par LS. La quantification par analyse d'image met en évidence une rétraction progressive au niveau des cellules soumises à PVS2 lorsque les méristèmes sont prétraités par LS. Nos résultats mettent en évidence le rôle protecteur de LS sur la structure des méristèmes en permettant une action plus lente de la solution PVS2.

La graine de caféier avait été choisie comme second modèle d'étude car le protocole de cryoconservation utilisé fait appel à une déshydratation évaporative contrairement aux protocoles utilisés pour les apex qui sont basés sur une déshydratation osmotique (voir ci-dessus). La graine de caféier est composée de deux tissus vivants : l'embryon et l'albumen (tissu triploïde représentant 99% de la masse sèche de la graine et accumulant les réserves utilisées par l'embryon pendant la germination). Les premiers travaux réalisés dans le cadre du projet ont permis de montrer que, parmi les deux tissus, seul l'albumen est sensible aux différents paramètres du protocole de cryoconservation. Les

travaux d'imagerie se sont donc focalisés sur la réaction de l'albumen vis-à-vis de la déshydratation. Néanmoins, les premiers essais ont très vite montré que ce tissu est composé de cellules de très grande taille (100-200 microns), avec des parois très épaisses. Il y a donc malheureusement une incompatibilité technique entre la profondeur maximum d'observation du microscope en temps réel (70 microns pour des observations fines) et l'épaisseur des coupes minimum pour conserver des cellules entières (150-200 microns), faisant de l'albumen de la graine de caféier un modèle inapproprié pour les objectifs scientifiques visés.

Conclusion et perspectives

Bien qu'il n'ait pas été possible de suivre le comportement cellulaire au cours du refroidissement et du réchauffement comme initialement prévu dans le projet, ces outils microscopiques ont permis pour la première fois de faire des observations précises de l'action des solutions de cryoprotection sur les cellules de méristèmes caulinaires de pélagonium. Les résultats obtenus sont particulièrement intéressants et les méthodologies d'imagerie mise au point dans le cadre de ce projet sont aujourd'hui utilisées pour l'étude de la cryoconservation des « hairy roots » de *Rubia akane* (Collaboration avec F Engelmann de l'IRD). Grâce au marquage spécifique des différentes structures cellulaires, nous envisageons de spécifier le rôle de chaque composant des solutions de cryoprotection sur l'architecture tissulaire et cellulaire.

Publications

- Gallard, A; Escoute, J; Verdeil, JL, *et al.*, 2009, "Dynamic study of cellular events during cryopreservation" **CRYOLETTERS** Volume: **30** Issue: **5** 391-392
- Gallard, A; Panis, B; Dorion, N, *et al.* 2008 « Cryopreservation of Pelargonium apices by droplet-vitrification" **CRYOLETTERS** Volume: **29** Issue: **3** Pages: **243-251**
- Grapin, A; Dorion, N; Verdeil, JL, *et al.* 2007, "Histo-cytological changes in Pelargonium apices during the cryopreservation process: Effect of the osmotic agent chosen for the preculture step", PROCEEDINGS OF THE SECOND INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON PLANT GENETIC RESOURCES OF **HORTICULTURAL CROPS, VOLS 1 AND 2** Issue: **760** Pages: **195-201**

SESSION POSTER

POSTERS RETENUS DANS LE CADRE DE L'APPEL À POSTERS DU COLLOQUE

LA COEXISTENCE DE POLYPLÔIDIE DANS UNE POPULATION D'OLIVIER RELIÈVE DU HOGGAR

Djamel BAALI-CHERIF, Ecole Nationale Supérieure Agronomique, Dpt de Botanique, Algérie

Email : bacherdj@yahoo.fr

D. BAALI-CHERIF^{1*}; G. BESNARD²; S. ABDELLAOUI³; D. BENARAR³; N. BOUGUEDOURA¹

¹ LRZA/USTHB BP 44 16000 Alger-gare.

² Imperial College London, Silwood Park Campus, B.R.A., Berkshire YSL57PY, U. K.

³ Chercheurs INRF Hoggar (Tamanrasset)

* Enseignant, ENSA (ex INA) El-Harrach

La polyplôidie a récemment été observée dans deux sous-espèces menacées d'olivier de l'Afrique du Nord Ouest. L'origine de ce phénomène reste encore mal documentée. 107 génotypes d'une population relique d'olivier de Laperrine du Hoggar ont été étudiés à l'aide de huit microsattellites nucléaires. Des profils de type diploïde et triploïde étaient mis en évidence. Une analyse de cytométrie de flux a confirmé que des individus avec trois allèles à plusieurs loci sont effectivement triploïdes. Ceci constitue la première preuve que plusieurs types de ploïdie peuvent coexister dans une même population d'olivier. Les génotypes triploïdes, vraisemblablement en moyenne plus vigoureux que les diploïdes, seraient positivement sélectionnés en l'absence de régénération par voie sexuée sur de très longues périodes (favorisant la survie la sous espèce), expliquant leur relativement haute fréquence (2,8%) dans la population étudiée. Mots-clés : Cytométrie de flux, Hoggar, Microsatellite, *Olea europaea*, Olivier de Laperrine, Triploïdie



UNDERUTILIZED CROPS FOR THE FUTURE, AN UNTAPPED RESERVOIR OF GENETIC RESOURCES: THE CASE OF FONIO

A. Barnaud^{1*}, C. Billot^{2*}, Y. Vigouroux¹, J.-L. Noyer², Y. Bakasso³, B. Barry⁴, M. Camara⁴, F. Beavogui⁴, J.-L. Pham⁵

¹ IRD, UMR DIADE, BP 6450, 34394 Montpellier, France

² CIRAD, UMR AGAP, 34398 Montpellier, France

³ Université Abdou Moumouni, Niamey, Niger

⁴ IRAG, Boulevard du commerce, BP 1523, Conakry, Guinea

⁵ ARCAD, Agropolis Fondation, 34394 Montpellier, France

*equally involved and contact persons: adeline.barnaud@ird.fr, claire.billot@cirad.fr

Keywords: agrobiodiversity, fonio, underutilized crop, multidisciplinary studies, genetic and genomic resources, conservation, ethnobiology, food security

Abstract

While over 7000 species are cultivated as agricultural or horticultural crops, food safety and nutrition worldwide are based on few crops. Wheat, rice and maize alone provide more than 50% of plant energy. Agricultural research has mainly concentrated on these few “major” crops, neglecting the vast majority of cultivated species. Until now, despite the call for an increased use of underutilized crops to diversify alimentation and provide sustainable agriculture, those crops remain a largely untapped reservoir of agrobiodiversity. Are they really crops for the future?

Fonio represents a promising crop. It is an indigenous staple cereal in Western Africa regarded as a valuable source of income, especially for small scale farmers. Fonio includes *Digitaria exilis* Stapf and *D. iburua* Stapf as well as wild related species (*D. ternata* and *D. longiflora*). Recent progresses in post-harvest technologies, which have long hampered the development of fonio cultivation, have increased its economic potential. The need to characterize its genetic resources and adaptive potential to the changing climate, and more generally fast evolving environmental pressures, is therefore more important.

So far, fonio remains largely under-studied compared to other African cereals such as sorghum, millet and rice. Here, we discuss how the study, conservation and uses of fonio genetic resources can take advantage of methodological advances in other plant genetic research. Molecular resources can now be developed rapidly. Combined with innovative and multidisciplinary approaches, this will lead to an accurate estimation of fonio evolutionary history (including domestication), as well as an evaluation of the genetic resources and their dynamics.

These approaches will allow a better understanding of on-farm diversity of fonio, the development of sound collecting and *ex situ* conservation strategies and appropriate crop improvement to ensure food security.

This project benefits from the financial supports of Agropolis Resource Center for Crop Conservation, Adaptation and Diversity (www.arcad-project.org), Agropolis Fondation (www.agropolis-fondation.fr), IRD and Cirad (Action Incitative Stratégique 3-2010).



OUTILS DE GESTION DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES ET GESTION TERRITORIALE DE POPULATIONS ANIMALES LOCALES : DEUX EXEMPLES CORSES

Carayol-Costa, B.^{1,2}, Muller, T.^{1,3}, Teinturier, P.⁴, Gambotti, J.Y.¹, Maestrini, O.¹, Casabianca, F.¹, Lauvie, A.^{1*}

¹ INRA UR LRDE, Corte

² Université de Corte (étudiante M2 INGESAME)

³ AgroParisTech (étudiant M2 EDTS)

⁴ OS Brebis Corse, Aléria

*anne.lauvie@corte.inra.fr

Ce poster vise à présenter les résultats de travaux de Master 2 financés par le projet européen VAGAL autour de deux outils génériques pour la gestion collective de deux races locales corses. Nous avons analysé les pratiques et points de vue des acteurs autour (i) d'une part de l'usage de l'insémination Artificielle (IA) dans le schéma de sélection de la race ovine corse, et (ii) d'autre part de la gestion de la variabilité génétique dans le schéma de conservation de la race porcine corse (race Nustrale) via un système de familles et de lignées.

L'usage de chacun de ces outils pose en effet problème : diminution du nombre d'IA dans le schéma de sélection en race ovine corse et quasiment pas d'IA pratiquée hors schéma, diminution préoccupante des effectifs de certaines familles et lignées en race *Nustrale*.

En nous appuyant principalement sur un travail d'enquêtes auprès d'éleveurs et d'autres acteurs porteurs d'enjeux dans ces dispositifs, nous avons cherché à mieux comprendre les pratiques et points de vue autour de ces outils. Nous identifions ainsi quatre types d'éleveurs en race ovine corse, selon leur position vis-à-vis de l'IA. Nous explicitons les freins à l'usage de l'IA et proposons des pistes de réflexion pour dépasser certains de ces freins. Pour ce qui est de la race *Nustrale* nous mettons en relation les pratiques et points de vue vis-à-vis de la gestion de la population animale et les systèmes d'élevage, et nous remettons notre analyse en perspective avec les enjeux autour du projet d'AOP sur certains produits de charcuterie corse.

Nous montrons que des modèles génériques considérés comme optimaux pour la gestion des races locales rencontrent des spécificités territoriales qui les réinterrogent.



THE ROLE OF PRIVATE INTERNATIONAL LAW UNDER THE NAGOYA PROTOCOL

Chiarolla Claudio (IDDRI)
claudio.chiarolla@iddri.org

Until the adoption of the Protocol there was no private international law (PIL) of ABS. A narrow interpretation of the Protocol's provisions that relates to PIL is that the Protocol does not purport developing a PIL of ABS. The implications of such provisions remain confined to a "neutral" reference to the inclusion of PIL elements into the mutually agreed terms (MAT) (e.g. jurisdiction and applicable law clauses) and such elements are to be discretionally defined by the parties to the MAT. These clauses may bear implications for such parties, but not directly for the implementation of benefit sharing under the Protocol. Besides, "access to justice" requirements would be limited to disputes concerning "compliance with MAT" – i.e. the MAT must exist in the first place. On the other hand, an extensive interpretation may arise from the question of whether the Protocol, by virtue of its references to "the domestic ABS legislation or regulatory requirements" of another Party does purport a choice of law rule, whose application would be required also when MAT have not been established and prior informed consent (PIC) has not been obtained – i.e. in cases of non-compliance. This poster will consider the following questions: to what extent should the law of a Party be applicable to qualify acts of misappropriation undertaken in a third county when the PIC of the former has not been obtained and benefits are not shared? To which extent is a country, in which genetic resources and traditional knowledge are utilized, required to provide judicial remedies, including access to its courts and tribunal, and the recognition and enforcement of foreign judgments and arbitral awards under the Protocol?



DYNAMIQUE ET CONSÉQUENCES DE L'EXTENSION TERRITORIALE DE RESSOURCES GÉNÉTIQUES ANIMALES : L'EXEMPLE DES RACES BOVINES MONTBÉLIARDE ET SIMMENTAL EN FRANCE

Marlène Courdier^{1,2}, Sophie Moureaux³, Sylvie Mugnier¹, Mickaël Brochard³, Claire Gaillard¹, Etienne Verrier²

¹ AgroSup Dijon, UR URANIE, 26 Bd. Docteur Petitjean, F-21079 Dijon
² AgroParisTech, INRA, UMR GABI, 16 rue Claude Bernard, F-75231 Paris 05
³ Institut de l'Elevage, Département GIPSIE, 149 rue de Bercy, F-75595 Paris 12

Contexte et objectifs

La race bovine laitière Montbéliarde, historiquement très liée à son berceau d'origine, la Franche-Comté, et y étant encore extrêmement majoritaire, est aujourd'hui présente sur l'ensemble du territoire national ainsi qu'à l'étranger. La race Simmental Française, d'origine suisse, historiquement implantée dans l'Est de la France, s'est développée dans d'autres régions et fait partie d'une population européenne importante. L'étude vise à préciser la dynamique de ces extensions géographiques et à en dégager les conséquences en termes de différenciation de la ressource génétique.

MARDI 20 SEPTEMBRE 2011

Dynamique de l'extension géographique des deux races

Avec 405 milliers de vaches au contrôle laitier (VCL) en 2010, soit 16% du cheptel national, la race Montbéliarde est la seconde race bovine laitière en France en termes d'effectifs. Dès les années 1960, elle a connu une forte extension en Rhône-Alpes puis dans le Massif Central, dans des conditions comparables à celles de sa région d'origine : moyenne montagne, systèmes herbagers, tradition fromagère bien ancrée inscrite dans des AOC. L'implantation en Bretagne et Pays de la Loire est plus récente (à partir de la fin des années 1970) mais, sur la dernière décennie écoulée, les effectifs de Montbéliardes y ont progressé d'environ 80%, et ils représentent aujourd'hui environ 8% du cheptel de la race. La race Simmental Française compte aujourd'hui 14 milliers de VCL, soit moins de 1% du cheptel national. A partir des années 1980, cette race s'est développée dans le Massif Central, en lien avec son inscription au cahier des charges de l'AOC Laguiole. Sur la dernière décennie, les taux de progression les plus élevés se situent dans les régions Pays de la Loire, Midi-Pyrénées, Auvergne et Bretagne. En 2010, le bassin laitier de l'Ouest représente 8% des effectifs de Simmental Française contrôlées en France. La logique de transformation fromagère, qui a conduit à la première vague d'extension de ces deux races, ne semble pas s'appliquer dans le Grand Ouest, où elles ne représentent qu'une faible part du cheptel (quelques %). Les motifs de l'introduction de ces deux races bovines dans les troupeaux seront éclairés par les résultats d'enquêtes en cours.

Différences de niveau génétique moyen entre zones géographiques

Les vaches contrôlées font l'objet d'une évaluation génétique à l'échelle nationale, les index de valeur génétique représentant leur valeur génétique la plus probable pour un caractère donné. Pour les races Montbéliarde et Simmental Française, prises séparément, nous avons comparé les moyennes d'index de valeur génétique des vaches présentes dans quatre zones géographiques différentes : (i) berceau de race ou noyau historique, (ii) première zone d'extension, (iii) Grand Ouest et (iv) reste de la France. Cette comparaison a été effectuée pour deux cohortes : les vaches nées en 1989-1992, d'une part, et celles nées en 2004-2007, d'autre part.

En race Montbéliarde, en ce qui concerne l'index de production laitière, il y a peu d'écart entre zones, tant pour la moyenne d'une cohorte donnée que pour l'évolution de cette moyenne d'une cohorte à l'autre. Les différences les plus nettes concernent les autres caractères et permettent de distinguer les vaches présentes dans le Grand Ouest de celles localisées dans les autres régions : (i) leur index moyen pour la richesse du lait en protéines (TP) s'accroît plus vite, (ii) celui pour la richesse du lait en matières grasses (TB) diminue moins vite, (iii) celui pour la morphologie de la mamelle s'accroît plus vite et (iv) celui pour l'aptitude bouchère est plus faible aux deux périodes considérées. En race Simmental Française, ce sont les vaches présentes dans le Massif central qui se singularisent : (i) croissance plus faible de la moyenne d'index de production laitière, (ii) index TP moyen plus élevé, (iii) forte baisse de l'index TB moyen, alors qu'il s'accroît ailleurs, et (iv) valeurs plus faibles pour la musculature ainsi que pour la vitesse de traite.

Dans chacune des deux races, l'extension géographique s'est accompagnée d'une certaine forme de différenciation génétique. Des analyses complémentaires en cours visent à apprécier dans quelle mesure les différences qui sont apparues résultent de choix motivés des éleveurs ou bien du hasard des disponibilités en reproducteurs, mâles et femelles. Nous tenterons également de dégager les conséquences possibles en matière d'objectifs de sélection de l'extension de ces races dans des régions différentes et de leur utilisation dans des contextes et des systèmes d'élevages de moins en moins homogènes.

LA CRYOBANQUE NATIONALE : UNE COLLECTION PATRIMONIALE AU SERVICE DE L'ÉLEVAGE ET DE LA RECHERCHE

Coralie Danchin-Burge, Institut de l'Élevage

En 1999 un Groupement d'Intérêt Scientifique appelé Cryobanque nationale a été constitué par conventionnement entre 12 acteurs de la sélection animale, dont le Ministère chargé de l'Agriculture, l'INRA, l'Institut de l'Élevage, Races de France, l'ACSEDIATE et l'UNCEIA, afin de fédérer, rationaliser et sécuriser des collections de matériel biologique conservées dans l'azote liquide. Plus de 10 ans plus tard la collection nationale a dépassé les 230 000 doses provenant de 12 espèces différentes. Le champ d'action de la Cryobanque nationale est celui des ressources génétiques animales, et comprend un large panel d'espèces allant des mammifères aux espèces aquacoles, incluant toutes les races ou populations, y compris les lignées commerciales. L'objectif est de préserver pour des usages futurs la variabilité inter et intra population à différents moments, ainsi que des phénotypes ou des génotypes exceptionnels. Les actions menées se situent principalement dans le domaine de la conservation *ex situ* et la cryoconservation. Les travaux de la Cryobanque nationale touchent également aux aspects méthodologiques de l'échantillonnage de la

collection, à la gestion de l'information, à la démarche qualité et à la communication. Le rôle de la Cryobanque nationale a été reconnu via sa labellisation en tant que Centre de Ressources Biologiques (CRB) par le GIS IBISA en 2010.



LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES D'ÎLE-DE-FRANCE

Un patrimoine à sauvegarder, des richesses à valoriser

Gilles Debarle, Domaine la Grange la Prévôté

Des trésors vivants qui évoluent...

Pour enrayer la disparition d'une ressource génétique, un plan de conservation doit être mis en place. Selon la nature de la ressource, on peut la conserver au sein de collections : potagers et vergers conservatoires, collections de graines, congélation de semences ou d'embryons ou en culture in-vitro : c'est la **conservation ex-situ**. Ou en continuant de l'exploiter dans son contexte naturel : **conservation in-situ**.

Une partie de cette mission pourrait se faire par le Centre Régional des Ressources Génétiques en se limitant à la conservation des semences en chambre froide, et de quelques pieds mères de plantes à multiplication végétative (greffage, bouturage...). Ce rôle a toute son importance dans le cas des ressources « orphelines » (abandonnées par les détenteurs).

Le CERES, structure d'accueil du CRRG Île-de-France

Initié depuis 2003 par la Ville de Savigny-le-Temple, le « CERES » (Centre d'Etudes et de Recherches sur l'Environnement de Savignyle-Temple), avec le soutien de son Conseil scientifique, a proposé l'idée de création du Centre Régional des Ressources Génétiques d'Île-de-France ou CRRG.

A l'origine du pré-inventaire des ressources génétiques franciliennes, le CERES conduit actuellement le potager selon les principes du maraîchage biologique, avec l'emploi d'un chantier d'insertion (service PIJE de l'ADSEA77), au sein duquel il cultive déjà de nombreuses variétés franciliennes. Il a initié des programmes d'éducation au goût et au jardinage auprès d'un public cible (assistantes maternelles, écoles, centres sociaux...).

Porteur du projet du CRRG, il permet le développement de celui-ci sur des bases scientifiques et techniques solides.

L'Île-de-France : terre de diffusion de formes et de saveurs

Des noms célèbres et insolites

Haricot Beurre de Rocquencourt, Crochu de Montmagny, Flageolet hâtif d'Etampes, Très hâtif de Massy, Merveille de Vitry, Merveille de Paris, Haricot de Bagnolet à feuille d'ortie, Nain blanc de la Malmaison, etc...

Autant d'appellations qui prouvent le dynamisme et l'imagination des maraîchers et des obtenteurs franciliens, jusqu'à l'urbanisation de la région parisienne. Toujours dans le Bassin parisien, les variétés de Soissons sont renommées depuis le XVII^e Siècle.

Le petit riz, un haricot de la vallée de montmorency

La variété conservée aujourd'hui à Groslay est cultivée avec certitude depuis trois générations dans la région. Mais son histoire est sûrement bien plus longue.

Dans la seconde moitié du XVII^e siècle, la culture du haricot se généralise autour de Paris et une variété de haricot nain est mentionnée au nord de Saint-Denis. S'agit-il déjà du « Petit riz » ? Le « Haricot riz » est l'un des principaux types reconnus à la fin du XIX^e siècle par Vilmorin-Andrieux en 1883 et par Denaiffe & Fils, marchands grainiers Ardennais, en 1906.

des semenciers franciliens

Dans le sillage des Vilmorin-Andrieux, le Lorrain Lucien Clause reprend la ferme de Gabriel Chevrier en 1899, où il développe, une société de semences. Ces entreprises constituent des collections d'une grande diversité et jouent un rôle important dans l'amélioration des plantes.

Quel avenir pour les ressources génétiques françaises des haricots ?

Pas de réseau national...

Contrairement à d'autres pays, la France n'a pas fait le choix de centraliser la gestion de ses ressources génétiques. Aussi, la conservation est-elle basée sur la bonne volonté des acteurs socio-économiques, tels que les sélectionneurs privés, les établissements de recherche et les associations.

De nombreuses espèces possèdent des centres de recherches dédiés au sein d'antennes de l'INRA* ou du GEVES*. Mais aucune initiative rassemblant les différents intervenants n'a pu se mettre en place pour un légume aussi populaire que le haricot.

La Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité (FRB), partenaire de cette exposition, favorise la prise de conscience générale sur ces questions.

Un trésor à conserver

Plus de 1 000 lignées, rassemblées par Hubert Bannerot de l'INRA de Versailles, ainsi qu'une centaine d'autres variétés, ont été transférées au GEVES de Brion jusqu'en 2000. Elles sont maintenues au mieux, en fonction des moyens disponibles. À ces lignées, s'ajoutent environ 2 500 variétés (radiées ou encore inscrites au Catalogue officiel), qui constituent la collection de référence du GEVES. Quelques établissements de sélection ont également des ressources génétiques propres à leurs programmes, mais tout cela n'est pas organisé, encore moins harmonisé.

////////////////////////////////////

DESTINATION ET UTILISATION DES SEMENCES DISTRIBUÉES DANS LE CADRE DU CENTRE DE RESSOURCES GÉNÉTIQUES CÉRÉALES À PAILLE

Didier Audrey, INRA Clermont-Ferrand, UMR 1095

audrey.didier@clermont.inra.fr

Le Centre de Ressources Génétiques (CRG) Céréales à Paille conserve à l'INRA de Clermont-Ferrand les espèces *Triticum* (blé), *Hordeum* (orge), *Secale* (seigle), *Triticosecale* (triticale), *Avena* (avoine) et leur apparentées sauvages. La plupart des accessions, maintenues sous forme de graines au CRG, sont des ressources génétiques patrimoniales (variété de pays, lignée de sélection, variété inscrite) qui représentent environ 11 800 blés hexaploïdes, 2 800 blés tétraploïdes et apparentées sauvages, 6 550 orges, 1 200 triticales, 1 200 avoines, 450 *Aegilops* et 85 populations de seigle. Toutes ces ressources génétiques constituent une intéressante boîte à outils pour la recherche fondamentale (génomique et génétique) ainsi que pour la création variétale. Les communications scientifiques et techniques, autour des activités des CRG, concernent souvent la description et l'évaluation des collections ou les aspects plus pratiques liés à la gestion qualité notamment (ex. test de germination, procédure de conservation,...). Mais à côté de ces activités intrinsèques, le CRG développe des connections et des partenariats avec un public large et varié (scientifiques, agriculteurs, sélectionneurs,...) ayant des intérêts différents dans l'utilisation des ressources génétiques. Pour anticiper leur demande d'échantillons et simplifier les procédures de distribution, des collections ont été prédéfinies (ex collection FAO blé tendre, core collection,...). Durant cette phase, des questions sont survenues : comment retrouver et organiser l'information pour répondre et guider le demandeur dans son choix? Comment rendre cette information disponible à l'ensemble du public et distribuer les échantillons sous les règles internationales? Pour répondre à ces questions, une étude sur les 5 dernières années de distribution a été réalisée. Le but de cette analyse est de mieux cerner les différents profils des demandeurs de ressources génétiques, de voir quel type d'accession est demandé en terme d'espèce et de statut biologique, quand et pour quel usage ces accessions ont été demandées.

////////////////////////////////////

ANALYSE DE DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE D'UNE COLLECTION DE POMMES DE TERRE (*SOLANUM TUBEROSUM* L.) NATIVES DE L'ÎLE DE CHILOÉ (CHILI) À L'AIDE DE MARQUEURS MICROSATELLITES

F. Esnault, J. Solano Solis, M. Hervé, G. Boutet, P. Brabant, J.E. Chauvin

INRA Rennes

La pomme de terre cultivée tétraploïde *Solanum tuberosum* est divisée en deux groupes : le groupe *Andigenum* originaire de l'Ouest du Venezuela au Nord de l'Argentine (tubérisation en jours courts), et le groupe *Chilotanum* provenant du centre Chili (îles de Chiloé et de l'archipel Chonos) au Sud Chili (tubérisation en jours longs). L'origine des pommes de terre modernes cultivées en Europe et dans le Monde fait l'objet de controverse. Une étude réalisée par Ghislain et al. (2009) a montré, à l'aide de marqueurs moléculaires, que les Neo-Tuberosum (pommes de terre cultivées adaptées à la tubérisation en jours longs et issues d'une sélection à partir du groupe *Andigenum*) sont plus proches génétiquement des landraces du groupe *Chilotanum*. Il paraît donc intéressant de positionner la diversité génétique des cultivars modernes par rapport à celle du groupe *Chilotanum*.

Ainsi, la présente étude constitue une première analyse de la diversité génétique d'une collection de 30 landraces natives de l'île de Chiloé par rapport à celle d'une sélection de 17 cultivars modernes. Les génotypes ont été analysés

à l'aide de 22 marqueurs microsatellites. Le génotypage a été réalisé sur séquenceur capillaire ABI 3130xl. Une analyse en ACP montre une séparation des deux pools génétiques selon l'axe 1 qui explique 14.14% de la variabilité génétique, avec toutefois un chevauchement. La diversité génétique de chaque pool a été évaluée et sera présentée dans ce poster.

////////////////////////////////////

BIODIVERSITÉ DES COMPOSÉS PHÉNOLIQUES DE CICHORIOIDEAE SAUVAGES OU DOMESTIQUES

Fons F., Gargadennec A., Ory J., Rapior S.

Laboratoire de Botanique, Phytochimie et Mycologie, UFR des Sciences Pharmaceutiques et Biologiques (UM1), UMR 5175 CEFE, Montpellier (francoise.fons@univ-montp1.fr)

Depuis l'antiquité, l'homme utilise la chicorée sauvage en médecine traditionnelle. Pour diversifier son alimentation, l'homme cultive diverses variétés de laitues (*Lactuca sativa*) et de chicorées (*Cichorium intybus*) aux aspects (frisée, pommée, panachée...) et goûts très différents. D'autres Cichorioideae sauvages sont consommées (*Crepis sp.*, *Picris sp.*). Toutes ces plantes sont sources de composés phénoliques connus pour leurs activités biologiques [1-3]. Des techniques chromatographiques et spectrophotométriques ont été appliquées [4-5] à l'analyse des composés phénoliques (dérivés de l'acide caféique, flavonoïdes). Nous avons ainsi étudié la biodiversité des composés phénoliques, antioxydants qui traduit la grande variabilité de formes, goûts et couleurs des salades sauvages ou cultivées.

- [1] Cheminat A., Zawatzky R., Becker H., Brouillard R., 1988 – Caffeoyl conjugates from *Echinacea* species: structures and biological activity. *Phytochemistry*, 27, 2787-2794.
- [2] Heimler D., Isolani L., Vignolini P., Sara Tombelli S., Romani A., 2007 – Polyphenol Content and Antioxidative Activity in Some Species of Freshly Consumed Salads. *J. Agric. Food Chem.*, 55, 1724-1729.
- [3] Llorach R., Martinez-Sanchez A., Tomas-Barberan F., Gil M., Ferreres F., 2008 – Characterisation of polyphenols and antioxidant properties of five lettuce varieties and escarole. *Food Chemistry*, 108, 1028–1038.
- [4] Gargadennec A., Fons F., Goetz C., La Fisca P., Mondolot L., Rapior S., 2010 – Composés phénoliques d'Asteraceae comestibles : histolocalisation et analyse par chromatographie sur couche mince. 1^{er} Colloque d'Ecologie scientifique (Montpellier, 2-4/09/2010).
- [5] Goetz C., 2010 – Optimisation d'une méthode de contrôle et de dosage de composés phénoliques antioxydants de *Cichorioideae*. M1 Biologie Santé. Université Montpellier 1.

////////////////////////////////////

LA CONSERVATION ET CONNAISSANCE DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES D'ESPÈCES VÉGÉTALES CULTIVÉES : UN ENJEU POUR L'AGRICULTURE ET UN DÉFI POUR LES ACTEURS

E. Geoffriau ¹, M. Pitrat ², P. Coquin ³, F. Balfourier ⁴, M. C. Daunay ⁵, et autres responsables de collections de ressources génétiques d'espèces cultivées

- ¹ Agrocampus Ouest INHP, Angers / Réseau carotte et autres *Daucus*
- ² INRA, Avignon / Réseau melon
- ³ GEVES, Brion / Réseau chicorées
- ⁴ INRA, Clermont-Ferrand / Réseau céréales à paille
- ⁵ INRA, Avignon / Réseau aubergine

Les ressources génétiques d'espèces végétales cultivées représentent un enjeu important pour l'agriculture à plusieurs niveaux : liens entre agriculture et société, conception de systèmes de culture innovants, création de variétés adaptées. La France dispose de ressources génétiques cultivées et sauvages importantes. Les collections d'accessions domestiques et sauvages couvrent 33 espèces cultivées (fruitières, ornementales, légumières, fourragères, de grande culture, aromatiques). Une majorité de ces collections bénéficie d'une structuration en réseaux de ressources génétiques, associant recherche publique et secteur privé. Toutefois, certaines espèces importantes sont dites « orphelines », sans collection ou réseau structuré, ce qui met en danger à terme les ressources génétiques correspondantes.

MARDI 20 SEPTEMBRE 2011

Les activités liées à ces collections correspondent à des savoir-faire spécifiques, et nécessitent dans la durée des moyens et l'implication des différents acteurs : multiplication et conservation, caractérisation et évaluations pour des caractères d'intérêt, mise à disposition d'échantillons et diffusion de connaissances.

Ces actions sont fondamentales pour les activités de l'agriculture actuelle et à venir, mais aussi par rapport aux engagements de la France concernant les ressources génétiques, que ce soit au niveau international (Traités) ou au niveau européen (ECPGR). Ces enjeux et engagements nécessitent un renouvellement de la dynamique et de la gouvernance des ressources génétiques d'espèces cultivées, par une nouvelle coordination à travers la création d'un collectif des collections et réseaux, l'identification d'interlocuteur à l'international, et un cadre réglementaire et politique adapté.

////////////////////////////////////

LE COMPARTIMENT SAUVAGE DE LA CAROTTE EN FRANCE : DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES IMPORTANTES ET POURTANT MÉCONNUES

E. Geoffriau¹, A. Chaput-Bardy¹, J.P. Reduron²

¹ AGROCAMPUS OUEST Centre d'Angers INHP, 2 rue Le nôtre, 49045 Angers

² VIA APIA, 10 rue de l'Arsenal, 68100 Mulhouse

La France est considérée comme centre secondaire de diversification de la carotte, du fait de l'activité importante de sélection (par des maraîchers ou semenciers), ce qui justifie les actions de conservation et connaissance des variétés anciennes menées par le réseau de ressources génétiques « Carotte et autres *Daucus* ». Par contre, le compartiment sauvage est méconnu et sous-exploité, alors qu'il s'agit d'une espèce pour laquelle de nombreuses populations existent sur le territoire français, avec une situation très contrastée. Si la carotte sauvage *D. carota* spp *carota* n'est pas en danger, d'autres sous espèces sont protégées (*ssp gadecaei*) ou menacées du fait de la dégradation de leur milieu naturels notamment en zone littorale ou de possibles introgressions avec la sous-espèce *carota*.

Le travail présenté porte donc sur : i/ la sauvegarde et la mise à disposition des ressources génétiques sauvages, à travers l'inventaire de populations *in situ* et la constitution de collections *ex-situ* ; ii/ l'approfondissement de la connaissance et de l'identification taxonomique des sous-espèces sauvages ; iii/ la connaissance de la diversité au sein du compartiment sauvage (marqueurs SSR et données écologiques) ; et iv/ l'évaluation des ressources génétiques sauvages de carotte pour permettre leur exploitation (fertilité, croisements avec le compartiment cultivé, tolérance à différents bioagresseurs).

Ce programme fait l'objet du soutien d'un contrat de branche du ministère de l'agriculture et implique les membres du réseau « Carotte et autres *Daucus* ».

////////////////////////////////////

IDENTIFICATION OF DROUGHT TOLERANCE MAIZE POPULATIONS AMONG THE FRENCH MAIZE NETWORK OF GENETIC RESOURCE COLLECTION

Anne Zanetto¹, Claude Welcker², Serge Malavieille¹, Philippe Marsal³, Philippe Noel³, Brigitte Gouesnard³

¹ UE Diascope, INRA, domaine de Melgueil, 34130 Mauguio, France

² UR LEPSE, INRA, 2 place Viala, 34060 Montpellier Cedex, France

³ UMR AGAP, INRA, Centre de Montpellier, domaine de Melgueil, 34130 Mauguio, France

Maize demands water in summer when the availability of water is low. The objective of this study was to identify potential sources of tolerance to water deficit among the French INRA-PROMAIS Maize network collection (1400 temperate populations). One hundred forty eight populations selected for their phenotype on precocity, anthesis silking interval (ASI), combining ability, lodging tolerance, were evaluated under well watered and stress conditions in 2008. Stress conditions were applied between 15 days before flowering to 7 days after flowering. The best 50 populations were repeated in 2009 under similar conditions, based on selection index identifying populations with low ASI under stressed conditions, low decrease values for yield, number of grains, and fertility. In 2009, the evolution of leaf area was estimated as a function of time (rhythm of leaf appearance, length and width of leaves, evolution of senescence) in order to study the impact

of drought on growth. The coefficient of correlation between ASI and yield was significant under stress conditions. No correlation was found between decrease of yield (average 67%) and leaf area (average 15%) which is consistent with a stress occurring just before the beginning of flowering (controlled by neutron probes). Populations exhibiting a low yield decrease and low ASI, were often improved populations (synthetics, composites). However, some landraces (from Bulgaria, Algeria...) showed low LAI decrease and low yield decrease. The results confirm the interest of genetic resources as source of variability to further improve maize varieties, and the improvement of maize already done with selection.

////////////////////////////////////
REGULBASS: UN PROGRAMME INTÉGRÉ DE LA TOLÉRANCE AU JEÛNE CHEZ LE BAR (*DICENTRARCHUS LABRAX*)

B. Guinand, D. McKenzie, E. Desmarais, J.-C. Avarre, K. Belkhir, M. Vandeputte, A. Vergnet, F. Bonhomme, B. Chatain

B. Guinand, Université Montpellier 2, UMR CNRS 5554 – Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier, Montpellier

bruno.guinand@um2.fr

L'interface domestique/sauvage est importante chez les poissons marins car ils n'ont pour la plupart pas encore connu de processus de domestication marqué. L'étude génomique de traits phénotypiques soumis à sélection artificielle est un premier pas vers la compréhension de leur évolution en populations naturelles. Le projet RegulBASS s'attache ainsi à rechercher les déterminismes moléculaires de la tolérance au jeûne chez le bar (*D. labrax*), espèce aquacole d'importance économique majeure. L'alimentation représente plus de 40% du coût de production d'une exploitation et l'établissement de lignées permettant de réduire cette charge participe à une gestion économique durable et à une limitation possible des intrants. Ainsi, connaître les gènes et les voies métaboliques impliqués dans cette tolérance, savoir quels corrélats physiologiques ils impliquent, apparaît essentiel. L'identification de déterminismes génétiques, leur nature et leur localisation au niveau de gènes cibles en conditions expérimentales et sur populations naturelles devrait permettre de mieux comprendre les stratégies empruntées par le bar ou d'autres espèces qui, dans leur première année, voient des individus rester en mer (milieu trophiquement pauvre où tolérer le jeûne peut représenter un avantage sélectif) ou entrer en lagune (milieu riche où cette tolérance pourrait être neutre). Nous nous attachons ici à décrire les approches expérimentales et génomiques retenues, ainsi que les premiers résultats obtenus dans ce cadre.

////////////////////////////////////
CRYOCONSERVATION DE LA BIODIVERSITÉ DU COCHON D'INDE (*CAVIA PORCELLUS*)

Grégoire A.¹, Huamán E.², León S.^{1,2}, Allard A.³, Joly T.³

¹ Institut Français d'Etudes Andines (UMIFRE17 CNRS/MAEE, Lima 18, Peru)

² Centro de Investigación y Enseñanza en Transferencia de Embriones (Ministry of agriculture / La Molina National Agrarian University Lima – Peru)

³ Université de Lyon, Vetagrosup/IsaraLyon, Unité ICE-Cryobio, 69243 LYON, France

La conservation de la biodiversité intraspécifique du cochon d'Inde (*Cavia porcellus*) est primordiale pour les populations des Andes pour qui sa consommation constitue une importante source de protéines. Les programmes de sélection menés depuis les années 1970 par l'Institut National de Recherche Agraire du Pérou ont donné lieu à une nouvelle diversité génétique, orientée vers la formation d'animaux plus productifs. Il convient aujourd'hui de conserver également les lignées non-sélectionnées moins productives mais plus rustiques et plus résistantes afin d'envisager un schéma de sélection de l'espèce sur le long terme. Domestiqué depuis l'époque précolombienne comme animal de chair, le cochon d'Inde est également utilisé dans de nombreuses pratiques de la médecine traditionnelle andine. La conservation de cet héritage symbolique et culturel passe par la conservation de la diversité génétique de cette espèce. Enfin, le cochon d'Inde constitue un précieux apport andin à la recherche biomédicale. Alors plus connu sous le nom de cobaye, il est utilisé notamment comme modèle pour la recherche sur la tuberculose ou encore pour le développement de techniques de reproduction médicalement assistée chez les humains.

L'objectif de notre projet de recherche est l'élaboration d'une cryobanque d'embryons de cochons d'Inde qui permettra une conservation *ex situ* des ressources génétiques de cette espèce, par la voie femelle. Nous avons ainsi élaboré des protocoles de production d'embryons, grâce à des traitements hormonaux de synchronisation des cycles oestriques et de superovulation des femelles. Nous mettons actuellement au point les protocoles de la cryoconservation des embryons obtenus et de transfert embryonnaire qui nous permettront d'atteindre notre objectif.



AN ORIGINAL APPROACH OF THE BACTERIAL RESISTANCE TO ANTIMICROBIAL AGENTS AT THE COMMUNITY LEVEL: APPLICATION TO NATURAL BRACKISH LAGOON WATER

Audrey Vanhove¹, Kévin Estèves¹, Fabien Aujoulat², Hélène Marchandin², Tatiana Vallaëys¹, Patrick Monfort³, Estelle Jumas-Bilak²
ebilak@univ-montp1.fr

¹ Université Montpellier 2,

² Université Montpellier 1,

³ CNRS, UMR 5119 ECOSYM, Equipe Pathogènes et Environnements, Montpellier, France

Background

Considered as integrator ecosystems, natural lagoon waters are of great interest to survey the environmental, chemical and biological selective pressures imposed on bacterial communities. Phenotypic study of the resistance to antimicrobial compounds was generally performed on isolated bacteria. Conversely, metagenomics approached the stock of resistance genes at the community level but disregarded the expression of resistance.

Objectives

The aim is to apply culture- and genetic-based mixed approach to describe the biodiversity of resistant sub-populations in cultivable bacterial communities.

Methods

Brackish water sampled in the Etang de Mauguio (France) is cultured on Marine Agar (MA) and Trypticase Soy Agar (TSA) containing tetracycline, cefotaxime or ceftazidime at diverse concentration (from 128 mg/L to 6.25 mg/L) at 20 and 30 °C. The number of CFU was used for MIC_{50c} and MIC_{90c}, corresponding to the minimal concentration inhibiting 50% and 90% of the community, respectively. At each concentration, the biodiversity in the resistant sub-population was studied by 16S rRNA-PCR, Temperature Temporal Gel Electrophoresis and sequencing.

Conclusions

We followed the diversities of the bacterial community regarding antimicrobial concentration. The overall diversity of resistant cultivable bacteria corresponded to 32 species distributed among 4 bacterial phyla (Proteobacteria (58%), Firmicutes (20%), Bacteroidetes (17%) and Actinobacteria (5%). The halotolerant sub-population cultivating on MA was more resistant to the antibiotics tested than the halophobic sub-population. This mixed approach that associated the expression of resistance in culture and the genetic detection of the biodiversity could be applied to rapidly describe dynamics of resistant populations in natural environments.



RÉSUMÉ DE LA DECLARATION DE LA VIA CAMPESINA AU GB4 DU TIRPAA

proposé par Guy Kastler, Réseau Semences Paysannes/Confédération Paysanne, Bali, 14 mars 2011

La Via Campesina

Via Campesina is an international movement of peasants, small- and medium-sized producers, landless, rural women, indigenous people, rural youth and agricultural workers. We are an autonomous, pluralist and multicultural movement, independent of any political, economic, or other type of affiliation. Born in 1993, La Via Campesina now gathers about 150 organisations in 70 countries in Asia, Africa, Europe, and the Americas.

<http://www.viacampesina.org>

Seule l'agroécologie peut répondre aux crises alimentaires, climatiques, environnementales et énergétiques qui menacent notre survie. Il n'y a pas d'agroécologie sans semences locales reproductibles sélectionnées et conservées collectivement par les paysans dans leurs champs.

Les semences paysannes sont le patrimoine des communautés paysannes au service de l'humanité.

Les semences qui sont dans les banques du système multilatéral ont été collectées gratuitement dans nos champs, nous n'avons rien à donner en échange pour y avoir gratuitement et librement accès.

Nous ne pouvons pas contribuer au renouvellement de la biodiversité cultivée si nos droits de ressemer, d'échanger et de protéger nos semences sont criminalisés. Ces droits doivent être appliqués dans les lois nationales de chacun des pays qui ont signé le Traité.

L'industrie a contracté une immense dette envers les paysans en prenant leurs semences gratuitement et sans leur consentement.

Nous ne voulons pas du partage des avantages du brevet parce que nous ne voulons pas de brevet. Il convient de trouver d'autres mécanismes contraignants, efficaces et équitables de financement du fonctionnement du Traité et de la conservation et du renouvellement des semences locales dans les fermes. La moitié des sommes consacrées à la conservation *ex situ* doit aller au financement des organisations paysannes qui gèrent les banques locales de semences gérées par les paysans et les communautés



LA COMMISSION DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES FORESTIÈRES (CRGF) A 20 ANS !

François Lefèvre (président), **Eric Collin** (secrétaire).

Suite à la première conférence ministérielle pour la protection des forêts en Europe (Strasbourg, 1990), les Etats européens se sont engagés à mettre en place une politique de conservation des ressources génétiques forestières (résolution S2). Le ministère de l'agriculture, chargé de la forêt, a mis en place dès 1991 une Commission des ressources génétiques forestières (CRGF) qui rassemble pouvoirs publics (ministères en charge de l'agriculture et de l'environnement), recherche, gestionnaires publics et privés, conservatoires botaniques, ONG.

La politique nationale de conservation des RGF s'appuie sur : (a) la gestion de réseaux spécifiques de conservation *in situ* ou *ex situ* d'espèces ciblées, grandes essences sociales feuillues et résineuses mais aussi espèces disséminées, rares ou menacées, (b) la diffusion de recommandations pour la prise en compte de la dimension génétique dans la gestion courante ou dans une gestion adaptative des forêts (par exemple face au changement climatique), (c) la prise en compte des RGF dans des espaces protégés. Les volets (b) et (c), plus récents, s'appuient sur la production de discours, documents ou chartes, co-construits par l'ensemble des partenaires de la CRGF dans toute leur diversité. Désormais en lien avec la Stratégie Nationale pour la Biodiversité et le Plan National d'Adaptation au Changement Climatique, la politique nationale sur les RGF s'harmonise avec celle de plus de 30 pays européens grâce au programme EUFORGEN.

<http://agriculture.gouv.fr/conservation-des-ressources>
<http://www.euforgen.org/>



EUFORGIS: UN NOUVEL OUTIL POUR LA CONSERVATION DYNAMIQUE DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES FORESTIÈRES EN EUROPE

Jarkko Koskela¹, François Lefèvre², Silvio Schüller³, Hojka Kraigher⁴, Ditte C. Olrik⁵, Jason Hubert⁶, Roman Longauer⁷, Michele Bozzano¹

¹ Bioersivity International, Via dei Tre Denari 472/a, 00057 Maccarese (Rome), Italy

MARDI 20 SEPTEMBRE 2011

² INRA – Ecologie des Forêts Méditerranéennes, Domaine St Paul, Site Agroparc, 84914 Avignon, France

³ Federal Research and Training Centre for Forests, Natural Hazards and Landscapes, Seckendorff Gudent Weg 8, 1131 Vienna, Austria

⁴ Slovenian Forestry Institute, Vecna pot 2, 1000 Ljubljana, Slovenia

⁵ Danish Forest and Nature Agency, Gillelejevej 2B, 3230 Græsted, Denmark

⁶ Forest Research, Northern Research Station, Roslin, EH25 9SY Midlothian, United Kingdom

⁷ National Forest Centre, T.G. Masaryka 24, 960 92 Zvolen, Slovakia

Résumé

Le système d'information européen sur les ressources génétiques forestières (EUFGIS) fournit des informations géo-référencées sur les unités de conservation dynamique des ressources génétiques forestières sur le continent. Il fut créé dans le cadre d'un projet co-financé par la Commission Européenne et coordonné par Bioversity International, en collaboration étroite avec les pays membres du programme EUFORGEN.

En amont du portail web, les critères d'éligibilité et les descripteurs standards des unités de conservation ont été établis, un réseau de correspondants nationaux a été mis en place. Les critères d'éligibilité se réfèrent au maintien des processus évolutifs afin de préserver la capacité évolutive de chaque population. Chaque unité doit avoir un statut reconnu pour la conservation des ressources génétiques au plan national. Un critère de taille minimale de population est spécifié selon trois objectifs possibles de conservation. Une ou plusieurs espèces cibles peuvent être considérées dans une unité. Selon les besoins, une sylviculture peut favoriser les processus évolutifs.

En Juin 2011, le portail EUFGIS contient 1967 unités renfermant 106 espèces d'arbres, dans 31 pays. Ces unités représentent 2774 populations. Onze espèces sont conservées dans plus de 50 unités (jusqu'à 370), 45 espèces ont moins de 10 unités. Dix-huit pays n'ont qu'une espèce cible par unités, les autres ont deux ou plusieurs cibles pour chaque site.

Le portail EUFGIS est accessible à <http://portal.eufgis.org>

DOMESTICATION OF THE CLOWN LOACH *CHROMOBOTIA MACRACANTHUS* BLEEKER, 1852 (CYPRINIFORMES, COBITIDAE): WHERE AQUACULTURE MEETS CONCERNS OVER BIODIVERSITY

Slembrouck J.^{1,2}, E. Baras², A. Priyadi³, M. R. Fahmi³, Sudarto³, L. Pouyaud^{1,2}, S. Subandiyah³, D. Satyani³ and M. Legendre².

¹ IRD (Institut de Recherche pour le Développement), UMR 226, ISE-M, jl. Perikanan n°13, Depok 41152, Indonesia.

² IRD/GAMET (Groupe aquaculture continentale méditerranéenne et tropicale), UMR 226, ISE-M, BP 5095, 34196 Montpellier cedex 5, France.

³ LRBIHAT (Loka Riset Budidaya Ikan Hias Air Tawar), jl. Perikanan n°13, Depok 41152, Indonesia.

Abstract

The clown loach, a cobitid endemic to Indonesia (Sumatra and Borneo Islands), is one of the leaders in the export market of aquatic organisms, with 20-50 million fish, exclusively coming from capture-based fisheries, exported worldwide annually. In order to satisfy the demand of the international ornamental fish market, and provide a sustainable alternative to the presumably over-intensive fishing pressure on wild stocks, collaborative research has been undertaken by French and Indonesian teams, with the objective of developing a full package of reliable methods and techniques for the artificial propagation of clown loach.

Since 2004, methods for raising and maturing broodfish in captivity, criteria for the univocal identification of sexually mature fish and hormonal treatment protocols have been developed and validated. These advances resulted in gametes of good quality, leading to high hatching rates and low proportions of deformed larvae, provided that egg agitation and water temperature were tuned adequately. Studies of fish bioenergetics, effects of stocking density, water quality and temperature, and their variations during the ontogeny have improved growth and conversion efficiency, enabling nowadays the production of hundreds of thousands fish, with high survival rates (>85% in larvae). Furthermore, pending that the right environmental cues are mimicked properly in the rearing facilities, eggs and larvae can be produced successfully all year round.

////////////////////////////////////

**ENTRE CHIEN ET LOUP...
RELATIONS GÉNÉTIQUES ET HYBRIDATIONS ENTRE POPULATIONS SAUVAGES ET DOMESTIQUES**

Leroy G.¹, Meriaux J.C.², Rognon X.¹

¹ AgroParisTech, INRA, UMR GABI, 16 rue Claude Bernard, F-75231 Paris 05

² Labogéna, 78350 Jouy-en-Josas

L'existence de flux de gènes potentiels entre populations domestiques et sauvages interfécondes constitue une problématique d'importance pour la gestion des ressources génétique. En ce qui concerne les canidés, la cohabitation de chiens errants et de meutes de loups sur les mêmes territoires sous-tend des risques de flux de gènes du domestique vers le sauvage. De la même manière, l'existence de races de phénotype similaire au loup pourrait faciliter des introgressions du sauvage vers le domestique.

En utilisant des données de génotypage sur 21 marqueurs microsatellites, nous étudions les relations génétiques et les flux de gènes entre des populations de loups d'origines diverses et plusieurs races canines dont certaines sont issues de croisement entre le loup et le Berger allemand (Chien-loups tchécoslovaque et de Saarloos). Plus particulièrement, nous nous intéressons à la possibilité d'identifier les origines d'individus d'ascendance indéterminée et d'hybrides générés à partir de simulations.

////////////////////////////////////

LE CENTRE INTERNATIONAL DE RESSOURCES MICROBIENNES (CIRM) : UN CENTRE DE RESSOURCES BIOLOGIQUES MULTISITES PORTE PAR L'INRA POUR LA CONSERVATION ET L'ANALYSE DE LA BIODIVERSITE MICROBIENNE

- **CIRM-Levures** (UMR 1319 – Microbiologie de l'alimentation au service de la santé humaine, AgroParisTech, 78850 Thiverval-Grignon) : *Noémie Jacques, Christelle Louis-Mondésir, Stéphane Tribouillet, Serge Casaregola.*
- **CIRM-Champignons Filamenteux** (UMR1163 – Biotechnologie des Champignons Filamenteux, Faculté des Sciences de Luminy – ESIL, 13288 MARSEILLE) : *Michel Delattre, Mireille Haon, Barbara Le Boursicaud, Laurence Lesage-Meessen, David Navarro, Chantal Parodi, Sabine Taussac, Anne Favel.*
- **CIRM-Bactéries Associées aux Plantes** (CFBP – UMR PaVé, Centre de recherche Angers-Nantes, 42 rue Georges Morel, 49070 Beaucouzé) : *Perrine Portier, Martial Briand, Alain Huard, Marion Fischer-Le Saux.*
- **CIRM-Bactéries Pathogènes** (UR 1282 – Infectiologie Animale et Santé Publique, centre de recherche INRA, 37380 Nouzilly) : *Cindy Slugocki, Annick Couty, Véronique Legrand, Isabelle Jacques, Emmanuelle Helloin.*
- **CIRM-Bactéries d'intérêt alimentaire** (UMR 1253 – Science et Technologie du Lait et de l'Œuf, rue de Saint Briec, 35000 Rennes) : *Sylvie Lortal, Victoria Chuat, Sandrine Parayre, Marie-Noëlle Madec, Florence Valence-Bertel.*

Afin d'ouvrir à l'ensemble de la communauté internationale les collections de micro-organismes de l'INRA, le département MICA a initié en 2004 la création d'un Centre de Ressource Biologique thématique fonctionnant en réseau : le CIRM. Dédié à la préservation et à l'exploration de la biodiversité microbienne (bactéries, levures, champignons), le cœur de métier du CIRM se partage entre l'acquisition (collecte ou rapatriement de collections), l'authentification, la caractérisation, la préservation et la distribution des micro-organismes...

Le CIRM, se positionne géographiquement sur cinq sites INRA distincts : Marseille (Champignons filamenteux), Nouzilly (Bactéries pathogènes animales et humaines), Grignon (Levures), Rennes (Bactéries d'intérêt alimentaire) et depuis cette année, Angers (Bactéries associées aux plantes avec la collection de bactéries phytopathogènes : CFBP). L'intégration de cette dernière collection dans le CIRM permet d'élargir l'offre des souches disponibles. Ces sites, tous certifiés ISO 9001, partagent les objectifs suivants i) préserver à long terme avec des standards élevés de qualité les souches et données associées, afin de fournir un matériel biologique sur et constant à ses partenaires, ii) offrir une plate-forme d'exploration de la biodiversité pour des travaux de recherche et de nouvelles utilisations des souches à des fins d'innovation, iii) développer de nouveaux outils d'identification, de typage et de caractérisation, et iv) effectuer des prestations de service.

Depuis février 2009, le CIRM-INRA et l'Institut Pasteur coordonnent le projet européen EMbaRC (10 partenaires, 7 pays). Ses objectifs sont d'offrir un accès transnational aux installations partenaires, d'améliorer les systèmes de conservation et d'identification des microorganismes, d'harmoniser les pratiques qualité, de favoriser leur durabilité.



Pierre Rivière, UMR de Génétique Végétale, Équipe Diversité Évolution et Adaptation des Populations, INRA UPS
AgroParisTech CNRS Ferme du Moulon 91190 Gif-sur-Yvette, France

RÉPONSE À LA SÉLECTION MASSALE PAYSANNE DANS DES DESCENDANCES ISSUES DE CROISEMENTS DE VARIÉTÉS DE PAYS CHEZ LE BLÉ TENDRE

pierre.riviere@moulon.inra.fr
<http://moulon.inra.fr/index.php/fr/equipes/deap>

Résumé:

Ce programme de sélection participative entre le Réseau Semences Paysannes (RSP) et l'INRA du Moulon a pour but de créer de nouvelles variétés adaptées à l'agriculture biologique et qui conservent la diversité cultivée. 90 croisements ont été réalisés entre différentes populations de blé tendre en 2005 et un paysan a réalisé une sélection dans la descendance. Quel est l'impact de cette sélection?

La réponse à la sélection est positive sur des caractères d'intérêt comme le poids de mille grains. La sélection est stabilisante pour certains caractères comme la précocité. Bien que la variance intra population diminue souvent après sélection, elle reste suffisante.

Le paysan a la faculté de sélectionner pour des caractères d'intérêt dans des générations précoces tout en conservant le potentiel adaptatif des populations. Les F3 ont été distribuées dans un réseau de fermes pour être évaluées dans différents environnements.



RESSOURCES GÉNÉTIQUES FRUITIÈRES ET DYNAMIQUE DE CONSERVATION

Evelyne Leterme, Conservatoire Végétal Régional d'Aquitaine

Engagement global : préservation des ressources génétiques (16 espèces, 2000 accessions), valorisations agronomiques, génétiques, ethnobotaniques, sociales.

Aire géographique : région Aquitaine et marginalement Midi-Pyrénées, Limousin et Poitou-Charente
Domaine en vallée de Garonne, 19 sites annexes.

Volet social : association de soutien 800 adhérents

Financements : publics, privés et autofinancement (plus de 70%).

Missions essentielles

Evaluation du matériel, expérimentations orientées vers le développement durable : techniques agronomiques nouvelles, variétés performantes, création variétale (thème N°2).

Missions de confortation

Formations, conférences, publications (LES FRUITS RETROUVES, patrimoine de demain, E. LETERME – J.M. LESPINASSE)
Diffusion du matériel génétique / plantations professionnelles, amateurs, publiques et privées
Aménagement du territoire



RESSOURCES GÉNÉTIQUES FRUITIÈRES ET VERGER DURABLE : AGROFORESTERIE ET CRÉATION VARIÉTALE

Evelyne Leterme, Conservatoire Végétal Régional d'Aquitaine

Arbres fruitiers, historiquement associés aux cultures pérennes ou annuelles : haies, vignes, jouales, champs, prairies
Assimilables aux techniques modernes d'agroforesterie

Réutilisation des associations avec arbres fruitiers traditionnels : haies à haute densité et couverture du sol de type forestier par BRF = nouvelles techniques performantes
 / interactions racinaires et biodiversité entomologique, biomasse microbienne du sol et activités enzymatiques, polyphénols des fruits
 / aspect paysager + production de fruits de qualité + quasi absence de parasitisme en zone fortement contaminée + réduction des intrants et de l'eau.
 Présentation : résultats d'analyses, photos



ETUDE DE LA CONSANGUINITÉ ET DES ANCÊTRES MAJEURS CHEZ HUIT RACES DE CHEVAUX DE TRAIT

Margot Sabbagh et Sophie Danvy, IFCE (Institut Français du Cheval et de l'Équitation)

Aujourd'hui, la gestion des stud-book est laissée aux associations de races. Contrairement aux races de chevaux de sport, les races de trait doivent gérer de petits effectifs. Le faible nombre d'individus (entre 80 et 4 800 naissances par an) pose des problèmes d'un point de vue de la gestion de la diversité génétique. Afin d'aider les associations dans cette gestion, un travail de l'Institut Français du Cheval et de l'Équitation (IFCE) a permis d'étudier la consanguinité et les origines de huit races de chevaux de trait : Trait Auxois, Trait Ardennais, Trait Breton, Trait Comtois, Trait Du Nord, Cob Normand, Percheron et Boulonnais. Ce travail est parti des généalogies connues ainsi que des ancêtres majeurs : chevaux responsables d'une proportion élevée de gènes dans la population actuelle.

Les stud-book de ces différentes races n'ont pas été gérés de façon identique et la connaissance de la profondeur des générations varie d'une race à l'autre (entre 4 et 9 générations renseignées à plus de 50% suivant la race). Les résultats obtenus dans chacune des races ne sont donc pas comparables.

Dans le même temps, la composition en ancêtres majeurs a été effectuée pour les individus nés depuis 2004 chez toutes les races étudiées. Cela a permis de caractériser de façon précise les reproducteurs pour que les Éleveurs puissent raisonner le mieux possible leurs accouplements. De plus, il a été porté une attention particulière aux futurs reproducteurs mâles.

L'étude n'a pas effectué de comparaison entre les races mais a permis de fournir un État des lieux précis aux Éleveurs.

Les associations ont ainsi, en leur possession, des outils leur permettant de réfléchir lors des sessions d'agrément et de choisir des reproducteurs qui permettront de conserver la diversité génétique de chaque race de la façon la plus appropriée.



MODÉLISATION DE LA NICHE ÉCOLOGIQUE DES ESPÈCES VÉGÉTALES : INTÉRÊT POUR LA PROSPECTION ET LA GESTION DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES

Jean-Paul SAMPOUX, INRA, Centre Poitou-Charentes, UR P3F, Le Chêne, RD 150, BP80006, 86600 Lusignan

Résumé

La modélisation statistique de la niche écologique d'une espèce consiste à construire une fonction de paramètres environnementaux qui prédit la probabilité de présence de l'espèce à partir d'un jeu de données de calibration comprenant des données de présence/absence ou d'abondance de l'espèce et des valeurs de paramètres environnementaux aux sites d'observation. A partir de l'exemple d'une collection d'espèces de fétuques à feuilles fines, nous montrons que les données de référencement spatial et les données environnementales rassemblées à l'occasion des campagnes de prospection de ressources génétiques peuvent constituer une information pertinente pour modéliser la niche écologique des espèces. A l'aide d'analyses multivariées à deux tableaux et de modèles linéaires généralisés, nous avons étudié la distribution environnementale des espèces de fétuques à feuilles fines et modélisé leurs niches écologiques en utilisant des données de présence/absence. Nous avons produit, à l'aide d'un logiciel SIG, des représentations spatiales des patrons de distribution environnementale prédits par les modèles. Ces représentations spatiales devraient permettre de mieux piloter de nouvelles campagnes de prospection de diversité spontanée. De plus,

MARDI 20 SEPTEMBRE 2011

la prise en compte de la position des sites de collecte d'une espèce sur les gradients environnementaux conditionnant sa présence devrait permettre d'optimiser le choix de core-collections de diversité spontanée, en identifiant les populations dont le maintien *in situ* est le plus menacé par les changements environnementaux et en échantillonnant de façon plus exhaustive la diversité adaptative intra-spécifique.

////////////////////////////////////
DIVERSITÉ ET BIOLOGIE INTÉGRATIVE : DES PISTES À EXPLORER POUR COMBLER LE GAP ENTRE DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE ET DIVERSITÉ PHÉNOTYPIQUE

Magali SAN CRISTOBAL

INRA, UMR444 Laboratoire de génétique cellulaire
BP52627, F-31326 Castanet Tolosan
Tél (+33)5 61 28 51 22 / Fax (+33)5 61 28 53 08

Les avancées des biotechnologies permettent des mesures fines et à haut débit de phénotypes au niveau cellulaire : transcriptome, protéome, métabolome... Leur étude conjointe sous l'angle de la diversité pourra améliorer notre connaissance sur les conséquences des divers mécanismes évolutifs sur le système complexe qu'est un organisme, ou un ensemble d'organismes. Comment se façonnent les diversités génétiques et phénotypiques en réponse notamment à la pression de sélection exercée par l'homme ? Comment les fonctions biologiques dans leur ensemble évoluent-elles ? Tel est le type de questions auxquelles nous pouvons commencer à répondre.

////////////////////////////////////
L'INSCRIPTION TERRITORIALE DE LA GESTION DES RACES ANIMALES : UNE RECHERCHE PLURIDISCIPLINAIRE

Patrick Steyaert¹, François Casabianca², Philippe Baret³, Hélène Brives⁴, Nathalie Couix⁵, Jean-François Dumasy³, Claire Gaillard⁶, Marie Gérard⁸, Julie Labatut⁵, Anne Lauvie², Catherine Mougnot⁸, Sylvie Mugnier⁶, Pierre Stassart⁸, Etienne Verrier⁷

¹ INRA, UR Sciences en Société, 5 boulevard Bois de l'Etang, F-77454 Marne-la-Vallée 2

² INRA, LRDE, Quartier Grossetti, F-20250 Corte

³ Université Catholique de Louvain, ELIA, Croix du Sud, 2, B-Louvain-la-Neuve

⁴ AgroParisTech, UFR de Sociologie, 16 rue Claude Bernard, F-75231 Paris 05

⁵ INRA, UMR AGIR, Chemin de Borde-Rouge, F-31326 Auzeville

⁶ AgroSup Dijon, équipe ESE URANIE, 26 Bd. Docteur Petitjean, F-21079 Dijon

⁷ AgroParisTech, INRA, UMR GABI, 16 rue Claude Bernard, F-75231 Paris 05

⁸ Université de Liège, Dépt. Sciences et Gestion de l'Environnement, av. de Longwy, 185, B-6700 Arlon

Introduction

Dans le cadre d'un projet ANR relatif aux Organismes et Organisations Localement Adaptées (O2LA), une recherche pluridisciplinaire (génétique, zootechnie, sociologie, sciences de gestion) vise à comprendre et accompagner les transformations qui sont à l'œuvre dans des dispositifs de gestion et de sélection de races animales locales montrant un fort ancrage territorial. Ces dispositifs impliquent la mise en œuvre de pratiques collectives, articulées avec les pratiques individuelles, permettant de gérer des interdépendances techniques, biologiques et sociales. Ils interrogent les races dans leur inscription territoriale, aussi bien que les organisations et leur caractère localement adapté. La recherche s'articule autour de 5 tâches et repose sur l'analyse de dispositifs d'action collective dans 8 cas d'étude.

Questions scientifiques et tâches au sein du projet

Les 5 tâches sont : (1) Analyser, d'une part, la reconfiguration des réseaux d'acteurs et des régimes de coopération au sein des dispositifs raciaux et, d'autre part, l'évolution des critères, épreuves et instruments de sélection sur lesquels ces acteurs prennent appui, (2) Analyser comment l'inscription territoriale de la gestion de ressources animales participe à la redéfinition des identités professionnelles et des identités collectives, (3) Identifier quelles démarches de valorisation garantissent ou non la viabilité économique des élevages de races locales et comment cela influe sur

les modalités de gestion de la diversité génétique, (4) Comprendre comment l'objet « race » et la manière dont il est construit dans l'action contribue aux apprentissages entre acteurs et à la transformation de leurs pratiques et (5) Construire l'objet « race locale » comme objet de médiation entre les théories sur la gestion de la diversité biologique mobilisées par la génétique et celles qui relèvent d'une sociologie compréhensive.

Cas d'étude

Les questions et tâches ci-dessus sont traitées au travers de l'analyse de 8 cas d'étude représentant une gamme diversifiée d'espèces, de territoires et d'insertion dans des filières. Le travail repose principalement sur des enquêtes auprès d'éleveurs, d'entretiens avec les acteurs de la gestion des races et/ou des filières de production et d'observations participantes de réunions. Selon les cas et les questions, ces approches sont complétées par des analyses génétiques. Les cas d'étude et leur contribution aux quatre premières tâches sont présentés dans le tableau ci-dessous. La tâche 5 constitue une synthèse des précédentes et concerne donc l'ensemble des cas d'étude.

Cas d'étude	Tâches			
	1	2	3	4
Race bovine Bretonne Pie Noire		x	x	
Race bovine Corse et filière « Bio »			x	x
Race bovine Maraîchine		x		x
Extension des races bovines Montbéliarde et Simmental	x	x	x	
Race ovine Roux Ardennais	x		x	
Race ovine Manech Tête Noire	x	x		x
Race ovine Corse	x	x		
Race porcine Nustrale (Corse)				x

Tâche 4 du projet O2LA (Organismes et organisations localement adaptés) financé par l'ANR SYSTERRA

////////////////////////////////////
LA GESTION DYNAMIQUE À LA FERME DE L'AGROBIODIVERSITÉ : IMPACT DES PRATIQUES HUMAINES SUR LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DE POPULATIONS DE BLÉ TENDRE

Auteurs : Mathieu THOMAS, Elise DEMEULENAERE, Abdul Rehman KHAN, Nathalie GALIC, Sophie JOUANNE-PIN, Carine REMOUE, Christophe BONNEUIL and Isabelle GOLDRINGER

INRA Moulon
 Centre Koyré - CNRS

Résumé : Le concept de métapopulation a été développé pour analyser les mécanismes de l'évolution qui agissent sur des populations naturelles qui ne sont pas à l'équilibre. Lorsque l'on souhaite décrire le comportement évolutif d'espèces cultivées par l'homme au sein de leur agro-écosystème avec ce même concept, il est nécessaire de caractériser finement ce système à la fois au niveau génétique et social.

En développant une approche interdisciplinaire combinant éthno-botanique et génétique des populations, nous avons pour la première fois mené une étude à l'échelle d'une seule variété où la diversité génétique des sous-populations, les échanges de semences au sein d'un réseau d'acteurs et les pratiques culturelles ont été caractérisées pour identifier les facteurs principaux qui maintiennent et qui façonnent la diversité génétique à l'échelle de la métapopulation. Deux méthodes issues de la théorie des réseaux ont été utilisées pour analyser la structure des populations et les flux de gènes parmi 19 sous-populations d'une variété-population de blé tendre (*Triticum aestivum*) maintenues dans ce système. Nous avons montré que la structure génétique contrastée des sous-populations étudiées s'explique davantage par la combinaison entre les effets fondateurs associés aux échanges de semences et les pressions exercées par les pratiques humaines telles que la sélection et la dérive génétique que par la seule action de la sélection naturelle. De plus, nous avons montré qu'en intégrant les informations génétiques et contextuelles, il est possible de bien comprendre l'histoire d'une métapopulation et ainsi aborder de façon pertinente des questions de biologie de la conservation pour des espèces cultivées.

MARDI 20 SEPTEMBRE 2011

MERCREDI 21 SEPTEMBRE 2011

SESSION 2

NOUVELLES APPROCHES ET NOUVEAUX OUTILS POUR L'ÉTUDE ET LA GESTION DES RG

Introduction : Philippe Baret, Earth and Life Institute (ELI), Université de Louvain
philippe.baret@uclouvain.be

Les recherches en biodiversité ont longtemps été conçues comme une réponse à une crise spécifique : l'extinction à un rythme jamais connu de nombreuses espèces sauvages et domestiques. Avec l'émergence de concepts comme les services éco-systémiques et la prise de conscience de la connectivité entre les différentes crises qui marquent notre début de XX^{ème} siècle, les attentes vis-à-vis des chercheurs en biodiversité se sont élargies. Il ne s'agit plus seulement de s'intéresser au devenir d'une espèce ou d'un groupe d'espèces mais aussi de mieux comprendre le rôle de la biodiversité dans la définition de nouvelles trajectoires de développement. L'agriculture actuelle se transformera pour être moins consommatrice en ressources tout en apportant une réponse pertinente aux défis du changement climatique et de l'alimentation mondiale. Des paradigmes alternatifs comme l'agroécologie s'appuient de manière explicite sur les apports de la biodiversité. L'objectif est donc d'accentuer les approches intégratives (multi-espèces, multi-échelles) et l'articulation avec les sciences sociales.



Isabelle GOLDRINGER (INRA)

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

ÉVALUATION DU MAINTIEN DE LA BIODIVERSITÉ PAR GESTION DYNAMIQUE À LA FERME : DÉVELOPPEMENT D'UN INDICATEUR INTÉGRANT LA DIVERSITÉ DE LA PARCELLE AU PAYSAGE (EXEMPLE DU BLÉ)

I. Goldringer¹, E. Porcher², E. Demeulenaere³, C. Bonneuil³, F. Hospital⁴

¹ INRA, UMR0320 de Génétique Végétale, INRA

² UMR 5173 Conservation des espèces, Restauration et suivi des populations, Muséum National d'Histoire Naturelle

³ CNRS, Centre Koyré d'Histoire des Sciences et des Techniques, IFRIS

⁴ INRA, UMR 1313 Génétique Animale et Biologie Intégrative

L'objectif de ce projet était d'évaluer la diversité cultivée à une échelle allant de la parcelle au paysage agricole en s'appuyant sur l'exemple du Blé. Nous souhaitons ainsi pouvoir quantifier l'érosion de la diversité génétique au cours du siècle dernier (actuellement controversée), étape nécessaire pour proposer des modalités de gestion appropriées, et évaluer la contribution de la gestion à la ferme pour : conserver la diversité cultivée, maintenir le potentiel de l'espèce à répondre aux changements environnementaux, préserver la biodiversité sauvage associée aux cultures. Pour cela, nous avons conduit les trois volets de recherche suivants :

1) Évaluer comment un mode de gestion à la ferme, connecté aux banques de graines, contribue à la diversité cultivée

L'objectif était de préciser les conséquences de la gestion dynamique de populations/variétés de blé sur l'adaptation locale des populations, la conservation de la diversité génétique et sa complémentarité avec les banques de graines. Ce travail a été conduit dans le cadre de la thèse de M. Thomas (co-dir. I. Goldringer & C. Bonneuil). Le concept de métapopulation permet de comprendre et de caractériser le fonctionnement des populations végétales sauvages, et il a récemment été proposé pour décrire le comportement des variétés-populations cultivées dans les systèmes agricoles traditionnels. Nous avons tenté d'évaluer la validité de ce concept pour décrire un ensemble de populations de la variété de Blé de pays, Rouge de Bordeaux, dans le contexte agricole industriel français. Pour ce faire, nous avons caractérisé le système au niveau social et génétique, à travers les pratiques des agriculteurs, les échanges de semences et la diversité génétique entre et intra-populations dans le temps et dans l'espace. En génétique, nous avons combiné deux méthodes basées sur la théorie des graphes (« population graph » et réseau d'haplotypes partagés) pour analyser la structure et les flux génétiques entre les 19 sous-populations étudiées. Nous montrons que (i) la structure de la diversité génétique de ces sous-populations s'explique principalement par l'effet « fondateur » lors de la diffusion des semences plutôt que par l'effet de la dérive et de la sélection, (ii) la diversité maintenue à la ferme est complémentaire de celle conservée dans les banques de graines, (iii) la diversité toujours conservée à la ferme est très importante et de nature composite (multitude d'haplotypes regroupés autour d'haplotypes principaux, Fig. 1), (iv) les données génétiques enrichissent les informations issues des enquêtes sur la circulation des semences pour permettre de reconstituer l'histoire de ces populations. En résumé, l'ensemble des variétés-populations Rouge de Bordeaux semble bien fonctionner selon un modèle de métapopulation.

2) Caractériser la relation entre la diversité génétique d'une espèce cultivée et la biodiversité sauvage des espèces compagnes des cultures à l'échelle de la parcelle

L'objectif était d'explorer la relation entre diversité génétique et phénotypique d'une culture de blé et biodiversité spécifique des espèces compagnes de cette culture. Ce travail a été conduit dans le cadre de la thèse de C. Chateil (dir. E. Porcher). Le dispositif expérimental mis en place en 2008 dans une ferme AB (95) nous a permis de comparer les communautés pour différents taxons animaux et végétaux, entre des parcelles semées d'une variété lignée pure et des parcelles semées d'un mélange hétérogène de variétés et populations. Des mesures sur les blés (morphologie de l'appareil aérien et phénologie) ont confirmé l'homogénéité phénotypique de la variété pure et l'hétérogénéité du mélange. Plusieurs taxons d'arthropodes (collembolés et araignées, sensibles à l'architecture de la végétation) ont montré une réponse positive à la diversité génétique et/ou phénotypique du blé, avec des communautés plus diverses (indices de diversité spécifique) dans le mélange que dans la variété pure (Fig. 2). Aucune réponse n'a pu être détectée pour les plantes, soit qu'elles ne soient pas sensibles à la diversité de l'espèce cultivée, soit que leur réponse ne soit pas détectable aux échelles temporelles et spatiales de l'expérience.

3) Développer un indicateur de la diversité cultivée à l'échelle du paysage pour une meilleure évaluation de l'érosion génétique en termes de diversité « réellement » cultivée

L'objectif était de développer un indicateur de la diversité cultivée à l'échelle paysagère, intégrant à la fois la diversité intra- et inter-variétale et la répartition des variétés dans l'espace. Ce projet a été poursuivi dans le cadre d'un financement de la FRB (R. Goffaux, I. Bonnin). L'indicateur composite ainsi construit intègre 3 types d'informations différentes: des données moléculaires sur les variétés (coll. F Balfourier), des données sur le nombre de variétés cultivées et sur leur répartition à l'échelle des départements français, un coefficient de diversité intra-variétale. Son application à des données rétrospectives (1878 à 2006), permet de suivre les évolutions de la diversité génétique des blés cultivés depuis un siècle. Une base de données a été implémentée (coll. P Montalent, UMR 0320 Génétique Végétale) qui permet la gestion des informations et l'automatisation du calcul d'un jeu d'indicateurs incluant l'indicateur développé. L'analyse de l'évolution de la diversité de Blé au cours du 20^{ème} siècle a permis d'identifier trois processus de diminution de la diversité : la réduction à l'intérieur des variétés avec le remplacement des « variétés populations » par des lignées génétiquement pures, surtout observé durant la période 1912-1964 ; une réduction de la diversité génétique entre les variétés cultivées qui tendent à être de plus en plus proches génétiquement dans le temps : ce phénomène est particulièrement vrai depuis le début des années 1980 ; une réduction de la diversité entre départements où l'on cultive de plus en plus les mêmes variétés : ce phénomène est particulièrement observé depuis le début des années 1990. Finalement, les résultats soulignent que notre indicateur composite rend compte de dynamiques complexes qui ne sont pas détectées par un indicateur classiquement utilisé, le nombre de variétés, puisque celui-ci augmente drastiquement pendant tout le 20^{ème} siècle.

Liste de publications :

L'ensemble de ces résultats a été valorisé par des communications en congrès (cf ex ci-dessous) et est en cours de publication sous forme d'articles (2 soumis, 2 en prép.).

- THOMAS M, Demeulenaere E, BONNEUIL C and I GOLDRINGER (2011) On-farm conservation in industrialized countries: a way to promote dynamic management of biodiversity within agro-ecosystems. Proceedings of the Madeira conference "Crop Wild Relatives & Landraces in Europe", Eds Maxted *et al.* CABI.
- Goldringer I, Hamon C, Montalent P, Demeulenaere E & C Bonneuil (2009) Mise en place d'un indicateur de la diversité cultivée à l'échelle du territoire: une approche croisant génétique et histoire. In : 3^{èmes} Journées francophones des Sciences de la Conservation de la Biodiversité « Le réveil du Dodo III », Montpellier 17-19 Mars 2009. (communication orale – résumé)
- Demeulenaere E, Bonneuil C, Balfourier F, Basson A, Berthelot JF, Chesneau V, Ferté H, Galic N, Kastler G, Koenig J, Mercier F, Payerment J, Pommart A, Ronot B, Rousselle Y, Supiot N, Zaharia H, Goldringer I (2009) Etude interdisciplinaire des complémentarités entre gestion dynamique à la ferme et gestion statique en collection de la diversité d'une espèce cultivée, le blé tendre. In : 3^{èmes} Journées francophones des Sciences de la Conservation de la Biodiversité « Le réveil du Dodo III », Montpellier 17-19 Mars 2009. (communication orale – résumé)
- Chateil C, Goldringer I, Ponge JF, Salmon S, Leviol I, Gachet S, Porcher E (2009) La diversité génétique des cultures favorise la diversité spécifique des arthropodes sauvages associés. In : 3^{èmes} Journées francophones des Sciences de la Conservation de la Biodiversité « Le réveil du Dodo III », Montpellier 17-19 Mars 2009. (communication orale – résumé)
- Thomas M, Dawson JC, Galic N, Khan AR, Hospital F, Goudet J, Neuenschwander S, Demeulenaere E, Bonneuil C & I Goldringer (2009) Gestion dynamique de la biodiversité au sein des agro-écosystèmes: impact des pratiques paysannes sur l'évolution de la diversité de populations de blé cultivées à la ferme. In : 3^{èmes} Journées francophones des Sciences de la Conservation de la Biodiversité « Le réveil du Dodo III », Montpellier 17-19 Mars 2009. (poster)
- Porcher E., Chateil C, Goldringer I, Ponge JF, Salmon S, Leviol I, Gachet S, (2010) Crop genetic diversity benefits farmland biodiversity in cultivated fields. In: EUCARPIA 2nd Conference of the "Organic and Low-Input Agriculture" Section "Breeding for resilience: a strategy for organic and low-input farming systems?", Paris, 1-3 Dec. 2010. (Comm. Orale – texte).
- Goffaux R, Goldringer I, Bonneuil C, Montalent P & Bonnin I (2011). 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 synthèses, 2011, 44 pages.

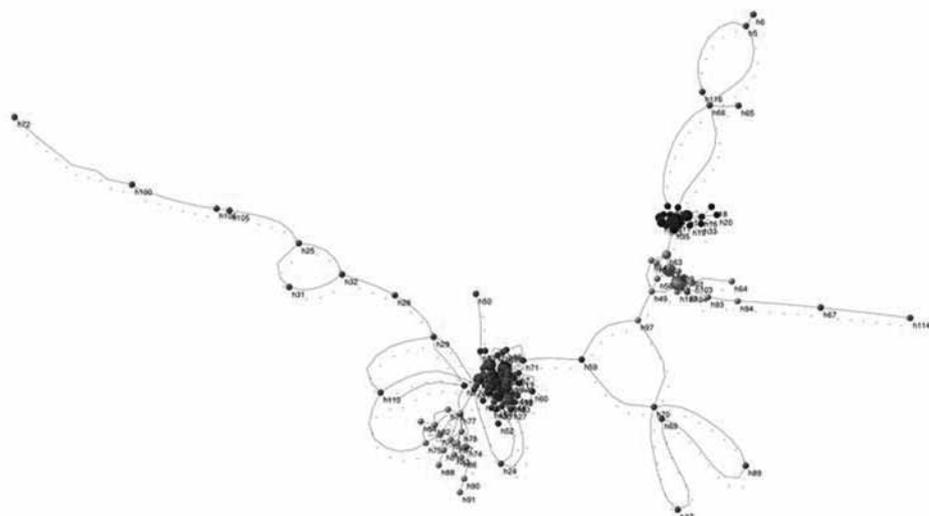
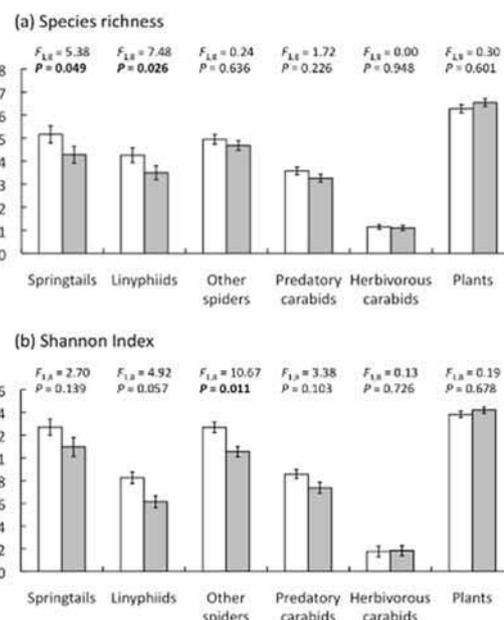


Figure 1 : Réseau « minimum spanning » des haplotypes (19 marqueurs microsatellites) basé sur 586 individus (119 différents haplotypes). Les couleurs vertes et bleues ont été attribuées aux haplotypes dits principaux, les haplotypes rouges apparaissent comme des « hors-types » ou haplotypes à la marge.

Figure 2 : Diversité spécifique observée dans les parcelles de blé génétiquement et phénotypiquement hétérogènes (blanc) et dans des parcelles d'une variété de Blé homogène génétiquement.



////////////////////////////////////
Coralie DANCHIN-BURGE (Institut de l'Élevage),

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

ANALYSE ET OPTIMISATION DE LA COMPLÉMENTARITÉ ENTRE LA CRYOBANQUE NATIONALE ET LES DISPOSITIFS DE GESTION *IN SITU* DES POPULATIONS ANIMALES

Coralie Danchin-Burge^{1,2,3}, Isabelle Palhière⁴, Grégoire Leroy^{1,2}, Sophie Moureaux³, Delphine Duclos^{3,5}, Frédéric Lantier⁶, Isabelle Lantier⁶, Guy Noë⁷, Xavier Rognon^{1,2}, Bernard Bibé⁴, Etienne Verrier^{1,2}

¹ AgroParisTech, UMR1313 Génétique animale et biologie intégrative, 16 rue Claude Bernard, 75231 Paris 05

² INRA, UMR1313 Génétique animale et biologie intégrative, 78350 Jouy-en-Josas

³ Institut de l'Élevage, Département GIPSIE, 149 rue de Bercy, 75595 Paris 12

⁴ INRA, URO631 Station d'amélioration génétique des animaux, Chemin de Borde-Rouge, 31326 Auzeville

⁵ Cryobanque Nationale, 149 rue de Bercy, 75595 Paris 12

⁶ INRA, UR1282 Infectiologie animale et santé publique, 37380 Nouzilly

⁷ Labogéna, 78350 Jouy-en-Josas

Introduction : objectifs du projet et analyses effectuées

La gestion des ressources génétiques animales repose majoritairement sur des actions *in situ*. Le recours à du matériel cryoconservé peut venir en appui des dispositifs *in situ* et la mise en cryobanque de matériel génétique constitue une assurance à long terme. Le projet visait ainsi à tester sur des situations concrètes l'intérêt des protocoles actuels de collecte pour la mise en cryobanque et l'efficacité de la réintroduction de matériels cryoconservés au sein de populations vivantes. En parallèle au projet, des analyses comparatives de la variabilité génétique disponible en cryobanque ont été effectuées. L'ensemble peut être résumé comme suit (les numéros renvoient aux différentes parties du texte) :

Type d'analyse	Situations considérées (cas d'espèce)	
	Populations sous sélection intense (bovins laitiers)	Populations en conservation (ovins allaitants)
Variabilité comparée : populations <i>in situ</i> vs. stocks en cryobanque	1.a	1.b
Comparaison des stocks de différentes cryobanques	2.a	-
Simulation rétrospective de stocks pour la cryobanque	2.b	-
Simulation de la réintroduction <i>in situ</i> de matériel cryoconservé	3.a	3.b

1. Comparaison de la variabilité de populations *in situ* et de stocks en cryobanque

1.a. Cas de races bovines laitières sélectionnées [3]

En janvier 2009, la Cryobanque nationale disposait de stocks de semence de 6 races bovines laitières (sur les 8 principales races françaises). L'analyse comparée de différents indicateurs de variabilité génétique établis à partir des généalogies (nombre d'ancêtres efficaces, parenté et consanguinité moyenne) montre que ces critères sont proches pour les mâles détenus en collection par rapport aux mâles dits actifs, à disposition des éleveurs. La collection semble donc être représentative de la variabilité génétique actuelle des races bovines laitières en sélection.

1.b. Cas de races ovines en conservation [1]

Dans le cas de 5 races à petits effectifs, la parenté moyenne des mâles détenus en cryobanque avec la population active (mâle et femelle) a été calculée. Pour deux races, la Solognote et la Charmoise, les béliers en collection sont en moyenne assez apparentés à la population active. Pour les trois restantes, à savoir Roussin, Romanov et Cotentin, les béliers cryoconservés sont très peu apparentés aux animaux actuels et représentent donc une intéressante source potentielle de gènes.

MERCREDI 21 SEPTEMBRE 2011

2. Bilan des stocks en cryobanque et regard critique sur les protocoles de collecte

2.a. Comparaison des stocks de trois cryobanques pour la race bovine Holstein [2]

Avec des stocks de semence fournis par 144 taureaux seulement, la collection Holstein de la cryobanque de la France est beaucoup plus petite que celle des Pays-Bas (3 735 taureaux) ou des USA (5 013 taureaux). Malgré ces différences, l'analyse de la variabilité génétique des collections à partir des généalogies montre un apparemment étroit entre les taureaux quel que soit le pays d'origine, en particulier pour les animaux nés à partir des années 1990. La collection américaine se distingue par la présence de taureaux nés avant les années 80, qui apparaissent comme peu apparentés aux populations actuelles.

2.b. Simulation rétrospective de stocks en cryobanque pour les races bovines laitières

L'étude a porté sur la simulation de collections qui auraient pu exister si la cryobanque avait démarré en même temps que les programmes de sélection et en appliquant les règles actuelles d'échantillonnage. L'analyse des index de valeur génétique des animaux de cette collection virtuelle montre qu'il serait nécessaire d'adapter le protocole existant d'entrée en cryobanque en fonction de la pression de sélection exercée sur les différents caractères. En effet, il apparaît inutile d'entrer en collection des animaux exceptionnels pour un caractère fortement sélectionné, comme la production laitière, les animaux exceptionnels à un instant t étant rapidement dépassés, tandis que pour certains caractères fonctionnels, des animaux exceptionnels le restent pendant de nombreuses générations.

3. Simulation de la réintroduction *in situ* de matériel cryoconservé

3.a. Races bovines laitières sélectionnées [4]

Les effets de l'emploi de matériel cryoconservé ont été simulés en fonction de deux objectifs : (i) une réorientation de la sélection ou (ii) la limitation de la perte de variabilité génétique. En ce qui concerne le premier cas, l'utilisation de la semence des taureaux de la cryobanque a des effets limités si elle n'intervient pas dans le cadre de changements drastiques des objectifs de sélection. En revanche, les résultats montrent que le recours à ce type de semence peut être recommandé pour réintroduire de la variabilité au sein de races locales, aux effectifs et à la pression de sélection moindres que dans les races (inter)nationales, comme ce fut concrètement le cas en race Abondance ces dernières années.

3.b. Populations ovines en conservation

L'étude a porté sur le cas de deux cheptels soumis à une forte dérive, avec un coefficient de consanguinité moyen « pedigrees » (F) aujourd'hui très élevé : le troupeau Mérinos de Rambouillet ($F > 50\%$) et un troupeau expérimental issu de la race Préalpes ($F = 67\%$). Pour ces deux cheptels, les actuelles races Mérinos d'Arles et Préalpes ont été respectivement considérées comme des réservoirs de gènes au sein desquels de la semence aurait pu être mise en cryobanque pour une éventuelle réintroduction ultérieure. Le polymorphisme à 22 (Mérinos) ou 54 (Préalpes) marqueurs microsatellites révèle que les deux cheptels consanguins sont génétiquement nettement différenciés de leurs réservoirs respectifs. La définition de stratégies de réintroduction et l'analyse de leurs effets demeure à entreprendre.

Conclusions

Les bilans des collections ont permis de mieux caractériser la variabilité génétique actuellement disponible au sein de la Cryobanque nationale et, notamment, de la situer par rapport aux populations maintenues *in situ*. La simulation rétrospective de collections a permis de proposer une modulation des actuels protocoles de collecte de matériel pour la cryobanque. La simulation de réintroduction de matériel cryoconservé a enfin permis de préciser les conditions de l'efficacité, sur le plan génétique, d'une telle réintroduction. L'ensemble de ces travaux souligne bien la nécessaire complémentarité entre la cryoconservation, d'une part, et le maintien *in situ* des populations animales, d'autre part.

Publications

- [1] Danchin-Burge C., Palhière I., François D., Bibé B., Leroy G., Verrier E. (2010) Pedigree analysis of seven small French sheep populations and implications for the management of rare breeds. *J. Anim. Sci.* 88, 505-516.
- [2] Danchin-Burge C., Hiemstra S.J., Blackburn H.D. (2011) *Ex situ* conservation of Holstein-Friesian cattle: comparing the Dutch, French and USA germplasm collections. *J. Dairy Sci.* (sous presse).
- [3] Danchin-Burge C., Leroy G., Brochard M., Moureaux S., Verrier E. (2011) Evolution of the genetic variability of 8 French dairy cattle breeds assessed by pedigree analysis. *J. Anim. Breed. Genet.* (soumis).
- [4] Leroy G., Danchin-Burge C., Verrier E. (2011) Impact of the use of cryobank samples in a selected cattle breed: a simulation study. *Genet. Sel. Evol.* (soumis).

////////////////////////////////////
Estelle MASSERET (Univ. Montpellier II),

>> Appel à projets FRB 2009

INVALEX NOUVELLE MÉTHODE POUR L'ÉTUDE DE LA DYNAMIQUE DE L'INVASION DU COMPLEXE ALEXANDRIUM TAMARENSE (DINOFLAGELLÉ) EN MÉDITERRANÉE.

Ce projet vise à élucider l'origine et la diversité des espèces nuisibles appartenant au complexe *Alexandrium tamarense* qui colonisent le pourtour méditerranéen en France et Afrique du Nord (Algérie et Tunisie). Il permettra de comprendre la dynamique et les processus de colonisation en Méditerranée de ce complexe d'espèces invasives. Pour cela nous allons développer une nouvelle méthode d'étude de la diversité sur cellule unique afin d'appréhender la véritable diversité d'*Alexandrium* en s'affranchissant des obligatoires cultures monoclonales et en utilisant des marqueurs microsatellites nouveaux.

////////////////////////////////////
Moussa SIE and Koichi FUTAKUCHI (Centre du Riz pour l'Afrique (AfricaRice) 01 B.P. 2031, Cotonou, Bénin)

NOUVELLES APPROCHES ET OUTILS POUR UNE GESTION DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES AU SUD : UNE EXPLOITATION DE LA DIVERSITÉ DU RIZ AFRICAIN (*ORYZA GLABERRIMA STEUD.*) DANS UN PROGRAMME D'AMÉLIORATION VARIÉTALE POUR LES PAYSANS AFRICAINS

Résumé : Il y a environ 3500 ans que le riz africain (*Oryza glaberrima Steud.*) a été domestiqué en Afrique de l'Ouest. Cette espèce possède un rendement faible et ses surfaces cultivées sont en nette regression comparativement à l'espèce asiatique (*O. sativa*). Néanmoins, *O. glaberrima* est encore cultivé dans quelques périmètres rizicoles d'Afrique de l'Ouest et du Centre à cause de sa résistance à de nombreuses contraintes inhérentes à la culture. Les croisements intraspécifiques ont été introduits par le Centre du Riz pour l'Afrique dans le cadre d'un programme d'amélioration variétale pour exploiter les multiples résistances d'*O. glaberrima*. Des préoccupations portant sur l'aptitude de rendement de l'espèce *O. glaberrima* en sélection intraspécifique déjà mentionnées dans de nombreuses études révèlent que le rendement de l'espèce africaine est inférieur à celui de l'espèce asiatique dans les conditions de croissance favorables mais pas dans des conditions environnementales défavorables. De plus, le nombre d'épillets avant l'égrenage des grains chez *O. glaberrima* n'est pas moins que celui obtenu avec *O. sativa*, suggérant que le rendement d'*O. glaberrima* peut être aussi élevé que celui d'*O. sativa*. Le faible rendement d'*O. glaberrima* mentionné dans les conditions environnementales favorables résulterait de l'égrenage provoqué par les conditions de culture ou une forte incidence de la verse, qui est un autre trait indésirable d'*O. glaberrima* peut apparaître. En considérant les caractéristiques associés au rendement, *O. glaberrima* semble produire une forte biomasse sèche et un indice foliaire élevé qu'*Oryza sativa* jusqu'à la maturité ; une faible activité photosynthétique par indice foliaire mais une forte teneur des feuilles en azote indique une utilisation efficiente de l'azote ; une forte production de biomasse sèche et un accroissement de l'indice foliaire ; une forte activité photosynthétique conduit à une augmentation de la concentration de l'azote de la solution en milieu de culture, particulièrement à faible concentration d'azote, une faible utilisation d'eau ; forte progression de la senescence de la feuille à maturité et un rapide remplissage des grains à la maturité qu'*O. sativa*.

Mots clés : Backcross, sélection interspécifique, *Oryza glaberrima Steud.*, *Oryza sativa* L., Afrique de l'Ouest et du Centre.

////////////////////////////////////
Philippe BERTIN (Univ. Strasbourg),

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

DES BACTERIES RESISTANTES A L'ARSENIC AUX ENZYMES METABOLIQUES : DIVERSITE FONCTIONNELLE D'UN ECOSYSTEME CONTAMINE PAR L'ARSENIC

P.N. Bertin¹, P. Bauda², A. Van Dorsselaer³

¹ Laboratoire GMGM, UMR7156 Université de Strasbourg/CNRS

MERCREDI 21 SEPTEMBRE 2011

² Laboratoire LIEBE, UMR7146, CNRS, Université Paul Verlaine, Metz

³ Laboratoire SMBO, UMR7178 Université de Strasbourg/CNRS

L'arsenic est un métalloïde présent dans l'environnement sous plusieurs états d'oxydation, dont la proportion est fonction de biotransformations microbiennes qui conditionnent sa mobilisation, sa biodisponibilité et sa toxicité. Les formes inorganiques sont très toxiques, car mutagènes, carcinogènes et tératogènes. Une contamination des eaux de distribution par les formes solubles est fréquemment rapportée en divers endroits du monde, y compris en France où une pollution des eaux de distribution a été détectée dans diverses régions, en particulier les Vosges et le Massif central. Du point de vue géochimique, l'arsenic est généralement associé au soufre, au fer et à divers autres métaux dans les minéraux sulfurés. Il est plus particulièrement présent dans les milieux hydrothermaux et dans les eaux de drainage des sites miniers.

L'étude des mécanismes de transformation des différentes formes de l'arsenic devrait contribuer à une meilleure compréhension du rôle des enzymes impliquées dans l'écologie des milieux fortement contaminés.

OBJECTIFS ET METHODES

L'objectif principal de ce projet était de caractériser une communauté microbienne susceptible de jouer un rôle dans le métabolisme de l'arsenic. Le site d'étude est la mine de Gabe-Gottes à Sainte-Marie aux Mines dans les Vosges qui, en raison d'un fond géochimique riche en arsenic, a fait l'objet d'une exploitation jusqu'au XXe siècle (Figure 1). La diversité des communautés microbiennes présentes dans les sédiments a été étudiée en combinant des approches microbiologiques et moléculaires, incluant la mise en œuvre des techniques les plus récentes de chimie analytique et de spectrométrie de masse. Ainsi, en plus des méthodes de culture pour isoler des organismes d'intérêt, un inventaire des protéines majoritairement exprimées par cette communauté a été dressé par une approche métaprotéomique. En parallèle, les gènes codant pour l'arsenite oxydase (*aoxB*) et pour une pompe d'extrusion (*arsB/acr3*) impliquées respectivement dans l'oxydation et la résistance à l'arsénite ont été recherchés. Cette étude a permis d'identifier les espèces cultivables et noncultivables qui par leur activité métabolique affectent les états d'oxydation de l'arsenic et donc sa biodisponibilité dans l'écosystème étudié.

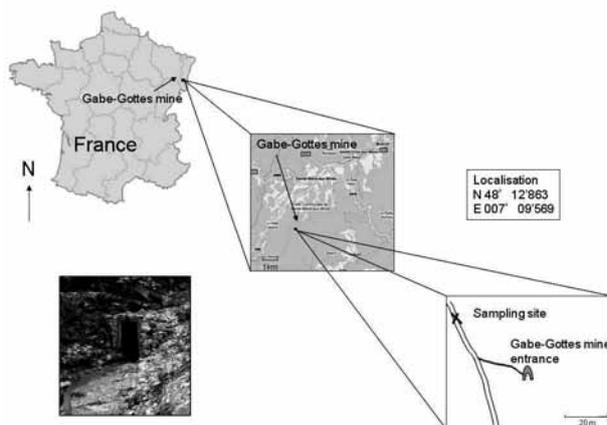


Figure 1 : Localisation des points de prélèvement. Un petit ruisseau dont les sédiments sont contaminés par de l'arsenic sort de l'entrée de la mine de Gabe-Gottes (en bas à gauche). Le prélèvement a été effectué en décembre 2007 quelques centaines de mètres en aval.

RESULTATS ET DISCUSSION

1. Caractéristiques du site d'étude

Une analyse physico-chimique des échantillons prélevés a été réalisée selon les normes AFNOR sur les sédiments, l'eau du cours d'eau et l'eau interstitielle. Les résultats révèlent une contamination par l'arsenic (320ppm), l'aluminium (15150 ppm), le cuivre (103 ppm) et le plomb (49 ppm). L'ancienne exploitation minière de Gabe-Gottes présente donc des concentrations en composés arséniés dix fois plus élevées que les concentrations moyennes du fond géochimique alsacien (10 à 50 ppm).

2. Composition de la communauté procaryote

Un inventaire détaillé des communautés procaryotes a été réalisé en amplifiant, à l'aide d'amorces universelles, les séquences codant pour les ARN 16S des bactéries et archées, après extraction de l'ADN de la communauté en utilisant le kit « PowerMax Soil DNA isolation ». Environ 200 espèces présentes sur le site ont été répertoriées (Figure 2). En

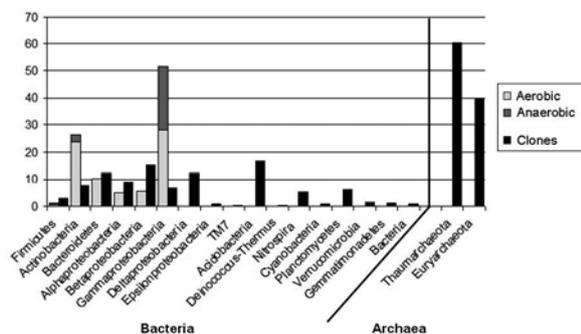


Figure 2 : Composition de la population procaryote totale (en pourcentage) basée sur l'analyse de fragments d'ADN 16S clonés (en noir), et des procaryotes isolés en condition aérobie (gris clair) ou anaérobie (gris foncé).

parallèle, un dénombrement des microorganismes cultivables a révélé la présence de 107 « unités formant colonies » (UFC) par gramme de sédiments, dont 104 avaient la capacité de croître en présence de 7 mM d'As(III). Par analyse de l'ADN 16S, 250 isolats ont été identifiés parmi ces souches résistantes (Figure 2). Ces deux approches ont donc révélé l'existence d'une large diversité procaryote dont une fraction est résistante à l'arsenic.

3. Diversité fonctionnelle de la communauté

La diversité des fonctions associées à cet écosystème arsénié a été explorée par une approche métabolomique, après optimisation d'un protocole d'extraction, de séparation par électrophorèse et d'identification des protéines par analyse des spectres MS/MS. Une cinquantaine de protéines ont été identifiées, impliquées pour la plupart dans le métabolisme général et la réponse au stress. Elles révèlent que la communauté est particulièrement adaptée à cet environnement riche en arsenic, notamment en exprimant des protéines permettant de tolérer le stress oxydatif engendré par la présence de métaux et métalloïdes. De plus, de nombreuses protéines de cyanobactéries impliquées dans la photosynthèse ont été identifiées suggérant que ces bactéries, bien que minoritaires (Figure 2), jouent un rôle important dans cet écosystème, notamment en produisant du carbone organique et de l'oxygène.

4. Caractérisation des gènes impliqués dans le métabolisme de l'arsenic

Les gènes codant pour l'arsénite oxydase ou la pompe d'extrusion ont été amplifiés à l'aide d'amorces dégénérées, puis la phylogénie de ces gènes a été analysée et comparée aux données trouvées dans les banques NCBI en utilisant ClustalW et/ou BLAST. 78 séquences distinctes ont été obtenues, y compris dans des genres bactériens appartenant aux Chlorobi/Bacteroidetes, Firmicutes et Actinobacteria pour lesquels aucune séquence *aoxB* n'avait été décrite auparavant. L'étude approfondie de la phylogénie de ces gènes a permis de mettre en évidence des séquences signatures de certains phyla, mais également de suggérer l'acquisition de certains de ces gènes par des mécanismes de transferts horizontaux. D'autres gènes fonctionnels impliqués dans le métabolisme de l'arsenic, en particulier ceux codant pour une pompe d'efflux, ont été recherchés par une approche similaire. Leur analyse phylogénétique est en cours.

CONCLUSIONS ET PERSPECTIVES

Ce travail a permis de caractériser la communauté des bactéries présentes sur le site de Sainte-Marie aux Mines, ainsi que certains aspects de leurs mécanismes adaptatifs et de leur rôle dans l'écosystème. Une grande diversité des gènes *aox* a également été mise en évidence, au-delà des phyla précédemment décrits. L'analyse physiologique des bactéries isolées du site sera poursuivie afin de déterminer leur implication dans le cycle biogéochimique de l'arsenic et de disposer de nouveaux outils enzymatiques susceptibles d'être appliqués à la détection ou au traitement de milieux contaminés par l'arsenic.

PUBLICATIONS

- "Physiological, molecular and genomic approaches to analyze the diversity of arsenic-resistant bacteria." F. Arsène-Ploetze, S. Koechler, C. Brian, D. Muller, S. Weiss, A. Heinrich-Salmeron, J. Cleiss, M. Marchal, D. Lièvreumont, M.C. Lett, P. N. Bertin. Congrès JSPS, mai 2008, Strasbourg.
- « Analyse fonctionnelle de micro-organismes et de communautés complexes par des approches (méta)protéomiques. » Arsène-Ploetze F., Gouhlen-Chollet F., Chaumande B., Weiss S., Carapito C., Cleiss J., Gallien S., Schaeffer C., Van Dorsselaer A., Bertin P.N. Les Actes du BRG, 7 : 469-474, 2008.
- « Diversité et étude des métabolismes microbiens de l'arsenic d'un ancien site minier. » A. Cordi, A. Heinrich-Salmeron, F. Gouhlen-Chollet, D. Halter, C. Pagnout, P.N. Bertin, F. Arsène-Ploetze, P. Bauda. Congrès AFEM, Lyon 2009.

- "Arsenic bacterial metabolism in sediments". A. Cordi, A. Heinrich-Salmeron, S. Gallien, D. Halter, F. Goulhen-Chollet, P.N. Bertin, F. Arsène-Ploetze, C. Pagnout, P. Bauda. International Symposium Arsenic in the environment, mai 2010, Taiwan.
- "Taxonomic and functional prokaryote diversity in mildly arsenic contaminated sediments." D. Halter, A. Cordi, S. Gribaldo, S. Gallien, F. Goulhen-Chollet, A. Heinrich-Salmeron, C. Carapito, C. Pagnout, D. Montaut, F. Seby, A. Van Dorsselaer, C. Schaeffer, P. N. Bertin, P. Bauda, F. Arsène-Ploetze. Res. Microbiol., in press, 2011.
- "Unsuspected diversity of arsenite-oxidizing bacteria revealed by the widespread distribution of aoxB gene in prokaryotes." A. Heinrich-Salmeron, A. Cordi, C. Brochier-Armanet, D. Halter, C. Pagnout, E. Abbaszadeh-fard, D. Montaut, F. Seby, P. N. Bertin, P. Bauda, F. Arsène-Ploetze. Appl. Environ. Microbiol., in press, 2011.



Luc DOYEN (CNRS)

LE DÉVELOPPEMENT DE SCÉNARIOS POUR LA GESTION ET LA PRÉSERVATION DE LA BIODIVERSITÉ ET DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES

>> Programme Modélisation et Scénarios de la biodiversité

Les changements globaux incluant changement climatique et changements d'usage ont conduit à des modifications importantes de la biodiversité, marine ou terrestre, aux différentes échelles biotiques concernées i.e. génétiques, spécifiques, éco-systémiques. Ces évolutions d'espèces, de peuplements, de communautés ou d'écosystèmes ont des conséquences sur les sociétés humaines via les dommages, menaces et risques qu'elles induisent sur les biens économiques et services écosystémiques fournis par cette biodiversité. Il convient donc de gérer durablement cette biodiversité dans une perspective non seulement de conservation mais aussi de bien-être et de richesse pour les sociétés humaines. Des projections et scénarios concernant les évolutions possibles de la biodiversité doivent ainsi être élaborés dans un cadre d'aide à la décision. Avec la création de l'IPBES, ce besoin de prospective se fait clairement ressentir, tant au niveau international que national. On donnera ici quelques éléments méthodologiques pour la construction de ces scénarios. On s'appuiera sur quelques exemples dans les domaines de l'halieutique ou de l'agro-écologie. On ébauchera quelques perspectives et défis pour la gestion viable des ressources et de la diversité génétiques.

TABLES RONDES

TABLE RONDE 1 : QUESTIONS ET ENJEUX SCIENTIFIQUES ÉMERGEANTS OU À FAIRE ÉMERGER.

Introduction par François Lefèvre (INRA)

Les avancées technologiques ouvrent de nouveaux horizons en termes d'acquisition de connaissance ou de méthodes de gestion des ressources génétiques. Au-delà, de nouvelles questions semblent émerger dans la communauté scientifique au carrefour de la biologie intégrative et de l'écologie, comme la prise en compte des processus épigénétiques dans la gestion des RG, la gestion des interactions GxE dans un contexte d'environnement changeant et incertain, etc. Enfin, la question du risque de décalage entre l'avancée des connaissances et leur intégration dans les différents domaines d'application mérite aussi être posée. L'ambition de cette table ronde est d'identifier l'émergence de nouveaux enjeux scientifiques sur les ressources génétiques à partir d'échanges entre intervenants venant de divers horizons: chercheurs de différentes disciplines, représentants de différentes filières de ressources génétiques, de différentes régions du monde. Les intervenants apporteront leur propre vision prospective dans leur domaine et l'accent sera mis sur les liens entre les différentes questions soulevées.

TABLE RONDE 2 : ENJEUX LIÉS AUX DISCUSSIONS ACTUELLES DANS LES CONVENTIONS INTERNATIONALES ET TRAITÉS.

Introduction par Sarah Aubertie (FRB)

La table ronde sur les enjeux émergents des discussions actuelles dans les conventions et traités internationaux permettra de faire le point sur les différents dispositifs d'accès et de partage des avantages (APA) existants et leur mise en œuvre, de présenter les conséquences sur les modalités actuelles d'accès et d'utilisation des ressources génétiques par différents acteurs, ainsi que les perspectives.

La Convention sur la diversité biologique (CDB) et son protocole sur l'accès et le partage des avantages adopté en octobre 2010 à Nagoya visent les ressources génétiques d'origine végétale, animale et microbienne, et écartent les ressources génétiques soumises à un accord spécialisé d'APA, laissant aux Etats la possibilité de prévoir des procédures particulières. Le traité sur les ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture de la FAO (TIRPAA), quant à lui, soumet à son système multilatéral les ressources génétiques pour l'alimentation et l'agriculture listées dans son annexe I.

Les acteurs réunis autour de la table, représentants de différents secteurs d'activité liés aux ressources génétiques, s'exprimeront sur l'impact du droit international sur leurs pratiques actuelles, et l'articulation des différents dispositifs en place. Ils partageront également leurs expériences et les manques qu'ils ont identifiés dans ces dispositifs.

Ces éléments de discussion permettront en outre d'alimenter le débat sur la mise en œuvre du protocole de Nagoya en France et son périmètre d'application.

JEUDI 22 SEPTEMBRE 2011

Introduction : George Willcox (CNRS)

Jusqu'à il a 12 000 ans l'homme prélevait dans la nature les plantes et les animaux dont il avait besoin. Ce système économique, de prédateur qu'il était, a changé avec le Néolithique. Il a été remplacé par un système de production de subsistance, impliquant la culture des plantes et l'élevage des animaux. Ainsi était initié le processus de domestication morphologique d'un certain nombre d'espèces. Depuis, les populations d'ancêtres sauvages des espèces domestiquées n'ont cessé de diminuer. Certains de ces ancêtres, ceux par exemple de la fève, du palmier dattier ou de l'oignon, n'ont pas été identifiés. D'autres, comme les aurochs, ancêtres des bœufs, ont disparu. Ainsi une des conséquences de la domestication est une réduction de la diversité génétique. En même temps, pour certaines espèces domestiques comme le maïs, le chien, ou les blés, il y a une diversification impressionnante. C'est pourquoi la recherche s'est concentrée sur les plantes et animaux domestiqués au détriment des études génétiques, géographiques et écologiques sur les ancêtres sauvages. Les travaux sur le terrain sont rares, même pour les céréales et légumineuses du Proche-Orient, pourtant à l'origine de nos aliments de base. Si nous voulons avoir une meilleure connaissance du patrimoine génétique de nos plantes et de nos animaux domestiques y compris des poissons, des bactéries et des plantes très récemment domestiquées, avant qu'il ne soit trop tard, il est urgent de développer les études de populations sauvages sur le terrain, dans leurs habitats naturels mêmes. C'est à partir de ce type d'études que seront trouvés les moyens les plus appropriés pour préserver la diversité génétique.

SESSION 3 GESTION DES RG À LA FRONTIÈRE DOMESTIQUE/SAUVAGE

THEVENON Sophie (CIRAD)

>> Appel à projets FRB 2009

ETUDE GÉNÉTIQUE FINE ET RECHERCHE DE SIGNATURES DE SÉLECTION DANS LA POPULATION BOVINE BORGOU.

La race ouest-africaine Borgou est un croisement stabilisé entre des bovins de types taurin et zébu. Ces deux types d'origine présentent des aptitudes très différentes, et la Borgou constitue un modèle de choix pour identifier les régions du génome, d'origine taurine et/ou zébu, ayant été retenues de manière privilégiée en relation avec son adaptation au milieu. L'objectif de ce projet est de réaliser un marquage moléculaire dense du génome afin de déterminer la population d'origine la plus probable de chaque point du génome (« admixture mapping ») et d'identifier des signatures de sélection.

BERREBI Patrick, (CNRS)

>> Restitution appel à projets BRG 2005-2006

GENESALM : ANALYSE DES PRATIQUES GÉNÉTIQUES CONCERNANT LE REPEUPLEMENT DES ESPÈCES SALMONICOLES ET PROPOSITIONS DE SCHÉMAS DE LEUR MAÎTRISE.

Berrebi, P.⁴, Haffray P.¹, Rault P.¹, Levadoux M.², Guyomard R.³

¹ SYSAAF, 35042 Rennes,

² CIPA, 75010 Paris, Montpellier,

³ INRA, 78352 Jouy-en-Josas,

⁴ UMR CNRS/UM2 5554, 34000

Introduction et objectifs

La truite commune *Salmo trutta* et le saumon atlantique *Salmo salar* font l'objet de repeuplements pour de la pêche loisir ou de la restauration de populations dont certaines en voie de disparition. L'objectif du projet était d'établir un état de la variabilité génétique de ces 2 espèces au niveau national à l'aide des marqueurs microsatellites et de conduire un audit des pratiques génétiques des écloseries utilisant des reproducteurs sauvages. Ces travaux visaient à proposer des actions structurantes utiles aux gestionnaires des populations sauvages et aux écloseries.

Caractérisation de la variabilité génétique de la truite commune

Concernant la truite commune, une méta-analyse des travaux antérieurs (26 rapports, 18 articles, 613 populations caractérisées isozymes, ADNmt, microsatellites entre 1983 et 2008) a permis de conclure à un sous échantillonnage du versant atlantique et une focalisation sur des zones d'intérêt essentiellement scientifique (zone hybrides entre versants atlantique et méditerranéen, Alpes). Cette 1^{ère} analyse a été complétée par la caractérisation de 42 nouveaux sites naturels et de 7 piscicultures. Les principales conclusions sont :

- une structuration du versant atlantique beaucoup moins homogène qu'initialement imaginé et la confirmation de la structuration en plusieurs groupes de la lignée méditerranéenne (4) et Corse (2) avec micro-différenciation intense,
- l'homogénéité des cheptels domestiques se rattachant à la lignée sélectionnée par l'INRA sur la croissance, sauf création de souches locales,
- la possibilité d'identifier aisément l'introgression de domestiques dans les populations sauvages.

Caractérisation de la variabilité génétique du saumon atlantique

Les populations des principaux bassins hydrographiques français et les populations de piscicultures utilisées pour repeupler ces bassins ont été caractérisées. Le premier niveau de structuration génétique reflète l'origine géographique des échantillons et l'historique de repeuplements avec un groupe ouest (Normandie et Bretagne) et un groupe sud (Adour, Garonne, Dordogne, Allier, Rhin). Au sein du groupe sud, on observe une distinction nette entre, d'une part, les populations Allier et issues de l'Allier (pisciculture Allier, pisciculture Haut-Rhin, Rhin) et d'autre part, celles de l'Adour. Les populations de la Garonne et de la Dordogne sont intermédiaires et présentent une forte variabilité qui témoigne de leur reconstitution à partir de deux origines (Adour et Allier).

Le polymorphisme génétique des souches de repeuplement n'est pas stable au cours des générations. Cette instabilité reflète vraisemblablement l'utilisation d'un nombre insuffisant de géniteurs. Ce phénomène pourrait n'être que temporaire dans le cas de la pisciculture du Favot). Il semble récurrent dans le cas des piscicultures de l'Allier et de Garonne-Dordogne où il conduit à une perte systématique de variabilité au cours des générations F1 et F2.

Audit des pratiques génétiques des écloseries

Un formulaire d'audit des pratiques a été rédigé avec les partenaires du groupe de travail (SYSAAF, écloseries, FNPF, INRA, CNRS, ONEMA, CIPA) sur les thèmes clés de leur activité : traçabilité, moyens techniques et humains, sanitaire, génétique, reproduction. 5 audits ont été conduits sur le saumon (soit 100% des activités de repeuplement nationale) et 4 sur la truite commune. Si les écloseries possèdent généralement des installations adaptées et des niveaux de traçabilité et d'hygiène conformes, leurs pratiques génétiques et de reproduction pourraient être améliorées pour garantir un travail de qualité et proposer aux financeurs des indicateurs d'évaluation génétique minimum. Plusieurs difficultés ont été identifiées: archivage limité dans le temps ; approvisionnement en reproducteurs sauvages non maîtrisé et autorisations limitantes ; ratio mâle/femelle en faveur des femelles ; manque de distinction entre objectifs de conservation et de diffusion ; collaborations et interactions limitées et ponctuelles ; manque d'indicateur de conservation de la variabilité génétique (N_e , analyses moléculaires) fiable ; absence d'évaluation génétique de l'efficacité du repeuplement.

Conclusions et propositions

Cette étude révèle une structuration génétique justifiant une gestion par bassin, mais aussi une forte empreinte du repeuplement chez les salmonidés de France. Un contrôle de l'effectif efficace des géniteurs des écloseries serait nécessaire. Plus globalement, il est proposé le développement d'un savoir-faire collectif en ingénierie génétique du repeuplement. Ce service d'interface permettrait une gestion au cas par cas en respectant une logique nationale avec pour objectif :

- l'évaluation et l'amélioration des pratiques gestionnaires en s'appuyant en particulier sur l'utilisation des marqueurs génétiques moléculaires
- la caractérisation de la variabilité génétique de populations sauvages et captives, la création d'une base de données nationale et l'aide à l'interprétation ;
- l'amélioration des pratiques des écloseries (définition de stratégies de gestion et de diffusion des reproducteurs sauvages; maîtrise des plans de fécondation et gestion des biais d'élevage; mise en place d'indicateurs de conservation de la ressource génétique ; transfert de la cryoconservation du sperme pour disposer de suffisamment de mâles sauvages à chaque génération) ;
- la formation du personnel, la veille technologique et l'informatisation de la gestion des données.

Remerciements : Ce projet a été soutenu par le CSP, le BRG et l'UE via le FEP (Actions Collective)

Publications

- Haffray P., Rault P., Levadoux M., Berrebi P., Guyomard R. 2009. An audit of genetic and breeding practices of French hatcheries involved in salmon and trout restoration. IUCN International Workshop on the Restoration of Fish Populations, 1-4 September 2009. Düsseldorf, Germany.
- Haffray P., Rault P., Levadoux M., Berrebi P., Guyomard R. 2009. Audit des pratiques génétiques et de reproduction pour le repeuplement en saumon atlantique. Colloque ONEMA sur le saumon atlantique pour une bonne gestion des habitats à saumon et des salmonicultures de repeuplement. 21-22 October, 2009. Oloron Sainte Marie.



HAFFRAY Pierrick (SYSAAF)

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

ARGYROSAT : PREMIÈRE BASES GÉNÉTIQUES POUR LA DOMESTICATION MAÎTRISÉE DU MAIGRE ARGYROSOMUS REGIUS

Haffray Pierrick¹, Mériaux Jean Claude², François Bonhomme³

¹ SYSAAF, 35042 Rennes, France;

² Labogéna, 78350, Jouy-en-Josas, France ;

³ CNRS, UMR 5554, 34095 Montpellier Cedex 5, France.

Résumé

La variabilité génétique du maigre *Argyrosomus regius* (Sciaenidés) a été caractérisée sur l'ensemble de son aire de répartition (n = 378) à l'aide de 11 marqueurs microsatellites. L'espèce est une des espèces de poissons marins les plus différenciés avec des valeurs de F_{ST} élevées à très élevées entre les populations atlantiques (Gironde, Tage, Guadalquivir, Mauritanie) et Egyptiennes et Turques (0.081-0.168). Les populations domestiques françaises présentent une variabilité équivalente aux populations sauvages. Les marqueurs présentent une aptitude suffisante pour établir les pédigrées et initier une gestion de la ressource génétique.

Contexte biologique, économique et objectifs du projet

Le maigre *Argyrosomus regius* est capturée en Méditerranée et de la Mauritanie au Golfe de Gascogne (Tixerand, 1974 ; Quérou et Vayne, 1987). Plusieurs caractéristiques biologiques en font une espèce candidate au développement d'une aquaculture écologiquement efficace (10000 T en 2011) : croissance rapide, très bonne efficacité alimentaire, rendement à l'éviscération. Comme chez la plupart des espèces marines, une différenciation génétique limitée est attendue du fait de plusieurs caractères : fécondité, taille > 1.5 m, dispersion pélagique des œufs et larves, longévité > 40 ans, reproduction par pontes multiples et générations chevauchantes. Cependant le nombre très limité et très distants de sites de reproduction décrits (Gironde, Mauritanie, Egypte) constitue un facteur de différenciation potentiellement important. Les objectifs du projet étaient :

- de caractériser la variabilité génétique du maigre et de 2 cheptels français en cours de domestication à l'aide de marqueurs microsatellites
- d'évaluer l'aptitude de ces marqueurs pour introduire une gestion généalogique des futures générations pour assurer la conservation de la ressource génétique aquacole.

Matériel et méthodes

Après essais techniques, 11 marqueurs identifiés chez l'ombrine ocellée (Renshaw *et al.*, 2006) ont été conservés et organisés selon 2 panels. L'ensembles des caractères génétiques des marqueurs et des populations étudiées ont été analysés en utilisant Genetix 4.05.2 (Belkhir *et al.*, 2004), Micro-Checker version 2.2.3. (Van Oosterhout *et al.*, 2004).

Résultats

Le nombre moyen d'allèles par marqueur est compris entre 3 et 31. Les populations présentent un nombre moyen d'allèles de 6.98 ± 2.37 et un taux d'hétérozygotie observé variant entre 0.47 ± 0.28 (Turquie) et 0.64 ± 0.20 (Gironde). L'espèce peut être segmentée en 2 groupes atlantique et méditerranéen, chacun d'entre eux étant subdivisés en populations très différenciées ($P < 0.001$). Les valeurs de FST sont limités entre les populations atlantiques (0.012-0.041), modérées entre la population d'Egypte et celles de l'Atlantique (0.061-0.107) ou de Turquie (0.081), et les plus élevées entre les populations atlantiques et celle de Turquie (0.081-0.168). Les 2 cheptels français présentent une variabilité génétique dans les ordres de grandeurs des populations sauvages les plus variables.

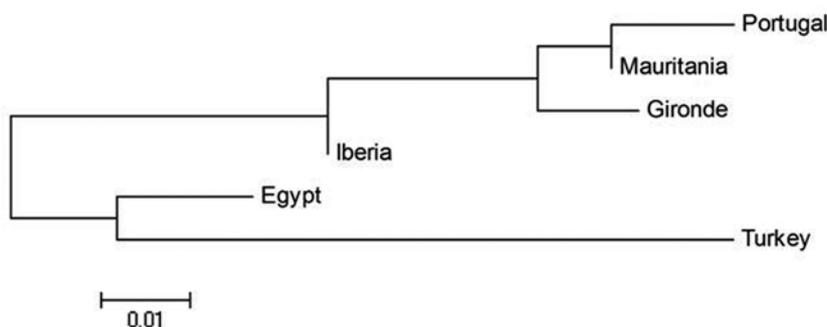


Tableau 1 : Arbre des distances génétiques des 6 populations d'*Argyrosomus regius* selon la méthode de Neighbor-Joining.

Après simulations, les marqueurs sont associés à une faible chance de confondre deux individus ($6.08 \cdot 10^{-11}$) ainsi qu'une probabilité élevée d'exclusion de 2 parents (99.99%).

Discussion

L'étude démontre l'existence d'au minimum 6 populations de l'espèce dont une nouvelle en Turquie. Ces résultats font du maigre une des espèces de poissons marins les plus différenciées génétiquement, de l'ordre par exemple de 10 à 15 fois celle du bar, du turbot ou de la daurade. La distance géographique entre les sites de reproduction et la migration reproductive vers ces sites sont les deux facteurs principaux expliquant cette très forte différenciation. La très grande distance entre les sites constitue un facteur de fragilisation de ces populations. Par précaution, et comme proposé pour 10 autres grands Sciaenidés considérées en voie de disparition (Sadovy et Cheung, 2003), une protection saisonnière des zones de reproduction de surface très réduite pourrait être conseillée.

Les marqueurs utilisés ont démontré leur intérêt pour caractériser la variabilité des cheptels domestiques et réaliser des assignations de parenté. Les résultats constituent des informations favorables à la mise en place d'une domestication rationnelle de l'espèce et à l'exploitation de sa variabilité génétique additive par sélection. La très grande distance génétique entre les populations sauvages est propice à l'exploitation d'une variabilité génétique par croisement.

Remerciements : Ce projet a été soutenu par le MEDD dans le cadre de l'appel à projets géré par le BRG, par l'UE (FEP, Actions collectives 3058-2008) et par les entreprises FMD (Oléron) et Les Poissons du Soleil (Balaruc les Bains).

Références

- Sadovy, Y., Cheung, W.L., 2003. Near extinction of a highly fecund fish: the one that nearly got away. *Fish and Fisheries*, 4, 86-99.
- Tixerant G., 1974. Contribution à l'étude de la biologie du maigre ou courbine *Argyrosomus regius* (Asso = *Sciaena aquila* Lacép.) sur la côte mauritanienne. Thèse d'Université, Université d'Aix Marseilles, 146 p.
- Quérou J-C. et Vayne J-J., 1987. Le maigre, *Argyrosomus regius* (Asso, 1801) (Pisces, perciforme, Sciaenidae) du Golfe de Gascogne et des eaux plus septentrionales. *Rev. Trav. Inst. Pêches Marit.*, 49 (1 et 2), 35-66.



BOISSIER Jérôme (Univ Perpignan)

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

EVOLUTION DES CONTRAINTES ENVIRONNEMENTALES ET CONSERVATION DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE

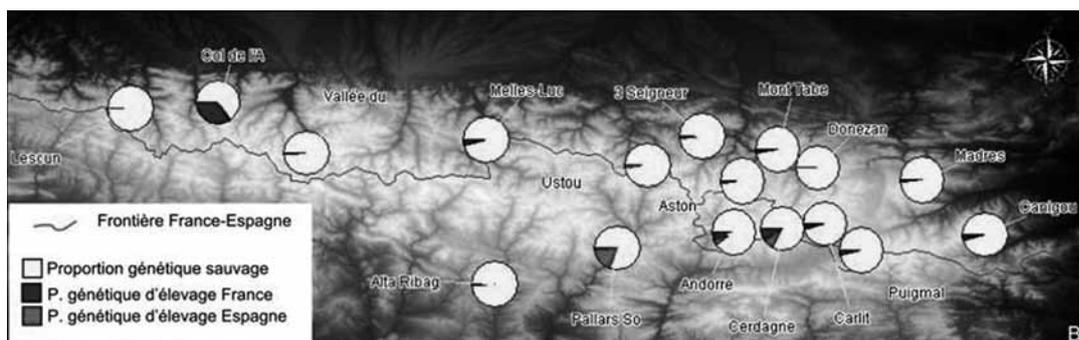
JEUDI 22 SEPTEMBRE 2011

DES POPULATIONS DE LAGOPÈDE ALPIN (*LAGOPUS MUTA PYRENAICA*) ET DE PERDRIX GRISE DES PYRÉNÉES (*PERDIX PERDIX HISPANIENSIS*)

Le lagopède alpin (*Lagopus muta*) et la perdrix grise (*Perdix perdix*) atteignent dans les Pyrénées les limites méridionales de leurs aires de répartition mondiale. Les populations pyrénéennes de ces deux sous-espèces (*Lagopus muta pyrenaica* et *Perdix perdix hispaniensis*) sont donc en situation d'isolat biogéographique. Les deux espèces sont d'excellents bio-indicateurs de l'évolution des milieux ouverts d'altitude. Sous la pression conjuguée des contraintes environnementales et anthropiques, ces milieux connaissent actuellement une évolution sensible, caractérisée par un relèvement altitudinal des étages de végétation et donc un rétrécissement de l'habitat disponible pour les espèces d'altitude. La régression des activités agro-pastorales accentue ce phénomène généralisé de reforestation des milieux. Une conséquence attendue de ces bouleversements est l'augmentation du degré de fragmentation des habitats notamment pour les populations d'altitude. Au-delà de l'influence du paysage sur la structuration des populations, un autre facteur pourrait structurer les populations de perdrix grise : les lâchers d'individus d'élevage dans des populations sauvages. Dans cette étude, nous nous sommes intéressés à la structuration génétique du lagopède alpin des Pyrénées et de la perdrix grise en France afin d'aider à la décision des plans de conservation.

Concernant le lagopède alpin, nos résultats montrent une structuration génétique significative avec des indices de différenciation (F_{st}) supérieurs à 0,2. Nous avons également identifié la vallée du Sègre comme étant une barrière géomorphologique à la dispersion et aux flux géniques. Cette vallée sépare les populations de lagopèdes alpins en deux sous-unités distinctes. Chez cette espèce, la répartition de la diversité génétique n'est pas homogène à l'échelle du massif Pyrénéen. La localité du Canigou présente des indices de diversité (A_n et H_e) significativement plus faibles comparativement aux autres localités. La séparation forte entre les localités de la haute chaîne (Campcardos, Aston, Ustou, Melle et Luchon) et du chaînon Est (Carança-Puigmal, Canigou) ne peut expliquer les faibles valeurs de diversité génétique des oiseaux du Canigou car les individus de la localité Carança-Puigmal présentent des indices de diversité similaires aux localités de l'Ouest. La faible diversité génétique des oiseaux du Canigou pourrait provenir du fait qu'elle se situe en limite orientale de l'aire de répartition de l'espèce. De ce fait, les populations du Canigou ne sont connectées qu'avec des populations situées à l'Ouest (Carança-Puigmal). Un programme de translocation d'oiseaux afin d'assister le flux génétique est en cours de réalisation (Projet Poctefa GALIPYR, financement INTEREG). Enfin, nous avons détecté un goulot d'étranglement récent (<300 ans) à l'échelle de l'ensemble du massif pyrénéen. L'origine de ce goulot d'étranglement pourrait être la forte pression pastorales des années 1750-1850 aggravée par la suite par une élévation progressive des températures au XIX^{ème} et XX^{ème} siècle.

Concernant la perdrix grise, l'étude de la structuration génétique a nécessité le développement de marqueurs microsatellites et d'un couple d'amorce permettant de sexer notre échantillonnage. Pour les analyses nous avons retenu 12 marqueurs microsatellites. Les résultats indiquent que la structuration génétique des perdrix grises dans les Pyrénées est moins marquée que pour le lagopède alpin et aucun groupe de localités ne se démarque. La diversité génétique est répartie de façon homogène sur l'ensemble du massif Pyrénéen. Nous avons cependant décelé un fort taux d'introggression génétique. Trente huit pourcent des perdrix échantillonnées au sein des Pyrénées présentent des allèles caractéristiques des perdrix d'élevage. Par comparaison avec une population témoin, située au Nord de la France, il semblerait que les perdrix d'élevages ayant servi à repeupler les populations naturelles des Pyrénées se rapprocheraient plus de la sous espèce *P. p. armoricana* que de la sous espèce endémique des Pyrénées *P.p. hispaniensis*. Les lâchers de perdrix d'élevage appartenant à une sous espèce différente que l'espèce repeuplée ont créé une introggression génétique au sein des perdrix sauvages Pyrénéennes. Cette introggression génétique n'est cependant pas homogène au sein des localités échantillonnées (figure ci-dessus).



Articles :

- Bech N., Boissier J., Drovetski S. & Novoa C (2009). Population genetic structure of rock ptarmigan in the « sky islands » of French Pyrenees: implications for conservation. *Animal Conservation* 12, 138-146.
- Bech N., Novoa C., Allienne J.F., Boissier J. (2010). Microsatellite markers transferability among economical and ecological important galliforms. *Genetics and Molecular Research* 9, 1121-1129.

Communications :

- Communication à la 30^{ème} réunion du groupe de Génétique et biologie des populations, Petit pois déridé. 25-28 août 2008, Rennes. Nicolas BECH, Jérôme BOISSIER, Sergei DROVETSKI, Claude NOVOA : « Structuration génétique des populations de lagopède alpin (*Lagopus muta pyrenaica*) sur les “sky islands” des Pyrénées. Implication pour la conservation ».
- Séminaire ONCFS (17 mars 2009) : Nicolas BECH, Jérôme BOISSIER, Claude NOVOA : La génétique au service du lagopède alpin (*Lagopus muta pyrenaica*) et de la perdrix grise (*Perdix perdix hispaniensis*) des Pyrénées.
- Communication à la 31^{ème} réunion du groupe de Génétique et biologie des populations, Petit pois déridé. 31 août-03 septembre 2009, Grenoble. 1^{er} prix de la meilleure présentation orale. Nicolas BECH, Claude NOVOA, Elisabeth BRO, Jérôme BOISSIER : « Impact de la fragmentation des paysages sur la structuration génétique des populations de perdrix grise (*Perdix perdix*) ».
- Poster au congrès Ecologie 2010. Août 2010, Montpellier. N. Bech, C. Barbu, e. quemere, C. Novoa and J. Boissier:»Impact de l'augmentation de la température sur le paysage et la génétique des populations d'altitude«

SESSION 4

LES NOUVELLES UTILISATIONS DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE

Denis FAURE (CNRS)

>> Appel à projets FRB 2009

DIVALOR : VALORISATION DE LA DIVERSITÉ BACTÉRIENNE DES SOLS ET DE SON SERVICE ÉCOLOGIQUE RENDU : APPLICATION À LA PROTECTION DE CULTURES LÉGUMIÈRES AFIN DE LIMITER L'UTILISATION DE PRODUITS PHYTOSANITAIRES TOXIQUES.

Ce projet évalue à l'échelle-1 une nouvelle éco-technologie (brevet CNRS WO2008/090479) basée sur la valorisation de la diversité bactérienne des sols par biostimulation, et permettant de protéger les cultures légumières, tout en limitant l'apport d'intrants toxiques. En partenariat direct avec la filière agronomique concernée (CNPPT), deux laboratoires associent leur compétence en chimie, écologie, et analyse de la biodiversité (puces-*rrs* et séquençage-454 du *rrs*) afin de mesurer le service écologique rendu par cette biostimulation, le devenir du biostimulateur, et l'amplitude et la pérennité des modifications induites sur la structure des populations bactériennes de la rhizosphère.



Sébastien SAINT-JEAN (AgroParisTech),

>> Appel à projets LU-FRB 2010

VALORISER LA BIODIVERSITÉ SPÉCIFIQUE ET VARIÉTALE À L'ÉCHELLE DE LA PARCELLE AGRICOLE POUR LIMITER L'UTILISATION DES INTRANTS CHIMIQUES ET LEURS IMPACTS.

Le contexte actuel nécessite de réduire les impacts de l'agriculture sur l'environnement. Valoriser la biodiversité spécifique et variétale sur la parcelle agricole permet de maintenir des niveaux de productions élevés tout en limitant les intrants chimiques comme les engrais azotés minéraux ou les produits phytosanitaires. Pour les maladies foliaires du blé, et en particulier la septoriose, les méthodes de lutte classique (résistances variétales et lutte chimique) sont

partiellement inefficaces. L'introduction de la diversité végétale en associant des variétés ayant des gènes de résistance différents peut freiner les épidémies et stabiliser le rendement et la qualité de la récolte. La diversité spécifique (association céréale légumineuse) peut également permettre de limiter les maladies foliaires ou les ravageurs, et donc l'utilisation de pesticides. Ces associations permettent aussi de limiter l'utilisation des engrais azotés et donc leurs impacts sur l'environnement. À l'aide d'une approche expérimentale (réseau multilocal d'essais), l'efficacité d'une association de variétés ou d'espèces pour limiter l'utilisation d'intrants chimiques sera quantifiée pour différents débouchés : production de grains, de fourrages et de biomasse pour la bioénergie.



Florent ROBERT (Univ. des Antilles et de la Guyane)

>> Appel à projets FRB 2009

BAGAM : BIOFILMS AMAZONIEN ISSUS DE LA BIODIVERSITÉ GUYANAISE POUR APPLICATIONS EN PILE MICROBIENNES.

Les biofilms électroactifs font l'objet d'une recherche internationale récente et très active. Ceux-ci constituent, en effet, une piste sérieuse de production d'électricité peu onéreuse et stable dans le temps par la réalisation des piles à combustible microbiennes (PACM). Ce sont des systèmes qui assurent la conversion directe d'énergie chimique contenue dans les matières organiques en énergie électrique en utilisant des biofilms bactériens comme catalyseurs des réactions électrochimiques. Les sols et environnements Amazonien ont été rarement évoqués dans la littérature comme sources possibles de bactérie électroactives, nos expériences récentes indiquent qu'ils sont de prometteurs « réservoirs ». La Guyane Française est reconnue mondialement comme un « hot spot » pour la biodiversité. Il est possible d'imaginer qu'une telle biodiversité dans un sens macroscopique se repose fortement sur des communautés microscopiques adaptées aux environnements locaux et à l'hétérogénéité géomorphologique. Ce projet vise à analyser la capacité électroactive des biofilms issus des différents écosystèmes guyanais à partir des densités de courants produites. Par conséquent différents environnements Amazonien seront criblé à différentes saisons. L'objectif est d'obtenir des biofilms électroactifs « sauvages » qui ne sont pas accessibles par les cultures conventionnelles et de créer une collection unique de microorganismes électroactifs.

JEUDI 22 SEPTEMBRE 2011

SESSION 5

ACTEURS ET GOUVERNANCE DES RESSOURCES GÉNÉTIQUES

Introduction : Martine Antona (CIRAD)



THOMAS Frédéric (IRD)

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

DROIT INTERNATIONAL ET USAGES LOCAUX DE LA BIODIVERSITÉ AGRICOLE AU NORD VIETNAM

Frédéric Thomas, IRD-UR 105 Savoirs et développement

Rappel des objectifs du projet :

Le projet visait à mesurer les impacts de l'entrée du Vietnam dans l'OMC et dans l'UPOV à la fois sur les marchés des variétés et des semences ainsi que dans la gestion de la biodiversité agricole. Trois axes de recherche avaient ainsi été initialement prévus :

- Premièrement, un axe « marché et recherche », dont l'objectif était d'étudier les liens qu'il pouvait y avoir entre le

- développement de marchés pour des variétés privées et les trajectoires de recherche en amélioration des plantes (en partenariat avec le PVPO Plant Variety Office) ;
- Deuxièmement, un axe « Ressources génétique », dont l'objectif était de mieux comprendre comment s'organise la conservation des RG au Vietnam et quel est le statu des collections (en partenariat avec le PRC Plant resources centre) ;
- Troisièmement, un axe « Pratiques locales », visant à mieux comprendre l'état des pratiques paysannes de sélection des variétés locales et de production des semences des fermes (en collaboration avec le CASRAD Centre de recherche sur les systèmes agraires et le développement rural).

Principaux résultats du projet :

1. Les résultats du premier axe ont permis de dresser l'inventaire des textes juridiques de protection intellectuelle des innovations végétales et des règles de mises sur le marché des nouvelles variétés. Une première mesure de l'impact de ces nouveaux règlements sur le marché des semences et des variétés a également été menée. La très grande détermination de l'Etat pour sortir la fourniture des semences de variétés améliorées de l'économie collectiviste et y substituer la construction de marchés a fondamentalement transformé le secteur en dix ans. Les outils de la propriété intellectuelle (entrée dans l'UPOV-1991 en 2007) ont constitué l'instrument juridique de construction de ces marchés des semences. L'Etat a aussi facilité la capitalisation des instituts de recherche publique en génétique et amélioration des plantes et leur à imposé d'atteindre l'autonomie financière (salaires des chercheurs compris) en quelques années. Ces instituts sont donc désormais contraints de se comporter comme des agents économiques classique en déposant des certificats d'obtention végétale sur leurs innovations et en négociant des contrats de licence qui doivent devenir leur principal source de financement. Les principaux résultats observables sur les marchés sont : une augmentation significative du taux d'utilisation de semences certifiées en dix ans; une plus forte concentration de l'offre variétale entre les mains des plus grandes compagnies semencières nationales depuis 2006 (car elles sont seules en mesure d'acheter les licences aux Compagnies qui détiennent des COV) ; un recul des compagnies semencières provinciales qui se plaignent de ne plus pouvoir multiplier les variétés de la recherche publique ; une forte pénétration des variétés hybrides chinoises sur le marché du riz ou des grandes multinationales sur celui du maïs. Par contre, encore très peu d'obteneurs nationaux protègent leurs innovations car la protection n'est pas une condition d'entrée dans les catalogues et que les petits obteneurs considèrent que la protection coûte trop cher par rapport à la faible protection qu'elle apporte. Les variétés et les semences de ferme sont clairement combattues dans le nouveau régime juridique. Les impacts du nouveau cadre juridique sur l'économie réelle des semences et variétés sont donc clairement visibles sur les marchés ainsi que sur les trajectoires de recherche des instituts de recherche qui privilégient désormais les structures variétales hybrides.

2. Les résultats de l'axe 2 sont plus incertains. Le partenariat avec le Plant resources centre n'a pas toujours été facile (voir rapport à mi parcours) car le PRC se situe dans une période d'ajustement difficile. Il doit construire une nouvelle gouvernance des PGRFA dans un tournant paradoxal pour lui. En effet, il gérait jusqu'ici dans une culture du secret relativement fermée une ressource comprise à l'échelle internationale comme « un patrimoine commun de l'humanité » ; il doit maintenant gérer avec une culture de l'échange et de la transparence (le système multilatérale de la FAO) un bien relevant désormais des souverainetés nationales dans un contexte international très sensible (crainte de la biopiraterie, difficultés de la mise en place des mécanismes de partage des avantages, etc.) Nous disposons néanmoins d'une relativement bonne représentation de l'appareil de conservation *ex situ* au niveau national et provincial. Par contre, nous ne disposons pas de bonnes données sur l'évaluation des collections, sur les flux d'échange de RG (nombre de MTA) entre le Vietnam et d'autres organismes étrangers ou internationaux, etc.

3. Les résultats du troisième axe sont contrastés. Les enquêtes réalisées sur le terrain en ce qui concerne les pratiques paysannes de conservation *in situ* ont été décevantes alors qu'elles avaient été prometteuses au départ. Nous ne sommes notamment pas parvenus à poursuivre les recherches sur les dynamiques de conservation à la ferme que l'IPGRI avait mise en place au début des années 2000 en coopération avec le PRC. La notion de communauté locale de conservation de la biodiversité agricole qui avait émergé de ces programmes nous reste assez obscur et nous ignorons ce qu'elles recourent comme pratique. En revanche, l'étude des pratiques paysannes associées aux programmes régionaux de revalorisation de variété locale (enregistrement d'indication géographique ou dépôt de marque collective sur les produits issues de ces variétés) a donné d'excellents résultats dans plusieurs études de cas (Riz parfumé Tam Xoan, Kaki sans pépin de Bac Kan, riz gluant Nêp Cai Hoa Vang, Litchi de Thanh Ha...) nous sommes parvenu à bien mesurer les impacts de l'économie marchande basée sur la labellisation des produits sur les pratiques paysannes de sélection des semences de ces variétés. Ces recherche ont donné lieu à de nombreuses communications au Vietnam et en France, ainsi que plusieurs publications et un film en cours de finalisation.

////////////////////////////////////
EMPERAIRE Laure (IRD)

>> Restitution appel à projets BRG 2007-2008

APPROCHE ETHNOLOGIQUE DE LA CONSERVATION *EX SITU* AU BRÉSIL ET AU CHILI.

L'objectif du projet est d'étudier les complémentarités entre formes de gestion des RPG *ex situ* et *in situ* à partir de l'analyse des savoirs et pratiques mobilisés dans chacun de ces registres. La partie *in situ* est développée dans les recherches en cours, la partie *ex situ* fait l'objet de cette demande. Il s'agira au final de confronter les modèles de gestion dont les populations traditionnelles sont porteuses (analysés dans les programmes en cours) avec ceux des institutions qui œuvrent dans nos zones d'études (Brésil et Chili).

Analyser les réseaux de circulation des ressources phylogénétiques : une voie pour renforcer les liens entre la conservation *ex situ* et local

Laura Santonieri, Daniela Madrid, Erika Salazar, Enrique Martinez, Mauro Almeida, Didier Bazile & **Laure Emperaire**

Introduction

L'articulation entre les sphères de la conservation telle qu'elle est pratiquée par les populations locales et celle des banques de germoplasme se dessine comme un objectif nécessaire tant pour assurer la pérennité des ressources phylogénétiques sous une forme dynamique que pour répondre à des objectifs plus amples de conservation et valorisation de la biodiversité et de la diversité culturelle. Plusieurs expériences novatrices en cours au Brésil et au Chili (Gardiens de l'Agrobiodiversité, conservation / restitution de semences, patrimoine immatériel, auto certification de semences) montrent qu'une réflexion approfondie sur la signification sociale des ressources est nécessaire pour assurer leur viabilité. Les discussions partent toutefois du pré-supposé qu'il s'agit de deux sphères disjointes de par les normes et pratiques qui sont à leur base. Or, nous posons l'hypothèse qu'au corpus de pratiques scientifiques de gestion s'agrège un ensemble de pratiques et valeurs qui découlent de perceptions individuelles sur les ressources. L'analyse du statut de l'objet en jeu – une ressource phylogénétique –, ses modes de circulation et la valorisation que celle-ci engendre, les notions de d'individuel et de collectif, entre autres éléments, souligne une convergence entre les traitements accordés aux ressources dans les systèmes de gestion locaux ou étatiques.

Notre réflexion repose sur la mise en parallèle des principes, normes et règles qui sous-tendent la gestion des ressources phylogénétiques au sein de deux institutions. La notion d'institution est à prendre dans son acception anthropologique comme « *tout ce qui, dans une société donnée, prend la forme d'un dispositif organisé, visant au fonctionnement ou à la reproduction de cette société* » (Bonte and Izard 1991). Ainsi, le terme institution désigne ici tant le dispositif inséré dans une structure hiérarchisée, pensée au niveau national, que celui, en général multi-centrique, mis en œuvre par les populations locales.

Méthode

L'analyse repose sur une approche croisée entre le fonctionnement des dispositifs nationaux et locaux de conservation/sélection/gestion de deux espèces, *Manihot esculenta* Crantz au Brésil et *Chenopodium quinoa* Willd. au Chili, toutes deux caractérisées par une large diversité variétale. La méthode suivie est de type ethnographique avec un séjour au sein de l'institution et la réalisation d'entretiens auprès des gestionnaires, scientifiques, techniciens de l'Embrapa au Brésil ou de l'INIA et de deux autres banques de germoplasme (l'une privée, l'autre universitaire) au Chili, et d'agriculteurs en Amazonie brésilienne pour le manioc et dans trois régions (I, VI et IX) du Chili pour le quinoa. Plus qu'une approche comparative au sens strict, il s'agit d'une réflexion sur l'identification des normes et pratiques suivies par deux collectifs d'acteurs et qui, dans le cas de l'*ex situ*, modèlent la gestion des ressources phylogénétiques en marge des énoncés scientifiques. Les résultats sont construits en deux parties : un cadre général du fonctionnement des banques de germoplasme, traité ici brièvement, et le statut des ressources dans les deux institutions.

Résultats

Les conceptions autour du fonctionnement des banques de germoplasme révèlent un univers fragmenté avec deux positions de force, celle des tenants de la valorisation des collections et celle des tenants de leur fonction de conservation. Cette deuxième position s'est développée dans le sillage de la CDB et reste encore marginale.

Sur le plan des relations entre gestionnaires et germoplasme, nous montrons que :

- (i) La ressource phylogénétique n'est pas réductible à la matérialité de son support, elle est vectrice d'un ensemble de significations qui dépassent sa fonction productive. Dans les systèmes locaux, la variété cultivée est un objet de mémoire qui transite dans l'espace et dans le temps par une transmission intergénérationnelle. Une ligne de rupture

entre passé et présent est cependant instituée avec la mise en place du passeport de l'accession, limitant sa traçabilité au contenu donné par le dispositif officiel.

- (ii) La notion de collection est au centre des pratiques de gestion de la diversité dans les institutions locales et officielles. Elle représente alors un instrument fréquemment personnalisé, source de prestige (pour l'individu comme pour l'institution). Nombre de collections ont commencé sur la base d'initiatives individuelles et semblent encore dépendre d'objectifs individuels pour être maintenues.
- (iii) Une accession a une « histoire de vie » balisée par un réseau social. La ressource circule au sein de ce réseau en fonction, non seulement de critères techno-scientifiques dans le cas de la conservation *ex situ*, mais aussi de liens sociaux établis entre des individus au cours de leur propre histoire. Cette circulation donne une valeur d'échange à la semence. L'échelle sociale, celle de la circulation des semences, permet de caractériser les aspects immatériels de la diversité végétale échangée et constitue, comme l'ancrage géographique du réseau, un élément de caractérisation des ressources phylogénétiques.
- (iv) Les caractéristiques du réseau modifient les points de vue sur la ressource et donc les pratiques de gestion dont elle est l'objet (constitution de la collection, expérimentation, innovation).
- (v) Autre point de convergence : la précarité des deux dispositifs qui, dans un cas, peut être soumis à des catastrophes naturelles, un désintérêt des agriculteurs, une perte de la fertilité, un exode rural et dans l'autre à des aléas matériels, financiers ou de gestion.

En conclusion, nous posons la question des modalités que cette complémentarité du local et l'*ex situ* pourrait prendre. Malgré des convergences de forme entre dispositifs nationaux et locaux dans la gestion des ressources, jusqu'à quel point les deux systèmes de connaissances sur lesquels ils reposent peuvent-ils, et doivent-ils, fusionner (Carneiro Da Cunha 2010) ? Est-il important de maintenir la pluralité des systèmes de gestion des ressources phylogénétiques ? L'utilisation des expressions, aujourd'hui consacrées de *ex situ* et *in situ* avec son variant *on farm*, induit-elle une fausse symétrie et masque-t-elle un rapport de forces toujours prégnant ? Comment les dispositifs nationaux, objets aussi de controverses quant à leur efficacité, peuvent-ils reconnaître l'efficacité des dispositifs locaux, qui reposent sur une base sociale forte, et les compléter ?

Bibliographie citée

- Bonte P, and Izard M, editors. 1991. *Dictionnaire de l'ethnologie et de l'anthropologie*. Paris: Quadrige/Puf.
- Carneiro Da Cunha M. 2010. Conhecimentos tradicionais e "Cultura". 27° *Reunião de Antropologia*. Belém.

Bibliographie associée au projet BRG

- **Bazile D.**, Coulibaly H., **Martinez H.** 2011. Droits des agriculteurs sur leurs semences: le long chemin entre la conservation *in et ex situ*. Grain de sel, octobre 2010 - mars 2011 (52-53) : 15-17.
- Bustamante P.G., **Santonieri L.R.**, Lima D., Lopes N. F., Brandão D., Correia R. Procedimentos metodológicos para identificação dos guardiões da agrobiodiversidade em comunidades de agricultores familiares no norte de Minas Gerais. *Anais do VIII Congresso da Sociedade Brasileira de Sistemas de Produção*. São Luís: Produção/UEMA, Embrapa, 2010. v. 1. pp. 239-241.
- Bustamante, P.G., **Santonieri L.R.**, Lima D., Brandão D., Lopes N.F. 2010. Conservação local de recursos genéticos em áreas de comunidade de agricultores familiares no Norte de Minas: procedimentos metodológicos. Poster *Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos*. Brasília: Embrapa. v. 1. pp. 280.
- **Emperaire L.**, and Oliveira Jcd. 2010. Redes sociales y diversidad agrícola en la Amazonía brasileña : um sistema multicêntrico. In: Pocchetino ML, Ladio AH, and Arenas PM, editors. ICEB2009 – *Tradiciones & transformaciones en Etnobotánica*. Bariloche – Argentina: CYTED – RISAPRED. p 180-185.
- **Emperaire L.** (org.) 2010. *Dossiê de registro do sistema agrícola tradicional do Rio Negro*. Brasília: Iphan / IRD / Pacta / Acimrn. 235 p. (rapport pour l'enregistrement du système agricole traditionnel du Rio Negro au patrimoine immatériel brésilien).
- **Madrid D.**, 2011. Conservación *ex situ* de recursos genéticos de importancia agrícola: *El caso de la Quinoa en Chile*. Tesis de Geografía, PUCV, Valparaíso, Chile.
- **Madrid D.**, **Bazile D.**, **Martinez E.A.**, **Negrete J.** 2010. Herramientas de la geografía para mejorar la conservación de la biodiversidad agrícola. In : *Geografía del Bicentenario, XXXI Congreso Nacional de Geografía y XVI Internacional de Geografía, 19-22 de octubre de 2010, Valdivia, Chile*. s.l. : s.n., [6] p. Congreso Nacional de Geografía. 31, 2010-10-19/2010-10-22, Valdivia, Chili.
- **Martínez E.A.**, 2009. La historia de las semillas en el debate sobre la ley de protección de variedades vegetales: el caso de *Chenopodium quinoa*. In: Seguel Benítez, Ivette; León Lobos, Pedro; Muñoz Vera, Gastón; Piñeira Vargas, Jaime; Avendaño Fuentes, Lilian (eds.). VII Simposio de Recursos Genéticos para America Latina y el Caribe, 29-30 Octubre 2009, Pucón, Chile.

- **Santonieri L, Emperaire L,** and Almeida M. 2009. *Rapport intermédiaire d'avancement du projet, Approche ethnologique de la conservation ex situ au Brésil*, Sous-convention BRG – IRD n° 3584. Brasília – Campinas – São Paulo: IRD-Unicamp. 21 p.
- **Santonieri L.** 2009. A construção da diversidade agrícola e suas redes. Com. à la *VIII Réunion d'Anthropologie du Mercosud*, Buenos Aires.
- **Santonieri L,** 2011. Rapport d'activités du projet, *Approche ethnologique de la conservation ex situ au Brésil*, Sous-convention BRG – IRD n° 3584. Campinas: Unicamp. 29 p. (non traduit du portugais)
- **Santonieri L.** soutenance doctorat en anthropologie prévue pour 2012. *Agrobiodiversidade: uma etnografia de coleções e instituições* (Agrobiodiversité, une ethnographie des collections et institutions), Unicamp, Campinas.



MCKEY Doyle (Univ. Montpellier II)

>> Appel à projets FRB-CESAB 2010

NETSEED. APPROCHE INTERDISCIPLINAIRE DE LA GESTION DES SYSTÈMES DE SEMENCES, RÉSEAUX SOCIAUX D'ÉCHANGE DE SEMENCES.

Strengthening management of agrobiodiversity through social networks. An interdisciplinary method for analyzing how local seed systems impact the diversity of domesticated plants-NETSEED.

La gestion de l'agrobiodiversité conditionne la sécurité alimentaire et l'exploitation durable des écosystèmes. Les flux de semences peuvent affaiblir l'adaptation locale en introduisant des espèces ou variétés inappropriées, ou fortifier des systèmes de culture en les rendant plus adaptables aux changements. Via des méta-analyses de données combinant de l'information sur les semences échangées et sur les relations sociales entre donneurs et receveurs, nous étudierons les réseaux d'échange de semences (SEENs) entre agriculteurs pour déterminer comment leur structure – signification, direction et intensité des flux, et distribution des distances généalogiques, socioculturelles ou géographiques entre les individus ou entités sociales impliqués – influence l'agrobiodiversité. Nous examinerons comment cette structure interagit avec des facteurs socio-économiques et comment les SEENs peuvent être modifiés pour fortifier les systèmes de semences locaux. Pour surmonter les limitations d'études précédentes, nous considérerons les complémentarités entre espèces cultivées (au lieu de se concentrer sur une seule espèce) et intégrerons les processus à l'œuvre à plusieurs échelles spatiales et à plusieurs niveaux d'analyse. Nos méthodes se fonderont sur les graphes sémantiques. Nous diffuserons ces méthodes et nos résultats grâce à des articles, un symposium international, un site web et un logiciel associé à des ateliers-formation.



Mauricio R. Bellon (Bioversity International)

THE GOVERNANCE OF SEED SYSTEMS: KEY TO NEW AND USEFUL GENETIC VARIATION

The practices, rules and institutions that govern the temporal and spatial flow of crop seeds (seed systems) are fundamental to understand, maintain and influence the generation of useful genetic variation in agricultural systems. The governance of seed systems historically has allowed them to be open and decentralized, though quite local. In the last hundred years there is a trend however to make these systems closer, more centralized but with a global reach. While this trend may be useful socially in the short term, it may limit the capacity of agricultural systems to produce new and useful variation in unpredictable ways, limiting these systems ability to adapt to changing and uncertain conditions, particularly associated with climate change.

INDEX DES AUTEURS *(liste ordre alphabetique)*

- Abdellaoui S. 41
 Agbangla C. 20
 Akpovo O. 20
 Allard A. 49
 Almeida M. 76
 Aluome C. 22
 Amselem J. 16
 Antona M. 74
 Arnaud J-F. 17
 Aubertie S. 67
 Audiot A. 28
 Audrey D. 46
 Aujoulat F. 50
 Avarre J-C. 49
 Baali-Cherif D. 41
 Bakasso Y. 42
 Balfourier F. 47
 Baras E. 52
 Baret P. 56, 58
 Barnaud A. 42
 Barry B. 42
 Bastien C. 22
 Bauda P. 63
 Bazile D. 76
 Beavogui F. 42
 Bekhir K. 49
 Bellon M. 78
 Benarar D. 41
 Berard A. 22
 Berrebi P. 68
 Bertin P. 63
 Besnard G. 41
 Bessière J-M. 18
 Bibé B. 61
 Billot C. 42
 Bitton F. 22
 Boissier J. 71
 Bonhomme F. 49, 70
 Bonneuil C. 12, 57, 58
 Bonnin I. 12
 Bouche R. 28
 Bouguedoura N. 41
 Bounon R. 22
 Boutet G. 46
 Bozzano M. 51
 Brabant P. 46
 Bresson A. 22
 Briand M. 53
 Brives H. 56
 Brochard M. 43
 Brunel D. 22
 Callac P. 18
 Camara M. 42
 Canaguier A. 22
 Carayol-Costa B. 42
 Casabianca F. 28, 42, 56
 Casaregola S. 53
 Chair H. 20
 Chalhoub B. 22
 Chaput-Bardy A. 48
 Charrier A. 11
 Chatain B. 49
 Chauvin J.E. 46
 Chave J. 17
 Chiarolla C. 43
 Chuat V. 53
 Collignon C. 38
 Collin E. 51
 Coquin P. 47
 Couix N. 28, 56
 Courdier M. 43
 Couty A. 53
 Creppy J. 18
 Cubry P. 20
 Damesin C. 15
 Danchin-Burge C. 44, 61
 Dansi A. 20
 Danvy S. 55
 Daunay M.C. 47
 David J. 12
 de Boer W. 38
 Debarle G. 45
 Delattre M. 53
 Demeulenaere E. 57, 58
 Desmarais E. 49
 Dounias E. 37
 Dowkiw A. 22
 Doyen L. 66
 Ducasse A. 16
 Duclos D. 61
 Ducouso A. 25
 Dumasy J-F. 56
 Duroy P.O. 20
 Dussert S. 40
 El-Maki R. 22
 Empereire L. 76
 Escoute J. 40
 Esnault F. 46
 Estèves K. 50
 Fahmi M.R. 52
 Faivre Rampa P. 22
 Faure D. 73
 Favel A. 53
 Fischer-Le SauM. 53
 Fons F. 47
 Frey-Klett P. 38
 Futakuchi K. 63
 Gaillard C. 28, 43, 56
 Galic N. 57
 Gallard A. 40
 Gambotti J.Y. 42
 Gargadennec A. 47
 Gautier A. 16
 Geoffriau E. 47, 48
 Gérard M. 56
 Gerber S. 25
 Girard N. 28
 Goffaux R. 12
 Goldringer I. 12, 57, 58
 Gouesnard B. 48
 Gout L. 16
 Grapin A. 40
 Grégoire A. 49
 Guerin V. 22
 Guichard C. 22
 Guinand B. 49
 Guinberteau E. 18
 Guyomard R. 69
 Haffray P. 69, 70
 Haon M. 53
 Helloin E. 53
 Hervé M. 46
 Hoffmann I. 12
 Höppener-Oga S. 38
 Hospital F. 58
 Huamán E. 49
 Huang E. 18
 Huard A. 53
 Hubert J. 51
 Jacques N. 53
 Jacques I. 53
 Jenczewski E. 27
 Joly T. 49
 Jorge V. 22
 Jouanne-Pin S. 57
 Jumas-Bilak E. 50
 Kastler G. 50

INDEX DES AUTEURS

- Kerrigan R.W. 18
Khan A.R. 57
Koskela J. 51
Kraigher H. 51
Labatut J. 28, 56
Lambert-Derk A. 28
Lantier F. 61
Lantier I. 61
Largeteau M. 18
Lauga B. 32
Lauvie A. 28, 42, 56
Le Boursicaud B. 53
Le Clainche I. 22
Lefèvre F. 51, 67
Legendre M. 52
Legrand V. 53
León S. 49
Leroy G. 53, 61
Lesage-Meess L. 53
Lespaslier M.C. 22
Leterme E. 54
Levadoux M. 69
Leveau J. 38
Longauer R. 51
Lortal S. 53
Louis-MondésC. 53
Luro F. 13
Madec M-N. 53
Madrid D. 76
Maestrini O. 42
Malavieille S. 48
Manel S. 24
Marchandin H. 50
Marsal P. 48
Martinez E. 76
Masseret E. 63
Masson-BoivinC. 29
McCoy K.D. 31
McKenzie D. 49
McKey D. 78
Mériaux J-C. 53, 70
Michon G. 37
Moehbili N. 22
Monfort P. 50
Montalent P. 12
Morillon R. 13
Mougenot C. 56
Moukha S. 18
Moureaux S. 43, 61
Mugnier S. 43, 56
Muller M-H. 33
Muller T. 42
Musch B. 25
Navaro RodrigA.M.P. 18
Navarro D. 53
Neema C. 16
Noë G. 61
Noel P. 48
Noyer J-L. 42
Oger P. 38
Olik D.C. 51
Ory J. 47
Palhière I. 61
Parayre S. 53
Parodi C. 53
Parra L.A. 18
Pham J-L. 20, 42
Piganeau G. 34
Pitrat M. 47
Porcher E. 58
Portier P. 53
Pouyaud L. 52
Prior P. 35
Priyadi A. 52
Rapior S. 18, 47
Rault P. 69
Reduron J.P. 48
Remoue C. 57
Rivière P. 54
Robert F. 74
Rognon X. 53, 61
Roumagnac P. 24
Sabbagh M. 55
Saint-Jean S. 73
Salazar E. 76
Sampoux J-P. 36, 55
San Cristobal M. 56
Santonieri L. 76
Satyani D. 52
Savoie J-M. 18
Schüler S. 51
Segura V. 22
Sié M. 63
Sime-Ngando T. 18
Sinsin B. 20
Slembrouck J. 52
Slugocki C. 53
Solano Solis J. 46
Stassart P. 56
Stayaert P. 56
Steinbach D. 22
Subandiyah S. 52
Sudarto 52
Taussac S. 53
Teinturier P. 42
Thevenon S. 68
Thomas M. 57
Thomas F. 74
Tribouillet S. 53
Turpault M-P. 38
Uroz S. 38
Valence-BerteF. 53
Vallaeys T. 50
van der Berg M. 38
van Dorsselae A. 63
Vandeputte M. 49
Vanhove A. 50
Verdeil J-L. 40
Vergnet A. 49
Verrier E. 28, 43, 56, 61
Vigouroux Y. 13
Vincent S. 22
Wagner S. 25
Walker A-S. 16
Welcker C. 48
Willcox G. 68
Zanetto A. 48

Héritière du Bureau des Ressources Génétiques (BRG) et de l'Institut Français de la Biodiversité (IFB), la FRB a pour mission de soutenir la recherche et promouvoir les activités d'expertise et de synthèse des connaissances sur la biodiversité. Elle oeuvre pour replacer la biodiversité dite domestique au coeur du champ biodiversité et soutient par conséquent la recherche sur les ressources génétiques et diversité infra-spécifique. Parmi d'autres actions, elle encourage la mise en cohérence des systèmes de recherche pour l'observation, la caractérisation et la gestion de la biodiversité, y compris dans sa composante domestique.

Ce colloque est l'occasion de présenter les projets sur les ressources génétiques financés par les appels à projets de recherche lancés par le BRG, la FRB et ses partenaires. Les participants seront également invités à formuler des pistes de réflexion sur les priorités et orientations à mener pour protéger et valoriser la biodiversité domestique nationale, patrimoine né de la relation entre les Hommes et la nature qui devra être mobilisé pour faire face à nos besoins futurs.

FONDATION POUR LA RECHERCHE SUR LA BIODIVERSITÉ

195, rue Saint-Jacques
75005 PARIS
www.fondationbiodiversite.fr

La Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité est un point de convergence entre les différents acteurs scientifiques et les acteurs de la société de la biodiversité. Elle a été officiellement lancée en 2008, suite au Grenelle de l'environnement, par les Ministères en charge de la recherche et de l'écologie et créée par huit établissements publics de recherche. Susciter l'innovation, promouvoir des projets scientifiques en lien avec la société et développer études, synthèses et expertises sont autant d'actions au coeur de son dispositif. À ce jour, une centaine de structures, associations, entreprises, gestionnaires ou collectivités, ont rejoint la FRB autour d'un but : relever ensemble les défis scientifiques de la biodiversité.



LES MEMBRES FONDATEURS DE LA FRB :

