



HAL
open science

Heurs et malheurs des marqueurs moléculaires

Sophie Gerber, Stéphanie Mariette, Camille Noûs

► **To cite this version:**

Sophie Gerber, Stéphanie Mariette, Camille Noûs. Heurs et malheurs des marqueurs moléculaires. 2022. hal-03945257

HAL Id: hal-03945257

<https://hal.inrae.fr/hal-03945257>

Preprint submitted on 18 Jan 2023

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.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial | 4.0 International License

Heurs et malheurs des marqueurs moléculaires

Sophie Gerber¹, Stéphanie Mariette², Camille Noûs³

¹Univ. Bordeaux, INRAE, BIOGECO, F-33615 Pessac, France

²Univ. Bordeaux, INRAE, BIOGECO, F-33610 Cestas, France

³Polymathe, Laboratoire Cogitamus, 1 3/4 rue Descartes, F-75005 Paris.

Préambule.....	1
Du petit pois aux marqueurs moléculaires.....	1
Trente ans de marqueurs dans la revue <i>Molecular Ecology</i>	2
Des marqueurs en nombre.....	3
Credo techniques.....	4
... et promesses en question.....	4
La biodiversité sur l'autel des marqueurs ?.....	5
Plaidoyer pour une génétique des populations vivante.....	6
Une proposition philosophique pour terminer.....	6
Glossaire.....	7
Remerciements.....	8
Bibliographie.....	8

Préambule

La génétique des populations étudie les variations génétiques à l'intérieur et entre les populations d'une espèce, dans le cadre de la biologie évolutive. Pour décrire et analyser la diversité des populations dans le temps et l'espace, elle s'appuie, depuis plusieurs décennies, sur le développement et l'utilisation de marqueurs moléculaires*, accompagnés d'un corpus théorique d'analyse des données obtenues. Le présent article se propose d'offrir un regard rétrospectif sur l'usage des marqueurs, depuis 30 ans, d'un point de vue qualitatif et quantitatif. Nous confrontons cette évolution technique à la foi aux credo qui imprègnent les écrits de notre communauté et aux promesses faites dans le cadre du financement des projets de recherche. Nous proposons de questionner la prééminence de la technique, ses conséquences environnementales, pour repenser le sens de notre discipline.

Du petit pois aux marqueurs moléculaires

Les deux premiers marqueurs génétiques historiquement observés en biologie étaient de type morphologique. Dans les années 1860, alors que Gregor Mendel, abbé autrichien de Brno, manipulait et croisait dans son jardin des plants de pois *Pisum sativum*, il observa que la couleur des graines (verte ou jaune) et leur forme (ridée et lisse) possédaient une hérédité simple, découverte qu'il relata dans un article (Mendel, 1866).

Un marqueur génétique*, obtenu à partir d'un échantillon prélevé chez un individu d'une espèce du vivant, correspond à une région spécifique de son génome*, c'est-à-dire à une séquence précisément localisée de son ADN*. Les différentes variations d'un même marqueur servent à distinguer les individus d'une même population. Les propriétés souhaitées d'un marqueur génétique* sont sa variabilité, une hérédité simple (il est par exemple possible de la retracer entre individus apparentés), et une expression non influencée par le milieu.

Depuis le milieu du vingtième siècle, la variabilité génétique d'un nombre croissant d'espèces a été étudiée à l'aide des marqueurs moléculaires*. À la fin du vingtième siècle, 27 pages d'un ouvrage de référence consacré au sujet décrivent 20 types différents de marqueurs (de Vienne, 1998). Il est

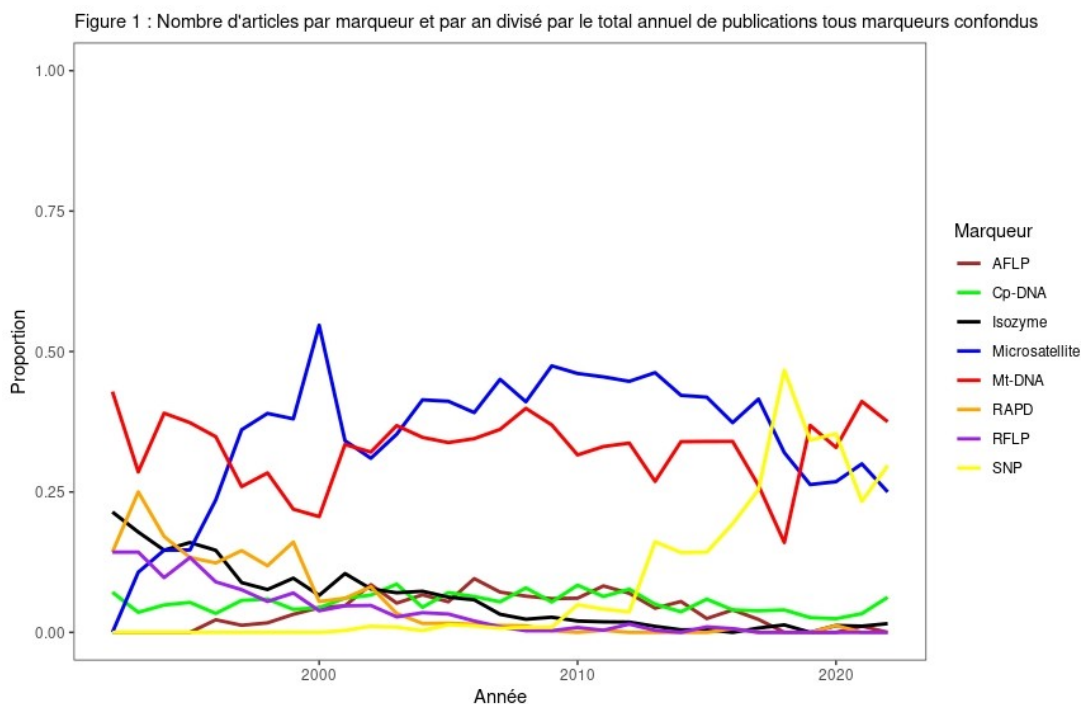
généralement admis que l'utilisation de ces techniques a donné accès à une meilleure connaissance de la biodiversité et de son évolution.

Trente ans de marqueurs dans la revue *Molecular Ecology*

Nous avons choisi de nous intéresser à la revue *Molecular Ecology*, publication de référence pour notre communauté scientifique, créée en 1992. Afin de retracer leur usage au fil des ans, nous avons retenu dans cette étude huit types de marqueurs classiquement utilisés en génétique des populations : isozymes*, Mt-DNA*, RFLP*, Cp-DNA*, microsatellite*, RAPD*, AFLP*, SNP*.

Pour chacun de ces huit types de marqueurs, nous avons fait une recherche systématique dans la base bibliographique Web of Science, en utilisant les données contenues dans leur "Core Collection" (1955-présent). L'interrogation de ces bases s'est faite à partir du nom d'un des huit marqueurs dans le champ "All Fields", associé au nom de la revue *Molecular Ecology* dans le champ "Publication Titles".

Nous avons répertorié l'ensemble des publications répondant à ces interrogations, entre mai 1992, premier numéro de la revue et 2022, pour chacun des huit marqueurs. Le nombre total de publications répertoriées dans la revue *Molecular Ecology* dans Web of Science, dans les mêmes conditions d'interrogation (sans spécification pour "All Fields"), est de 10209. Nos requêtes ont permis de sélectionner 6595 articles, soit 65 % de l'ensemble des articles de la période dans la revue, ce qui reflète *a priori* correctement le contenu du journal.



La figure 1 présente l'évolution de la proportion d'articles par marqueur et par an rapportée au total de l'ensemble des publications, entre 1992 et 2022. Les marqueurs microsatellites* dominent la figure sur presque toute la période et leur présence décline dans les années 2010. Les marqueurs mitochondriaux* suivent le même schéma et sont d'ailleurs souvent associés aux microsatellites dans les publications. De la même façon, les marqueurs chloroplastiques* sont présents de façon quasiment constante sur toute la période mais de façon beaucoup plus modérée.

Si l'on considère les autres marqueurs de notre liste, les RAPD*, suivis par les isozymes* et les RFLP* sont bien présents dans les années 1990 pour se faire rares avant les années 2010. Les RAPD* sont emblématiques de l'histoire de l'engouement pour les nouvelles techniques. Ils sont décrits, à la création de la revue, comme des "outils puissants", qualifiés par leur "efficacité et

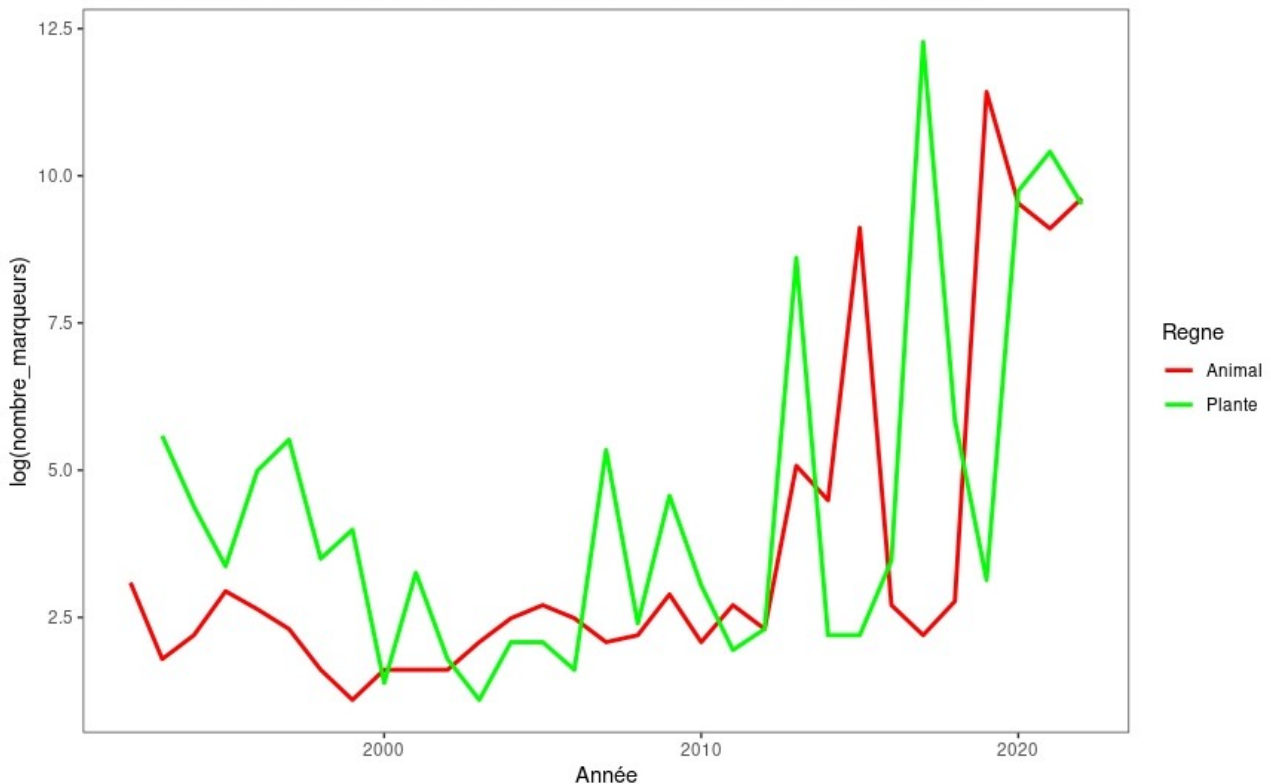
faible coût" (Hadrys et al., 1992) ; dès 2002 cependant, soit 10 ans plus tard (Rieseberg, 2022), leur usage est découragé, mention toujours présente dans les instructions aux auteurs (Molecular Ecology, 2019). De la même façon, les AFLP*, technique brevetée, sont utilisés à partir de leur mise sur le marché en 1995 et leur présence devient faible après 2015, 20 ans plus tard.

Enfin, l'ascension, à partir de 2010, des marqueurs SNP* obtenus grâce à du séquençage*, qui viennent remplacer les autres types de marqueurs, est très clairement visible sur la figure.

Des marqueurs en nombre

Afin de compléter notre analyse rétrospective des huit types de marqueurs, nous avons voulu estimer le nombre de marqueurs utilisé par étude au cours du temps. Pour ce faire nous avons analysé, toujours dans la revue Molecular Ecology, deux articles portant respectivement sur une espèce végétale et une espèce animale, chaque année, depuis la première parution en mai 1992.

Figure 2 : Evolution du nombre de marqueurs par étude depuis 1992 (en échelle logarithmique)



Ce tour d'horizon montre que si, pendant deux décennies, le nombre de marqueurs par étude était limité à moins d'une dizaine, il atteint ensuite plusieurs milliers voire plusieurs centaines de milliers de marqueurs, désormais (figure 2). Cette évolution est inhérente aux techniques utilisées : le séquençage* des génomes* génère beaucoup plus de données (en nombre de SNP*) que l'ensemble des sept autres marqueurs précédemment cités.

L'augmentation du nombre de marqueurs trouve une justification théorique, puisqu'elle peut donner accès à des estimateurs de génétique des populations plus précis ou à de meilleures inférences pour les scénarios évolutifs. Cette accumulation de données est ainsi réputée fournir des connaissances de plus en plus fines sur l'état et l'évolution temporelle de la biodiversité et sur un nombre d'espèces ou de communautés de plus en plus grand.

Pour réaliser les études de génétique – maintenant de génomique* des populations, des générations de machines successives ont été utilisées pour la détermination du polymorphisme* des marqueurs et plus récemment pour le séquençage*, associé à des moyens informatiques (serveurs et calculs) de plus en plus élaborés pour analyser les données produites en quantité

croissante. Les équipements sont abandonnés et certaines expériences ne peuvent parfois plus être réalisées de ce fait, ce qui témoigne d'une certaine forme d'obsolescence.

La prééminence du séquençage* de l'ADN* s'accompagne de l'augmentation toujours plus grande du nombre de marqueurs, ainsi que des espèces pouvant être décrites. Une phrase prophétique annonçant cet accroissement de données génomiques* pouvait se lire, dès 1995 : "les données de séquences vont s'accumuler dans un proche avenir" (de Vienne, 1998, p120).

Credo techniques...

Cette accumulation de techniques et de données de séquençage* est portée par des discours scientifiques qui mettent d'abord en avant la technologie et la méthodologie. Comme elle se décrit elle-même sur son site web la revue *Molecular Ecology* « publie des articles qui utilisent des techniques de génétique moléculaire pour répondre à des questions d'écologie, d'évolution, de comportement et de conservation ». Comme l'indique déjà son nom "écologie moléculaire" les questions scientifiques autour de l'écologie sont entourées par les outils techniques. Ces questions apparaissent en second dans la description donnée par la revue, tendant à faire de la discipline une techno-science, déterminée par la technique et non par le questionnement scientifique.

Nos disciplines peuvent être, comme d'autres, prises par le mythe de la neutralité de valeur de la technologie (Huesemann et Huesemann 2011), par une foi quasi aveugle dans la technologie vue comme une panacée, par la croyance continue dans le technosolutionnisme* (Segal 2017), en plaçant cette foi dans le potentiel des technologies à résoudre les problèmes écologiques et en leur attribuant pour cela des qualités quasiment mystiques et magiques (Cook 2016).

Ce goût et cette forme de foi pour des solutions techniques face aux problèmes du vivant, se rencontrent dans la revue et au-delà (nous soulignons) :

– faisant le constat que, malgré quelques succès de conservation ponctuels, la perte d'espèces et d'habitats continue à un taux élevé, des auteurs de *Molecular Ecology* pensent **sauver** (référence religieuse) des espèces en danger par une "gestion intensive" (Russello et Amato, 2007) ;

– considérant la grande variété actuelle d'outils en '-omique' (tels que génomique*, protéomique*, métabolomique*, ...), des auteurs de *Molecular Ecology*, membres d'un projet européen, soulignent comment les approches de nouvelle-génération peuvent **révolutionner** notre compréhension des interactions interspécifiques, et comment les nouvelles technologies peuvent **convertir** (référence religieuse) la génétique des communautés (Gugerli et al., 2013) ;

– se situant « dans cet âge de la science pilotée par les données et de la biologie à haut débit », des auteurs de *Molecular Ecology* souhaitent aider les biologistes à comprendre la réflexion informatique (*computational thinking*), considérée selon eux comme un « champ obscur » par les biologistes "**non initiés**" (référence religieuse) (Belcaid et Toonen, 2015) ;

– Dans un article de journal concernant une espèce d'arbre en danger, il est précisé que sont recherchées : « les variations génétiques qui pourraient aider l'espèce à survivre », et que cela se traduit pour les humains par de « l'innovation et de la résilience » (Kaplan, 2022).

... et promesses en question

Au delà de ces discours technophiles, voire « techno-théologiques » selon l'expression de Bensaude-Vincent (2021, p35), notre communauté de scientifiques inscrit ses recherches dans une « économie de la promesse ». En effet, les promesses techno-scientifiques s'engagent à résoudre les grands problèmes de société et d'écologie, sous forme de discours, de moyens financiers et matériels, de production de connaissances, de construction de nouveaux réseaux sociotechniques (Joly, 2010, 2013 ; Compagnon et Saint-Martin, 2019).

Nos travaux sont produits dans le cadre de projets financés par différentes institutions : le Bureau des Ressources Génétiques (BRG) devenu Institut Français de la Biodiversité puis Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité (FRB), ainsi que l'Agence Nationale de la Recherche (ANR), les

Régions, l'Europe, ou des fondations privées. Quelles paroles les financements de ces recherches portent-ils ?

Exemple emblématique, le projet génome humain, dont la première version a été complétée en 2000, s'est accompagné de promesses de résolution de nombreux problèmes de santé. Plus de vingt ans après, les attentes autour de cette technologie ont été largement déçues (Dheur et Saupe, 2021).

Dans notre communauté, les projets s'engagent à « analyser la diversité », « pour mieux la conserver », « la valoriser », « pour adapter les populations au changement climatique ».

Un appel à projets "biodiversité" récent illustre par exemple les promesses basées sur la technique et les outils ainsi que les promesses de sauvetage de la biodiversité : « Thème 1 : Innovation et harmonisation des méthodes et outils de collecte et de gestion des données de surveillance de la biodiversité » ; « Thème 2 : Combler les manques de connaissance sur l'état/le statut, la dynamique et la tendance de la biodiversité afin d'inverser sa détérioration ».

Autre exemple de promesse, le projet européen H2020 Forgenius « donnera un aperçu de la diversité des forêts européennes et de leur résilience au changement climatique » en utilisant des « technologies de pointe » et toutes sortes de données (dont génétiques) dans le but « d'inventer de nouvelles stratégies adaptatives pour préserver ces atouts naturels extraordinaires à l'échelle continentale. »

Nos propres travaux en génétique des populations se sont intéressés à deux genres d'arbres, *Quercus* (chênes) et *Prunus* (pruniers, pêchers, ...). Les génomes* de 5 espèces de *Quercus* ainsi que ceux de 17 espèces de *Prunus* sont désormais entièrement séquencés. Cette accumulation de données génomiques, ces génomes* maintenant complets, contribuent-ils de manière substantielle à assurer la conservation des espèces ?

La biodiversité sur l'autel des marqueurs ?

La multiplication des données moléculaires doit être mise en regard de la multiplication des publications faisant état de l'effondrement de la biodiversité. À titre d'illustration de ce déclin, le nombre d'espèces inscrites sur la liste rouge de l'IUCN a quadruplé en 25 ans ; de 10533 en 1996-1998 à 41459 en 2022. En 2019, la plateforme intergouvernementale scientifique et politique sur la biodiversité et les services écosystémiques (IPBES) estimait « qu'environ 1 million d'espèces animales et végétales sont aujourd'hui menacées d'extinction, notamment au cours des prochaines décennies, ce qui n'a jamais eu lieu auparavant dans l'histoire de l'humanité ».

Les populations de plantes et d'animaux, sujets de nos recherches depuis des décennies, sont menacées de disparition dans leur environnement (méga-feux, sécheresses, problèmes sanitaires liés aux déplacements de végétaux à travers la planète par les humains, etc.).

Nos disciplines font appel dans leurs démarches scientifiques à de la puissance technique en constante augmentation, consommatrice de matériaux et d'énergie. En effet ces techniques se sont « démocratisées » : d'abord réservées à des laboratoires de génétique particulièrement équipés, elles deviennent accessibles à plus de scientifiques, ce phénomène étant généralement considéré comme un "progrès" – dont le sens mériterait d'être questionné. Le tour technique pris par les études en génétique est clairement une illustration des pressions croissantes des technologies humaines sur l'environnement. Ces pressions mettent les milieux et les vivants qui les occupent à mal. Là est la contradiction actuelle de notre discipline : nos méthodes, dont le but premier est d'étudier la biodiversité, portent en elles-mêmes les causes de l'aggravation de l'effondrement de cette même biodiversité.

Peut-on alors souhaiter que les seules traces qui nous resteront des espèces que nous étudions seront des extraits d'ADN* dans nos congélateurs à -80°C, consommateurs d'énergie, ou des

génomés* séquencés sauvegardés dans des serveurs, également énergivores, à la localisation incertaine, et peut-être lointaine ?

Plaidoyer pour une génétique des populations vivante

Dans cet article, nous avons mis en évidence une forme d'obsolescence des techniques de marquage utilisées pour étudier la biodiversité intraspécifique en génétique des populations, au cours des 30 dernières années. Les techniques de séquençage*, qui ont pris la place de toutes les techniques précédentes, s'accompagnent d'une accumulation de données qui sont réputées améliorer nos connaissances du vivant.

Cependant, la question de l'empreinte environnementale des techniques déployées dans ce cadre gagnerait à être examinée. Certes, d'autres activités humaines polluantes pourraient être jugées plus préoccupantes que la nôtre. Cependant, se cacher derrière ces dernières, en minimisant et en négligeant la trace environnementale de nos métiers, revient à participer aux discours qui retardent l'action climatique. Ceux-là même qui empêchent la mise en œuvre d'actions pour protéger l'environnement et les vivants qui l'habitent (une attitude qualifiée d'"aquoibonisme" ou, en anglais, de "*whataboutism*" (Lamb et al., 2020)).

Devons-nous mesurer toujours plus, pour augmenter la précision des observations ? Et par conséquent intensifier le développement moléculaire ? Et donc augmenter encore l'empreinte environnementale de nos pratiques ? Nous sommes d'autant plus concernés par cette empreinte sur l'environnement et la biodiversité que nos travaux sont précisément censés les protéger. La contradiction interne et l'ambivalence de nos communautés sur ces sujets méritent d'être soulignées.

Nos démarches et nos outils doivent être ainsi interrogés sur leur caractère potentiellement non convivial : cette convivialité qui substitue notamment à une valeur technique une valeur éthique, à une valeur matérialisée une valeur réalisée (Illitch, 1973). Leur caractère de zombification, de déchets doivent également être questionnés : les « technologies zombies » sont en effet basées sur des ressources finies et ne parviennent pas à mourir ou à disparaître, restant sur terre sous forme de déchets ; au contraire des « technologies vivantes » (Bonnet, Landivar, Monnin (2021) cités par Lalande et Le Marec, 2022).

Si ni nos institutions, ni une forme de débat "citoyen" ne lancent la réflexion sur ces questions, notre communauté doit-elle continuer néanmoins à accumuler tête baissée ces fameuses données, ou bien doit-elle s'organiser pour faire évoluer ses activités en conséquence ? Quels sens pouvons-nous redonner à notre discipline ?

Nous plaçons ainsi pour une génétique des populations d'abord soucieuse de ses questions de recherche et de leur intérêt, avant de l'être de ses outils. Une recherche vivante et conviviale mais aussi plus sobre en technologie, afin de diminuer nos empreintes, de revenir à l'essence de la recherche, de retrouver du sens et ne pas contribuer, par notre accumulation d'expérimentations et de données, à la "grande accélération" : cette mise en évidence du parallèle des croissances exponentielles, depuis 1950, entre les données concernant les activités humaines et des données relatives à la biogéosphère (Crutzen, Steffen 2003, Steffen et al. 2015, cités par Bensaude-Vincent, 2021, figure 2 page 36).

Notons que ce questionnement, touchant spécifiquement la pratique de la génétique des populations, peut s'appliquer à d'autres activités scientifiques et prendre alors un tour plus général.

Une proposition philosophique pour terminer

Une philosophe des sciences nous suggère une réflexion temporelle que nous pourrions appliquer à nos approches moléculaires. Il s'agit d'inventer un temps-paysage :

« Contrairement à la flèche du temps [le temps ne s'écoule que dans une seule direction], qui refuse la diversité en alignant des techniques différentes sur une séquence chronologique, le temps-paysage oblige à penser un monde en devenir où une multitude de techniques diverses et variées, anciennes ou nouvelles, inscrivent leur histoire en croisant leurs devenirs. Dans cette perspective, la question de la durabilité des modes de production et de consommation ne se pose plus en termes de croissance ou d'effondrement (en regardant vers l'avenir) ; elle se centre sur le présent pour considérer comment nos choix technologiques interfèrent avec d'autres temporalités. En faisant un effort d'imagination pour composer avec elles des temps-paysages durables, on peut espérer laisser en héritage autre chose qu'un mémorial de toxicité » (Bensaude-Vincent, 2021, p19)

Glossaire

ADN : acide désoxyribonucléique, présent dans les chromosomes, support de l'information génétique.

AFLP : en anglais, amplified fragment-length polymorphism. Le polymorphisme de longueur des fragments amplifiés est une technique moléculaire combinant la digestion de l'ADN par des enzymes de restriction suivie d'une amplification. Cette technique révèle un polymorphisme sous la forme de bandes présentes ou absentes chez un individu.

Cp-DNA (marqueur chloroplastique) : l'ADN chloroplastique est un chromosome circulaire se trouvant à l'intérieur des organites cellulaires appelés chloroplastes chez les plantes. Sa variabilité est révélée par amplification.

Génome : ensemble du matériel génétique d'une espèce.

Génomique : discipline scientifique qui a pour objet d'inventorier l'ensemble des gènes d'un organisme vivant et d'en étudier les fonctions.

Isozymes : différentes formes proches de la même enzyme. Elles sont codées par les mêmes gènes qui ont muté.

Marqueur génétique : caractère qualitatif, de forme, couleur ou de propriété physiologique qui se transmet au cours des générations.

Marqueur moléculaire : marqueur génétique pour lequel la variabilité de l'endroit du génome que l'on analyse est révélée directement.

Métabolomique : discipline scientifique qui étudie et répertorie l'ensemble des métabolites présents dans une cellule.

Microsatellite : séquence d'ADN composée de répétition continue de motifs de 2 à une dizaine de nucléotides. Le nombre de répétitions constitue la variabilité observée.

Mt-DNA (marqueur mitochondrial) : l'ADN mitochondrial est un chromosome circulaire se trouvant à l'intérieur des organites cellulaires appelés mitochondries. Sa variabilité est révélée par amplification.

Polymorphisme : propriété des individus d'une espèce de présenter plusieurs formes différentes.

Protéomique : discipline qui vise à rassembler l'information complète sur l'expression des protéines des organismes.

RAPD : en anglais, random amplified polymorphic DNA. L'amplification aléatoire d'ADN se fait en utilisant des amorces génériques qui amplifient au hasard le génome et révèlent du polymorphisme sous la forme de bandes présentes ou absentes entre individus.

RFLP : en anglais, restriction fragment length polymorphism. Le polymorphisme de longueur des fragments de restriction permet de révéler des variations de longueur de fragment d'ADN en utilisant une enzyme de restriction.

Séquençage : détermination de l'ordonnement linéaire des nucléotides d'une molécule d'ADN ou d'un génome complet.

SNP : en anglais, single nucleotide polymorphism. Le polymorphisme nucléotidique correspond à la variation d'une seule base du génome entre deux fragments d'ADN.

Technosolutionnisme : confiance accordée à la technologie pour résoudre un problème (souvent créé par des technologies elles-mêmes).

Remerciements

L'idée de ce billet est née lors du séminaire "vivants et technologies" que nous avons organisé pour l'UMR Biogeco le 24 juin 2022. Nous remercions notamment Philippe Bihouix d'avoir débattu avec nous à cette occasion.

Nous remercions Nicolas Berger, Antoine Bouzin, Cyril Dutech, Felix Garnier, Jérôme Santolini.

Bibliographie

Belcaid, M. and Toonen, R.J. 2015. Demystifying computer science for molecular ecologists. *Molecular Ecology* 24, 2619-2640. <https://doi.org/10.1111/mec.13175>

Bensaude-Vincent, B. 2021. Temps-Paysage. Pour une écologie des crises. Le Pommier.

Bonnet, E., Landivar, D. et Monnin, A. 2021. *Héritage et fermeture. Une écologie du démantèlement*, Paris, Divergences.

Compagnon, D., Saint-Martin, A. 2019. La technique: promesse, mirage et fatalité, *Socio. La nouvelle revue des sciences sociales* 12, 7–25.

Cook, J. 2016. Young adults' hopes for the long-term future: from re-enchantment with technology to faith in humanity, *Journal of Youth Studies*, 19(4), pp. 517–532. <https://doi.org/10.1080/13676261.2015.1083959>.

Crutzen, P., Steffen, W. 2003. How long have we been in the Anthropocene era? *Climatic Change* 61, 251-257.

Dheur, S. et Saupe, S.J. 2021. Mutations du mythe de l'ADN, étapes de matérialisation du gène. *Tracés. Revue de Sciences humaines*, 40, 85–107. <https://doi.org/10.4000/traces.12265>.

Gugerli, F., Brandl, R., Castagneyrol, B., Franc, A., Jactel, H., Koelewijn, H.-P., Martin, F., Peter, M., Pritsch, K., Schröder, H., Smulders, M.J.M., Kremer, A., Ziegenhagen, B., *Evoltree JERA3 Contributors* 2013. Community genetics in the time of next-generation molecular technologies. *Molecular Ecology* 22, 3198-3207. <https://doi.org/10.1111/mec.12300>

Hadrys, H., Balick, M., Schierwater, B. 1992. Applications of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. *Molecular Ecology* 1, 55-63. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1992.tb00155.x>

Huesemann, M., Huesemann, J. 2011. *Techno-fix: why technology won't save us or the environment*. Gabriola Island, B.C: New Society Publishers.

Kaplan S. 2022. Scientists rush to save 1,000-year-old trees on the brink of death. *The Washington Post*. <https://www.washingtonpost.com/climate-environment/2022/07/14/these-trees-have-survived-1000-years-can-they-survive-climate-change/>

Illich, I. 1973. *La convivialité*. Paris: Seuil.

- Joly, P.B. 2010. On the Economics of Techno-scientific Promises, in Akrich, M., Barthe, Y., Muniesa, F., Mustar, P. (eds.) *Débordements. Mélanges offerts à Michel Callon*, Paris: Presse des Mines, pp.203-222
- Joly, P.B. 2013. A propos de l'économie des promesses techno-scientifiques. *Futuris 2013 : La recherche et l'innovation en France*, Odile Jacob.
- Lalande, A., Le Marec, J. 2022. Pour une écologie politique des savoirs. Comment hériter du domaine STS (Sciences, technologies et société) ? *Les Cahiers de Framespa*, 40. <https://doi.org/10.4000/framespa.13069>
- Lamb, W., Mattioli, G., Levi, S., Roberts, J., Capstick, S., Creutzig, F., Minx J.C., Müller-Hansen F., Culhane T., Steinberger, J. 2020. Discourses of climate delay. *Global Sustainability*, 3, E17. doi:10.1017/sus.2020.13 – <https://static.mediapart.fr/files/2021/04/23/cambridge.pdf>
- Mendel G., 1866. Versuche über Pflanzenhybriden. *Verhandlungen des naturforschenden Vereines in Brno*, Bd. IV für das Jahr 1865, Abhandlungen, 3–47.
- Molecular Ecology, 2019. Instructions aux auteurs. <https://onlinelibrary.wiley.com/page/journal/1365294x/homepage/forauthors.html>
- Rieseberg L. 2022. Éditeur en chef de *Molecular Ecology*, réponse du 10/08/2022 à notre courriel.
- Russello, M.A., Amato, G. 2007. On the horns of a dilemma: molecular approaches refine ex situ conservation in crisis. *Molecular Ecology* 16, 2405-2406. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03376.x>
- Segal, H.P. 2017. Practical Utopias: America as Techno-Fix Nation. *Utopian Studies*, 28(2), 231–246. <https://doi.org/10.5325/utopianstudies.28.2.0231>.
- Steffen, W., Broadgate, W., Deutsch, L., Gaffney, O., Ludwig, C. 2015. The trajectory of the Anthropocene: The Great Acceleration. *The Anthropocene Review*, 2(1), 81–98. <https://doi.org/10.1177/2053019614564785>.
- de Vienne, D. 1998. Les marqueurs moléculaires en génétique et biotechnologies végétales. INRA Éditions, 200 p (première édition 1995) <hal-02835610>