

Les risques génétiques de la riziculture traditionnelle en Côte d'Ivoire

Alexandre de KOCHKO *

INTRODUCTION

Devant la nécessité toujours croissante de répondre aux besoins alimentaires des populations du tiers monde, l'une des voies consiste en l'amélioration génétique des plantes cultivées dans ces pays mêmes. Pour réaliser cet objectif, il est indispensable de disposer de matériel de départ possédant le plus d'informations génétiques possible afin que le sélectionneur puisse y choisir les caractères intéressants à la réalisation de variétés plus performantes ou mieux adaptées aux conditions changeantes que connaissent bon nombre de ces pays. Le risque éventuel consiste donc à ne pas disposer d'un stock suffisant d'informations pour y trouver les réponses adéquates aux stress qui peuvent survenir, ou aux besoins nouveaux qui se font jour.

C'est dans cette optique que le laboratoire de génétique du centre ORSTOM d'Adiopodoumé en Côte d'Ivoire, s'est fixé entre autres tâches, celle d'assurer la conservation des ressources génétiques de certaines plantes tropicales dont le riz.

Dans le cadre de ce programme, plusieurs prospections des riz cultivés (variétés traditionnelles) et sauvages ont été menées tant en Côte d'Ivoire que dans de nombreux autres pays africains (BEZANCON, 1982), afin de constituer et préserver une collection de nombreux génotypes qui pourront entrer dans des programmes d'amélioration et de toute façon ces génotypes constituent une réserve d'informations toujours disponibles pour y puiser le ou les caractères qui s'avèreraient utiles dans l'avenir au vu des nouvelles conditions environnementales pouvant survenir dans tel ou tel pays.

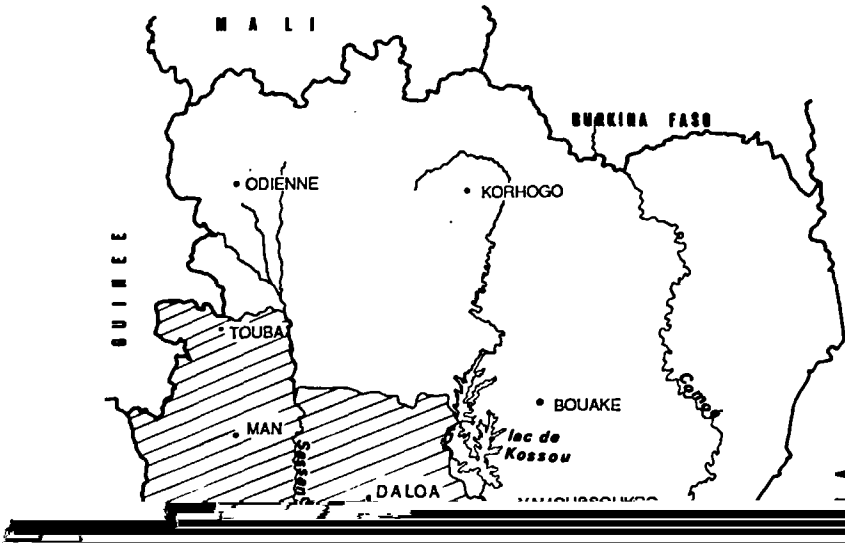
Ces échantillons ramenés au laboratoire sont alors soumis à une évaluation au moyen de l'électrophorèse d'enzymes et/ou de l'observation des caractères morphologiques au champ.

LA RIZICULTURE TRADITIONNELLE EN CÔTE D'IVOIRE

La majeure partie de la riziculture traditionnelle se limite en Côte d'Ivoire à la partie forestière de l'ouest du pays, — ouest du fleuve Bandama — zone occupée par les ethnies appartenant aux grands groupes des Krous et des

* Généticien ORSTOM, Laboratoire de Génétique, Centre ORSTOM d'Adiopodoumé, BP V51, Abidjan, Côte d'Ivoire.

Mandingues (fig. 1). On n'y rencontre pratiquement plus qu'une seule espèce cultivée, *Oryza sativa* L. d'origine asiatique, introduite en Afrique de l'Ouest très probablement par les navigateurs portugais vers le XVI^e siècle.



Cette profusion de noms qui désignent selon les paysans des variétés bien caractéristiques et différentes les unes des autres, laisse supposer « a priori »

Mais du fait que la Côte d'Ivoire soit peuplée d'une multitude d'ethnies, un même cultivar est souvent désigné par différents noms ou quelques fois, l'on donne un nouveau nom lorsque l'ancien est oublié. La seule compilation des noms vernaculaires est loin de traduire la situation réelle.

ÉVALUATION DE LA DIVERSITÉ DU MATÉRIEL COLLECTÉ

Le matériel ainsi collecté est soumis au laboratoire à des études d'évaluation. L'un des outils utilisés est l'électrophorèse d'enzymes qui donne un reflet direct du message génétique contenu sur les chromosomes, les protéines sont en effet directement codées par le génome. Cette technique d'évaluation n'est pas dépendante des facteurs extérieurs — conditions de culture, conditions climatiques, maladies, ravageurs — qui entraînent des fluctuations parfois importantes dans l'expression des caractères morphologiques.

Le procédé consiste à faire migrer dans un support — en l'occurrence un gel d'amidon — et sous l'influence d'un champ électrique, les protéines contenues dans un organe de la plante. Après la migration, les gels sont colorés spécifiquement en utilisant l'activité catalytique de chaque enzyme ou système enzymatique, ce qui conduit à l'apparition de bandes (fig. 2), chaque bande traduit la présence d'un enzyme. L'observation de ces bandes, ne permet d'avoir qu'une image incomplète du message génétique. On ne peut voir, en effet, l'activité des gènes régulateurs ni les substitutions d'acides aminés de même charge ni les substitutions de bases au niveau de l'ADN qui n'entraînent pas de modifications du code génétique.

niveau de migration des bandes d'un même système entre échantillons différents traduit donc une variabilité, un polymorphisme, du — ou des — gène(s) codant pour ce système. C'est-à-dire qu'un même gène existe sous plusieurs formes, dites alléliques, au sein de l'espèce étudiée.

La technique utilisée au laboratoire de génétique permet l'étude de 15 systèmes enzymatiques, ce qui représente une quarantaine de loci distincts (SECOND et TROUSLOT, 1980 ; de KOCHKO, 1983). Un locus est l'emplacement d'un gène sur un chromosome, plusieurs gènes codant pour des enzymes ayant la même activité, peuvent être situés en des endroits différents du génome.

Cent quatre vingt huit échantillons issus des différentes prospections réalisées en Côte d'Ivoire ont été analysés au moyen de cette technique. La variabilité montrée est très faible : sur 37 loci, seuls 6 se sont montrés polymorphes avec seulement 2 formes alléliques chacun.

En connaissant les fréquences alléliques, il est possible de calculer d'après NEI (1971), un indice de diversité génétique, l'hétérozygotie moyenne, donnée par la formule suivante :

$$H = \Sigma h/n$$

avec h = hétérozygotie à un locus

Σh = somme des hétérozygoties

n = nombre de loci

$$h = 1 - \Sigma x^2$$

Σx^2 = somme des carrés des fréquences allélique à un locus

Cette hétérozygotie moyenne est égale à $H = 0,05$ pour les échantillons de Côte d'Ivoire, ce qui est très faible comparé à l'hétérozygotie moyenne de l'espèce *O. sativa* calculée sur un échantillon mondial qui est de l'ordre de 0,23 (SECOND, 1982).

D'après le niveau de stérilité pollinique observé dans les descendance de croisements faisant intervenir des lignées test (OKA, 1958) appartenant aux deux groupes qui constituent l'espèce *O. sativa* (Indica et Japonica), il est possible de définir certains allèles comme étant caractéristiques (ou ancestraux) de chacun des groupes, allèles appartenant aux lignées ayant le plus fort pourcentage de stérilité dans la première génération des croisements qui les impliquent (PAI *et al.*, 1975 ; NAKAGAHRA, 1978 ; GLAZSMANN, 1972 ; SECOND, 1984).

En fonction des allèles de chaque individu, il est donc possible de classer celui-ci dans l'un des deux groupes. Tous les échantillons de Côte d'Ivoire viennent se classer dans le groupe des Japonica. On trouve cependant peu de génotypes ne contenant que des allèles ancestraux Japonica, la très grande majorité contient en effet un mélange de ces allèles ancestraux avec toutefois une prédominance des allèles Japonica.

D'autre part, sur les 6 loci polymorphes, 64 (2^6) combinaisons alléliques sont possibles or on ne trouve parmi les 188 échantillons que 25 combinaisons dont 10 ne sont représentées chacune que par un seul individu, alors que 70 % des individus ne présentent que 4 combinaisons différentes. Le test du Khi deux effectué sur la distribution de ces combinaisons, montre que celle-ci n'est pas aléatoire.

Les échantillons analysés couvrent à peu près toute la région où se pratique la riziculture traditionnelle, il reste bien entendu la possibilité de trouver de nouvelles combinaisons et de nouveaux loci polymorphes mais il est très probable que ceux-ci soient rares et ne soient représentés que par très peu d'individus.

NATURE DU RISQUE

La très faible diversité génétique observée parmi les riz traditionnels de Côte d'Ivoire, associée à l'abandon de la culture d'*O. glaberrima*, signifie que le réservoir de potentialité génétique est très réduit.

Même si les génotypes rencontrés sont le résultat d'une sélection aux conditions particulières qui existent en Côte d'Ivoire, il n'empêche qu'en cas de changement des conditions climatiques ou d'une épidémie qui s'attaquerait à ces variétés traditionnelles, la possibilité adaptative et/ou de résistance que celles-ci possèdent se trouve limitée du fait que le stock génétique disponible est lui-même réduit.

Un exemple d'une telle catastrophe écolo-génétique a été donné avec le maïs aux États-Unis où dans les années 1970, alors que la majorité des surfaces cultivées avec cette céréale ne l'était qu'avec des lignées mâle-stériles cytoplasmiques contenant toutes le cytoplasme T. Une grave épidémie due au champignon *Helminthosporium maydis* race T s'est déclarée et s'est propagée à une allure foudroyante provoquant la perte d'une grande partie de la récolte nationale de maïs. On s'est aperçu depuis que le cytoplasme T, en même temps qu'il porte le facteur déterminant la stérilité mâle, entraîne une sensibilité à une toxine secrétée par le champignon et que cette sensibilité est également associée au même facteur cytoplasmique : l'ADN mitochondrial (FORDE et LEAVER, 1979).

Cet ADN, de petite taille comparativement à l'ADN nucléaire, code cependant pour certains polypeptides indispensables à la vie cellulaire (LEAVER *et al.*, 1982 ; LEAVER et GRAY, 1982 ; WEIHE et BORNER, 1984) ; il constitue donc au même titre que l'ADN des chromosomes un réservoir génétique qui peut intervenir dans l'adaptabilité à des stress environnementaux.

ORIGINE DE LA FAIBLE DIVERSITÉ DES RIZ TRADITIONNELS EN CÔTE D'IVOIRE

On n'avancera ici que quelques explications basées sur des observations récentes.

O. glaberrima, l'espèce cultivée d'origine africaine, a très certainement été abandonnée par les paysans ivoiriens à cause de son faible rendement et de sa sensibilité à la pyriculariose, maladie d'origine fongique très répandue chez le riz.

On peut s'étonner cependant du fait que cette espèce se rencontre encore assez fréquemment en Guinée (BEZANÇON *et al.*, 1984), pays voisin de la Côte d'Ivoire. La Guinée forestière est, d'après PORTÈRES (1956), l'un des deux centres de diversification secondaire de cette espèce et c'est aussi dans la région de Man, frontalière à la Guinée, que l'on rencontre le plus fréquemment *O. glaberrima* en Côte d'Ivoire.

En ce qui concerne *O. sativa*, au vu de la situation rencontrée dans les pays voisins, on ne peut soutenir que la faible diversité rencontrée soit due à un petit nombre d'introductions, ce qui aurait eu pour effet de limiter la variabilité dès le départ. Par contre, la pratique d'un mode de riziculture unique, dans une zone écologiquement peu diversifiée, a sans doute exercé une pression de sélection en faveur de certains génotypes finalement assez peu nombreux et n'appartenant qu'à un seul groupe, celui des Japonica.

L'attachement des paysans à leurs variétés et à leur mode de culture, pour des raisons diverses ; goût, traditions, tabous. La réticence qu'ils montrent à l'égard de nouvelles introductions, empêchent le renouvellement et l'accroissement du stock génétique disponible.

De plus, le développement des déplacements a multiplié les échanges inter-régionaux ce qui a contribué à homogénéiser le réservoir génétique.

Bien que le riz (*O. sativa*) soit une plante autogame, il arrive que des pollinisations croisées spontanées aient lieu, ce qui conduit à un brassage des gènes et à l'apparition de nouveaux génotypes entraînant la grande diversité observée à l'échelle mondiale (SECOND, 1984). En Côte d'Ivoire, même si les croisements spontanés ont lieu, ceux-ci mettent en jeu des génotypes trop proches pour augmenter la variabilité globale.

La faible variabilité montrée par l'électrophorèse d'enzymes peut paraître contradictoire avec la profusion apparente de cultivars si l'on ne se base que sur la nomenclature vernaculaire elle-même souvent basée sur une classification empirique de certains caractères morphophysiologiques, aspect du grain (longueur, couleur, aristation), cycle de culture, tenue à la cuisson, goût... En fait une étude de la variabilité menée sur les caractères morphologiques des riz traditionnels africains (de KOCHKO, 1983) montre que ces variétés pluviales occupent une zone de variabilité très restreinte, et bien caractérisée par quelques caractères, à l'intérieur d'un groupe plus important englobant surtout des variétés de type Japonica. Un résultat comparable a été décrit par JACQUOT et ARNAUD (1979).

CONCLUSION

La faible diversité génétique des riz traditionnels en Côte d'Ivoire constitue en soi un risque potentiel car représentant un réservoir d'adaptabilité restreint. Les changements écologiques connus par toute l'Afrique de l'Ouest ces dernières années — sécheresse, déforestation abusive, avancée du Sahel et du désert — entraîneront à plus ou moins court terme de profondes modifications dans la riziculture traditionnelle qui n'utilise que l'eau de pluie comme unique source d'irrigation et se pratique de manière itinérante sur brûlis en zone de forêt. Il est peu probable, au vu des résultats obtenus, que les variétés

Il faut pour cela disposer d'un réservoir de gènes étendu, plus large que celui constitué par les seules variétés traditionnelles rencontrées en Côte d'Ivoire, susceptible de contenir non seulement les gènes pouvant assurer l'adaptabilité à plus ou moins court terme mais aussi pouvant assurer dès maintenant une augmentation du rendement ne serait-ce que pour des raisons démographiques.

On se rend compte alors de l'importance que constitue le programme de conservation des ressources génétiques mené par l'ORSTOM qui a rassemblé depuis une dizaine d'années plus de 4 000 numéros de prospection représentant plusieurs centaines de géotypes au sein desquels il est possible de trouver, soit directement soit d'associer par croisement, les caractères les mieux adaptés à de nouvelles conditions dans tel ou tel pays.

Ces caractères ne se rencontreront pas seulement dans l'espèce *O. sativa*, il serait dangereux de voir disparaître l'espèce cultivée africaine *O. glaberrima*, son ancêtre sauvage *O. breviligulata* et l'espèce allogame et pérenne *O. longistaminata* qui constituent un réservoir beaucoup plus important de potentialités génétiques.

Le Laboratoire de Génétique d'Adiopodoumé se préoccupe également de la collecte, de la conservation et de l'évaluation de ces dernières espèces.

REMERCIEMENTS

L'auteur remercie vivement M. G. BEZANÇON pour la lecture critique du manuscrit. Il exprime aussi sa plus vive reconnaissance à MM. BOKA, LAGOU et GUELA BLEDY pour leur collaboration technique dans la réalisation de ce travail.

BIBLIOGRAPHIE

- BEZANÇON (G.) 1982. — Synthèse sur les prospections des riz réalisées en Afrique par l'ORSTOM et l'IRAT. Paris 1-3 Septembre 1982.
- BEZANÇON (G.), DE KOCHKO (A.) et KOFFI (G.) 1984. — Cultivated and wild species of rice collected in Guinea. *Plant Genet. Res. Newsl.* 57 : 43-46.
- FORDE (B. G.) et LEAVER (C. J.) 1979. — Mitochondrial genome expression in maize : Possible involvement of variant mitochondrial polypeptides in cytoplasmic male sterility. In *The Plant Genome* (ed. D. R. Davies and D. A. Hopwood), p. 131. John Innes Charity, Norwich, England.
- GLAZSMANN (J. C.) 1982. — Variabilité enzymatique du riz (*Oryza sativa* L.) son importance pour la compréhension de la structure écogéographique de l'espèce. Thèse de Docteur Ingénieur, Paris Grignon 128 p.
- JACQUOT (M.) et ARNAUD (M.) 1979. — Classification numérique de variétés de riz. *Agron. Trop.* 34 (2) : 157-173
- DE KOCHKO (A.) 1983. — Rapport d'élève. *Rap. multig.*, ORSTOM Adiopodoumé, 103 p.
- LEAVER (C. J.), FORDE (B. G.), DIXON (L. K.) et FOX (T. D.) 1982. — Mitochondrial genes and cytoplasmically inherited variation in higher plants. In *The Mitochondrial Genes* (ed. P. P. Slonimski, P. Borst and G. Attardi), p. 457, Cold Spring Harbor Laboratory, New-York, USA.
- LEAVER (C. J.) et GRAY (M. W.) 1982. — Mitochondrial genome organization and expression in higher plants. *Ann. Rev. Plant Physiol.* 33 : 373-402.
- NAKAGAHRA (M.) 1978. — The differentiation, classification and center of genetic diversity of cultivated rice (*Oryza sativa* L.) by isozyme analysis. *Trop. Agri. Res. Series* 11. Japon.
- NEI (M.) 1971. — Identity of genes and genetic distance between population. *Genetics* 68, s47.
- OKA (H. I.) 1958. — Varietal variation and classification of cultivated rice. *Ind. J. Genet. and Pl. Bred.* 18 : 78-89.
- PAI (C.), ENDO (T.) et OKA H. (1975). — Genic analysis for acid phosphatase isozymes in *Oryza perennis* and *O. sativa*. *Can J. Genet. Cytol.* 14 : 637-650.

PORTERES (R.) 1956. — Taxonomie agro-botanique des riz cultivés *O. sativa* Linn. et *O. glaberrima* Steud. J.A.T.B.A 3, 7 (12) : 341-856.