



HAL
open science

Quels indicateurs pour suivre la diversité génétique des plantes cultivées ? Le cas du blé tendre en France depuis un siècle.

Robin Goffaux, Isabelle Goldringer, Christophe Bonneuil, Pierre Montalent,
Isabelle Bonnin

► To cite this version:

Robin Goffaux, Isabelle Goldringer, Christophe Bonneuil, Pierre Montalent, Isabelle Bonnin. Quels indicateurs pour suivre la diversité génétique des plantes cultivées ? Le cas du blé tendre en France depuis un siècle.. [Rapport Technique] 2011. hal-02810480

HAL Id: hal-02810480

<https://hal.inrae.fr/hal-02810480v1>

Submitted on 6 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.



Quels indicateurs pour suivre la diversité génétique des plantes cultivées ?



//////////////////// le cas du blé tendre
//////////////////// cultivé en France depuis un siècle



Quels indicateurs pour suivre la diversité génétique des plantes cultivées ?



//////////////////// le cas du blé tendre
////////// cultivé en France depuis un siècle

AUTEURS : GOFFAUX R.¹, GOLDRINGER I.², BONNEUIL C.³, MONTALENT P.² & BONNIN I.¹

¹ Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité, Paris

² INRA – UMR génétique végétale, Gif-sur-Yvette

³ CNRS – Centre Alexandre Koyré d'histoire des sciences et des techniques, Paris

COMITÉ DE RELECTURE SCIENTIFIQUE DE CE DOCUMENT :

Devra Jarvis – Bioversity international, Rome

Romain Julliard – MNHN, Paris

François Lefèvre – INRA, Avignon – membre du CS de la FRB

Marianne Lefort – Agroparistech, Paris

Jean-Louis Pham – IRD, Montpellier

Dominique Richard – Agence Européenne de l'Environnement /

Centre thématique européen pour la diversité biologique, Paris

Jean-François Silvain – IRD, Gif-sur-Yvette – président du CS de la FRB

REMERCIEMENTS :

AUX FOURNISSEURS D'INFORMATIONS, DE CONSEILS ET DE DONNÉES :

Claire Hamon, stagiaire de M2

Isabelle Vouette, historienne

Céline Pessis, doctorante en histoire

Nathalie Galic, INRA du Moulon

Mathieu Thomas, INRA du Moulon

Siva Nandy, stagiaire

François Balfourier, INRA Clermont-Ferrand

Audrey Didier, INRA Clermont-Ferrand

Jean Koenig, INRA Clermont-Ferrand

Charles Poncet, INRA Clermont-Ferrand

Astrid Wilmotte, INRA Ivry/Seine

Chantal Roumier, DRAAF Bourgogne

Dominique Boilon, DRAAF Auvergne

Jean-Pierre Gouriou, DRAAF Rhône-Alpes

Nadine Viatte, DRAAF Champagne-Ardenne

Pascal Lombezi, DRAAF Basse-Normandie

Philippe Guérin, DRAAF Pays de la Loire

Olivier Maury et **Isabelle Huon**, DDEA 62/SEA

Pierre Venteau, CA Haute-Vienne

Elise Demeulenaere, CNRS

Florent Mercier, Paysan

Roger Judenne, Ecrivain

Le Réseau Semences Paysannes

Olivier Acher, FranceAgrimer

Aurélien Maillard, GEVES

Philippe Silhol, GNIS

Delphine Guey, GNIS

L'équipe de la Société d'édition et de diffusion d'informations sur les semences et plants

François-Xavier Oury, INRA

Valérie Montelle, Bibliothèque municipale de Dijon

Les personnels des services des Archives Départementales

Le service Agreste

AUX FOURNISSEURS DE MATÉRIEL GÉNÉTIQUE :

COLLECTIONS NATIONALES : **Siyka Stoyanova**, Bulgarie | **Roman**

L. Boguslavsky, Ukraine | **Agnese Gailite**, Lituanie | **Noortje Bas**, Hollande | **Liebeth de Groot**, Hollande | **Dag Endresen**, Suède | **Fredrik Ottosson**, **Suëdelva Faberova**, République Tchèque | **Helmut Knuepffer**, Allemagne | **Gert Kleijer**, Suisse | **Zsófia Hock** et **Simon Attila**, Hongrie | **Michaela Benkova** et **Pavol Hauptvogel**, Slovaquie | **Marcin Zaczynski** et **Mariusz Chojnowski**, Pologne | **Mike Ambrose**, Royaume-Uni.

SEMENCERS ET OBTENTEURS : **Annette Olesen**, Svalöf Weibull | **Bengt Jacobsson**, Svalöf Weibull AB | **Anton Melesi** et **Chris Tapsell**, KWS UK Ltd | **Birgit Leslie** et **Reinhard von Broock**, KWS Lochow GMBH | **Cyril Galien**, SARL Raoul Rolly | **Adrien Dekeyser**, Obtenteur de Tourmalin et **Emmanuelle Escarnot**, CRA Wallonie | **Bernard Rolland**, INRA-Rennes | **Bernard Duperrier** et **Thierry Ronsin**, Limagrain Verneuil Holding | **Pascal Cambournac**, **Alain Vanbesien** et **Eric Margalé**, Serasem | **Carine Roussillot** et **Gilles Stagnaro**, Nickerson | **Catherine Morgan**, Unisigma | **Massimo Bellotti**, Società Produttori Sementi SpA | **Ludwig Ramgraber**, Saatzucht Josef Breun GdB | **Jost Dörnte**, Delley semences et plantes SA | **Eric Devron** et **Thomas Poissonnet**, Syngenta | **Georg Schweiger**, Saatzucht Schweiger GbR | **Jean-Pierre Aubertie**, Agri Obtentions | **Jean-Michel Delhay**, Ets Lemaire Deffontaines Semences | **Jérôme Vansuyt** et **Philippe Lonnet**, SAS Maison Florimond Desprez | **Lars Eriksen**, Sejet Plantbreeding | **Isabelle Dedrie**, Clovis Matton | **Claude Tabel** et **Christophe Michelet**, RAGT | **Nicolas BouSSION** et **Marie-France Nogues**, Secobra Recherches | **Thierry Duhamel**, Momont | **Thierry Moitié** et **Volker Lein**, Saaten Union Recherche.

CITATION :

Goffaux R, Goldringer I, Bonneuil C, Montalent P & Bonnini 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 synthèse, 2011, 44 pages.

© FRB, 2011

ISBN : 978-2-9539194-2-4 (IMPRIMÉ)

ISBN : 978-2-9539194-3-1 (PDF)

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

COORDINATION : **C. Adda**, **M. Le Jars**

ILLUSTRATIONS EXTRAITES DE : Les meilleurs blés (1880), Description et culture des principales variétés de froments d'hiver et de printemps - **Vilmorin-Andrieux et Cie** – Paris.

PHOTOGRAPHIES : **J-M Bossenec**, **INRA/S.Slagmulder** ;

Agropolis-Museum, **I.Goldinger**, **INRA/J.Weber**

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

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

Dépôt légal septembre 2011 - Achevé d'imprimer septembre 2011



SOMMAIRE

PRÉAMBULE	5
A] CONTEXTE DE LA MISE EN PLACE D'UN SUIVI DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DES PLANTES CULTIVÉES	7
A.1 Cadre général.....	7
A.2 Pourquoi suivre l'état de la biodiversité domestique végétale ?	7
A.3 Un besoin urgent d'indicateurs pour évaluer les tendances actuelles des changements	8
A.4 Une étude de cas sur la diversité génétique du blé tendre cultivé en France.....	8
B] RECHERCHE ET SÉLECTION DES INDICATEURS EXISTANTS PERTINENTS DANS LA LITTÉRATURE	11
B.1 Principaux types d'indicateurs de diversité génétique utilisés	11
B.2 Suivis temporels nationaux et internationaux de la diversité génétique du blé tendre.....	12
B.2.1 Intégration des variations aux échelles spatiales locales et larges	12
B.2.2 Variations générales observées	13
B.2.3 Suivis de la diversité génétique identifiés dans la littérature les plus pertinents pour cette étude et tendances observées	13
B.2.4 Vers la prise en compte de la diversité intravariétale	14
B.3 Construction d'un tableau de bord de suivi de l'état de la diversité génétique du blé tendre.....	16
B.3.1 Cahier des charges	16
B.3.2 Sélection des indicateurs à intégrer au tableau de bord	16
B.3.3 Cohérence et relations entre les indicateurs du tableau de bord.....	18
C] APPLICATION DU TABLEAU DE BORD POUR LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DU BLÉ TENDRE CULTIVÉ EN FRANCE	19
C.1 Données requises	19
C.1.1 Données de répartitions variétales	19
C.1.1.1 Données rassemblées	19
C.1.1.2 Exhaustivité et fiabilité des données.....	19
C.1.2 Données génétiques	20
C.1.2.1 Obtention de génotypes de référence.....	20
C.1.2.2 Prise en compte de la diversité intravariétale	20
C.2 Construction de la base de données "French wheat diversity"	21
C.3 Analyse des sources pour les données de répartition spatiale.....	21
C.4 Identifier les dynamiques territoriales de la diversité génétique du blé tendre cultivé en France au cours du XX ^{ème} siècle.....	21
D] RÉSULTATS DE L'UTILISATION DU TABLEAU DE BORD PROPOSÉ	23
D.1 Zoom sur deux départements.....	23
D.1.1 Variations du nombre de variétés (niveau 1 du tableau de bord).....	23
D.1.2 Variations des indices SW de Shannon, Es de Simpson et J de Piélou (niveau 2 du tableau de bord)	23
D.1.3 Variations de l'indice H de Nei (niveau 2 du tableau de bord).....	25
D.1.4 Variations de l'indice H* (niveau 3 du tableau de bord).....	25
D.1.5 Variations de l'indice Ht* (niveau 4 du tableau de bord).....	25
D.1.6 Apport du tableau de bord à l'estimation de la diversité	25

D.2	Cohérence territoriale des changements observés de la diversité génétique	26
D.2.1	Analyse en composantes principales.....	26
D.2.2	Regroupement des départements ayant des tendances de changements de diversité (H_t^*) similaires	26
D.3	Comparaison des changements observés aux échelles départementale et nationale	29
D.3.1	Variations du nombre de variétés (niveau 1 du tableau de bord).....	29
D.3.2	Variations des indices SW de Shannon, ES de Simpson et J de Pielou (niveau 2 du tableau de bord)	29
D.3.3	Variations de l'indice H de Nei (niveau 2 du tableau de bord).....	31
D.3.4	Variations de l'indice H^* (niveau 3 du tableau de bord).....	31
D.3.5	Variations de l'indice H_t^* (niveau 4 du tableau de bord).....	32
D.4	Synthèse et discussion	32
E]	CONCLUSION	37
E.1	Un tableau de bord dont l'intérêt est démontré	37
E.2	Une approche généralisable à d'autres espèces.....	38
E.3	Perspectives.....	38
	Références bibliographiques.....	39
	ANNEXE	43

PRÉAMBULE

Outil des organismes de recherche et point de convergence entre scientifiques et porteurs d'enjeux, la FRB est une plateforme où les connaissances, les attentes et les priorités de recherche sur la biodiversité sont identifiées collectivement. Elle a entre-autre pour mission de promouvoir les activités de synthèse des connaissances en matière de recherche sur la biodiversité et d'encourager la mise en cohérence des observatoires de la biodiversité, y compris dans sa composante Ressources Génétiques (RG).

Quels sont les indicateurs à développer et à utiliser pour disposer d'un véritable tableau de bord de l'état de la biodiversité en France ? Cette question cruciale des indicateurs de suivi de la biodiversité est centrale pour les membres du Conseil d'Orientation Stratégique (COS¹) de la FRB, qui ont constitué en 2009 un groupe de travail sur ce thème. Il s'agit d'un enjeu également prioritaire dans la prospective scientifique de la FRB [1] rédigée par son Conseil Scientifique à la demande du Ministère de l'Enseignement supérieur et de la Recherche. Ce document met en avant la nécessité d'évaluer les effets des activités humaines sur la diversité génétique des espèces sauvages et domestiques. Ceci implique de « Développer des outils et des indicateurs d'évaluation des politiques sectorielles pour la protection de la biodiversité », notamment pour la « gestion de ressources génétiques » [1, p. 79]. Cette orientation se fait l'écho des préoccupations du COS qui dans son 'Regard sur la Prospective' [1, p. 90-91] énonce que : « le COS souhaite qu'un investissement fort soit fait sur la biodiversité de proximité, étroitement liée aux activités humaines (biodiversité agricole par exemple). Il souligne que la France souffre d'un vrai déficit en terme de connaissance de son patrimoine en biodiversité. [...] Parmi les questions à creuser, le COS retient notamment [...] la biodiversité agricole sauvage, cultivée et élevée et l'impact des politiques publiques sur celle-ci ».

1. Conseil d'Orientation Stratégique : instance de la FRB rassemblant des porteurs d'enjeux de la biodiversité (ONG, associations, entreprises, collectivités territoriales, gestionnaires d'espaces et de ressources écologiques et génétiques). Il émet des avis et formule des propositions relatives aux missions de la FRB, aux orientations de ses travaux, ainsi qu'à leur valorisation.

ZOOM

In situ : correspond dans ce document aux ressources génétiques mises en culture au champ par les agriculteurs.

Ex situ : correspond dans ce document aux ressources génétiques conservées dans les collections de ressources génétiques ou en banques de gènes et aux listes de variétés commercialisables inscrites au catalogue officiel des espèces et variétés.

La présente étude est un des nécessaires investissements à réaliser sur ces questions. Elle s'appuie sur une équipe de chercheurs ayant auparavant travaillé sur les indicateurs de diversité génétique des plantes cultivées avec le soutien du Bureau des Ressources Génétiques (BRG) [2, 3]. Le premier volet de la présente étude est une synthèse de la littérature sur les indicateurs disponibles pour suivre l'évolution de la diversité génétique des plantes cultivées en situation **ex situ** et plus encore **in situ** (voir encadré zoom). Dans le second volet, l'étude présente une application d'indicateurs pertinents, permettant de suivre les variations de diversité génétique d'une plante cultivée. Le cas d'étude est le blé tendre (*Triticum aestivum*) cultivé sur le territoire français depuis un siècle. Un jeu d'indicateurs est choisi, organisés en un tableau de bord, permettant d'analyser les différentes facettes de l'état de la diversité génétique d'une plante donnée *in situ*.



A]

CONTEXTE DE LA MISE EN PLACE D'UN SUIVI DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DES PLANTES CULTIVÉES

A.1 CADRE GÉNÉRAL

La prise de conscience de l'importance de préserver la biodiversité a conduit au développement et à l'utilisation d'indicateurs de suivi, permettant de mesurer son état et évaluer ses changements aux niveaux international et national. En France, avec l'adoption en 2004 de la Stratégie nationale pour la biodiversité (SNB), différents indicateurs ont été construits pour informer le public sur l'état et l'évolution de la biodiversité sur le territoire métropolitain et d'outre-mer. Divers indicateurs retenus pour le suivi de la mise en œuvre de la SNB [4, page 5] portent sur l'abondance et la distribution de groupes d'espèces sélectionnées (oiseaux communs, papillons, poissons d'eau douce, poissons marins pêchés) ainsi que sur le statut des espèces menacées. La sélection de ces indicateurs s'est largement appuyée sur les réflexions menées au niveau européen dans le cadre du programme SEBI 2010 (Streamlining european biodiversity indicators towards 2010) de la stratégie européenne pour la biodiversité. Le SEBI 2010 s'inspirant lui-même des réflexions engagées dans le cadre de la Convention sur la diversité biologique (CDB).

Bien que la pertinence de mettre en place de tels systèmes de suivi est manifeste, aucun indicateur ne permet de suivre de façon satisfaisante l'état et les changements de la biodiversité domestique, les « **Ressources Génétiques** » (RG). Les seuls indicateurs retenus à ce jour pour suivre l'évolution de la diversité génétique domestique dans le cadre de la SNB sont : le nombre de races animales et de **variétés** végétales (cf. zoom).

A.2 POURQUOI SUIVRE L'ÉTAT DE LA BIODIVERSITÉ DOMESTIQUE VÉGÉTALE ?

Mesurer les changements d'état des ressources génétiques domestiques végétales et leur niveau de

ZOOM

Reconnues comme partie intégrante de la biodiversité depuis la CDB en 1992 [Article 1^{er}, 5], on entend ici par **Ressources Génétiques** le matériel génétique ayant une valeur effective ou potentielle [Article 2, 5] dont la diversité doit être propre à couvrir nos besoins présents et futurs.

La variété est une unité taxinomique de niveau inférieur au rang d'espèce. Elle désignait au XIX^{ème} siècle des ensembles de génotypes cultivés conjointement, co-évoluant ensemble et plus ou moins identiques génétiquement, regroupés sous l'appellation « **variétés de pays** ». La variété est maintenant définie par l'UPOV (Union internationale pour la Protection des Obtentions Végétales) selon des critères précis impliquant notamment une homogénéité génétique plus poussée de ces variétés modernes.

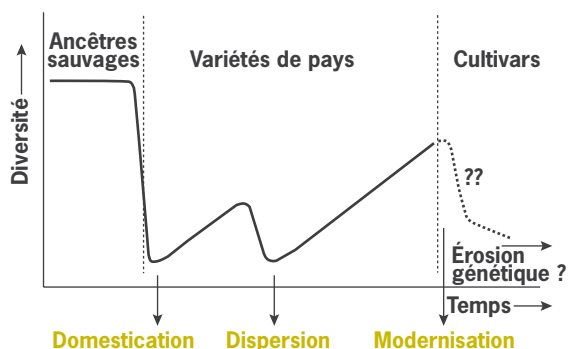
diversité est important notamment car elles représentent le matériel utilisable par l'Homme pour faire face aux enjeux que sont le changement climatique ou le développement d'une agriculture plus durable. De plus, les RG mises en culture sur un territoire peuvent en influencer la biodiversité, y compris sauvage. En effet, certains travaux montrent que la diversité génétique à l'intérieur d'une espèce qui domine un écosystème peut fortement structurer des processus écologiques, notamment par l'augmentation de la variabilité des traits fonctionnels et la plus grande diversité des interactions facilitatrices [6, 7, 8]. Comme démontré chez le peuplier [9, 10] et le blé [11], la composition génétique des populations de la plante dominante d'un écosystème est corrélée à la composition des communautés d'arthropodes associées.

Différents facteurs peuvent être à l'origine des changements de diversité. D'après van de Wouw et al. [12, Figure 1], des variations brutales de diversité génétique peuvent survenir après la domestication d'une plante. Elles interviennent notamment lors de l'isolement reproducteur d'un ensemble limité d'individus sur un territoire. De telles variations interviennent aussi en lien avec les techniques de sélection et de diffusion des variétés développées lors de la modernisation de l'agriculture (cf partie B.2.2). Cependant, van de Wouw et al. [12] notent que la diversité trouvée dans les **variétés de pays** augmente souvent après le goulot d'étranglement initial, et parfois à des niveaux similaires à ceux trouvés dans les espèces sauvages.

Ces auteurs précisent que peu de données existent pour évaluer les effets récents de la modernisation de l'agriculture.

FIGURE 1

MODÈLE DE VARIATIONS TEMPORELLES DE DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE POUR UNE ESPÈCE DE GRANDE CULTURE DEPUIS LES ANCÊTRES SAUVAGES JUSQU' AUX CULTIVARS MODERNES [12]



Différents événements peuvent provoquer des goulots d'étranglement génétique : par la domestication des ancêtres sauvages, par la dispersion d'un nombre limité de variétés sur un nouveau territoire, ou par les techniques modernes de création de cultivars.

Les rapports Global Biodiversity Outlook 2 de 2006 [13] et Global Biodiversity Outlook 3 de 2010 [14] pointent une tendance à la baisse de la diversité génétique, particulièrement chez les plantes cultivées : « Il est probable que la diversité génétique des espèces cultivées soit en régression, mais l'étendue de ce déclin et son impact général sont insuffisamment bien appréhendés. » [14, Tableau 2, p. 22]. La conservation de la diversité génétique est fortement encouragée dans le domaine de l'ex situ (les deux dernières grandes initiatives en date étant le Global Seed Vault¹ à Svalbard en Norvège pour les plantes cultivées et le Millenium Seed Bank Project² à Kew en Angleterre pour les plantes sauvages). Malgré cela, le rapport GBO3 observe que la biodiversité *in situ*, et notamment la diversité génétique, n'est pas maintenue dans les paysages [14].

1. www.regjeringen.no/en/dep/lmd/campain/svalbard-global-seed-vault.html

2. www.kew.org/science-conservation/save-seed-prosper/millennium-seed-bank/

Le second rapport de la FAO sur les Ressources Phytogénétiques [15] et le Quatrième Rapport National de la France à la CDB [16], dressent un constat similaire. Ils soulignent que la pression exercée par les variétés modernes à forte productivité sur les variétés traditionnelles fait obstacle à la promotion de la conservation de la diversité génétique [15, page 17, 16, page 79]. Le nombre de variétés inscrites au catalogue est en augmentation et d'importantes ressources génétiques se trouvent dans les collections d'organismes publics, privés ou associatifs. Toutefois, aucune référence quantitative à la situation de la diversité *in situ* n'est mentionnée dans ces rapports.

A.3 UN BESOIN URGENT D'INDICATEURS POUR ÉVALUER LES TENDANCES ACTUELLES DES CHANGEMENTS

Le SBSTTA, organe scientifique de la CDB, a produit un rapport en 2010 sur les indicateurs permettant d'évaluer les progrès réalisés par rapport aux objectifs de biodiversité fixés pour 2010, notamment pour la diversité génétique des animaux domestiques, des plantes cultivées et des espèces de poissons d'importance socio-économique majeure [17]. Il note que si « les efforts de conservation représentent une réponse à la perte de ressources génétiques et une tentative de maintenir la diversité à long terme, il ne s'agit pas d'une mesure des tendances de la diversité génétique ». Aussi préconise-t-il que « des informations sur la conservation *in situ* des ressources génétiques [soient] incorporées dans l'indicateur dès que les données et la méthodologie pour calculer un tel indicateur seront disponibles » [17, p. 8, art. 34].

La France a, de son côté, exprimé ses besoins en termes d'outils de suivi de l'état et de l'évolution de la biodiversité cultivée dans le texte de sa SNB [4]. Comme le SBSTTA, elle déplore un déficit d'indicateurs disponibles et note que le nombre de variétés végétales enregistrées est un indicateur insuffisant. En effet, il « ne permet pas de suivre l'évolution des variétés traditionnelles, ni d'apprécier l'utilisation relative, en importance, des variétés répertoriées ; il ne donne ainsi pas d'information sur les tendances à l'homogénéisation. Il est de plus limité aux variétés commercialisées faisant l'objet d'une réglementation et donc inscrites. » [4, p. 29].

A.4 UNE ÉTUDE DE CAS SUR LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DU BLÉ TENDRE CULTIVÉ EN FRANCE

Les indicateurs de l'état des RG *in situ* font donc défaut pour suivre les tendances de la diversité génétique des plantes cultivées. Pour reprendre les préconisations de la SNB, il est essentiel de tenir compte, de la manière la plus complète possible,

de la diversité génétique en place, c'est-à-dire réellement cultivée, sur le territoire français et au cours du temps. Son suivi, pour être suffisamment exhaustif, doit prendre en compte non seulement la diversité génétique existante entre les variétés, tant en termes de richesse des variétés que d'équitabilité de leurs répartitions spatiales dans les paysages, mais aussi celle à l'intérieur des variétés. Un tel suivi devra également remonter aussi loin dans le temps que les données disponibles le permettent.

La démarche proposée ici consiste à mobiliser un ensemble d'indicateurs relevés dans la littérature et permettant la construction d'un tableau de bord de suivi de la diversité génétique d'une plante cultivée en France au cours du temps.

L'espèce blé tendre (*Triticum aestivum*) est, et a été, très cultivée en France. Il s'agit de l'espèce occupant le plus de surfaces et dont les volumes de production sont de

loin les plus importants vis-à-vis des autres espèces³, couvrant plus de 6,5 millions d'hectares en 1912 et encore plus de 4,5 actuellement et dans de nombreuses régions. Le blé occupe ainsi plus de 30 000 ha dans au moins 50 départements tout au long du XX^{ème} siècle. Le blé, espèce de grande culture, occupe le 4^{ème} rang mondial en volume des plantes cultivées dans le monde avec plus de 680 millions de tonnes produites en 2008⁴.

Des travaux préliminaires [2, 18] soutenus par le BRG ont montré que les données existent pour développer un système de suivi de la diversité génétique du blé tendre : les données génétiques nécessaires sont ainsi pour la plupart disponibles à l'INRA et les données de surfaces cultivées le sont dans les archives départementales pour le siècle passé.

3. Informations obtenues sur le site : www.agpb.fr/fr/chiffre/recolte_france.asp consulté le 10-11-2010.

4. Informations obtenues sur le site : <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx> consulté le 28-03-2011



B] RECHERCHE ET SÉLECTION DES INDICATEURS EXISTANTS PERTINENTS DANS LA LITTÉRATURE

Les indicateurs sont des outils qui synthétisent des ensembles de données complexes et souvent disparates [19, page 12]. Ils ont quatre fonctions de base : simplifier, quantifier, standardiser et communiquer. Pour être efficaces, ils doivent notamment être robustes, fiables et précis, compréhensibles et utilisables par un grand nombre d'acteurs, pertinents par rapport à l'objectif visé, d'un coût acceptable par rapport au service qu'ils rendent et permettre un suivi dans le temps.

Ces indicateurs peuvent être plus ou moins élaborés en fonction de la complexité des paramètres à prendre en compte. Pour suivre l'état de la biodiversité, les indicateurs à paramètre unique – par exemple l'abondance d'une espèce patrimoniale – sont incomplets. Il faut parfois s'orienter vers des indicateurs composites pouvant être estimés par le calcul d'indices [20, page 17].

B.1 PRINCIPAUX TYPES D'INDICATEURS DE DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE UTILISÉS

Les références consultées portant sur les indicateurs de l'état et du suivi des RG végétales (plus de 160, cf Annexe n°1 en ligne) font appel en grande partie aux catégories d'indicateurs déjà citées dans le premier rapport de la FAO sur l'état des ressources phytogénétiques pour l'agriculture et l'alimentation [21]. Ces indicateurs sont utilisés par les sélectionneurs et les chercheurs pour appréhender la diversité génétique des plantes de grandes cultures sur des niveaux d'organisation allant des gènes jusqu'aux champs. Ils peuvent, selon la nature des travaux, être adaptés, complétés ou agrégés pour former de nouveaux indicateurs.

Les méthodes les plus fréquemment utilisées par les chercheurs pour évaluer la diversité génétique d'une espèce

TABLEAU B-1

Principales méthodes de mesure de la diversité génétique des plantes cultivées [de 21 et 22]. RFLP = Polymorphisme de longueur des fragments de restriction ; AFLP = Polymorphisme de longueur des fragments amplifiés ; RAPD = Amplification aléatoire d'ADN polymorphe ; SSR : Polymorphisme de répétition de séquences simples (microsatellites) ; SNP = Polymorphisme d'un site nucléotidique.

MÉTHODE	VARIATION DÉTECTÉE	REPRODUCTIBILITÉ ENTRE ESSAIS	TYPE DE CARACTÈRE ANALYSÉ
Phénotypique	Faible à moyenne	Moyenne	Caractère agro-morphologique
Analyse généalogique	Faible à moyenne	Bonne	Nombre d'ancêtres communs
Isozymes	Faible	Bonne	Protéines
RFLP	Moyenne	Bonne	ADN
RAPD	Moyenne	Médiocre	ADN
AFLP	Moyenne à élevée	Moyenne	ADN
SSR	Elevée	Bonne	ADN
SNP	Elevée	Bonne	ADN

de plante domestique (Tableau B-1) utilisent des données :

- ▶ généalogiques [22, 24, 25],
- ▶ morphologiques [26, 27, 28],
- ▶ biochimiques obtenues par l'analyse d'isozymes [29, 30] et de protéines de stockage [31, 32],
- ▶ de séquences de l'ADN permettant une meilleure discrimination génétique de génotypes différents [33, 34, 35],
- ▶ de comptage de variétés utilisées pour évaluer la richesse variétale indépendamment de la proximité génétique de ces variétés [36, 37].

Ces méthodes sont davantage utilisées pour caractériser des pools génétiques *ex situ* que pour définir la réalité territoriale de la diversité génétique mise en culture. Dans de rares cas, des évaluations s'intéressent à la diversité cultivée *in situ* par les agriculteurs [38, 39, 40]. Parmi ces dernières études, un nombre encore plus restreint intègre des données sur la répartition des variétés sur un territoire au cours du temps [41, 42], alors que cette information est primordiale pour l'évaluation *in situ*. Sa prise compte est recommandée par les experts de l'OCDE [43].

Dans la littérature, les indicateurs existants appliqués aux espèces cultivées ont trois finalités principales :

- (I) Identifier des sources de diversité pouvant enrichir des programmes de sélection et de création variétale ;
- (II) Créer des core-collections ou 'collections noyau', (nombre restreint d'**accessions** de la collection renfermant un maximum de diversité) pour la conservation en banques de gènes et faciliter leur utilisation ;
- (III) Comprendre les variations au cours du temps et/ou dans l'espace de la diversité génétique conservée *ex situ* ou cultivée.

Le nombre de variétés est un indicateur de la diversité variétale. Il ne renseigne pas directement sur la diversité génétique puisqu'il n'intègre pas de données génétiques.

De plus, dans les régions où les variétés de pays sont gérées par des réseaux d'agriculteurs, diverses études [44, 45] ont montré que les noms répertoriés ne reflétaient pas la diversité représentée. Certains noms peuvent couvrir des variétés différentes, et une même variété peut être reconnue sous plusieurs noms. Les noms d'usage utilisés par les gestionnaires renvoient, dans une certaine mesure, à la diversité agromorphologique, biochimique ou moléculaire, et sont plus ou moins répandus à différentes échelles géographiques [44, 45]. L'abondance *in situ* d'une variété cultivée peut être évaluée à partir des surfaces qu'elle occupe. Les techniques de marquage moléculaire du génome permettent d'autre part d'intégrer plus directement une

ZOOM

Une accession est un lot de graines conservé dans une banque de graines identifié par un numéro unique, un lieu d'échantillonnage, une personne ayant fourni le lot de graines ainsi que des informations complémentaires utiles à sa description (appelées « données passeports »).

Une population est constituée des plantes d'une variété donnée cultivées et se reproduisant ensemble dans une ferme selon les mêmes modalités [à partir de 46].

information génétique dans les indicateurs, en observant la diversité génétique au sein d'un ensemble de variétés ou dans les paysages. La diversité génétique est non seulement présente entre les variétés mais peut aussi exister à l'intérieur même des variétés, comme pour les variétés dites « **populations** ».

Pour avoir des suivis fiables et mesurer de façon correcte la diversité génétique d'une espèce cultivée dans l'espace et dans le temps, il faut donc tenir compte :

- ▶ des surfaces occupées par les différentes variétés
- ▶ de la variabilité génétique entre ces variétés (intervariétale)
- ▶ de la variabilité à l'intérieur de ces variétés (intravariétale).

B.2 SUIVIS TEMPORELS NATIONAUX ET INTERNATIONAUX DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DU BLÉ TENDRE

B.2.1 INTÉGRATION DES VARIATIONS AUX ÉCHELLES SPATIALES LOCALES ET LARGES

Le point 14 du rapport du SBSTTA 10 de la CDB [17] rappelle qu'« avec les variétés de plantes cultivées [...] il est possible que la diversité génétique globale diminue alors que plus localement le nombre de variétés [...] augmente. ». La diversité peut en effet se maintenir ou s'enrichir à une échelle locale ; mais si cette diversité devient dans le même temps identique partout ailleurs, il est possible d'observer à l'échelle large une diminution de la diversité [47]. Les observations portant uniquement sur de larges territoires risquent ainsi de ne pas mettre en évidence d'éventuelles fortes variations locales, potentiellement importantes pour la compréhension des dynamiques de la diversité génétique dans les territoires.

En d'autres termes, produire des conclusions à une échelle spatio-temporelle large implique de disposer de

données en nombre suffisant à une échelle spatiale plus fine et pour chaque pas de temps choisi.

B.2.2 VARIATIONS GÉNÉRALES OBSERVÉES

D'après la littérature, la perte majeure de diversité génétique dans l'histoire du blé est survenue lors de sa domestication avec une réduction de 69% de la diversité entre les formes sauvages tétraploïdes (*Triticum dicoccoides*) et l'espèce blé tendre hexaploïde (*Triticum aestivum*) qui en est issue [48, 49].

Van de Wouw et al. [50] ont réalisé une méta-analyse sur les variations de la diversité génétique chez 8 espèces de plantes cultivées à l'échelle mondiale dont le blé tendre, en utilisant des techniques moléculaires pour caractériser cette diversité. Ils citent deux périodes récentes pouvant présenter de nettes pertes de diversité génétique chez ces plantes cultivées :

- ▶ le remplacement des variétés de pays par les cultivars modernes qui intervient à des époques différentes selon les régions du monde ;
- ▶ la « révolution verte » : période d'intensification de l'agriculture dans les années 60 (engrais et pesticides de synthèse, mécanisation, irrigation) en association avec l'utilisation de variétés sélectionnées pour de hauts rendements dans ces conditions intensives [51]. Appliqué d'abord aux pays du Sud, ce terme désigne par extension les mutations agricoles des pays du Nord au milieu du XX^{ème} siècle. Ces mutations se sont accompagnées d'une simplification du paysage variétal dans l'offre et l'utilisation, et un recul de la diversité génétique cultivée [12, 50, 52].

Ces deux périodes peuvent n'en faire qu'une dans certains pays en développement [12, 53].

Les auteurs de cette méta-analyse identifient une perte significative de diversité chez le blé tendre correspondant à la révolution verte. Ils remarquent que le manque de données permettant d'évaluer la diversité pour des périodes anciennes rend difficile l'étude de l'effet du remplacement des variétés de pays. En effet, peu d'études analysent des périodes antérieures à 1929 et les études portant sur des périodes anciennes analysent peu de variétés. Les variétés étudiées dans ce dernier cas pourraient représenter la variabilité ancienne de façon biaisée, les variétés conservées préférentiellement étant celles qui ont été utilisées dans les schémas de sélection [50].

Il faut enfin noter que dans cette méta-analyse, la plupart des études sur le blé se réfèrent à des variétés commercialisées qui ne sont pas nécessairement représentatives des variétés réellement cultivées.

B.2.3 SUIVIS DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE IDENTIFIÉS DANS LA LITTÉRATURE LES PLUS PERTINENTS POUR CETTE ÉTUDE ET TENDANCES OBSERVÉES

Notre étude vise à établir un tableau de bord pour suivre les variations au cours du temps de la diversité génétique du blé tendre cultivé sur un territoire. Certains suivis temporels, identifiés dans la littérature existante, correspondent au moins en partie à ce que l'on en attend.

Pour cela, ils ont été filtrés à l'aide de deux critères :

- ▶ **représentativité des données rassemblées pour estimer la diversité présente à l'échelle des territoires (*in situ*)** : sélection des publications prenant en compte les surfaces réellement occupées par les variétés et celles utilisant de larges échantillons de variétés inscrites, commercialisées et cultivées à une époque donnée.
- ▶ **échelles spatiale et temporelle suffisamment étendues** : sélection des travaux qui font remonter les évaluations au moins aux années 60 et différenciant au moins 3 périodes ou dates successives. Au niveau spatial, chacun des suivis retenus traite d'au moins un pays ou de grandes régions.

L'application de ces critères réduit la liste des travaux consultés de 160 à 20 publications (cf. Annexe n° 1 en ligne). Ces dernières présentent 62 suivis potentiellement intéressants pour établir le tableau de bord, certains utilisant les mêmes indicateurs.

Cependant, la plupart des travaux consultés étudient des variations de la diversité génétique du blé tendre sur des échelles spatiales et temporelles limitées. Ils se basent en effet sur des pools génétiques partiellement représentatifs de ce qui a été cultivé et postérieurs au remplacement des variétés de pays par les variétés modernes. Lorsque l'échelle temporelle est assez étendue, les variations ne prennent généralement en compte que les variétés créées par les programmes de sélection. Lorsque les variétés de pays sont considérées, elles ne le sont qu'en tant que géniteurs apparaissant dans les pedigrees des variétés obtenues via ces programmes.

Seulement deux études intègrent des données de répartition surfaciques permettant de pondérer la présence des variétés de blé selon leur emprise territoriale [41, 47], alors que cette procédure est courante pour d'autres espèces cultivées [44].

On observe une forte variabilité dans les changements de diversité observés par ces 62 indicateurs : 25 rapportent une diminution, 19 une stabilité et 18 une

TABLEAU B-2

Tendances basées sur les différences entre les valeurs prises par les indices entre la fin et le début des 62 suivis de la diversité génétique du blé tendre présentés dans les 20 études sélectionnées.

TYPE DE DIVERSITÉ OBSERVÉE	INDICATEURS	DIMINUTION	STABILITÉ	AUGMENTATION
Variété	Turnover variétal			2
	Richesse variétale			1
	Diversité spatiale variétale	1		
Pedigree	Richesse généalogique			2
	Distance/diversité généalogique	4	4	
	Distance généalogique spatiale	1	1	
Caractères morphologiques	Diversité phénotypique		1	
Marqueurs génétiques	Richesse allélique	10	2	7
	Distance/diversité génétique	9	11	6
TOTAUX		25	19	18

augmentation (Tableau B-2). Cette variabilité dans les résultats est à mettre en relation avec les différences :

- ▶ de zones étudiées (de la province au pays, et à l'échelle mondiale),
- ▶ d'échelles et résolutions temporelles considérées (de 30 ans à plus d'un siècle, annuellement ou par périodes),
- ▶ de types de diversité associée aux méthodologies utilisées (cf Annexe n° 2 en ligne).

Plus globalement, en analysant les conclusions des 20 études relevées, 10 de ces travaux concluent à une stabilité, voire une augmentation apparente du niveau de diversité. Les 10 autres notent une baisse de la diversité génétique dans le temps. Seuls 4 articles sur les 20 intègrent les variétés de pays dans les calculs de diversité basés sur des marqueurs génétiques : ces 4 études rapportent toutes une baisse de la diversité génétique du blé tendre cultivé [48, 54, 55, 56]. Dans ces cas, la diversité intravariétale des variétés de pays n'a toutefois pas été prise en compte.

B.2.4 VERS LA PRISE EN COMPTE DE LA DIVERSITÉ INTRAVARIÉTALE

La diversité intravariétale existant au champ pour les variétés de pays peut être appréhendée par des analyses génétiques effectuées sur des variétés de pays encore cultivées. Ce n'est plus le cas en France depuis la moitié du XX^{ème} siècle [57, 58]. Le recours à du matériel génétique 'historique', c'est-à-dire échantillonné quand ces variétés de pays étaient encore cultivées et maintenu depuis en collection *ex situ*, peut apporter des informations importantes. C'est le cas par exemple de

l'utilisation de graines d'orge conservées depuis plus de 110 ans [59]. Toutefois, la mise en collection de ces variétés de pays réduit la variabilité génétique initialement présente au champ compte tenu des opérations d'échantillonnage et de régénération des accessions.

Seules deux études [2, 3] combinent à la fois des informations de répartitions spatiales des variétés et de diversité génétique. Ces travaux proposent deux indicateurs composites inédits mis au point par un groupe de chercheurs pluridisciplinaire (I. Goldringer –

ZOOM

L'indice H de Nei est un des indices les plus utilisés pour évaluer la diversité génétique à l'intérieur d'un pool génétique. Il est basé sur les fréquences des allèles identifiés sur un certain nombre de locus répartis dans le génome [60]. Voir aussi partie analyses : zoom sur les deux départements partie D.1.3 et formule dans l'Annexe de ce document.

La gestion paysanne ou par les agriculteurs est l'ensemble des décisions prises tout au long de la chaîne des opérations culturales, qui affectent les caractéristiques génétiques des plantes cultivées. En plus de la sélection des graines à ressemer, cela couvre la manière dont les variétés sont associées ou diffusées dans l'espace : la part de semences qui proviennent du paysan lui-même, la part qui arrive par migration à travers les échanges entre paysans, la période et les modalités de sélection, et la structure du système local d'échanges de semences. Les facteurs naturels et humains sont inextricablement liés dans cette gestion et façonnent conjointement la diversité des populations cultivées [d'après 61].

généticienne, C. Bonneuil – historien, E. Demeulenaere – ethnobotaniste et C. Hamon – stagiaire M2) :

(I) **L'indice H modifié ou H*** se base sur l'indice H de Nei. Ce dernier prend en compte les fréquences alléliques au sein d'un ensemble de variétés cultivées

pour une année donnée sur un territoire. L'indice H* pondère ces fréquences par les surfaces sur lesquelles sont répartis ces allèles.

(II) **L'indice Ht*** est construit de la même façon que le H*. Toutefois, il intègre la diversité intravariétale en prenant des valeurs différentes selon la typologie des

ENCADRÉ 1

HISTORIQUE DE L'INNOVATION VARIÉTALE POUR LE BLÉ TENDRE ET SA RÉGLEMENTATION EN FRANCE [D'APRÈS 52, 58, 62, 63]

Au XIX^{ème} siècle, sont traditionnellement cultivées des «**variétés de pays**», dont les botanistes, agronomes et sélectionneurs font peu à peu l'inventaire. Des variétés issues d'Ukraine (NOE, à l'origine de la variété ROUGE DE BORDEAUX, etc.) ou d'Angleterre (CHIDDAM D'AUTOMNE, PRINCE ALBERT, VICTORIA, etc.), en plein essor à la fin du siècle, arrivent en France. Le commerce de leurs semences est minoritaire et elles font l'objet d'une **gestion paysanne**. Ces variétés étaient génétiquement hétérogènes : sous une même appellation et une certaine homogénéité de phénotype, elles possédaient une grande variabilité des génotypes.

Une demande de variétés moins versantes et plus homogènes, à laquelle répond une nouvelle génération de création variétale, apparaît avec l'industrialisation, la concentration de la meunerie (Grands Moulins) et l'utilisation plus poussée de la fumure (noir animal, guano, phosphates et potasses). Le début de cette mutation des variétés commercialisées peut être daté en 1884, quand la Maison Vilmorin crée la première lignée pure française issue d'un croisement contrôlé : DATTEL.

Après DATTEL, les variétés à grande extension de cette période seront : BON FERMIER (1904), HATIF INVERSABLE (1908), HYBRIDE DES ALLIES (1917), VILMORIN 23 (1923), VILMORIN 29 (1929)... Ces variétés deviennent majoritaires dans la moitié nord de la France avec une quasi disparition des variétés de pays dès le début du XX^{ème} siècle dans le Bassin Parisien, la Picardie et la région Nord-Pas de Calais. Dans la moitié sud de la France, en Bretagne et dans les régions de montagne, les variétés de pays restent dominantes jusqu'après la 2^{ème} Guerre Mondiale. La création variétale (dominée par des Maisons comme Desprez, Vilmorin, Tourneur, etc.) sélectionne surtout des variétés adaptées aux pratiques intensives de ces régions fertiles (avec l'exception de RIETI, variété sélectionnée en Italie qui se fait une place parmi les variétés de pays cultivées dans le quart sud-est de la France). Ces variétés sont issues d'un schéma de sélection qui comporte un ou des croisements contrôlés suivis de sélection généalogique

(identification de plantes prometteuses, dont la descendance est suivie grain par grain). Il s'agit donc de «**variétés lignée pure**» issues d'un seul grain par cinq à 10 ans d'autofécondation (le blé étant autogame à 95-99%), génétiquement bien plus homogènes que les variétés de pays. Cependant, une certaine hétérogénéité subsistait du fait de :

- l'importance de la reproduction à la ferme des semences (environ 97% en 1945), y compris des semences issues de variétés obtenues initialement par des entreprises de sélection,
- l'absence ou les prémices d'une réglementation stricte de l'homogénéité des variétés et de pureté variétale des semences. Un blé BON FERMIER cultivé en 1930 dans une ferme française pouvait être génétiquement assez différent du BON FERMIER commercialisé par Vilmorin à partir de 1904. On parlera ici de «**lignées anciennes**» pour ces variétés.

Avec la création du Comité Technique Permanent de la Sélection (CTPS) en 1942, une nouvelle période de création et de régulation variétale s'ouvre au sortir de la guerre. Une autorisation nationale préalable à la mise sur le marché des nouvelles variétés se met en place. Les tests de «**Distinction, Homogénéité et Stabilité**» et de «**Valeur Agronomique et Technologique**» se codifient et deviennent progressivement plus strictes. Dans cette étude, 1945 est considérée comme date charnière bien que la création du CTPS soit antérieure et la codification complète des tests, postérieure à cette date. On parlera ici de «**lignées pures modernes**». Ces variétés sont encore plus homogènes qu'auparavant. Elles le sont d'autant plus *in situ* que l'achat annuel de semences certifiées passe de quelques % en 1945 à près de 50% depuis les années 1970. Elles font alors jeu égal avec la reproduction de semence à la ferme. Les variétés phares de cette période sont CAPELLE (1946), ETOILE DE CHOISY (1950, variété INRA adaptée au sud de la France qui conquiert alors des zones jusqu'ici acquises aux variétés de pays et aux lignées anciennes), CAPITOLE (1964), SOISSONS (1987), APACHE (1998), etc.

variétés identifiées. Selon les grandes étapes de la modernisation des méthodes de sélection variétale chez le blé, cette typologie (cf. encadré 1) considère :

- ▶ **les variétés de pays** : populations à diversité intravariétale forte et ayant évolué sous **gestion paysanne** (cf. zoom),
- ▶ **les lignées anciennes** : populations à diversité intravariétale plus restreinte, développées entre 1884 (date de la création par la Maison Vilmorin de la première lignée pure issue d'un croisement contrôlé : DATTEL) et 1945 par sélection généalogique,
- ▶ **les lignées pures modernes** : populations à diversité intravariétale considérée comme nulle, obtenues à partir de 1945 et inscrites au catalogue.

B.3 CONSTRUCTION D'UN TABLEAU DE BORD DE SUIVI DE L'ÉTAT DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DU BLÉ TENDRE

B.3.1 CAHIER DES CHARGES

Si des indicateurs pertinents existent dans la littérature, ils n'ont jamais été organisés en un système de suivi cohérent et opérationnel. Les lacunes suivantes ont été identifiées :

- ▶ peu de suivis temporels de la diversité *in situ* avec des méthodes d'évaluation de la diversité au niveau génétique (par exemple à l'aide de marqueurs génétiques),
- ▶ peu de suivis temporels sur un territoire donné : la plupart des travaux s'intéressent à l'évaluation de la diversité génétique en lien avec des programmes de sélection et ne ciblent pas la diversité réellement présente *in situ*,
- ▶ peu de suivis à résolution temporelle fine (c'est-à-dire à l'année),
- ▶ peu de suivis à une échelle spatiale fine (par exemple le département) permettant d'identifier des tendances différentes au sein d'un pays,
- ▶ peu de prise en compte des variétés de pays,
- ▶ pas de suivis intégrant la diversité intravariétale,
- ▶ aucun suivi combinant toutes ces caractéristiques.

Le point 14 du SBSTTA 10 de la CDB [17] expose les critères à considérer pour constituer un indicateur pertinent dans l'évaluation de la diversité génétique d'une espèce domestique. Cette diversité comprend « la variabilité génétique totale présente dans une population ou une espèce, sur un territoire donné. [...] Elle peut être caractérisée selon trois aspects différents : (1) le nombre d'entités différentes (par exemple : le nombre de variétés utilisées par espèce ; le nombre d'allèles à un locus donné) ; (2) la régularité de la distribution de ces entités, et/ou (3) le degré de différence entre ces entités

[...]. La diversité à l'intérieur des variétés [...] pourrait être évaluée en prenant en compte la taille des populations des différents cultivars. Ces trois aspects pourraient être combinés [...]. »

Un tableau de bord pour suivre la diversité génétique du blé tendre en France devrait donc idéalement contenir :

- ▶ des indicateurs des RG *ex situ*
- ▶ des indicateurs des RG *in situ*.

Cette étude propose un système de suivi temporel de la diversité génétique présente *in situ*, devant remplir les critères suivants :

- (I) batterie d'indicateurs pour analyser les variations de diversité et dégager les principaux facteurs explicatifs,
- (II) prise en compte de la diversité génétique totale comprenant la diversité intervariétale et intravariétale,
- (III) prise en compte, dans la mesure du possible, de la totalité des variétés présentes en France et leurs surfaces respectives,
- (IV) suivi temporel remontant suffisamment loin pour suivre les variations de diversité survenues tôt chez cette espèce,
- (V) échelle spatiale fine de collecte des données, le département par exemple, pour permettre des agrégations régionales et nationales, mais aussi pour appréhender des différences de changement de la diversité au sein du territoire français.

B.3.2 SÉLECTION DES INDICATEURS À INTÉGRER AU TABLEAU DE BORD

Pour construire un tableau de bord pertinent, des indicateurs ont été sélectionnés sur la base des critères énoncés précédemment :

- ▶ **Nombre de variétés cultivées**
- ▶ **Indice de Shannon [64]** : hétérogénéité de la répartition des variétés dans le paysage
- ▶ **Indice de Simpson [65]** : dominance de la répartition des variétés dans le paysage
- ▶ **Indice de Pielou [66]** : équitabilité de la répartition des variétés dans le paysage
- ▶ **Indice H de Nei [60]** : diversité génétique entre variétés
- ▶ **Indice H* [2, 3]** : diversité génétique entre variétés pondérées par leurs répartitions dans le paysage
- ▶ **Indice Ht* [2, 3]** : diversité génétique entre et à l'intérieur des variétés pondérées par leurs répartitions dans le paysage

Plus trivialement, on peut définir ces indicateurs de la manière suivante (à noter que 1 champ = 1 variété) :

- ▶ **L'indice de Shannon** traduit le degré de régularité des distributions des variétés dans la surface cultivée

TABLEAU B-3

Les différents indicateurs retenus pour la construction d'un tableau de bord de suivi de la diversité génétique cultivée chez le blé tendre.

INDICATEURS	INDICES	MESURES DE DIVERSITÉ	INFORMATIONS PRISES EN COMPTE				COMMENTAIRES
			Nombre de variétés	Répartitions en surfaces	Diversité génétique entre les variétés	Diversité génétique à l'intérieur des variétés	
Richesse variétale	Nombre de variétés	Nombre de variétés	✓				
Diversité spatiale des variétés	SW (Shannon)	Hétérogénéité ¹ de la distribution des variétés sur la surface cultivée	✓	✓			Sensible aux variétés les plus rares
	Es (Simpson)	Dominance ² des variétés sur la surface cultivée	✓	✓			Sensible aux variétés les plus abondantes
	J (Piélou)	Équitabilité ³ de la distribution des variétés sur la surface cultivée	✓	✓			Sensible à l'écart entre variétés dominantes et variétés rares
Diversité génétique entre variétés	H (Nei)	Fréquences alléliques des variétés inventoriées	✓		✓		Insensible à la répartition surfacique des variétés
Diversité génétique spatiale entre variétés	H*	Fréquences alléliques sur les surfaces cultivées	✓	✓	✓		Sensible aux allèles dominants dans le paysage
Diversité génétique spatiale entre et à l'intérieur des variétés	Ht*	Diversité génétique entre et à l'intérieur des variétés sur les surfaces cultivées	✓	✓	✓	✓	Idem H* + sensibilité aux coefficients de diversité intravariétale

en blé, variant en fonction de la répartition spatiale et du nombre de variétés (valeur généralement comprise entre 1,5 et 3,5).

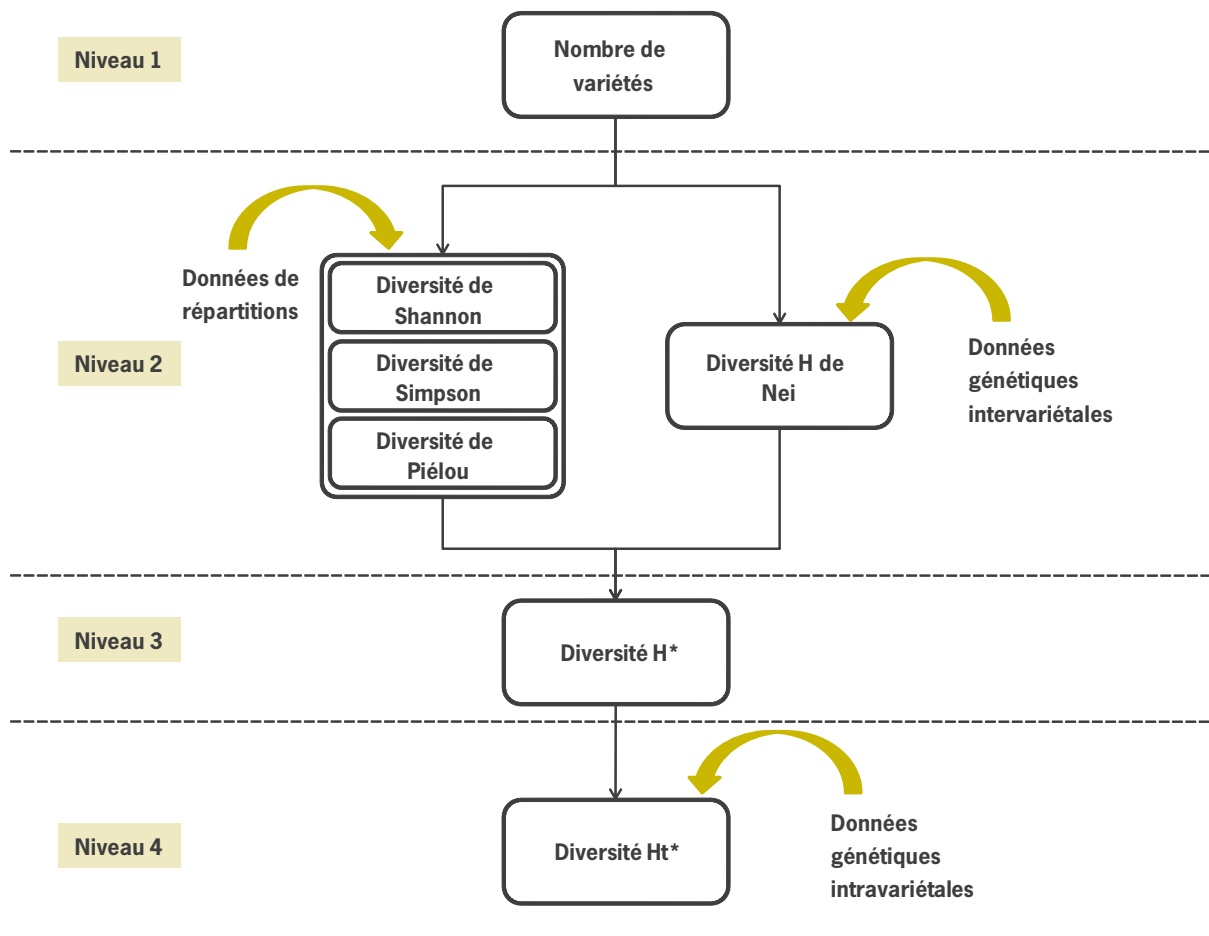
- ▶ **L'indice de Piélou** traduit également le degré de régularité des distributions des variétés, mais sa valeur est normée par le nombre total de variétés et est compris entre 0 (une variété occupant toute la surface cultivée) et 1 (toutes les variétés présentes, quelque soit leur nombre, occupent chacune le même pourcentage de la surface cultivée en blé tendre).
- ▶ **L'indice de Simpson** traduit la probabilité que deux grains choisis au hasard dans deux champs de blé appartiennent à des variétés différentes. Sa valeur est comprise entre 0 (une variété occupant toute la surface cultivée) et 1 (chaque champ correspond à une variété différente).
- ▶ **L'indice H de Nei** traduit l'éloignement génétique moyen de deux variétés choisies au hasard dans la liste des variétés cultivées à un moment donné. Sa valeur est comprise entre 0 (sur chaque locus tous les allèles relevés sont les mêmes entre chaque variété) et 1 (sur chaque locus tous les allèles relevés sont différents entre chaque variété).

1. L'hétérogénéité spatiale augmente lorsque les variétés sont nombreuses et quelles occupent des surfaces similaires les unes par rapport aux autres.
2. La dominance spatiale augmente lorsqu'un nombre réduit de variétés occupent la majorité des surfaces. Es est formulé pour diminuer lorsque la dominance augmente.
3. L'équitabilité spatiale diminue lorsque l'on a d'un côté des variétés qui occupent de grandes surfaces et d'un autre des variétés occupant des surfaces réduites.

- ▶ **L'indice H*** traduit l'éloignement génétique moyen de deux grains choisis au hasard dans deux champs différents. Sa valeur est comprise entre 0 (un seul génotype est cultivé sur l'ensemble des surfaces en blé) et 1 (chaque champ correspond à des allèles différents).
- ▶ **L'indice Ht*** traduit l'éloignement génétique moyen entre deux grains choisis au hasard parmi l'ensemble des grains semés dans un territoire (cela comprend la diversité entre champs mais aussi à l'intérieur des champs). Sa valeur est comprise entre 0 (un seul génotype est cultivé sur l'ensemble des surfaces en blé) et 2,5 (maximum théorique = 1/0,4 si chaque champ correspond à une variété de pays portant des allèles différents).

FIGURE 2

ORGANISATION ET COHÉRENCE DES INDICATEURS DU TABLEAU DE BORD : DEPUIS LE NIVEAU 1 INTÉGRANT LE MOINS DE PARAMÈTRES JUSQU'AU NIVEAU 4 OÙ FIGURE L'INDICATEUR PRENANT EN COMPTE LE MAXIMUM D'INFORMATIONS.



La diversité génétique spatiale combine à la fois des données de séquences génétiques des variétés mises en culture dans un territoire et des données de répartition de ces variétés dans ce territoire. La diversité intravariétale n'est pas prise en compte dans **H*** contrairement à **Ht***.

L'indice **Ht*** répond aux différents critères mentionnés dans le point 14 du SBSTTA 10 de la CDB [17].

Les formules mathématiques de calcul des indices du tableau de bord sont présentées dans l'Annexe 1 de ce document.

B.3.3 COHÉRENCE ET RELATIONS ENTRE LES INDICATEURS DU TABLEAU DE BORD

Les indicateurs utilisés ici peuvent être hiérarchisés en fonction du nombre de variables et de la quantité d'informations qu'ils intègrent. De plus, ils fonctionnent à l'image de poupées russes, un indicateur intègre les mêmes informations qu'un indicateur du niveau précédent mais en incorpore de nouvelles.

Sommairement, 4 niveaux peuvent être définis : plus le niveau de l'indicateur est élevé (niveau 4), plus il intègre d'informations sur la diversité génétique cultivée sur un territoire donné (Figure 2).

Ainsi, le **nombre de variétés**, qui est l'indicateur de diversité génétique le plus simple utilisé, entre dans la composition des indicateurs de diversité spatiale estimés par **les indices de Shannon, Simpson et Piélou**, ceux-ci prenant aussi en compte les surfaces occupées par chaque variété. De même, le nombre de variétés est pris en compte dans le calcul de **l'indice H de Nei**, lequel associe des données génétiques à chacune de ces différentes variétés. **L'indice H*** intègre à la fois les informations utilisées par les indicateurs de diversité spatiale des variétés et les données génétiques utilisées dans le calcul de l'indice H de Nei. Enfin, **l'indice Ht*** intègre le plus d'informations car il prend également en considération la diversité intravariétale.

Les variations de diversité observées grâce à un indicateur donné peuvent être analysées à la lumière des tendances observées à l'aide des indicateurs des niveaux précédents.

C] APPLICATION DU TABLEAU DE BORD POUR LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DU BLÉ TENDRE CULTIVÉ EN FRANCE

C.1 DONNÉES REQUISES

L'application des indicateurs sélectionnés, présentés dans le [Tableau B-3](#), implique de connaître :

- ▶ les variétés de blé tendre cultivées en France à différentes époques,
- ▶ les surfaces sur lesquelles chacune de ces variétés a été cultivée à un moment donné,
- ▶ les informations génétiques suffisamment précises pour quantifier la diversité génétique existante entre et au sein de ces variétés.

C.1.1 DONNÉES DE RÉPARTITIONS VARIÉTALES

C.1.1.1 Données rassemblées

La plus ancienne source disponible est une étude réalisée en 1912 par Lucien Brétignière [67], Professeur à l'École d'Agriculture de Grignon. Il présente un inventaire d'une trentaine de variétés de blé tendre en France et des répartitions estimées par département. Cet article ne renseigne qu'une maigre fraction de la diversité des variétés alors cultivées, « *plus d'une centaine* » selon Brétignière, près de 400 en France selon des recensements des années 1930 [68] (cf. [Annexe n° 3 en ligne](#)). Il constitue cependant un point de départ précieux complété par d'autres sources imprimées de la même période (livres, articles techniques dans les bulletins de Sociétés agricoles départementales) ou des documents d'archives (archives des services agricoles départementaux), pour obtenir une estimation *minimale* de la diversité génétique en place au début du XX^{ème} siècle.

Durant la première moitié du XX^{ème} siècle, des monographies ont été réalisées sur certains départements, comme par exemple par Dusseau en 1932 [69]. On trouve également des informations intéressantes dans les archives des services agricoles de la première moitié du XX^{ème} siècle. Des enquêtes agricoles, renseignant parfois

les variétés cultivées, puis des enquêtes variétales, ont également été réalisées par les services officiels et interprofessionnels agricoles (cf. [Annexe n° 4 en ligne](#)) :

- ▶ en 1929 et vers 1952 : enquêtes agricoles par les Services départementaux de l'Agriculture à la demande du Ministère,
- ▶ en 1950 : enquête départementale sur le blé par l'Office National Interprofessionnel des Céréales (ONIC)¹,
- ▶ de 1964 à 1980, les données de répartitions variétales sont obtenues à partir d'enquêtes du SCEES (Service Central des Enquêtes et Etudes Statistiques du Ministère de l'Agriculture),
- ▶ de 1981 à 2006, les données de répartitions variétales sont obtenues à partir d'enquêtes de l'ONIC.

Ces données sont présentées à l'échelle départementale, avec une agrégation possible à l'échelle nationale. Il existe aussi, pour certaines années, des données directement produites à l'échelle nationale par ces institutions. Dans la suite de ce travail, ces deux méthodologies d'obtention de répartitions à l'échelle nationale seront nommées respectivement « répartition nationale par agrégation » et « répartition nationale d'origine » (cf. [Annexe n° 5 en ligne](#)).

C.1.1.2 Exhaustivité et fiabilité des données

Selon les méthodologies d'enquêtes utilisées, les inventaires réalisés sont plus ou moins exhaustifs et donc représentatifs des variétés réellement cultivées *in situ*. Après consultation des différentes sources, à de rares exceptions près, il apparaît que l'information n'est disponible que pour les variétés couvrant les surfaces les plus importantes. Lorsque différentes sources existent pour un même territoire et une même période, les informations peuvent être recoupées pour

1. qui deviendra l'Office National Interprofessionnel des Grandes Cultures en 2006 puis FranceAgriMer en 2009.

obtenir une image plus fiable des répartitions. Ceci est particulièrement important pour les données antérieures à 1955 et explique pourquoi on obtient le chiffre de 57 variétés à l'échelle nationale en 1912 (cf. [Annexe n° 4 en ligne](#)) alors que le travail de Brétignière n'en relevait qu'une trentaine. Les variétés minoritaires pourront être mal renseignées pour certaines dates, essentiellement avant 1980, conduisant alors à une certaine sous-estimation de la diversité présente à ces dates (sauf pour l'indice de Piélu qui est surestimé, (cf. [Annexe n° 6 en ligne](#)). Avant 1980, les valeurs de diversité doivent donc être considérées comme des valeurs « planchers » et la diversité réellement en place égale ou supérieure aux valeurs présentées. À l'inverse, les données de répartition des 20 à 30 dernières années prennent en compte des variétés pouvant couvrir moins de 0,01% d'un territoire. Elles peuvent alors être considérées comme très précises.

C.1.2 DONNÉES GÉNÉTIQUES

C.1.2.1 Obtention de génotypes de référence

Les données génétiques sont obtenues à l'aide d'analyses moléculaires révélant la composition allélique de 1104 variétés pour 35 séquences microsatellites réparties régulièrement dans le génome du blé tendre (cf. [Annexes n° 7 et 8 en ligne](#)). La série de 35 marqueurs utilisée ici a été développée au Centre de Ressources Génétiques des Céréales à Pailles de l'INRA de Clermont-Ferrand.

Certains noms de variétés peuvent plus ou moins refléter la réalité de ce qui a été cultivé *in situ*. En effet, les échantillons analysés génétiquement aujourd'hui proviennent d'accessions maintenues en banque par conservation en chambre froide et renouvelée cycliquement à partir de prélèvements faits aux champs à des lieux et époques différentes. Pour les variétés populations, il existe des différences dans l'espace et le temps entre le matériel portant le même nom selon une conservation en banque ou une gestion dynamique au champ. Ces variétés de pays, et dans une moindre mesure les lignées anciennes [3], couvrent une période de 40 ans mais ne sont souvent représentées que par un seul génotype dans les bases de données actuelles.

La diversité existant réellement pour ces variétés est donc très fortement sous-estimée.

À l'inverse, les variétés dites « lignées pures modernes » sont fixées génétiquement par le cahier des charges du catalogue. Dès lors, les échantillons de matériel conservés *ex situ* portant les mêmes noms que les lignées pures cultivées majoritairement dès 1960 sont représentatifs du matériel génétique cultivé.

Ces génotypes de référence, un pour chaque variété (identifiée par un nom), permettront de calculer des

valeurs de diversité intervariétale, comme dans **l'indice de H Nei** et **l'indice H***.

C.1.2.2 Prise en compte de la diversité intravariétale

La méthodologie de prise en compte de la diversité intravariétale dans **l'indice Ht*** vise à compenser l'information sur le niveau de diversité génétique pouvant exister au sein d'une variété, perdue lors de la phase d'échantillonnage au champ puis par les techniques de régénération des accessions en banques (autofécondation et ré-échantillonnage sur la récolte).

Certaines études ont ainsi évalué, pour des populations de variétés de pays, la part de la diversité génétique totale (Ht) due à la diversité entre les populations (Dst) et la part due à la diversité à l'intérieur des populations (Hs). Comme exposé dans Bonneuil *et al.* [3], des valeurs de Gst (Gst=Dst/Ht) observées pour des populations de variétés de pays de blé tendre, ou d'espèces proches, encore cultivées par les agriculteurs, peuvent fournir un ordre de grandeur du niveau de diversité génétique à l'intérieur de ces variétés. Ces coefficients peuvent être intégrés dans la formule du H* pour prendre en compte la diversité inter et intravariétale des variétés de blé tendre, pondérées par leurs surfaces respectives. Ainsi :

$$Ht^* = H^*/Gst$$

Plus le Gst est élevé, plus la part de diversité génétique intervariétale est importante et plus Ht* est proche de H*.

La littérature indique des valeurs de Gst de l'ordre de 0,19 à 0,48 pour des variétés de pays de blé tendre (ou autres espèces du genre *Triticum*) cultivées actuellement [70, 71, 72], et de 0,36 pour des graines d'orge de variétés de pays âgées de plus de 110 ans [59]. Dans le cas présent, nous retenons une valeur prudente de Gst = 0,4 pour les variétés de pays, afin de ne pas surestimer la diversité intravariétale (c'est-à-dire que 60% de la variance est liée à la diversité intravariétale).

Les lignées anciennes, obtenues par sélection généalogique (cf [encadré historique](#)), sont génétiquement beaucoup plus homogènes mais leur gestion paysanne à large échelle entretient une hétérogénéité résiduelle, supérieure à celle des variétés pures modernes. Ici, on estimera ce niveau d'hétérogénéité dans les lignées anciennes au 10^{ème} de ce qui existe dans les variétés de pays, ce qui donne un Gst = 0,94 [3].

Pour les lignées pures modernes, considérées comme hautement homogènes (critère H du DHS, cf [encadré historique](#)), on prendra Gst = 1 : la totalité de la diversité génétique est représentée par les différences entre variétés.

Les parts de surfaces en blé occupées par les trois types de variétés qui peuvent être rencontrées à différentes époques (variétés de pays, lignées anciennes et lignées pures modernes) seront respectivement pondérées par ces trois coefficients (cf formule de l'indice Ht^* , Annexe de ce document).

C.2 CONSTRUCTION DE LA BASE DE DONNÉES "FRENCH WHEAT DIVERSITY"

L'ensemble des données a été mis en forme dans une base de données créée à cet effet et hébergée par l'UMR INRA de Génétique Végétale (Ferme du Moulon, Gif-sur-Yvette).

L'interface donne, après saisie des requêtes (choix des indices, des territoires, des seuils minimum de prise en compte des données), les valeurs des différents indices calculées à partir des données de la base. Elle précise également le nombre de locus pris en compte pour les valeurs incorporant des données génétiques. Deux types de seuils de prise en compte des données sont paramétrables :

- ▶ **Un seuil surfacique** : ne sont retenues que les répartitions départementales annuelles pour lesquelles au moins 70% de la surface est décrite dans sa composition variétale avec des données génétiques associées (cf. Annexe n° 6 en ligne).
- ▶ **Un seuil génétique** : ne sont retenus dans les calculs d'indices intégrant des données génétiques que les locus pour lesquels au moins 95% de l'information génétique est disponible (95% des variétés pour **H de Nei**, 95% des surfaces pour **H*** et **Ht***).

C.3 ANALYSE DES SOURCES POUR LES DONNÉES DE RÉPARTITION SPATIALE

Des données ont été systématiquement collectées sur la surface (ou la part des surfaces) occupée par les différentes variétés de blé tendre dans les départements métropolitains depuis un siècle. Cela représente plus de 55000 données unitaires et plus de 1900 répartitions départementales avec au moins 70% des surfaces renseignées génétiquement.

Les séries de données les plus complètes correspondent aux années 1912, 1950, 1952 et de 1964 à 2006. Pour certains départements, nous avons également obtenu des données pour quelques années comprises entre 1924 et 1943.

Le nombre de départements, le nombre de variétés et la surface nationale en blé tendre pris en compte diffèrent selon l'institution productrice des données (cf Annexe n° 5 en ligne). Néanmoins, il semble y avoir une bonne cohérence entre les données issues de différentes

sources d'archives, au moins pour les variétés couvrant les surfaces les plus importantes (cf Annexe n°6 en ligne). En effet, le manque de données de répartitions concerne principalement les variétés couvrant les surfaces les moins importantes. Ceci est surtout vrai pour la période 1912-1980.

D'après les analyses effectuées (cf Annexe n°6 en ligne), les indices de Shannon et de Piélou sont respectivement sous-estimés et surestimés lorsque moins de 80% des surfaces sont renseignées dans des départements présentant peu de variétés. Dans une moindre mesure, l'indice H de Nei sera dans ce cas sous-estimé. Toutefois, ces situations sont très peu fréquentes et ne concernent que certains points départementaux de la période 1964-1971 (3,7% des situations prises en compte).

La combinaison de données retenue permet donc une analyse robuste, même si quelques précautions doivent être prises en compte pour les indices de Shannon et Piélou et H de Nei.

C.4 IDENTIFIER LES DYNAMIQUES TERRITORIALES DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DU BLÉ TENDRE CULTIVÉ EN FRANCE AU COURS DU XX^{ÈME} SIÈCLE

Y'a-t-il une cohérence territoriale des variations temporelles de diversité génétique du blé cultivé entre les départements ?

Ces dynamiques territoriales ont été évaluées grâce à une approche multivariée [73] dans laquelle les départements sont considérés comme les « individus » et caractérisés par des « variables » : les valeurs prises par l'indice à la place indicateur Ht^* au cours du temps. L'approche choisie DAPC (Discriminant Analysis of Principal Components) permet d'identifier des structures génétiques au sein d'ensembles d'individus sans information de groupes *a priori*. Elle combine les avantages de l'ACP (Analyse en Composantes Principales) qui permet d'extraire un nombre limité de variables non corrélées (axes) décrivant au mieux l'ensemble des individus (départements), à ceux de l'analyse discriminante qui partitionne la variation totale en une composante intra-groupe et une composante inter-groupes. L'analyse répartit ainsi au mieux les individus au sein de ces groupes. Lorsque les groupes ne sont pas définis *a priori*, le regroupement se fait par la méthode K-means [74, 75] qui minimise la variation intra-groupe et maximise la variation inter-groupes, sur le même modèle de décomposition de la variation que l'analyse discriminante.



D] RÉSULTATS DE L'UTILISATION DU TABLEAU DE BORD PROPOSÉ

D.1 ZOOM SUR DEUX DÉPARTEMENTS

Pour saisir le sens et l'intérêt des différents indicateurs du tableau de bord, nous présentons les résultats obtenus sur deux départements représentant deux situations différentes : le Pas-de-Calais et la Côte-d'Or.

Les critères de choix ont été :

- ▶ la couverture temporelle avec de nombreux points répartis sur l'ensemble de la période étudiée ;
- ▶ des surfaces importantes en blé tendre, en moyenne au moins 60 000 ha par département chaque année sur l'ensemble de la période observée ;
- ▶ des départements relativement éloignés l'un de l'autre.

D.1.1 VARIATIONS DU NOMBRE DE VARIÉTÉS (NIVEAU 1 DU TABLEAU DE BORD)

Le nombre de variétés est le niveau de description de la diversité génétique le plus élémentaire du tableau de bord. Sur ces deux départements, **le nombre de variétés** augmente fortement au cours du XX^{ème} siècle, avec des valeurs minimales en 1912 (et jusqu'en 1943 pour le Pas-de-Calais), ainsi qu'entre les milieu des années 50 et la fin des années 70 (*graphique A de la Figure 3*). Entre 1912 et 2006, la Côte-d'Or voit son nombre de variétés inventoriées augmenter d'un facteur 4 (de 10 à 39) et le Pas-de-Calais d'un facteur 8 (de 9 à 74). Ces tendances illustrent l'effort de création variétale et la diffusion de ces variétés dans ces départements, mais aussi l'effort d'inventaire des variétés cultivées avec des descriptions plus précises dans les années récentes.

D.1.2 VARIATIONS DES INDICES SW DE SHANNON, ES DE SIMPSON ET J DE PIÉLOU (NIVEAU 2 DU TABLEAU DE BORD)

Pour ces indices, le nombre de variétés présentes une année donnée, sur un département donné, est pondéré

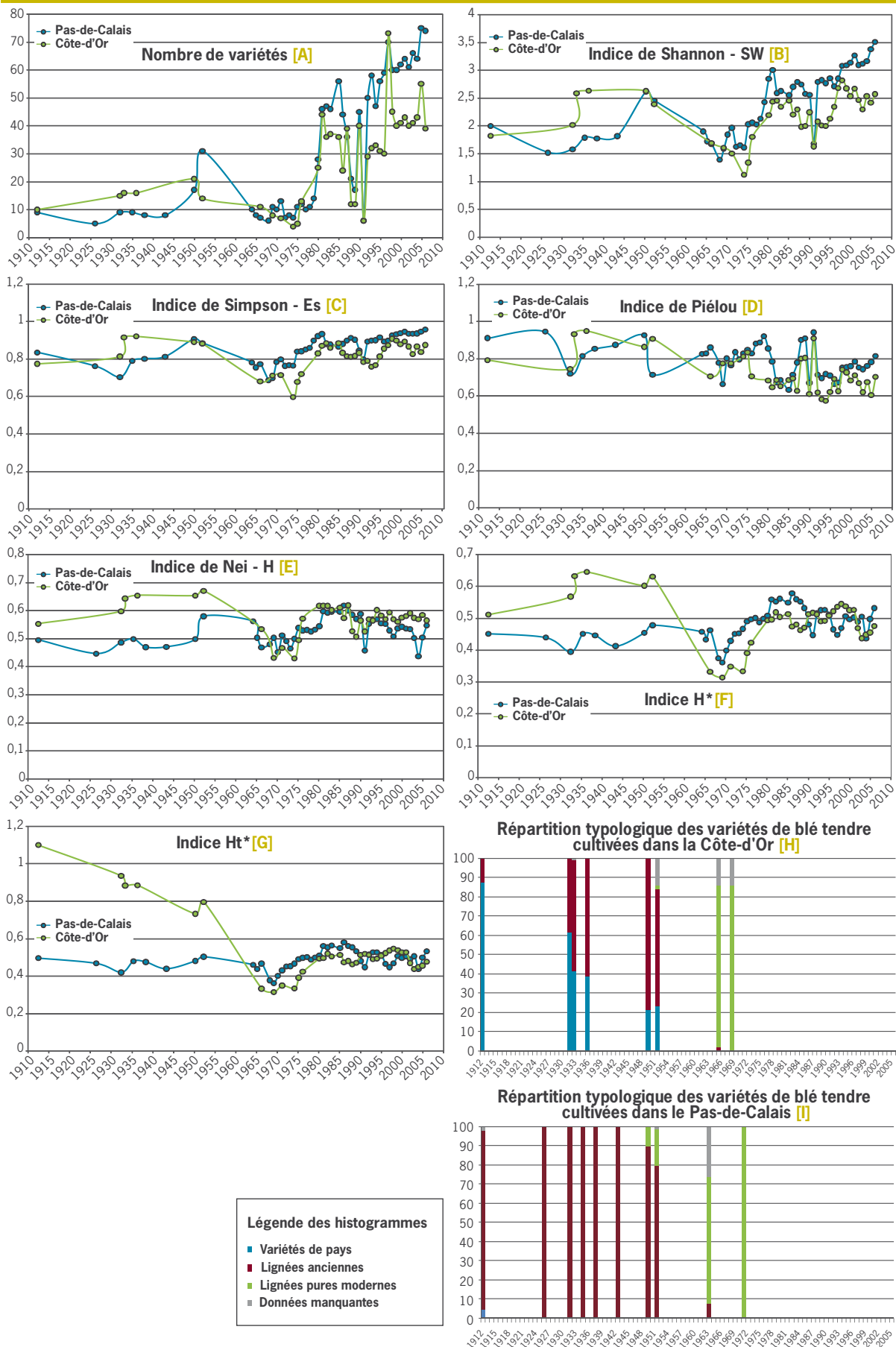
par les surfaces occupées par chacune de ces variétés. Cette diversité spatiale peut être estimée par le calcul de plusieurs indices. Les **indices de Shannon, Simpson et Piélou** utilisés ici ont chacun une sensibilité particulière à certains aspects de la répartition spatiale, et sont tous souvent repris dans la littérature (*Tableau B-3*). La composante génétique de la diversité n'est pas dans ce cas prise en compte puisque, comme pour le nombre de variétés, toutes les variétés sont considérées comme uniformément distinctes les unes des autres, sans considération de leur degré de proximité génétique.

L'indice de Shannon est très sensible à l'augmentation du nombre de variétés (*graphique B de la Figure 3*). Pour **l'indice de Simpson**, les tendances des deux départements sont les mêmes que pour **Shannon** mais l'amplitude de variation est moins grande : que la domination des variétés leader dans ces deux départements est relativement stable au cours du temps (*graphique C de la Figure 3*). **L'indice de Piélou** baisse au cours du temps pour les deux départements (*graphique D de la Figure 3*). Cette baisse indique un écart de plus en plus important entre des variétés très présentes en termes de surfaces occupées et des variétés couvrant très peu de surface (iniquité à laquelle **l'indice de Piélou** est sensible). On peut interpréter ces différents résultats par l'arrivée de nombreuses variétés dans les deux départements, la plupart de ces variétés étant cultivées sur de petites surfaces alors que des variétés leader continuent à dominer le territoire de ces deux départements.

Les analyses conduites jusqu'ici se basent sur des mesures d'une diversité plus vernaculaire que génétique. En effet, pour deux noms différents de variétés, on ne connaît pas le degré de proximité génétique des deux variétés. Les analyses suivantes portent sur des données de marquage moléculaire qui permettent de distinguer des séquences d'ADN et d'estimer quantitativement les différences génétiques entre les variétés.

FIGURE 3

VARIATIONS TEMPORELLES DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DU BLÉ TENDRE CULTIVÉ POUR LES DÉPARTEMENTS DE LA CÔTE-D'OR (EN VERT) ET DU PAS-DE-CALAIS (EN BLEU) : RÉSULTATS OBTENUS POUR LES INDICATEURS DU TABLEAU DE BORD ET CHANGEMENTS TEMPORÉLS DE RÉPARTITIONS DES TYPES DE VARIÉTÉS CULTIVÉES



D.1.3 VARIATIONS DE L'INDICE H DE NEI (NIVEAU 2 DU TABLEAU DE BORD)

Cet indice est utilisé comme indicateur de la diversité génétique intervariétale au sein des variétés inventoriées sur un territoire donné et une année donnée. Il apporte une information sur le degré de similarité génétique entre variétés, sans tenir compte de leur importance dans le département. **L'indice H de Nei** rend compte de la fréquence des allèles présents au sein d'un ensemble de variétés, représentées chacune par un génotype. Plus les allèles sont nombreux et répartis équitablement au sein de l'ensemble des variétés et plus la diversité, représentée par **l'indice H de Nei** est élevée.

Pour la Côte-d'Or, on observe une hausse de la diversité génétique intervariétale entre 1912 et 1952 où elle est la plus forte sur l'ensemble de la série temporelle, puis une chute de 1952 à 1974 vers des valeurs les plus faibles observées sur l'ensemble de la série (**graphique E de la Figure 3**). **L'indice H de Nei** augmente ensuite de 1975 jusqu'au milieu des années 1980 à des niveaux déjà observés entre 1912 et 1930.

Pour le Pas-de-Calais, la diversité intervariétale est globalement stable de 1912 à 1950 et plus faible qu'en Côte-d'Or. Deux périodes présentent des valeurs plus élevées de **l'indice H de Nei** dans le Pas-de-Calais : 1952-64 et les années 1980, cette dernière correspondant à une période de diversité génétique intervariétale maximale dans ce département, proche des valeurs observées en Côte-d'Or.

Malgré des fluctuations au cours du XX^{ème} siècle au sein des variétés cultivées en Côte-d'Or et dans le Pas-de-Calais, on observe les mêmes niveaux de diversité génétique intervariétale entre 1912 et 2006 malgré une augmentation très importante du nombre de variétés cultivées entre ces deux dates.

D.1.4 VARIATIONS DE L'INDICE H* (NIVEAU 3 DU TABLEAU DE BORD)

L'indice H* est utilisé en tant qu'indicateur de la diversité génétique spatiale intervariétale. Cet indice mesure la distribution des fréquences alléliques au sein d'un ensemble de variétés, ces fréquences étant pondérées par les surfaces occupées par chacune de ces variétés. Comme précédemment, chaque variété est représentée par son génotype aux locus considérés. Plus les allèles sont nombreux et répartis équitablement dans le paysage et plus la diversité **H*** augmente.

On observe des tendances du même ordre que pour **l'indice H de Nei** avant 1960 pour la Côte-d'Or (**graphiques E et F de la Figure 3**). En revanche, l'intégration des données de surfaces aux données génétiques amplifie

les tendances observées avec **l'indice H de Nei**. On observe une chute plus marquée des valeurs entre 1952 et 1974 pour ce département et une augmentation plus importante des valeurs dans le Pas-de-Calais dans les années 1980. De plus, sur la période 1964-1990, alors que les deux départements présentent des valeurs de **l'indice H de Nei** du même ordre (**graphique E de la Figure 3**), les valeurs du **H*** sont plus élevées dans le Pas-de-Calais qu'en Côte d'Or. Sur cette période, la diversité génétique intervariétale des variétés cultivées dans le Pas-de-Calais est donc accrue par une meilleure répartition des allèles dans le paysage, comparativement à la Côte-d'Or.

D.1.5 VARIATIONS DE L'INDICE Ht* (NIVEAU 4 DU TABLEAU DE BORD)

L'indice Ht* est le seul indice à prendre en compte à la fois le nombre de variétés, les surfaces occupées par ces différentes variétés et la diversité génétique entre les variétés et à l'intérieur des variétés quand elle existe.

Il mesure la répartition, sur un territoire donné, des allèles présents au sein d'un ensemble de variétés représentées chacune par son génotype de référence et la variabilité génétique intravariétale qui dépend du type de variété (**Variété de pays>Lignée ancienne>Lignée pure moderne ; cf partie B.2.4**).

Les deux départements présentent avant 1960 des états très différents de la diversité génétique du blé tendre cultivé, illustrant la diversité des histoires agricoles et donc variétales (**graphique G de la Figure 3**). Pour le Pas-de-Calais, les tendances observées pour le **Ht*** sont très similaires à celles observées avec le **H***. Pour la Côte-d'Or en revanche, on observe une très forte diminution des valeurs de **Ht*** de 1912 à 1966. Après 1966, les tendances sont les mêmes que celles observées avec **H***. Dans ce département, on assiste, durant la première moitié du XX^{ème} siècle, à un fort recul des variétés de pays au profit des lignées anciennes, puis de ces lignées anciennes au profit des variétés modernes qui deviennent le seul type de variétés cultivées dès 1969 (**graphique H de la Figure 3**). Ces périodes de transition marquent les phases de transformation de l'agriculture et le passage à la sélection variétale moderne. Dans le Pas-de-Calais, ce processus a été plus précoce qu'en Côte-d'Or puisque les variétés de pays avaient déjà presque disparu dès 1912 (seulement 5% des surfaces) : on note ainsi déjà 18,8% de lignées pures modernes en 1952 dans le Pas-de-Calais (contre seulement 1,5% en Côte-d'Or en 1952) (**graphique I de la Figure 3**).

D.1.6 APPORT DU TABLEAU DE BORD À L'ESTIMATION DE LA DIVERSITÉ

L'application du tableau de bord, composé d'une série d'indicateurs, permet de disposer d'une vision

synthétique et interprétable des variations de diversité pour le blé tendre cultivé en France. Les tendances peuvent être différentes selon l'indicateur utilisé pour un même territoire, d'où l'intérêt d'utiliser en parallèle différents indicateurs. Ces résultats montrent que tirer des conclusions globales sur la diversité génétique à partir d'indicateurs trop pauvres en informations présente un risque de mauvaise interprétation. La comparaison des observations réalisées sur deux départements témoignent, quant à elles, de l'intérêt de comparer des tendances sur des territoires où la modernisation agricole présente des dynamiques temporelles différentes.

D.2 COHÉRENCE TERRITORIALE DES CHANGEMENTS OBSERVÉS DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE

D.2.1 ANALYSE EN COMPOSANTES PRINCIPALES

Une Analyse en Composantes Principales (ACP) a été réalisée sur la matrice des valeurs de l'indicateur **Ht*** calculées pour 57 départements où des données sont disponibles dans au moins 15 des 20 périodes figurant dans le **Tableau D 1**. En cas d'absence de valeurs de **Ht*** sur une période et un département donnés, celles-ci ont été remplacées par la valeur de la moyenne de l'ensemble des départements durant cette période selon la méthode courante¹. Ceci concerne 58 valeurs sur 1140. Si plusieurs valeurs de **Ht*** sont disponibles sur une période et un département donné, la valeur unique retenue en sera la moyenne.

Cet ensemble de données permet d'avoir plus de 50 points départementaux dans chacune des 20 périodes étudiées, hormis 1959-1971 pour laquelle seulement 46 points départementaux ont été calculés (cf. **Tableau D-1**).

1. Il s'agit d'une méthode classiquement utilisée afin de gérer les données manquantes dans les analyses statistiques n'autorisant pas de trous dans les séries de données (approches multivariées). Cette méthode ne rajoute pas d'informations supplémentaires et donc ne surestime pas les différences entre départements.

L'ACP permet d'obtenir de nouvelles variables non corrélées (axes) qui expliquent le mieux la variation totale du jeu de données. Les quatre premiers axes expliquent une large part de la variance (60,2%) ; ils se présentent de la façon suivante :

- ▶ Le 1^{er} axe est associé à de faibles niveaux de diversité en 1912 puis en 1996 et 1997 et de fortes valeurs de 1972 à 1995 puis de 2001 à 2006, il explique 20,8% de la variabilité.
- ▶ Le 2^{ème} axe est associé à de forts niveaux de diversité dans les années 70 et 90 et à de faibles valeurs à partir de 2000, il explique 14,3% de la variabilité.
- ▶ Le 3^{ème} axe est associé à des valeurs de diversité fortes en 1912 et de 1949 à 1954 et à de faibles valeurs entre 1972 et 1987, il explique 12,9% de la variance.
- ▶ Le 4^{ème} axe est associé à de faibles valeurs de diversité de 1912 jusqu'en 1976, ainsi qu'entre 1986 et 1995, et à de fortes valeurs entre 1998 et 2002, il explique 12,2% de la variabilité.

D.2.2 REGROUPEMENT DES DÉPARTEMENTS AYANT DES TENDANCES DE CHANGEMENTS DE DIVERSITÉ (Ht*) SIMILAIRES

Le regroupement avec la méthode K-means porte sur les 20 axes de l'ACP qui constituent des variables non corrélées. Par cette méthode, on recherche le regroupement d'individus (ici les départements) qui minimise la variance au sein des groupes de départements et maximise la variance entre groupes. On caractérise la vraisemblance du modèle en calculant le critère BIC (Bayesian Information Criterion). Le nombre de groupes de départements retenu correspond au nombre associé à la valeur minimale de BIC.

Le nombre optimal de groupes de départements est de 7. Les axes qui permettent de mieux discriminer ces 7 groupes par une analyse discriminante sont différents de ceux de l'ACP décrits précédemment. Parmi ces

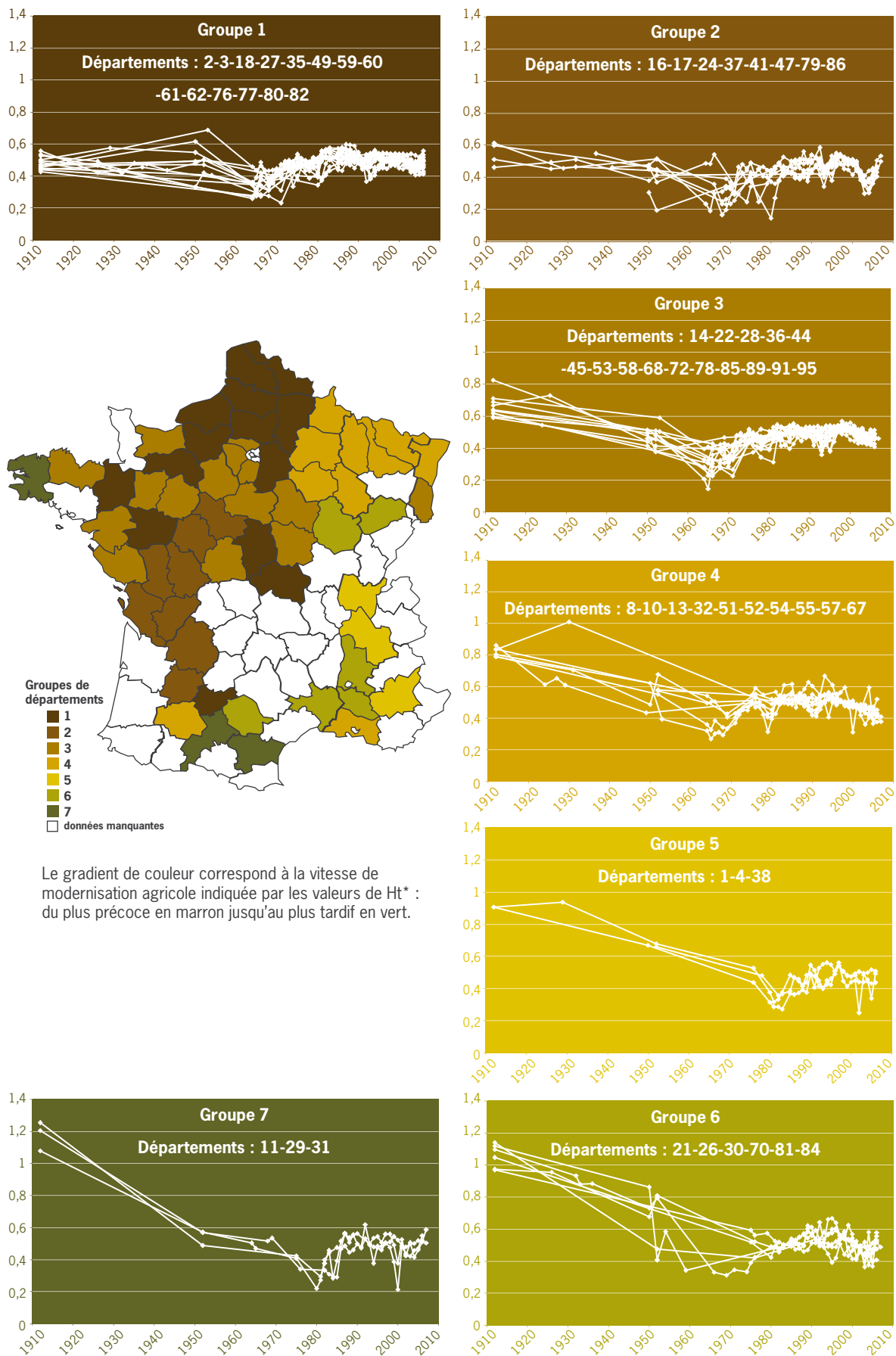
TABLEAU D-1

Groupements temporels des valeurs de **Ht*** pour le calcul de l'ACP et nombre de points (dates) disponibles par période

PÉRIODES	1912	1949-1954	1959-1971	1972-1976	1977-1982	1983-1985	1986-1987	1988-1991	1992-1995	1996
NB DE POINTS DÉPARTEMENTAUX	55	59	46	59	57	52	53	56	58	57
PÉRIODES	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006
NB DE POINTS DÉPARTEMENTAUX	57	57	57	57	57	57	56	57	57	61

FIGURE 4

REGROUPEMENT DES DÉPARTEMENTS FRANÇAIS SELON LES CHANGEMENTS DE DIVERSITÉ ESTIMÉS PAR L'INDICE Ht* AU COURS DU TEMPS



axes, le 1^{er} rend compte essentiellement de la diversité observée en 1912, alors que le second est corrélé à la diversité observée entre 1983 et 1985 ainsi qu'en 2000 ; le 3^{ème} axe est principalement associé à la diversité observée de 1972 à 1982, et le 4^{ème} est associé à la diversité observée en 1986-1987 et 2003.

Le premier axe montre qu'un élément clé des différences de tendances de diversité entre les départements est la vitesse de remplacement des variétés de pays par des variétés plus homogènes et la domination d'un nombre limité de variétés sur de grandes surfaces, phénomènes caractéristiques de la modernisation agricole.

La Figure 4 indique que, parmi les 7 groupes de départements, les groupes 1 et 2 correspondent à des territoires où l'homogénéisation a été minime, voire nulle, entre 1912 et 2006 en raison d'une modernisation agricole plus précoce. Ce processus peut être appréhendé par l'observation des répartitions des variétés dominantes dans ces départements en 1912 (Tableau D-2 et cf. Annexe n° 9 en ligne). Dans le groupe 1, plus de deux tiers (68,9%) des surfaces sont cultivées à l'aide de lignées anciennes en 1912, et les 29% de variétés de pays restants sont dominés par une variété, le ROUGE DE BORDEAUX, qui couvre 16,6% des surfaces. Dans le groupe 2, les proportions selon le type de variétés sont inversées : on y relève, en 1912, 26,9% de lignées anciennes et 70,5% de variétés de pays parmi lesquelles deux variétés dominent (ROUGE DE BORDEAUX = 48,4% et NOÉ = 17,8%). À l'inverse, dans l'ensemble des groupes 3, 4, 5, 6 et 7, on relève, en 1912, 29% de

lignées anciennes et 64,5% de variétés de pays, celles-ci étant plus nombreuses et plus équitablement réparties que dans les deux autres groupes (la première, le ROUGE DE BORDEAUX, ne couvre que 17,9% des surfaces en blé tendre).

Les niveaux de diversité (**Ht***) les plus faibles en 1912 sont donc observés dans les territoires où les lignées anciennes ont déjà largement remplacé les variétés de pays (groupe 1) et dans les territoires où un faible nombre de variétés occupent de larges surfaces (groupe 2). La majorité des 7 principales variétés cultivées, hormis les variétés NOÉ et ROUGE DE BORDEAUX, sont toutes des obtentions de l'entreprise VILMORIN et, mise à part DATTEL, elles dérivent toutes de NOÉ (Figure 5). DATTEL est tout de même apparentée aux autres par relation avec la variété GROS BLEU. Cette proximité généalogique entre NOÉ et ROUGE DE BORDEAUX diminue les valeurs de diversité génétique dans les territoires dominés par ces deux variétés (groupe 2).

Pour le groupe 1, on note également la présence dans le nord de la France en 1912 de variétés anglaises : CARTER, DESCAT, VICTORIA, NURSERY, TEVERSON et GOLDENDROP, qui contribuent à l'homogénéité entre les départements de ce groupe.

Il existe donc deux zones où la diversité des blés cultivés, telle qu'évaluée par l'indice **Ht***, est, dès 1912, plus réduite que dans le reste de la France : le Nord et la Picardie gagnés aux variétés anglaises et aux lignées Vilmorin (groupe 1), et une zone du Sud-Ouest au Centre-

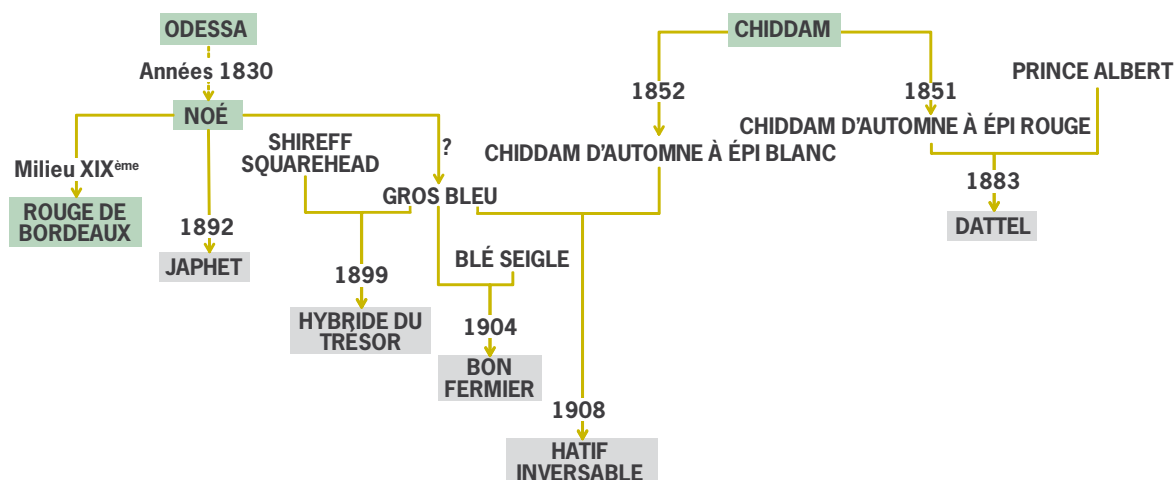
TABLEAU D-2

Répartitions des 7 principales variétés présentes en France en 1912 selon la précocité de modernisation : groupes 3,4,5,6,7 où la mutation de l'agriculture a été tardive, versus les groupes 1 et 2 où la modernisation a été plus précoce

EN % DE LA SURFACE TOTALE DE BLÉ TENDRE DE CHAQUE ZONE EN 1912		GROUPES DE DÉPARTEMENTS		
		GRUPE 1 « Faible diversité en 1912 »	GRUPE 2 « Faible diversité en 1912 »	GROUPES 3/4/5/6 ET 7 « Forte diversité en 1912 »
LIGNÉES ANCIENNES	JAPHET	21,7	10,7	10
	BON FERMIER	21,9	9,6	10,6
	DATTEL	6	2,6	1,5
	HYBRIDE DU TRESOR	6,2	1,6	3,4
	HATIF INVERSABLE	4,3	0,1	0,7
VARIÉTÉ DE PAYS	ROUGE DE BORDEAUX	16,6	48,4	17,9
	NOÉ	5	17,8	4,5
TOTALS		81,7	90,8	48,6

FIGURE 5

ARBRE GÉNÉALOGIQUE DES 7 PRINCIPALES VARIÉTÉS ANCIENNES PRÉSENTES EN FRANCE EN 1912. L'obtention de la variété GROS BLEU n'est pas datée et la sélection de NOÉ à partir d'ODESSA est supposée. Les variétés en fond vert sont des variétés de pays et en fond gris des lignées anciennes.



Ouest (groupe 2) où le ROUGE DE BORDEAUX et NOÉ (issus de blés d'Ukraine) sont dominants.

D.3 COMPARAISON DES CHANGEMENTS OBSERVÉS AUX ÉCHELLES DÉPARTEMENTALE ET NATIONALE

Les variations temporelles des indicateurs du tableau de bord aux échelles départementales et nationales sont présentées dans la Figure 6.

D.3.1 VARIATIONS DU NOMBRE DE VARIÉTÉS (NIVEAU 1 DU TABLEAU DE BORD)

Au XX^{ème} siècle à l'échelle nationale comme à l'échelle départementale, la tendance globale est une forte augmentation du nombre de variétés inventoriées, avec un facteur 6 ou 7 entre 1912 et 2006 (pour les valeurs départementales maximales) et un creux durant les années 60-70 (graphique A de la Figure 6).

Comme indiqué plus haut, le creux des années 60-70 est en partie dû aux méthodologies d'enquêtes mais reflète aussi très probablement une réalité de l'époque. Cette période de resserrement autour d'un nombre limité de variétés a déjà été observée dans d'autres régions du monde durant la Révolution Verte [76]. Pour le blé tendre, les systèmes de culture ont été modifiés après la seconde guerre mondiale avec une création variétale orientée vers la production de variétés élites à pailles plus courtes et valorisant mieux l'engrais azoté.

À l'échelle départementale, on observe des nombres de variétés du même ordre en 1912 et de 1964 à 1979, alors que ce nombre est plus faible à l'échelle nationale

en 1964-79 qu'en 1912. En 1964-79, il y a donc autant de variétés dans chaque département qu'en 1912, mais il s'agit plus souvent des mêmes d'un département à l'autre. La diversité à l'échelle nationale baisse alors à cause d'une diminution de la diversité entre départements.

À partir de 1980, le nombre de variétés diffère de plus en plus d'un département à l'autre comme le montre l'étalement du nuage de points (cf graphique A de la figure 6) : alors qu'en 1912 on relevait de 4 à 13 variétés par département, on en dénombre de 6 à 84 en 2006. En d'autres termes, depuis 1980, de nombreuses variétés sont cultivées dans certains départements mais pas dans d'autres.

D.3.2 VARIATIONS DES INDICES SW DE SHANNON, ES DE SIMPSON ET J DE PIÉLOU (NIVEAU 2 DU TABLEAU DE BORD)

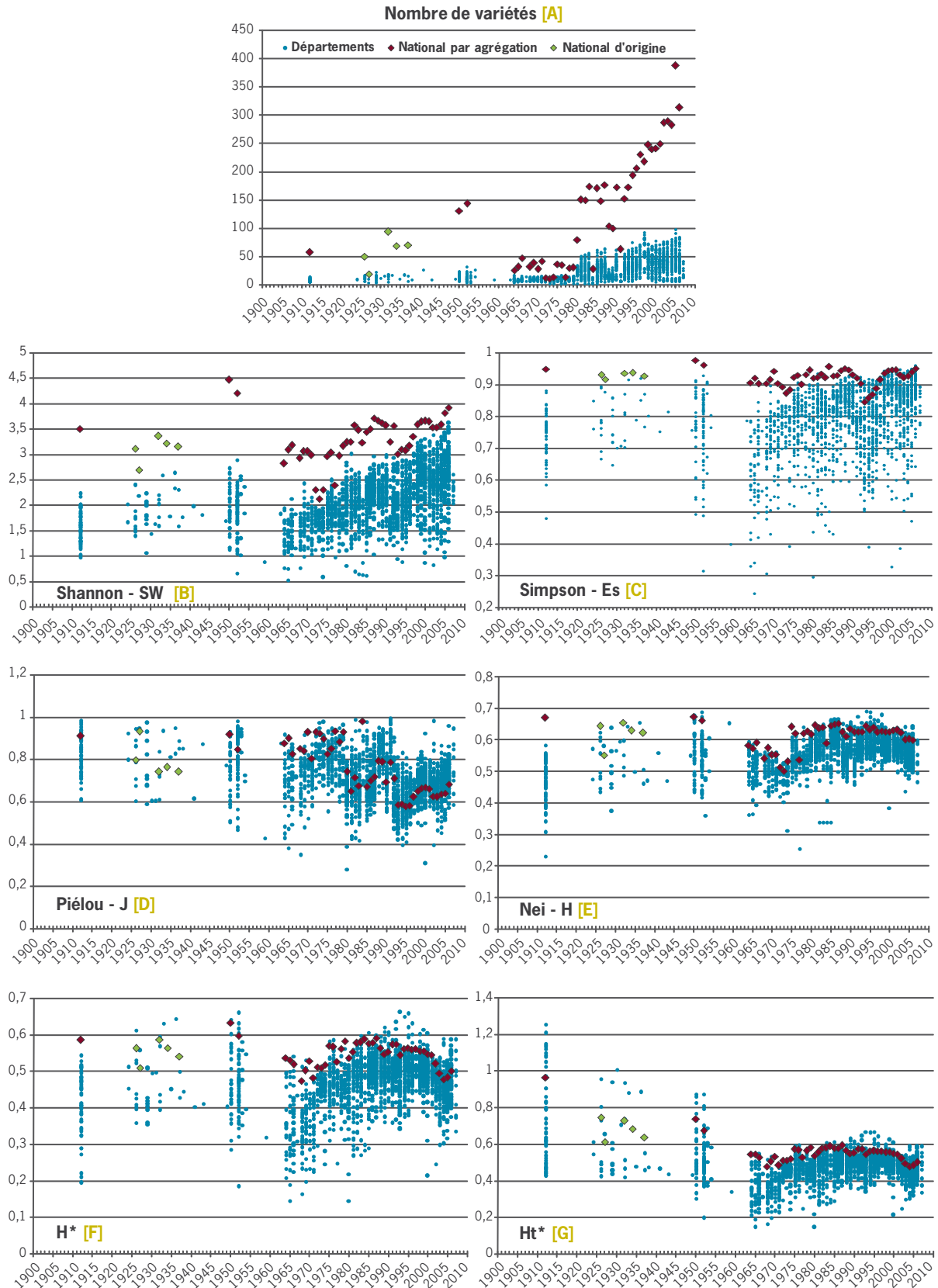
► Indice de Shannon : SW

Les variations aux échelles nationale et départementale sont similaires : une augmentation de 1912 au début des années 1950, puis une diminution entre 1952 et le milieu des années 1960, suivie d'une nouvelle augmentation de 1980 jusqu'en 2006 (cf. graphique B de la Figure 6). Cette double augmentation et celle du nombre de variétés déjà observée au niveau 1 du tableau de bord sont synchrones. Elles correspondent à l'arrivée de nombreuses variétés mises en culture sur de petites surfaces dans les territoires, l'indice de Shannon étant ici sensible aux variétés rares.

Les tendances sont assez similaires aux échelles départementale et nationale, excepté au niveau des valeurs maximales survenant en 2006 à l'échelle

FIGURE 6

VARIATIONS TEMPORELLES DES INDICATEURS DU TABLEAU DE BORD SUR L'ENSEMBLE DES DÉPARTEMENTS (points bleus) ET À L'ÉCHELLE NATIONALE (losanges rouges = méthodologie « nationale et par agrégation » à partir des données départementales ; losanges verts = méthodologie « nationale d'origine »)



départementale et en 1952 à l'échelle nationale. Les valeurs départementales prises par l'indice de Shannon sont de plus en plus différentes les unes des autres entre départements au cours du temps comme le montre l'étalement du nuage de points (cf graphique B de la figure 6). Cela correspond à l'arrivée de nombreuses variétés (cf. D.3.1) sur de petites surfaces ne se produisant pas de manière homogène d'un département à l'autre. Ainsi l'augmentation de l'hétérogénéité spatiale à l'échelle nationale semble corrélée mais non proportionnelle à l'augmentation du nombre de variétés.

► Indice de Simpson : ES

À l'échelle nationale, l'**indice de Simpson** (sensible aux variétés dominantes) est globalement stable tout au long de la période d'observation, excepté un léger creux au début des années 1990 (graphique C de la Figure 6). Les variétés leader exercent donc une domination constante en France sur l'ensemble du XX^{ème} siècle. À l'échelle départementale, une légère augmentation des valeurs prises par l'indice de Simpson, indique un léger recul des variétés dominantes dans les départements au cours du XX^{ème} siècle.

L'écart entre les moyennes départementales et les valeurs nationales, qui se réduit après 1970, montre que les variétés leader sont de plus en plus similaires entre départements malgré l'augmentation de l'offre variétale.

Le léger creux observé pour les valeurs nationales prises par l'indice ES durant la première moitié des années 90 correspond à la domination de la variété SOISSONS qui occupe environ 1/3 des surfaces nationales en blé tendre.

► Indice de Piélou : J

L'**indice de Piélou** aux échelles départementale et nationale est relativement stable de 1912 jusqu'à la fin des années 70. Il montre deux baisses très nettes correspondant aux périodes de forte augmentation du nombre de variétés observées : la première vers 1980 et la seconde vers 1990 (graphique D de la Figure 6). En accord avec les analyses faites pour les **indices de Shannon et Simpson**, l'augmentation du nombre de variétés sur ces deux périodes ne modifie pas la domination des variétés leader à l'échelle nationale mais concerne plutôt des variétés présentes sur de très faibles surfaces. L'équitabilité spatiale révélée par **Piélou** diminue alors entre variétés leader et minoritaires. Sur les 15 dernières années, les valeurs moyennes départementales et les valeurs nationales se confondent. Elles indiquent là encore l'influence des variétés leader, de plus en plus similaires entre départements au cours du temps.

Les tendances observées par ces trois indicateurs de diversité spatiale montrent que :

- L'intégration des données de surface change nettement notre vision des changements de la diversité par rapport à ceux décrits uniquement à partir du nombre de variétés.
- Le nombre de variétés relevées dans les départements augmente au cours du temps, mais seul un petit nombre de variétés dominantes est toujours cultivé sur l'essentiel du territoire. De plus, les variétés leader sont de plus en plus similaires entre départements depuis la fin des années 60.
- Les départements se ressemblent de plus en plus en termes de variétés et de partage des surfaces entre ces variétés. Cette tendance indique une homogénéisation de la diversité des variétés de blé tendre cultivées entre départements au cours du XX^{ème} siècle.

En résumé, les départements qui avaient une « identité variétale » au début du XX^{ème} siècle tendent à se ressembler de plus en plus au vue des principales variétés cultivées.

D.3.3 VARIATIONS DE L'INDICE H DE NEI (NIVEAU 2 DU TABLEAU DE BORD)

Les variations de l'**indice H de Nei** sont liées au nombre de variétés inventoriées (notamment à l'exhaustivité des inventaires variétaux) et à leur proximité génétique. Une tendance commune observable entre le nombre de variétés et l'**indice H de Nei** concerne la période de creux entre 1964-1974 (graphique D de la Figure 6). Sur le reste de la période d'observation, la diversité génétique intervariétale mesurée par l'**indice H de Nei** augmente légèrement au niveau des départements mais stagne, voire diminue, à l'échelle nationale. Cette légère stagnation à l'échelle nationale survient malgré qu'une nette augmentation du nombre de variétés soit observée dans le même temps. Cette observation suggère que la distribution des fréquences alléliques au sein des variétés cultivées reste du même ordre au cours du temps, bien qu'elle soit effective sur de plus en plus de variétés.

L'écart entre les valeurs nationales et les moyennes départementales de l'**indice de Nei** se réduit au cours du temps. Les différences de diversité génétique entre variétés sont de moins en moins grandes entre départements au cours du temps.

D.3.4 VARIATIONS DE L'INDICE H* (NIVEAU 3 DU TABLEAU DE BORD)

Les différences observables entre les valeurs obtenues par **H** et par **H*** sont dues aux répartitions de surfaces des variétés, et donc des allèles qu'elles portent, dans

les paysages. Les variétés influençant le plus le **H*** sont celles réparties sur les surfaces les plus importantes.

Hormis les creux déjà observés durant la période 1964-1974 et les années 2000, les valeurs départementales prises par le **H*** semblent globalement stables. On note toutefois un resserrement des valeurs prises par les différents départements au cours du temps (graphique F de la Figure 6). Sur la fin de la période d'observation, les valeurs départementales et nationales se confondent peu à peu. La tendance est en effet à la culture des mêmes variétés sur des surfaces comparables entre les différents départements. La comparaison des valeurs départementales versus nationales de l'indice **H***, intégrant des données génétiques et de répartition de surface, traduit cette uniformisation de la diversité génétique du blé tendre cultivé entre départements.

Le niveau de diversité mesuré par l'indice **H*** à l'échelle nationale est plus faible dans la période récente (après 2000) que durant la période 1912-1952. Comme montré par l'indice de Simpson, il n'y a pas de variation dans la domination des variétés leader en France au cours du XX^{ème} siècle. Cependant, **H***, influencé par ces variétés leader, diminue après 1952. Ceci indique une plus forte proximité génétique entre variétés leader (correspondant ici aux variétés couvrant au moins 1 % de la surface nationale en blé tendre une année donnée, cf. Annexe n° 10 en ligne) dans les années récentes par rapport à période 1912-1952.

D.3.5 VARIATIONS DE L'INDICE Ht* (NIVEAU 4 DU TABLEAU DE BORD)

Avant 1955, les variétés présentent une forte diversité génétique intravariétale, les variations mesurées par les indices **H*** et **Ht*** sont alors distinctes. À partir de 1964, ces variations deviennent quasiment identiques.

TABLEAU D-3

Pourcentages des types de variétés cultivées à l'échelle nationale (méthode par agrégation) pour 5 dates clés dans l'évolution de la culture du blé tendre.

ANNÉE	VARIÉTÉS DE PAYS	LIGNÉES ANCIENNES	LIGNÉES PURES MODERNES
1912	57,2	42,8	
1950	7,9	90,1	1,9
1952	6,1	80,7	13,2
1964		5,2	94,8
1972			100

À l'échelle départementale, l'ensemble des valeurs de **Ht*** baisse de façon importante et régulière de 1912 à 1964 (graphiques G de la Figure 6). Pourtant, il apparaît que pour la moitié des départements enquêtés cette année (28 sur 55), **Ht*** atteint des valeurs supérieures à celle de la période 1964-2006.

À l'échelle nationale, les valeurs de **Ht*** baissent également entre 1912 et 1964 puis remontent jusqu'au milieu des années 1980. Ce léger regain est suivi d'une baisse jusqu'en 2006. Ainsi, dans les années 2000, les valeurs de **Ht*** avoisinent celles des années 1960.

La prise en compte de la diversité génétique au sein de chaque variété de blé tendre met en évidence une forte homogénéisation de celle-ci entre 1912 et 1964, en plus des tendances déjà révélées par **H*** entre 1964 et 2006. Cette réduction de la diversité intravariétale qui est la principale cause de la chute de **Ht*** se conjugue avec une stagnation, voire à une baisse, de diversité génétique intervariétale sur la même période, comme le montre l'indice de **Nei** et **H***. Cette baisse est due à un double mouvement (cf. Tableau D-3) :

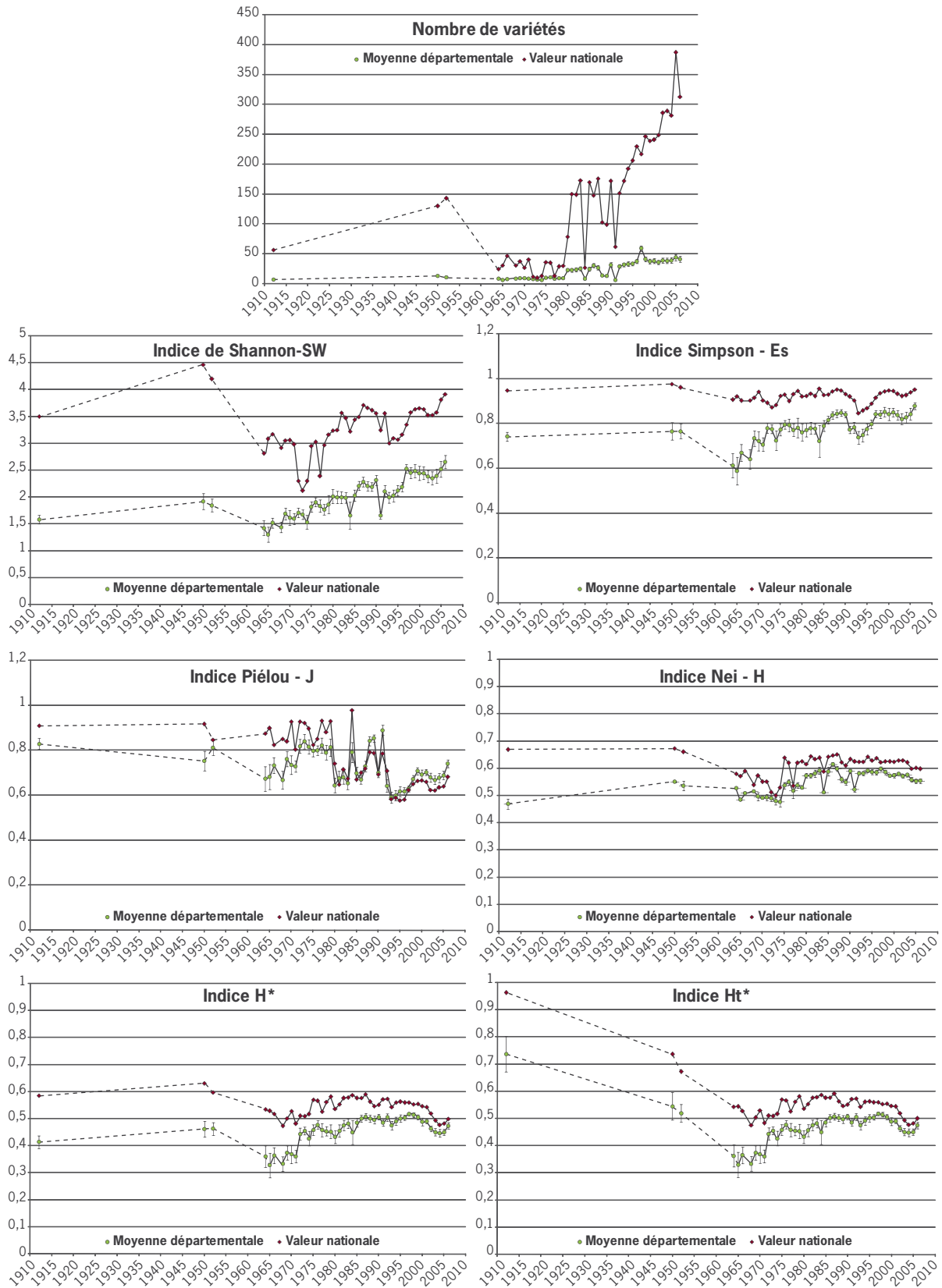
- entre la fin du XIX^{ème} siècle et 1950, il se produit un recul des variétés de pays au profit de lignées anciennes plus homogènes,
- entre 1950 et 1964, on observe un recul des lignées anciennes au profit de nouvelles variétés encore plus homogènes.

D.4 SYNTHÈSE ET DISCUSSION

La Figure 7 présentée ci-après reprend les sorties du tableau de bord à l'échelle nationale. À l'échelle départementale, les valeurs observées sont représentées par les moyennes annuelles et les intervalles de confiance à 95% correspondants.

FIGURE 7

VARIATIONS TEMPORELLES DES INDICATEURS DU TABLEAU DE BORD AUX ÉCHELLES DÉPARTEMENTALE ET NATIONALE ENTRE 1912 ET 2006. Les points rouges correspondent aux valeurs de diversité observées à l'échelle nationale, et les points verts à la moyenne des valeurs de diversité observées à l'échelle des départements (barre d'erreur = intervalles de confiance à 95%)



Les principaux résultats montrent que :

- ▶ Le **nombre de variétés augmente** à l'échelle nationale de 1912 à 2006 d'un facteur 6 ou 7, traduction d'une lacune documentaire pour 1912 et surtout d'un effort de création variétale au cours du XX^{ème} siècle ;
- ▶ L'hétérogénéité spatiale dans la mise en culture des variétés, mesurée par **l'indice de Shannon**, est globalement stable à l'échelle nationale entre 1912 à 2006, atteignant un maximum vers 1950 et un minimum autour des années 1960-70 (le chiffre faible de 1912 s'explique en partie par un manque de données pour les variétés minoritaires). Notons que le maximum survient à une époque où le nombre de variétés inventoriées est beaucoup plus faible que dans les années 1980-2000 ;
- ▶ **L'indice de Simpson** est globalement stable de 1912 à 2006 à l'échelle nationale. Ce résultat indique **une domination des quelques variétés leader à chaque période** ;
- ▶ L'équitabilité spatiale entre les variétés, mesurée par **l'indice de Piélou**, est globalement stable à l'échelle nationale de 1912 à 1980 puis diminue de 1980 à 2006. Ceci traduit **un écart de plus en plus important entre un faible nombre de variétés leader et un nombre croissant de variétés minoritaires** ;
- ▶ À l'échelle nationale, la diversité génétique intervariétale, mesurée par **l'indice H de Nei**, présente une relative stabilité entre 1912 et 2006. Ceci montre que la **distribution des fréquences alléliques entre variétés cultivées reste du même ordre au cours du temps**, même si le nombre de variétés augmente.
- ▶ À l'échelle nationale, la diversité génétique spatiale intervariétale, mesurée par **l'indice H*** présente des valeurs maximales au début des années 1950. Des valeurs minimales sont observées dans les années 60 et les années 2000, traduisant une **homogénéisation génétique entre variétés dominantes** et une **homogénéisation spatiale entre départements**. Les départements ont ainsi tendance à se ressembler de plus en plus au cours du temps en termes de variétés cultivées et de leurs répartitions en surface ;
- ▶ À l'échelle nationale, la diversité génétique spatiale inter et intravariétale mesurée par **Ht***, montre une baisse importante entre 1912 et 2006. En plus de l'homogénéisation génétique intervariétale et spatiale observée grâce à **l'indice H***, on observe également **une homogénéisation génétique intravariétale** : celle-ci correspond au remplacement des « variétés populations » par des lignées pures lors de la modernisation agricole ;
- ▶ **Ht*** synthétise trois types d'homogénéisations : homogénéisation génétique intervariétale chez les variétés dominantes, homogénéisation génétique intravariétale, et homogénéisation spatiale entre

départements. Il révèle une **forte homogénéisation de la diversité génétique** du blé tendre cultivé sur le territoire français au cours du XX^{ème} siècle, surtout entre 1912 et la fin des années 60.

La combinaison de l'exhaustivité plus limitée des données aux périodes anciennes et la méthodologie prudente sur la réexpertise de ces données peut amener à sous-estimer les valeurs de certains indices aux dates anciennes, notamment le **H de Nei**, mais aussi le **H*** et le **Ht***. L'homogénéisation de la diversité génétique survenue depuis le début du XX^{ème} siècle est donc très probablement plus importante que celle observée ici. Alors qu'au sein du pool de variétés mises en cultures chaque année, la diversité génétique entre ces variétés (**H**) semble presque stable au cours du XX^{ème} siècle, elle chute dès qu'on la pondère par l'abondance *in situ* de ces variétés (ici via les surfaces, **H***), et plus encore lorsque l'on prend en compte la diversité génétique qui pouvait exister à l'intérieur des parcelles (**Ht***). Ainsi, même si les méthodologies et les données mobilisées ici ne permettent pas de répondre sur une éventuelle érosion de la diversité *sensu stricto* (en termes de perte d'allèles par exemple), il apparaît qu'au cours du XX^{ème} siècle, on assiste à une nette homogénéisation de la diversité génétique du blé tendre cultivé en France.

Hormis Piélou et Simpson², les indices utilisés mettent en évidence une **diversité minimale entre la fin des années 1950 et le début des années 1970**³. Ce phénomène pourrait s'expliquer par la conjonction des facteurs suivants :

- ▶ La disparition des variétés de pays, riches de diversité intravariétale et, dans une moindre mesure, le passage des lignées anciennes à des lignées pures modernes plus homogènes ;
- ▶ Une régulation de l'innovation variétale qui fixe des qualités standard par un barème VAT (Valeur Agronomique et Technologique) unique que ce soit pour des blés à usage boulanger, biscuitier ou fourrager. On sélectionne des variétés à large adaptation plutôt que localement adaptées [cf. 63] ;
- ▶ Le succès important de quelques variétés phares : CAPPELLE (1946) dans le nord de la France et ÉTOILE DE CHOISY (1950) dans le sud, a entraîné une réduction de la diversité au sein de chaque département et entre eux. Cette homogénéisation variétale peut s'expliquer par une limitation de l'offre proposée par les coopératives pour faciliter la distribution et la collecte, et répondre aux

2. À cause du manque d'exhaustivité des données à cette époque et des sensibilités propres de ces deux indices, on ne note pas de baisse de diversité pour ces deux indicateurs : **Piélou** est sensible à la présence de variétés minoritaires (lorsque d'autres dominent) qui sont peu renseignées dans les documents sources pour cette période, faisant remonter les valeurs de **J** ; **Simpson** est sensible à la domination de certaines variétés dans les surfaces en blé tendre, ce qui est une situation relativement constante sur l'ensemble de la période d'observation.

3. On retrouve ici la chute identifiée dans la littérature dans d'autres pays dans la période de la Révolution Verte (voir partie B.2.2).

demandes de l'aval de la filière : moulins, industries agroalimentaires, boulangers, consommateurs...

Entre 1964 et le milieu des années 1980, on constate un léger redressement de l'indice Ht*, dû à l'évolution de la régulation comme l'autorisation de blés fourragers à faible valeur boulangère dans les années 1970 et à l'introduction de nouveaux allèles par les sélectionneurs comme des gènes de nanisme issus de la révolution verte, des allèles de résistances aux maladies, un nouveau fond génétique des blés fourragers anglais autorisés en France, etc.

Le léger tassement entre le milieu des années 1980 et la fin des années 2000, alors que le nombre de variétés cultivées augmente fortement, pourrait trouver sa cause dans une plus forte proximité génétique entre les variétés

qui dominent le paysage (cf. la nette baisse de l'indice H* au cours de cette même période).

Ces observations montrent que **pour suivre l'état de la diversité d'une plante cultivée, il faut utiliser un ensemble d'indicateurs. Ils permettent d'appréhender différents aspects de cette diversité et peuvent présenter des tendances différentes voire opposées.**

En outre l'utilisation de ce tableau de bord montre l'intérêt de disposer d'indicateurs composites et d'indicateurs élémentaires. Ces derniers permettent de décomposer l'influence des différents paramètres sur les variations des indicateurs composites. Ils apportent ainsi des éléments explicatifs des variations observées.



E]

CONCLUSION

E.1 UN TABLEAU DE BORD DONT L'INTÉRÊT EST DÉMONTRÉ

Cette étude montre qu'il est utile et possible de mettre en place un tableau de bord, construit à partir de quelques indicateurs bien choisis, pour suivre les changements de diversité génétique des plantes cultivées en France.

Le tableau de bord proposé ici pour suivre la diversité génétique du blé tendre cultivé en France est composé des indicateurs suivants :

- ▶ **NOMBRE DE VARIÉTÉS CULTIVÉES**
- ▶ **INDICE DE SHANNON** : hétérogénéité de la répartition des variétés dans le paysage
- ▶ **INDICE DE SIMPSON** : dominance de la répartition des variétés dans le paysage
- ▶ **INDICE DE PIÉLOU** : équitabilité de la répartition des variétés dans le paysage
- ▶ **INDICE H DE NEI** : diversité génétique entre variétés
- ▶ **INDICE H*** : diversité génétique entre variétés, pondérée par leurs répartitions dans le paysage
- ▶ **INDICE Ht*** : diversité génétique entre et à l'intérieur des variétés, pondérée par leurs répartitions dans le paysage.

Pour avoir une vision globale de l'évolution de la diversité génétique d'une espèce cultivée, il peut être complété par un autre tableau de bord de suivi de la diversité génétique *ex situ*, par exemple inscrite au catalogue ou présente en collection. Il pourrait s'appuyer sur certains des indicateurs ci-dessus, comme l'**indice H de Nei**.

À notre connaissance, il n'existe pas d'études équivalentes ayant appliqué un tel tableau de bord pour suivre la diversité génétique cultivée *in situ*, ni pour la France ni pour d'autres pays, sur l'espèce blé tendre ou pour d'autres plantes cultivées ou sauvages.

Pour le cas du blé tendre étudié ici, les sorties du tableau de bord ont permis de mettre en évidence 3 processus d'homogénéisation de la diversité cultivée en France depuis un siècle :

- ▶ une homogénéisation de la diversité génétique à l'intérieur des variétés avec le passage de «variétés populations» à des lignées génétiquement pures, surtout observé entre 1912 et 1964 ;
- ▶ une uniformisation de la diversité génétique entre les variétés majoritairement 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 homogénéisation 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.

Ces trois dynamiques aboutissent à une homogénéisation globale de la diversité génétique des variétés de blé tendre cultivées en France entre 1912 et 2006. Par ailleurs, une cohérence territoriale a été mise en évidence. Pour les territoires Nord, Centre et Ouest, le passage de «variétés populations» à des lignées génétiquement pures était déjà bien entamé dès le début du XX^{ème} siècle. En revanche, ce passage s'est opéré durant la première moitié du XX^{ème} siècle dans les territoires comme l'extrême Ouest, l'Est et le Sud, régions en périphérie des grands bassins céréaliers.

L'augmentation du nombre de variétés cultivées n'empêche pas l'homogénéisation de la diversité génétique cultivée dans les champs.

Il faut noter que cette étude ne démontre pas *stricto sensu* qu'une érosion de la biodiversité cultivée, au sens de perte d'allèles, est en cours. Il faudrait pour cela des analyses plus poussées qui permettraient de quantifier les différents d'allèles présents au cours du temps *in situ*. Notre étude démontre en revanche, qu'une forte

homogénéisation de la diversité génétique du blé tendre cultivé a eu lieu en France depuis un siècle.

E.2 UNE APPROCHE GÉNÉRALISABLE À D'AUTRES ESPÈCES

Les résultats présentés ici concernent le blé tendre, culture majeure en France. Cependant, la méthodologie employée ; indicateurs utilisés, marqueurs génétiques, inventaires des surfaces cultivées, est généralisable à d'autres espèces. Elle permettrait d'évaluer les tendances de la diversité génétique pour différentes espèces contribuant significativement aux cultures dans un territoire. Cependant, la mise en œuvre du protocole devra être adaptée pour chaque espèce en fonction de :

- ▶ ses caractéristiques biologiques et génétiques,
- ▶ du territoire observé,
- ▶ des phases marquantes de l'histoire de la sélection et de la commercialisation de la plante étudiée pour bien cerner l'échelle de temps à prendre en compte.

De plus, l'approche pourrait cibler des régions de l'ADN porteuses de gènes d'intérêt ou des données phénotypiques (taille, forme, résistance aux maladies...) afin de suivre la diversité fonctionnelle des variétés cultivées ou de pallier un manque de données de marquage génétique.

E.3 PERSPECTIVES

Les résultats du tableau de bord proposé fournissent des éléments très utiles pour optimiser les protocoles d'enquêtes variétales et de suivi de la diversité génétique

des plantes cultivées au sein d'observatoires de la biodiversité. Les indicateurs proposés pourront être utilisés au sein du dispositif RG-scope¹. Leur utilisation pourrait être considérée par la Stratégie Nationale pour la Biodiversité² et par les observatoires de la biodiversité agricole³.

Finalement, ce type d'étude permet de retracer les conséquences de l'évolution de l'agriculture et des filières associées sur la diversité de plantes cultivées. L'application de ces indicateurs est un formidable outil pour éclairer les décideurs sur les actions visant à maintenir, aux échelles nationale et territoriale, la diversité des ressources génétiques cultivées.

Il faut rappeler ici qu'une stagnation des rendements en blé tendre est observée depuis environ une quinzaine d'années dans de nombreux pays dont la France. D'après Brisson *et al.* [77], ce phénomène s'explique par des changements des pratiques et des systèmes de culture, et notamment une moindre utilisation des intrants, mais également par les effets délétères du climat avec des événements stressants de plus en plus fréquents pour les variétés cultivées. Gageons que face à l'augmentation de ces conditions sub-optimales, l'Homme aura besoin de mobiliser de façon accrue les ressources génétiques pour faire face aux défis sociaux et environnementaux de l'agriculture et de l'alimentation de demain.

1. En tant que partie de l'ECOSCOPE, labellisé SOERE en 2011, le projet RG-scope, porté par la FRB, vise à fédérer les dispositifs de caractérisation et d'observation des ressources génétiques en mettant en réseau les structures et leurs métadonnées via un portail informatique national.

2. Voir www.developpement-durable.gouv.fr/Les-orientations-strategiques-de.html

3. Par exemple, www.haute-marne.chambagri.fr/kit/environnement-energie/biodiversite/observatoire-de-la-biodiversite.html

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES¹

- [1] Silvain, J.F., Le Roux, X., Babin, D., Barbault, R., Bertin, P., Bodo, B., Boude, J.P., Boudry, P., Bourgoïn, T., Boyen, C., Cormier-Salem, M.C., Courchamp, F., Couvet, D., David, B., Delay, B., Doussan, I., Jaskulke, E., Lavorel, S., Leadley, P., Lefèvre, F., Leriche, H., Letrouneux, F., Los, W., Mesleard, F., Morand, S., Schmidt-Lainé, C., Siclet, F. et Verrier, E., 2009. Prospective pour la recherche française en biodiversité, Fondation pour la recherche sur la biodiversité, 96 pp. <http://www.fondationbiodiversite.fr/images/stories/recherche/prospective-scientifique-2009-finale-fr.pdf>
- [2] Hamon, C., 2007. Mise en place d'un indicateur de diversité cultivée à l'échelle territoriale : Cas de l'évolution de la diversité du blé tendre au cours du XX^{ème} siècle. Mémoire de fin d'études pour l'obtention du diplôme d'agronomie approfondie, Spécialité génie de l'environnement, Option systèmes de production et développement rural. Agrocampus Rennes, INH Angers.
- [3] Bonneuil, C., Goffaux, R., Balfourier, F., Bonnin, I., Montalent, P., Hamon, C., et Goldringer, I., 2011. A new integrative indicator to assess crop genetic diversity. Soumis.
- [4] SNB, 2007. Ministère de l'Écologie, de l'Énergie, du Développement Durable et de la Mer, en charge des Technologies vertes et des Négociations sur le climat, 2007. Stratégie nationale pour la biodiversité : Présentation des indicateurs de suivi de la biodiversité proposés pour la métropole. http://www.developpement-durable.gouv.fr/IMG/pdf/DGALN__1_indicateurs-biodiv-SNB-metropole.pdf
- [5] CNUED, 1992. UNITED NATIONS CONFERENCE ON ENVIRONMENT AND DEVELOPMENT 1992, Convention on Biological Diversity, Rio de Janeiro. Reprinted in International Legal Materials, 31.
- [6] Wimp, G.M., Young, W.P., Woolbright, S.A., Martinsen, G.D., Keim, P. et Whitham, T.G., 2004. Conserving plant genetic diversity for dependant animal communities. *Ecology Letters* 7: 776-780.
- [7] Hajjar, R., Jarvis, D.I., et Gemmill-Herren, B., 2008. The utility of crop genetic diversity in maintaining ecosystem services. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 123 (2008), 261-270.
- [8] Bailey, J.K., Schweitzer, J.A., Ubeda, F., Koricheva, J., LeRoy, C.J., Madrich, M.D., Rehill, B.J., Bangert, R.K., Fischer, D.G., Allan, G.J., et Whitham, T.G., 2009. From genes to ecosystems: a synthesis of the effects of plant genetic factors across levels of organization. *Phil. Trans. R. Soc.* 364: 1607-1616.
- [9] Whitham, T.G., Bailey, J.K., Schweitzer, J.A., Shuster, S.M., Bangert, R.K., LeRoy, C.J., Lonsdorf, E.V., Allan, G.J., DiFazio, S.P., Potts, B.M., Fischer, D.G., Gehring, C.A., Lindroth, R.L., Marks, J.C., Hart, S.C., Wimp, G.M. et Wooley, S.C., 2006. A framework for community and ecosystem genetics: from genes to ecosystems. *Nature*, volume 7: 510-523.
- [10] Bangert, R.K., Turek, R.J., Rehill, B., Wimp, G.M., Schweitzer, J.A., Allan, G.J., Bailey, J.K., Martinsen, G.D., Keim, P., Lindroth, R.L. et Whitham, T.G., 2006. A genetic similarity rule determines arthropod community structure. *Molecular Ecology* (2006) 15, 1379-1391.
- [11] Chateil, C. 2010. De la parcelle au paysage : quels déterminants de la biodiversité et des services écosystémiques dans les agro-écosystèmes ? Thèse du Museum National d'Histoire Naturelle.
- [12] van de Wouw, M., Kik, C., van Hintum, T., van Treuren, R., et Visser, B., 2009. Genetic erosion in crops: concept, research, results and challenges. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization* 8: 1-15.
- [13] GBO 2, 2006. Secrétariat de la Convention de la Diversité Biologique, 2006. Perspectives mondiales de la diversité biologique, deuxième édition. Montréal, 83 + VIII pages. <http://www.cbd.int/doc/gbo/gbo2/cbd-gbo2-fr.pdf>
- [14] GBO 3, 2010. Secrétariat de la Convention de la Diversité Biologique, 2010. 3^{ème} édition des Perspectives mondiales de la diversité biologique. Montréal, 94 pages. <http://www.cbd.int/doc/publications/gbo/gbo3-final-fr.pdf>
- [15] FAO, 2010. The Second Report on the State of The World's Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Rome. <http://www.fao.org/docrep/013/i1500e/i1500e00.pdf>

1. Pour la liste de l'ensemble des publications consultées, cf. Annexe n°1 en ligne sur www.fondationbiodiversite.fr

[16] Valarcher, J., 2009. Quatrième rapport national de la France à la Convention sur la Diversité Biologique. Ministère de l'Ecologie, de l'Energie, du Développement durable et de la Mer, Secrétariat général – Direction des Affaires Européennes et Internationales.

[17] SBSTTA 10, 2005. Indicators for assessing progress towards the 2010 target: Trends in genetic diversity of domesticated animals, cultivated plants, and fish species of major socio-economic importance. Note by the Executive Secretary. Tenth meeting, Bangkok, 7-11 February 2005. Item 5,4 of the provisional agenda. <http://www.cbd.int/doc/meetings/sbstta/sbstta-10/information/sbstta-10-inf-14-en.pdf>

[18] Balfourier, F., Ravel, C., Bochar, A-M., Exbrayat-Vinson, F., Boutet, G., Sourdille, P., Dufour, P. et Charmet, G., 2006. Développement, utilisation et comparaison de différents types de marqueurs pour étudier la diversité parmi une collection de blé tendre. Les Actes du BRG, 6, 129-144.

[19] European Environment Agency, 2007. Halting the loss of biodiversity by 2010: proposal for a first set of indicators to monitor progress in Europe. European Environment Agency Technical report, n°11/2007, Copenhagen. 186 pp.

[20] Levrel H., (2007), Selecting indicators for the management of biodiversity, Les Cahiers de l'IFB, IFB Edition, Paris, 94p.

[21] FAO, 1996. Rapport sur l'état des ressources génétiques dans le monde. Préparé pour la conférence internationale sur les ressources génétiques, Leipzig, Allemagne 17 au 23 juin 1996.

[22] Mondini, L., Noorani, A. et Pagnotta, M.A., 2009. Assessing plant genetic diversity by molecular tools. Diversity, 1: 19-35.

[23] Stehno, Z., Dotlacil, L., Faberova, I., Martynov, S. et Dobrotvorskaya, T., 2003. Genealogical analysis of the genetic diversity in winter wheat cultivars grown in the former Czechoslovakia and the present Czech Republic during 1919-2001. Czech J. Genet. Plant Breed., 39:99-108.

[24] Dreisigacker, S., Zhang, P., Warburton, M.L., van Ginkel, M., Hoisington, D., Bohn, M., et Melchinger, A.E., 2004. SSR and pedigree analyses of genetic diversity among CIMMYT wheat lines targeted to different megaenvironments. Crop Sci. 44:381-388.

[25] Sud, S., Singh Bains, N. et Singh Nanda, G., 2005. Genetic relationships among wheat genotypes, as revealed by microsatellite markers and pedigree analysis. J Appl Genet 46(4), 2005, pp. 375-379.

[26] DeLacy, I.H., Skovmand, B. et Huerta, J., 2000. Characterization of Mexican wheat landraces using agronomically useful attributes. Genetic Resources and Crop Evolution 47, 591-602.

[27] Vieira, E.A., de Carvalho, F.I.F., Bertan, I., Kopp, M.M., Zimmer, P.D., Giovani, B., Gonzales da Silva, A., Hartwig, I., Malone, G., et Costa de Oliveira, A., 2007. Association between genetic distances in wheat (*Triticum aestivum* L.) as estimated by AFLP and morphological markers. Genetics and Molecular Biology, 30, 2, 392-399.

[28] Auvuchanon, A., 2010. Genetic diversity of wheat cultivars from Turkey and U.S. great plains. Agronomy and Horticulture Department. Theses, Dissertations, and Student Research in Agronomy and Horticulture. University of Nebraska – Lincoln, 106 p.

[29] Ghimire, S.K., Akashi, Y., Maitani, C., Nakanishi, M., et Kato, K., 2005. Genetic diversity and geographical differentiation in asian common wheat (*Triticum aestivum* L.), revealed by the analysis of peroxidase and esterase isozymes. Breeding Science 55: 175-185.

[30] Ghimire, S.K., Akashi, Y., Masuda, A., Washio, T., Nishida, H., Zhou, Y.-H., Yen, C., Qi, X., Li, Z., Yoshino, H., et Kato, K., 2006. Genetic diversity and phylogenetic relationship among east asian common wheat (*Triticum aestivum* L.) populations, revealed by the analysis of five isozymes. Breeding Science 56: 379-387.

[31] Zheleva, D., Todorovska, E., Christov, N., Ivanov, I., Ivanova, I. et Todorov, I., 2007. Assessing the genetic variation of bulgarian bread wheat varieties by biochemical and molecular markers. Biotechnology and Biotechnological Equipment, Vol. 21, Issue 3: 311-321.

[32] Chaparzadeh, N., Sofialan, O., Javanmard, A., Hejazi, M.S. et Zarandi, L., 2008. Study of glutenin subunits in some wheat landraces from Northwest of Iran by SDS-PAGE technique. Int. J. Agri. Biol., 10: 101-104.

[33] Altintas, S., Toklu, F., Kafkas, S., Kilian, B., Brandolini, A., et Özkan, H., 2008. Estimating genetic diversity in durum and bread wheat cultivars from Turkey using AFLP and SAMPL markers. Plant Breeding 127, 9-14.

[34] Mohammadi, S.A., Khodarahmi, M., Jamalirad, S., et Jala Kamadi, M.R., 2008. Genetic diversity in a collection of old and new bread wheat cultivars from Iran as revealed by simple sequence repeat-based analysis. Annals of Applied Biology 154: 67-76.

[35] Krystkowiak, K., Adamski, T., Surma, M. et Kaczmarek, Z., 2009. Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes in the specific combining ability and heterosis effects in wheat (*Triticum aestivum* L.). Euphytica (2009) 165:419-434.

- [36] Cadot, V., Le Clerc, V., Canadas, M., Belouard, E., Foucher, C. et Richard, E., 2006. Estimation de la diversité des variétés inscrites au Catalogue français des espèces agricoles cultivées. Réflexion préalable à la mise en place d'indicateurs de la diversité disponible. GEVES, Brion.
- [37] Silhol, P., 2010. Indicateurs de biodiversité : flux variétal, segmentation et concentration du marché pour huit espèces de grandes cultures de 1985 à 2007. Synthèse des principales études relatives à l'évaluation du progrès génétique. GNIS, Economie et Statistiques, 44 rue du Louvre – F 75001 Paris.
- [38] Hartell, J., Smale, M., Heisey, P.W., et Senauer, B., 1997. The contribution of genetic resources and diversity to wheat productivity: A case the Punjab of Pakistan. CIMMYT Economics Working Paper 97-01. Mexico, D.F.:CIMMYT.
- [39] Khlestkina, E.K., Röder, M.S., Efremova, T.T., Börner, A., et Shumny, V.K., 2004. The genetic diversity of old and modern Siberian varieties of common spring wheat as determined by microsatellite markers. *Plant Breeding* 123: 122-127.
- [40] Grewal, S., Kharb, P., Malik, R., Jain, S. et Jain, R.K., 2007. Assessment of genetic diversity among some Indian wheat cultivars using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Indian Journal of Biotechnology*, Vol 6, January 2007, pp 18-23.
- [41] Brennan, J.P., et Bialowas, A., 2001. Changes in characteristics of NSW wheat varieties 1965-1997. Economic Research Report No. 8, NSW Agriculture, Wagga Wagga.
- [42] Srinivasan, C.S., Thirtle, C., et Palladino, P., 2003. Winter wheat in England and Wales, 1923-1995: what do indices of genetic diversity reveal? *Plant Genetic Resources* 1; 43-57.
- [43] OCDE, 2001. Réunion d'experts de l'OCDE sur les indicateurs de biodiversité agricole – Résumé et recommandations. 5-8 novembre 2001, Zurich, Suisse.
- [44] Jarvis, D.I., Brown, A.H.D., Cuong, P.H., Collado-Panduro, L., Latournerie-Moreno, L., Gyawali, S., Tanto, T., Sawadogo, M., Mar, I., Sadiki, M., Thi-Ngoc Hue, N., Arias-Reyes, L., Balma, D., Bajracharia, J., Castillo, F., Rijal, D., Belqadi, L., Rana, R., Saidi, S., Ouedraogo, J., Zangre, R., Rhrib, K., Chavez, J.L., Schoen, D., Sthapit, B., De Santis, P. et Hodgkin, T., 2008. A global perspective of the richness and evenness of traditional crop-variety diversity maintained by farming communities. *PNAS*, Vol. 105 14: 5326-5331.
- [45] Sagnard, F., Barnaud, A., Deu, M., Barro, C., Luce, C., Billot, C., Rami, J-F., Bouchet, S., Dembélé, D., Pomiès, V., Catalayud, C., Rivallan, R., Joly, H., Vom Brocke, K., Touré, A., Chantereau, J., Bezançon, G. et Vaksman, M., 2008. Analyse multiéchelle de la diversité génétique des sorghos : compréhension des processus évolutifs pour la conservation *in situ*. *Cahiers Agricultures* vol. 17, n°2: 114-121.
- [46] Love, B. E., et Spaner, D., 2007. Review of agrobiodiversity: its value, measurement, and conservation (*In-Situ* and *Ex-Situ*) in the context of sustainable agriculture. *Journal of Sustainable Agriculture* 31 (2): 53-82.
- [47] Smart, S.M., Thompson, K., Marrs, R.H., Le Duc, M.G., Maskell, L.C. et Firbank, L.G., 2006. Biotic homogenization and changes in species diversity across human-modified ecosystems. *Proc. R. Soc.* 273: 2659-2665.
- [48] Reif, J.C., Zhang, P., Dreisigacker, S., Warburton, M.L., van Ginkel, M., Hoisington, D., Bohn, M., et Melchinger, A.E., 2005. Wheat genetic diversity trends during domestication and breeding. *Theor Appl Genet* 110: 859-864.
- [49] Haudry, A., Cenci, A., Ravel, C., Bataillon, T., Brunel, D., Poncet, C., Hochu, I., Poirier, S., Santoni, S., Glémin, S., et David, J., 2007. Grinding-up wheat: a massive loss of nucleotide diversity since domestication. *Mol. Biol. Evol.* 24: 1506-1517.
- [50] van de Wouw, M., van Hintum, T., Kik, C., van Treuren, R., et Visser, B., 2010. Genetic diversity trends in twentieth century crop cultivars: a meta-analysis. *Theor Appl Genet* 120. 1241-1252.
- [51] Mazoyer, M. et Roudart, L., 1997. Histoire des agricultures du monde – Du néolithique à la crise contemporaine. Editions du Seuil, 1997, 545 pp.
- [52] Bonneuil, C. et Hochereau, F., 2008. Gouverner le « progrès génétique » : Biopolitique et métrologie de la construction d'un standard variétal dans la France agricole d'après-guerre. *Annales HSS, novembre-décembre, n°6, p. 1305-1340.*
- [53] Goldringer, I. 2010. Histoire des blés : de la domestication à la sélection moderne. Livret des Résumées des XII^{èmes} Journées Scientifiques des chercheurs du réseau AUF – BIOVEG « Biotechnologies, amélioration des plantes et sécurité alimentaire ».
- [54] Roussel, V., Koenig, J., Beckert, M., et Balfourier, F., 2004. Molecular diversity in French bread wheat accessions related to temporal trends and breeding programmes. *Theor Appl Genet* 108: 920-930.
- [55] Tian, Q.Z., Zhou, R.H. et Jia, J.Z., 2005. Genetic diversity trend of common wheat (*Triticum aestivum* L.) in

China revealed with AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 52: 325-331.

[56] Martynov, S.P., Dobrotvorskaya, T.V. et Pukhalskiy, V.A. 2006. Dynamics of genetic diversity in winter common wheat *Triticum aestivum* L. cultivars revealed in Russia from 1929 to 2005. *Russian Journal of Genetics*, Vol.42, No.10, pp. 1137-1147.

[57] Marchenay, P., 1987. A la recherche des variétés locales de plantes cultivées. Guide méthodologique, Porquerolles, PAGE-PACA ; Paris, Bureau des ressources génétiques, 211 p., avec la collaboration de M.F. Lagarde.

[58] Bonneuil, C. et Thomas, F., 2009. Gènes, pouvoirs et profits. Recherche publique et régimes de production des savoirs de Mendel aux OGM, Paris, Ed. Quae-FPH.

[59] Leino, M.W., et Hagenblad, J., 2010. Nineteenth century seeds reveal the population genetics of landrace barley (*Hordeum vulgare*). *Mol. Biol. Evol.* 27: 964-973.

[60] Nei, M. et Li, W.H., 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA* 76:5269-5273.

[61] Alvarez, N., Garine, E., Khasah, C., Dounias, E., Hossaert-McKey, M. et McKey, D., 2005. Farmers' practices, metapopulation dynamics, and conservation of agricultural biodiversity on-farm: a case study of sorghum among the Duupa in sub-sahelian Cameroon. *Biological Conservation* 121 (4): 533-543.

[62] Doussinault, G., Pavoine, M.-T., Jaudeau, B., Jahier, J., 2001. Évolution de la variabilité génétique chez le blé. In : Le Perchec S., Guy P., Fraval A. (dir.). *Agriculture et biodiversité des plantes*, Dossiers de l'Environnement de l'Inra (21): 91-103.

[63] Bonneuil, C. et Thomas, F., 2010. Purifying landscapes: the Vichy regime and the genetic modernization of France. *Historical Studies in the Natural Sciences*, Vol. 40, Number 4, pps. 532-568.

[64] Shannon, C. et Weaver, W. 1949. "The mathematical theory of communication". University of Illinois Press, Urbana.

[65] Simpson, E.H., 1949. Measurement of diversity. *Nature* 163:688.

[66] Pielou, E.C., 1966. "The measurement of diversity in different types of biological collections". *J. Theor. Biol.* 13, 131-144.

[67] Brétignière, L., 1912. *Essai sur la répartition des variétés de blés cultivées en France*, Editions Delagrave, 10p.

[68] Bulletin de l'Office de Renseignement Agricole du Ministère de l'Agriculture No. 1, 1933. Direction de l'Agriculture, Ministère de l'Agriculture. Bi-mensuel, 1^{er} janvier 1933.

[69] Dusseau, A., 1932. Contribution à l'étude écologique des blés de la région du Rhône moyen (Drôme-Ardèche), Office régional agricole du Midi, Bulletin trimestriel n°43, p. 145-214.

[70] Zhang, P., Dreisigacker, S., Buerkert, A., Alkhanjari, S., Melchinger, A.E. et Warburton, M.L., 2006. Genetic diversity and relationships of wheat landraces from Oman investigated with SSR markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 00 : 1-10.

[71] Dreisigacker, S., Zhang, P., Warburton, M.L., Hoisington, D. et Melchinger, A.E., 2005. Genetic diversity among and within CIMMYT wheat landrace accessions investigated with SSRs and implications for plant genetic resources management. *Crop Sciences* 45 : 653-661.

[72] Barcaccia, G., Molinari, L., Porfiri, O. et Veronesi, F., 2002. Molecular characterization of emmer (*Triticum dicoccon* Schrank) Italian landraces. *Genetic Resources and Crop Evolution* 49: 415-426.

[73] Jombart, T., Devillard, S., et Balloux, F., 2010. Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. *BMC Genetics* 11:94.

[74] Lee, C., Abdool, A., et Huang, C.H., 2009. PCA-based population structure inference with generic clustering algorithms. *BMC Bioinformatics* 10(S1):S73.

[75] Liu, N., et Zhao, H., 2006. A non-parametric approach to population structure inference using multilocus genotypes. *Hum Genomics* 2(6):353-364.

[76] Khush, G.S., 2001. Green revolution: the way forward. *Nature Reviews – Genetics*, Volume 2, october 2001, pp. 815-822.

[77] Brisson, N., Gate, P., Gouache, D., Charmet, G., Oury, F.-X. et Huard, F., 2010. Why are wheat yields stagnating in Europe? A comprehensive data analysis for France. *Field Crops Research*: 201-212.

ANNEXE FORMULES DES INDICES ENTRANT DANS LA COMPOSITION DU TABLEAU DE BORD

INDICES	FORMULES	LÉGENDES DES PARAMÈTRES UTILISÉS
SHANNON	$SW = - \sum_{i=1}^I pi \cdot \ln pi$	pi = proportion d'une variété i par rapport au nombre total de variétés (I) sur le territoire, qui se calcule de la façon suivante : ni / N , où ni est la surface occupée par la variété i et N est la surface totale couverte par l'ensemble des variétés sur le territoire.
SIMPSON	$Es = 1 - \sum_{i=1}^I pi^2$	Idem Shannon
PIÉLOU	$J = \frac{SW}{\ln I}$	SW = indice de Shannon I = nombre total de variétés sur le territoire
NEI	$H = \frac{\sum_{j=1}^J (1 - \sum_{i=1}^I pij^2)}{J}$ $pij = \sum_{k=1}^K G_{ijk}$	J = nombre total de locus I = nombre total d'allèles au locus j pij = fréquence de l'allèle i au locus j au sein d'un ensemble de variétés K = nombre total de variétés $\sum_{k=1}^K G_{ijk}$ = nombre d'occurrences de l'allèle i au locus j parmi les K variétés $G_{ijk} = 0$ si l'allèle de la variété $k \neq i$ au locus j $G_{ijk} = 1$ si l'allèle de la variété $k = i$ au locus j
H*	$H^* = \frac{\sum_{j=1}^J (1 - \sum_{i=1}^I p^*_{ij}^2)}{J}$ $p^*_{ij} = \sum_{k=1}^K \alpha_k \times G_{ijk}$	J = nombre total de loci I = nombre total d'allèles au locus j p^*_{ij} = fréquence dans le paysage de l'allèle i au locus j au sein d'un ensemble de variétés α_k = part de la variété k dans la surface totale en blé du territoire Les autres composants sont les mêmes que dans le calcul de l'indice H de Nei
Ht*	$HT^* = \frac{\sum_{j=1}^J (1 - \sum_{i=1}^I p^*_{ij}^2)}{J \times (Gst_{vp} \times \alpha_{vp} + Gst_{la} \times \alpha_{la} + Gst_{lpm} \times \alpha_{lpm})}$	Les symboles communs avec le H* correspondent aux mêmes paramètres Gst_{vp} = Coefficient de différenciation moyenne entre variétés de pays Gst_{la} = Coefficient de différenciation moyenne entre lignées anciennes Gst_{lpm} = Coefficient de différenciation moyenne entre lignées pures modernes α_{vp} = part des variétés de pays dans la surface totale en blé du territoire α_{la} = part des lignées anciennes dans la surface totale en blé du territoire α_{lpm} = part des lignées pures modernes dans la surface totale en blé du territoire

La FRB a pour mission de promouvoir la recherche sur la biodiversité et notamment, les activités de synthèse des connaissances. 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.

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 :

