

La diversité génétique dans l'agriculture

Roland Kölliker, Luisa Last, Felix Herzog et Franco Widmer

Agroscope, Institut des sciences en durabilité agronomique IDU, 8046 Zurich, Suisse

Renseignements: Roland Kölliker, e-mail: roland.koelliker@agroscope.admin.ch



Figure 1 | La diversité à l'intérieur des espèces et entre les espèces est une composante importante des écosystèmes agricoles. (Photo: Luisa Last, Agroscope)

Introduction

La fonctionnalité et la productivité des systèmes agricoles sont assez fortement influencées par la biodiversité ambiante. Celle-ci peut être subdivisée en trois niveaux hiérarchiques: diversité de l'écosystème, diversité des espèces, diversité génétique (Vellend et Geber 2005; fig. 2). La diversité génétique comprend la diversité des gènes et des allèles se rapportant à une espèce et constitue la base de la diversité de tous les organismes vivants. Elle est aussi le préalable à la capacité d'adapta-

tion des espèces et des populations face à des facteurs externes comme les conditions environnementales ou les processus de sélection. Bien que l'importance de la diversité des espèces soit généralement reconnue et que l'influence qu'elle subit par l'agriculture ait été étudiée de manière approfondie, on dispose de très peu d'informations sur la diversité génétique à l'intérieur des écosystèmes agricoles. Le but de la présente étude consiste donc à développer et appliquer des méthodes permettant de cerner la diversité génétique au niveau des exploitations agricoles. Cette étude a été réalisée dans le

cadre du projet de recherche EU BioBio (EU FP7, KKBEE-227161, www.biobio-indicator.org); il a permis de développer et mettre au point des indicateurs fiables pour les trois niveaux de la biodiversité (Herzog *et al.* 2012).

La diversité génétique dans l'agriculture

La diversité génétique dans les écosystèmes agricoles peut être subdivisée en deux catégories principales:

- La diversité planifiée, qui comprend la diversité génétique parmi les espèces de plantes cultivées et parmi les animaux de rente (Vandermeer *et al.* 1998). Ces ressources tant végétales qu'animales sont à la base de la production agricole et elles sont gérées par les agriculteurs.
- La diversité associée, qui comprend la diversité parmi et entre les espèces végétales et animales présentes dans les écosystèmes agricoles sans être incluses toutefois dans la gestion de l'exploitation (Biala *et al.* 2005).

Par rapport à ces définitions, les prairies pluriannuelles et les pâturages, tels qu'on les rencontre fréquemment en Europe centrale, occupent une position intermédiaire. Ils sont bien exploités, au sens agricole du terme, mais leur diversité génétique n'est influencée par les agriculteurs qu'au commencement. Par la suite, cette diversité est >

Résumé La diversité génétique – la variété des gènes et des allèles à l'intérieur d'une espèce – définit l'élément de base de la biodiversité. C'est une condition essentielle pour la productivité et la durabilité des systèmes de production agricole. Nous avons développé et appliqué différentes méthodes pour apprécier la diversité génétique dans plusieurs exploitations agricoles d'Europe, d'Ukraine et d'Ouganda. Une enquête reposant sur un questionnaire touchant 203 exploitations a montré que la diversité génétique parmi les plantes cultivées et les animaux de rente différait fortement d'une région à l'autre et en fonction des systèmes de production les plus répandus. Pour mieux saisir la diversité génétique des prairies, nous avons examiné 60 populations de dactyle de Bulgarie, de Norvège et de Suisse en recourant à des marqueurs génétiques. Cette espèce se caractérise par une très grande variabilité à l'intérieur des populations. Cependant, les différences entre populations sont plutôt faibles.

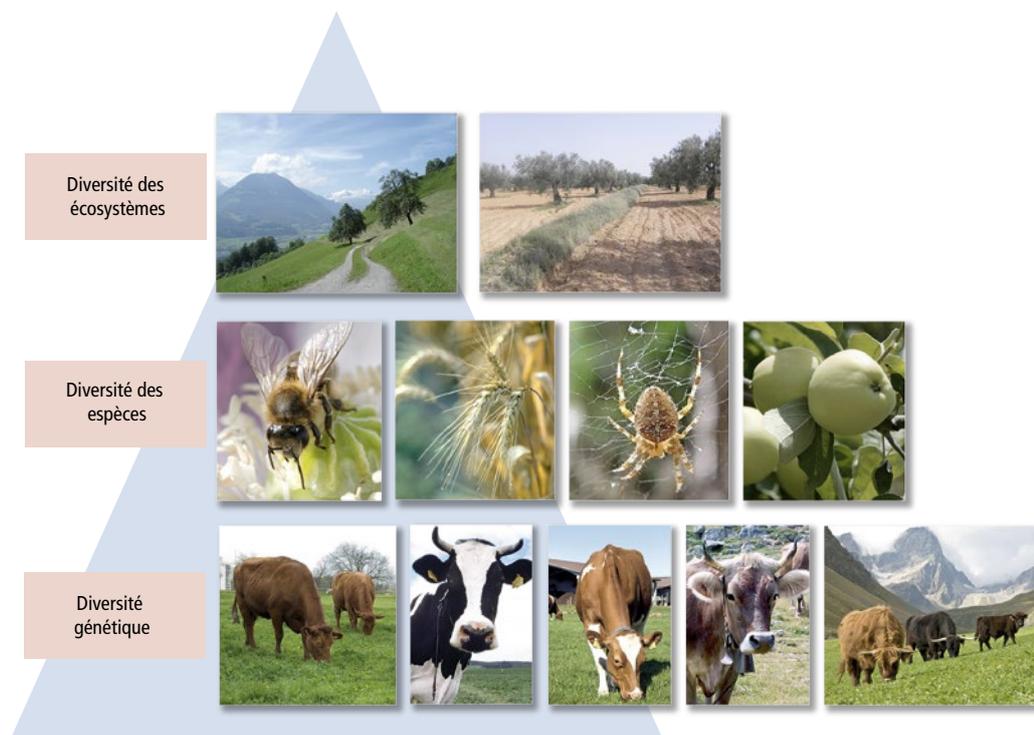


Figure 2 | Les trois niveaux de la biodiversité en agriculture. (Photos: Luisa Last, Agroscope [en haut à gauche], Salah Garchi, INRGREF [en haut à droite], Markus Zuber [au milieu à droite], Gabriela Brändle, Agroscope [toutes les autres])

influencée de façon prépondérante par l'environnement et par le mode d'exploitation. On constate qu'une forte intensité d'exploitation peut exercer des effets négatifs sur la diversité génétique (Peter-Schmid *et al.* 2008).

Détermination de la diversité génétique

Au cours des dernières décennies, une intensification générale des pratiques agricoles a fortement réduit la diversité planifiée parmi les espèces végétales et animales. Ainsi, en Allemagne ou en Finlande par exemple, presque toutes les variétés locales de céréales cultivées autrefois ont disparu (Hammer et Diederichsen 2009); en Hollande, le nombre des races locales de bovidés a diminué de quelque 90 % au cours des 30 dernières années (Buiteveld *et al.* 2009). Bien que des études isolées documentent ces pertes, il manque des méthodes fiables et simples qui permettent de suivre l'évolution de la diversité génétique dans l'agriculture. Pour cette étude, nous avons mis au point et utilisé un questionnaire qui permet une évaluation grossière de la diversité génétique de variétés de plantes et de races d'animaux. En plus, nous avons déterminé l'influence du mode d'exploitation et celle de facteurs environnementaux sur la diversité génétique du dactyle (*Dactylis glomerata*), une espèce que l'on rencontre fréquemment dans les prairies et les pâturages, au moyen de marqueurs génétiques moléculaires.

Matériel et méthodes

Enquête auprès de 203 exploitations

En se basant sur la littérature ainsi que sur une enquête menée auprès d'experts et de groupes d'intéressés au projet BioBio; un questionnaire a été développé pour évaluer la diversité génétique dans 203 exploitations. Ces questionnaires ont été remplis au cours d'entretiens personnels avec les agriculteurs. En plus des questions se rapportant aux systèmes de production agricole, ils prévoyaient des questions détaillées sur les noms, la provenance et la quantité des plantes cultivées ainsi que des animaux de rente. Les relevés ont été répartis en treize études de cas BioBio (onze en Europe, une en Ouganda et une en Ukraine; fig. 3). A partir des éléments recueillis, des indicateurs de diversité ont été calculés, comme la diversité des espèces, la diversité des variétés, celle des variétés locales ainsi que le nombre de races de moutons et de bovins par exploitation. En outre, la part de variétés et de races rares a été analysée.

La diversité génétique du dactyle

Pour l'analyse détaillée de la diversité génétique en écosystèmes herbagers, le dactyle a été choisi, une espèce qui se trouve dans les études conduites en trois régions

herbagères différentes (Rhodopen/Bulgarie, Hedmark/Norvège et Obwald/Suisse). Chaque étude de cas régionale englobait dix exploitations sur chacune desquelles deux surfaces ont été échantillonnées. Sur chaque surface, on a prélevé sur 32 plantes des feuilles qui ont été soumises à l'analyse génétique par marquage moléculaire. Pour la partie suisse de l'étude, on a sélectionné cinq exploitations biologiques (selon les directives de BioSuisse) et cinq exploitations classiques. Sur chaque exploitation, on a choisi une surface exploitée intensivement et une surface exploitée de manière peu intensive. Sur les surfaces suisses, en plus des échantillons de feuilles, 60 pousses en fleur ont été prélevées, que l'on a placées en serre, isolées, jusqu'à maturité. La semence en a été récoltée et les populations F_1 semées en serre.

La diversité génétique de 60 populations provenant des trois études de cas régionales a été déterminée au moyen de 29 marqueurs SSR (*simple sequence repeat*) (Last *et al.* 2013). Les profils des marqueurs SSR de chaque plante ont été comparés entre eux et la diversité génétique a été définie à l'intérieur des populations, entre les populations et entre les régions étudiées. Comme mesure de la diversité génétique dans les populations, on a pris en compte l'hétérozygotie moyenne attendue (H_e) et la diversité génotypique selon Shannon (H_g). L'influence du mode d'exploitation a été examinée à l'aide d'analyses de corrélation et de statistiques multivariées.



Figure 3 | Les treize analyses de cas régionales BioBio, dans lesquelles on a enregistré les variétés de plantes cultivées et les races d'animaux de rente au moyen de questionnaires (www.biobio-indicator.org).

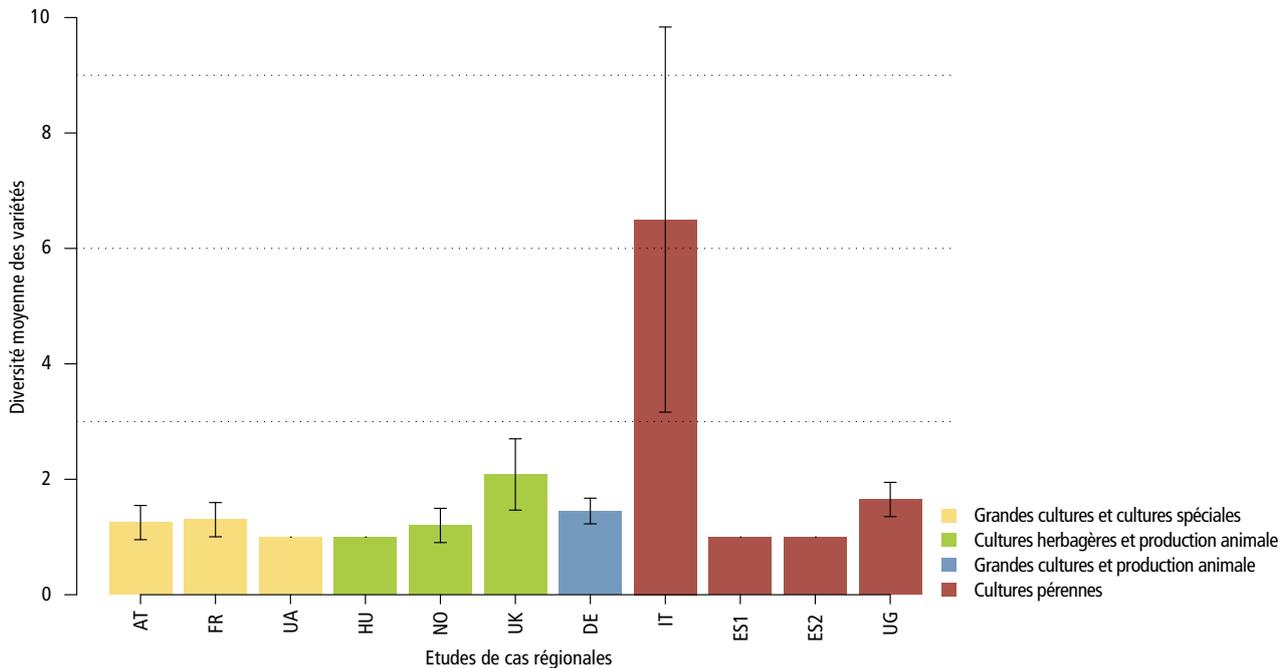


Figure 4 | Diversité variétale pour chaque région étudiée.

Pour déterminer la diversité phénotypique du dactyle, un essai au champ a été mis en place à Zurich-Reckenholz. Soixante plantes des 20 populations F_1 et deux variétés de référence «Reda» et «Beluga» ont été plantées en lignes de dix plantes dans une disposition complètement randomisée. Dix caractères phénotypiques ont été relevés: type de croissance, date de floraison, résistance à la rouille par exemple. Les populations ont été comparées entre elles en tenant compte des valeurs moyennes et des coefficients de variation.

Résultats

La diversité des variétés et des races varie fortement

L'enquête sur la diversité génétique a pris en moyenne quelque 50 minutes par exploitation. Sur les 203 domaines sondés, 174 se vouaient aux grandes cultures et aux cultures spéciales ou aux prairies temporaires. Ils ont été retenus pour le calcul des indicateurs de la diversité végétale. Au total, 91 espèces de plantes différentes ont été prises en compte. Le nombre moyen d'espèces par étude de cas régionale a varié de une (IT) à onze (DE). En Italie, les exploitations cultivant la vigne étaient prépondérantes, tandis que d'autres espèces comme les oliviers ou le blé dur ne se rencontraient que sur quelques exploitations. En revanche, en Allemagne, il s'agissait principalement d'exploitations mixtes avec

grandes cultures et herbages, ce qui conduisait naturellement à la collecte d'un nombre d'espèces par exploitation significativement plus élevé.

Selon les études de cas régionales, la diversité moyenne des espèces, soit le nombre de sortes divisé par le nombre d'espèces cultivées, se situait entre 1 (ES, HU, UA) et 6,5 (IT; fig. 4). Alors que presque la moitié des exploitations ne cultivaient qu'une variété par espèce, la diversité variétale atteignait 15 dans une exploitation viticole d'Italie. Pour mieux prendre en compte les variétés menacées de disparition, le nombre de variétés de pommes rares a été recensé dans le cadre de l'étude de cas suisse. En faisant référence à la liste des variétés menacées (www.prospecierara.ch) onze variétés de pommes rares ont été recensées, telles que Klarapfel, Blauacher ou Bohnapfel (fig. 5). Plus de 50 % de toutes les variétés de pommes cultivées étaient classées comme rares. Dans les onze études de cas européennes, on n'a recensé que six variétés locales en culture. En Ouganda, 31 % de toutes les variétés cultivées étaient considérées comme variétés locales tandis que 21 % des variétés étaient sans origine connue.

Le nombre moyen de races de bovidés et de moutons était de 5 en Suisse et de 4,5 au Pays de Galles (UK), soit nettement plus que dans toutes les autres régions étudiées où la production était basée sur une seule race par espèce.



Figure 5 | Des variétés de pommes rares: Klarapfel, Blauacher, Bohnapfel (de gauche à droite). (Photos: Markus Zuber)

Grande diversité du dactyle en Europe

Avec les 29 marqueurs SSR 257 allèles différents ont pu être identifiés sur l'ensemble des plantes de dactyle analysées. La diversité génétique (hétérozygotie moyenne attendue HE) à l'intérieur des populations était très élevée dans les trois analyses de cas régionales, variant de 0,44 à 0,59. En Norvège, la HE atteignait 0,54, une valeur significativement plus élevée que celle de Bulgarie (0,52), alors qu'en Suisse la HE prenait une position intermédiaire avec 0,53. Malgré la grande diversité à l'intérieur des populations, on pouvait considérer que 62 % des plantes bulgares et 91 % des plantes suisses étaient spécifiques à la région concernée. Une analyse par clusters basée sur la fréquence des marqueurs par étude de cas régionale situait les populations de dactyle suisses dans le même compartiment que les populations norvégiennes, tandis que celles de Bulgarie formaient un groupe à part (fig. 6A). Ce groupement ne correspondait cependant pas au groupement par site basé sur la distance géographique (fig. 6B).

Mode d'exploitation et diversité génétique

Comme mentionné précédemment dans les comparaisons entre études de cas régionales, la diversité génétique à l'intérieur des populations est très élevée en Suisse. Seuls 4 % de la diversité observée était liée à des différences entre populations, en revanche la diversité résiduelle était attribuable à chaque population. Par conséquent, il n'était pas possible de subdiviser les populations, ni d'identifier des différences attribuables au mode d'exploitation (fig. 7). En revanche, les systèmes d'exploitation (biologique vs. classique) ont eu une influence sur la diversité génétique (HE), le système intensif correspondant à une fréquence des génotypes (HG) significativement plus faible (tabl. 1). Tous les autres paramètres décrivant le site (composition botanique, situation et exposition des surfaces examinées) ne paraissent pas influencer la diversité génétique des populations.

La caractérisation phénotypique des populations F₁ a montré que celles-ci se différençaient nettement par leurs propriétés agronomiques; l'intensité d'exploita-

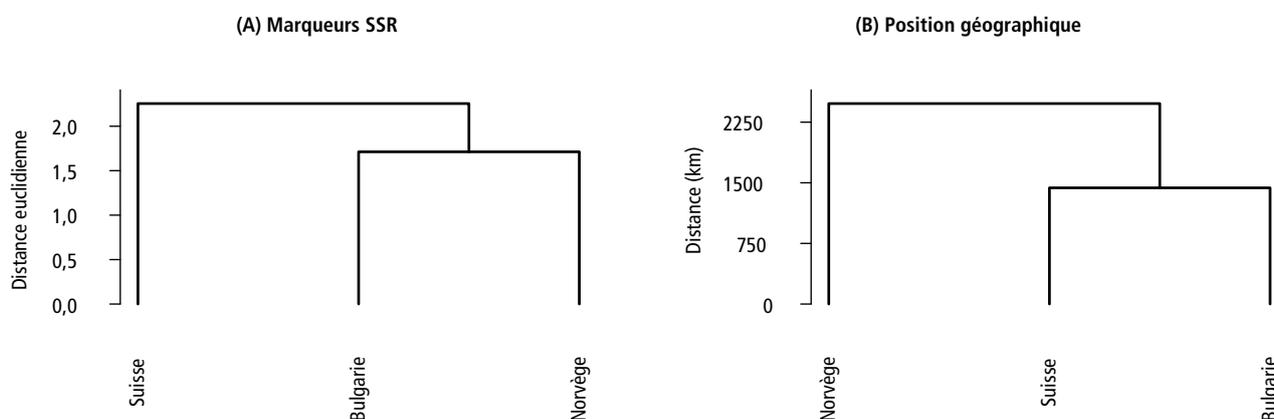


Figure 6 | Analyse par clusters dans les trois études de cas régionales, en Bulgarie, Norvège et en Suisse, appliquées sur les analyses SSR des populations de dactyle (A) ainsi que sur les distances géographiques entre les régions de collecte (B).

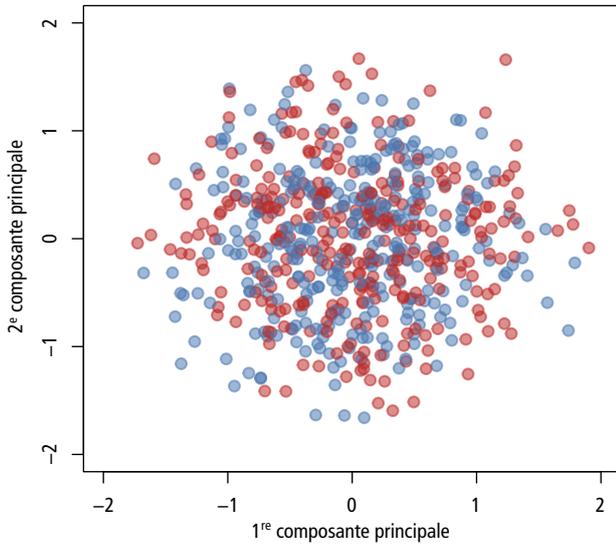


Figure 7 | Analyse en composantes principales de 640 plantes de dactyle prélevées en Suisse basée sur les profils des 29 marqueurs SSR: le mode d'exploitation n'a pas d'influence sur la différenciation des populations (en bleu: exploitation intensive, en rouge: exploitation peu intensive).

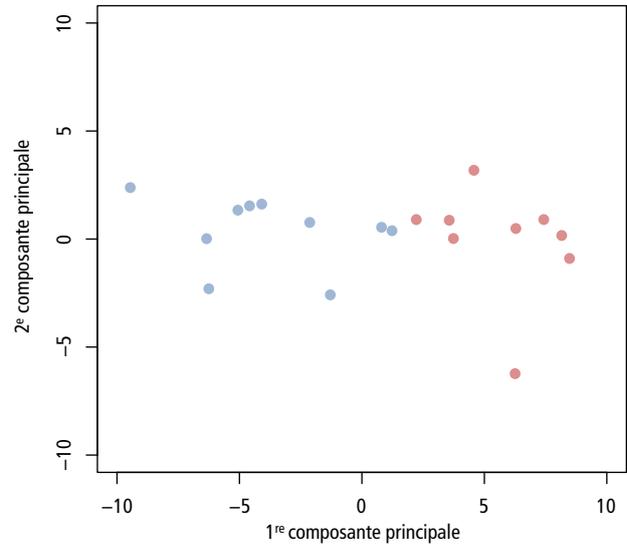


Figure 8 | Analyse en composantes principales de 20 populations de dactyle basée sur 10 caractères phénotypique: le mode d'exploitation exerce un effet marqué sur l'expression moyenne des caractères des populations (en bleu: exploitation intensive, en rouge: exploitation peu intensive).

tion influençait fortement l'expression moyenne des caractères de la population (fig. 8). En gros, 21 % des différences phénotypiques entre les populations étaient explicables par les différences d'intensité d'exploitation. Les plantes issues de surfaces exploitées de manière peu intensive étaient plus trapues, avec des tiges florales plus courtes et leur floraison était plus précoce que celles des plantes issues de sites à production intensive (tabl. 2). La variabilité des caractères, définie par les coefficients de variations, était influencée de manière significative par l'intensité d'exploitation. Toutefois, des différences significatives n'ont pu être mises en évidence que pour les dates de floraison (tabl. 2).

Discussion et conclusions

Des indicateurs appropriés

Des indicateurs de la diversité génétique basés sur des enquêtes, comme ce fut le cas dans cette étude, constituent une manière simple et fiable de saisir la diversité des espèces végétales, des variétés de plantes et des races d'animaux dans les exploitations agricoles et d'en suivre l'évolution. La mesure et l'interprétation des indicateurs est détaillée dans des fiches particulières (<http://www.biobio-indicator.org/genetic-indicators.php?>). Pour améliorer la qualité des relevés, chaque questionnaire doit être bien adapté à l'objectif fixé ainsi qu'aux

Tableau 1 | Influence du système d'exploitation et de l'intensité d'exploitation sur l'hétérozygotie moyenne attendue (HE) et sur la diversité génotypique (HG) de 20 populations de dactyle. Les différences significatives sont signalées par * ($p < 0,05$) ou ** ($p < 0,01$)

	Système		Intensité	
	classique	biologique	intensif	peu intensif
H_e	0,530**	0,521**	0,531	0,527
H_g	3,367	3,395	3,347*	3,416*

Tableau 2 | Influence de l'intensité d'exploitation sur la valeur moyenne et sur la variabilité (coefficient de variation) des caractères phénotypiques de 20 populations F₁ de dactyle. Les différences significatives sont signalées par * (p < 0,05) ou ** (p < 0,01)

Paramètre	Moyenne		Coefficient de variation	
	Intensité d'exploitation			
	intensif	peu intensif	intensif	peu intensif
Développement (note 1–9)	5,93	6,06	12,79	12,15
Date de floraison (jours après le 15 avril)	24,12*	21,09*	22,96*	32,27*
Développement à la floraison (note 1–9)	5,71	5,89	19,14	18,32
Longueur de tige (cm)	90,24*	83,54*	16,72	16,99
Longueur des entre-noeuds (cm)	35,73*	33,83*	21,1	21,77
Longueur de la dernière feuille (cm)	21,90*	19,62*	28,28	31,35
Largeur de la dernière feuille (cm)	1,04*	0,97*	30,88	31,33
Longueur des tiges florales (cm)	18,98*	17,82*	21,38	21,83
Vigueur du développement (note 1–9)	6,32	5,76	14,47	12,39
Résistance à la rouille (note 1–9)	2,35	2,40	52,91	51,79

conditions locales (systèmes agricoles prédominants). Le relativement petit nombre de variétés de plantes dans les exploitations et la quasi absence de variétés locales dans les grandes cultures est un constat valable pour le Monde entier (Jarvis *et al.* 2008; Veteläinen *et al.* 2009). Les variétés sélectionnées, très homogènes, permettent certes d'atteindre une meilleure rentabilité par des méthodes de production simplifiées mais la perte des variétés locales peut conduire à une importante érosion des ressources génétiques. Pour éviter de perdre des variétés et des races rares, une banque de données internationale serait de grande utilité. Jusqu'à maintenant, il n'existe que diverses banques de données locales dans quelques pays, ce qui ne facilite pas les comparaisons au niveau régional ou global.

Influence du mode d'exploitation sur la diversité

Nos investigations sur le dactyle ont révélé une très grande diversité à l'intérieur des populations. En revanche, les différences entre les régions comprises dans les études de cas étaient faibles et elles étaient négligeables entre les diverses populations. Cette image est typique des espèces de graminées allogames; le ray-grass, le pâturin des prés et la fétuque des prés en sont aussi des exemples (Peter-Schmid *et al.* 2008; Rudmann-Maurer *et al.* 2007). La grande diversité à l'intérieur des populations pourrait expliquer le faible impact du système d'exploitation et de l'intensité d'exploitation sur la différenciation des populations car des populations diversifiées présentent généralement une meilleure capacité d'adaptation (Frankham *et al.* 2002).

Une manière simple d'identifier la diversité génétique

Les enquêtes sont un moyen simple mais très superficiel d'appréhender la diversité génétique. Les analyses moléculaires fournissent des résultats très précis mais requièrent des moyens importants. Si une relation a pu être démontrée entre la diversité des espèces et le type d'herbage dans le cas de la fétuque des prés (Peter-Schmid *et al.* 2010), cela n'a pas été le cas du dactyle dans notre étude. On ne peut donc pas envisager de mettre au point des indicateurs indirects simples pour évaluer la diversité génétique de toutes les espèces. En revanche, des développements dans le domaine du séquençage génomique permettent de supposer qu'à l'avenir, de telles méthodes pourraient être utiles pour une première appréciation grossière et à grande échelle (screening) de la diversité génétique (Glenn 2011). ■

Riassunto

Diversità genetica nell'agricoltura

La diversità genetica, ossia la varietà dei geni o degli alleli in una specie, è alla base della biodiversità e costituisce un importante presupposto per la produttività e la sostenibilità dei sistemi produttivi agricoli. Abbiamo sviluppato e applicato diversi metodi per determinare la diversità genetica presente nelle aziende agricole in Europa, Ucraina e Uganda. Un sondaggio basato su di un questionario, effettuato su un totale di 203 aziende, ha mostrato che la diversità genetica di piante coltivate e animali allevati varia notevolmente tra le diverse regioni ed è strettamente correlata al sistema di produzione predominante. Per avere una visione più precisa della diversità genetica della superficie erbosa, abbiamo analizzato 60 popolazioni di dattile provenienti dalla Bulgaria, dalla Norvegia e dalla Svizzera con marcatori genetico-molecolari. Quest'analisi ha mostrato che questa specie presenta una grande variabilità all'interno delle popolazioni, tuttavia le differenze tra le varie popolazioni si sono dimostrate piuttosto esigue.

Bibliographie

- Biala K., Peeters A., Muys B., Hermy M., Brouckaert V. et al., 2005. Biodiversity indicators as a tool to assess sustainability levels of agroecosystems, with a special consideration of grassland areas. *Options Méditerranéennes. Série A: Séminaires Méditerranéens* **67**, 439–443.
- Buiteveld J., van Veller M.G.P., Hiemstra S.J., ten Brink B. & Tekelenburg T., 2009. An exploration of monitoring and modelling agrobiodiversity: From indicator development towards modelling biodiversity in agricultural systems on the sub-specific level. CGN/DLO Foundation, Wageningen, The Netherlands. Accès: <http://edepot.wur.nl/51240> [22.10.2013]
- Frankham R., Ballou J.D. & Briscoe D.A., 2002. Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, Cambridge, UK, 617 p.
- Glenn T.C., 2011. Field guide to next-generation DNA sequencers. *Molecular Ecology Resources* **11** (5), 759–769.
- Hammer K. & Diederichsen A., 2009. Evolution, status and perspectives for landraces in Europe. In: *European landraces: On-farm conservation management and use* (Eds. M. Veteläinen, V. Negri & N. Maxted). Biodiversity International, Italy, Rome, 23–44.
- Herzog F., Balázs K., Dennis P., Friedel J., Geijzendorffer I. et al., 2012. Biodiversity indicators for European farming systems. A guidebook. *ART-Schriftenreihe* **17**, 1–99.
- Jarvis D.I., Brown A.H.D., Cuong P.H., Collado-Panduro L., Latournerie-Moreno L. et al., 2008. A global perspective of the richness and evenness of traditional crop-variety diversity maintained by farming communities. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **105** (14), 5326–5331.

Summary

Genetic diversity in agriculture

Genetic diversity – the variety of genes and alleles within a species – constitutes the most basic level of biodiversity, and is an important prerequisite for productivity and sustainability in agricultural production systems. We have developed and applied various methods to determine genetic diversity on farms in Europe, Ukraine and Uganda. A questionnaire-based survey conducted on a total of 203 farms has shown that the genetic diversity of crops and livestock varies greatly between different regions, and depends upon the prevailing production systems. In order to obtain a more accurate insight into the genetic diversity of grassland, we studied 60 populations of orchard grass from Bulgaria, Norway and Switzerland with molecular genetic markers. In doing so, we learned that although this species exhibits a very large variability within the populations, the differences between the populations tend to be minor.

Key words: genetic diversity, indicators, grassland.

- Last L., Widmer F., Fjellstad W., Stoyanova S. & Kölliker R., 2013. Genetic diversity of natural orchardgrass (*Dactylis glomerata* L.) populations in three regions in Europe. *BMC Genetics* **14**, 102.
- Peter-Schmid M., Boller B. & Kölliker R., 2008. Habitat and management affect genetic structure of *Festuca pratensis* but not *Lolium multiflorum* ecotype populations. *Plant Breeding* **127** (5), 510–517.
- Peter-Schmid M., Kölliker R. & Boller B., 2010. Genetic diversity of *Festuca pratensis* Huds. and *Lolium multiflorum* Lam. ecotype populations in relation to species diversity and grassland type. In: *Grassland Biodiversity: Habitat Types, Ecological Processes and Environmental Impacts* (Eds. J. Runas & T. Dahlgren). Nova Science Publishers, New York, 377 p.
- Rudmann-Maurer K., Weyand A., Fischer M. & Stocklin J., 2007. Microsatellite diversity of the agriculturally important alpine grass *Poa alpina* in relation to land use and natural environment. *Annals of Botany* **100** (6), 1249–1258.
- Vandermeer J., van Noordwijk M., Anderson J., Ong C. & Perfecto I., 1998. Global change and multi-species agroecosystems: Concepts and issues. *Agriculture, Ecosystems and Environment* **67** (1), 1–22.
- Vellend M. & Geber M.A., 2005. Connection between species diversity and genetic diversity. *Ecology Letters* **8**, 767–781.
- Veteläinen M., Negri V. & Maxted N., 2009. European landraces: On-farm conservation management and use. Biodiversity International, Rome, Italy, 358 p.